CONGRÈS ANNUEL
Marseille - Avril 2026
SFP - SFMM - 5ème JFMPM

BOOK OF ABSTRACTS

Congrès de la Société Française de Parasitologie

Key Note Lecture

Etudes pré-cliniques de molécules antipaludiques : perspectives du terrain

Abdoulaye Djimdé
Université des Sciences, des Techniques et des Technologies de Bamako

Session 1. Parasitoses tropicales

Modérateurs : Nadine Azas & Abdoulaye Djimdé

Communications invitées

COIP 1. Portage de *Plasmodium* dans un contexte d'interventions intensives au Sahel. Jordi Landier, Institut de Recherche pour le Développement, Marseille

COIP 2. Epilepsie et parasites : faut-il chercher plus loin ? Ronan Jambou, Institut Pasteur

Communications sélectionnées

COSP 1. Étude de l'association entre troubles neurocognitifs et infestation aux ankylostomes parmi les enfants de 6 à 16 ans en région rurale centrale de République Démocratique du Congo

Agathe Bareux, Jérémy Campillo, Cédric Chesnais, Sébastien Pion, Michel Boussinesq, Emmanuel Chabot, Salamanca Tania, Bachiratou Sahm, Jean-Paul Tambwe, Naomi Awaca-Uvon. UMI TRANSVIHMI, IRD, Montpellier*

Les géohelminthiases sont des maladies tropicales négligées affectant environ 1,5 milliard de personnes dans le monde. Parmi elles, les ankylostomoses (dues à Ancylostoma duodenale et Necator americanus), touchent près de 472 millions d'individus et sont responsables d'anémie ferriprive chronique, particulièrement délétère au développement de l'enfant. Plusieurs études ont associé les géohelminthiases à des performances cognitives et scolaires plus faibles, mais les données spécifiques aux ankylostomes restent rares, notamment en Afrique subsaharienne. Un essai communautaire a été mené entre 2014 et 2018 dans la région rurale du Bandundu (province du Kwilu) en République démocratique du Congo (RDC). Les enfants participants (6-16 ans), ont été dépistés annuellement pour les infections aux géohelminthes et ont reçu semestriellement un traitement par albendazole. En 2018, les performances cognitives ont été évaluées par le test WISC-V (6 sous-tests : Cubes, Matrices, Code, Balances, Puzzles, Mémoire immédiate des images). Les scores aux sous-tests ont été

standardisés sur l'âge et agrégés en quatre indices composites : visuospatial, raisonnement fluide, mémoire de travail, non-verbal global. L'association entre infection et cognition a été évaluée par des analyses bivariées et des modèles linéaires mixtes ajustés sur le sexe, l'âge, les co-infections, le nombre de doses d'albendazole reçues et certains facteurs de risque d'altération de la cognition (antécédents de neuropaludisme, traumatisme crânien, rougeole…). Au total, 160 enfants ont été évalués par WISC-V. La prévalence de l'infection ankylostomienne était de 41,25 % en 2018. En analyse bivariée, la comparaison des scores cognitifs entre enfants infectés et non infectés ne montre pas de différence significative lorsqu'on considère l'ensemble des mesures parasitologiques (2014–2018). En revanche, lorsque seuls les résultats de 2018 sont considérés, les modèles mixtes, ajustés sur le sexe, l'observance thérapeutique et les antécédents neurologiques, révèlent une association significative : les enfants porteurs d'une infection active en 2018 présentent des scores de raisonnement fluide ($p < 0,01$) et de score non-verbal global ($p < 0,05$) significativement plus faibles. Cette association est renforcée en analyse continue : plus la charge parasitaire est élevée, plus les performances diminuent, notamment pour le raisonnement fluide ($p \leq 0,001$) et le score global ($p = 0,001$). Ces résultats suggèrent une association entre l'infection aux ankylostomes et un déficit des performances neurocognitives chez l'enfant. Ces données, qui permettent de documenter les conséquences de l'ankylostomose dans cette région en RDC, soulignent l'importance du déparasitage systématique des enfants dans les zones où les géohelminthiases sont endémiques.

COSP 2. Les inhibiteurs de la protéine NS5A du virus de l'hépatite C contre le paludisme : Etude de la pharmacologie antipaludique

Florian Sizaire, Lucie Paloque, Flore Nardella, Valentin Joste, Jean-Michel Augereau, Pierre Buffet, Françoise Benoit-Vical. Université de Toulouse, Laboratoire de Chimie de Coordination du CNRS, LCC-CNRS, Inserm ERL 1289*

Introduction. En 2024, on compte 282 millions de cas dus au paludisme pour plus de 610 000 décès. Les thérapies combinées à base d'artémisinine (ACT) demeurent le traitement de première intention. Leur efficacité est reconnue pour réduire rapidement la charge parasitaire mais des cas de résistance émergent dans toutes les zones d'endémie, y compris en Afrique où se situent la plupart des cas. L'introduction de vaccins a renforcé les outils de lutte contre le paludisme mais leur efficacité s'est avérée modérée. De nouvelles associations médicamenteuses sont donc nécessaires pour répondre à ce problème majeur de santé publique. Un criblage à haut débit a permis d'identifier des inhibiteurs de la protéine NS5A du virus de l'hépatite C comme étant capables de rigidifier les formes sexuées matures de Plasmodium falciparum, responsables de la transmission, et d'induire leur élimination par la rate. Parmi les composés issus de cette famille, le ravidasvir a déjà fait l'objet d'essais cliniques pour le traitement de l'hépatite C chronique démontrant un profil de sécurité très favorable. L'objectif global de ce projet est de générer des données précliniques afin de repositionner le ravidasvir comme un possible médicament antipaludique.

Matériels et méthodes. Les souches de laboratoire de *P. falciparum* F32-TEM (sensible à l'artémisinine) et F32-ART (résistante à l'artémisinine) ont été utilisées.

Des tests de recrudescence sur ces lignées ont permis d'évaluer le risque de résistance croisée du ravidasvir avec l'artémisinine. Différentes expériences de pharmacodynamie (moment d'action, parasite reduction ratio, ...) ont été menées afin de déterminer quels stades érythrocytaires sont les plus impactés et le temps d'action du ravidasvir.

Résultats. Le ravidasvir ne présente pas de résistance croisée avec l'artémisinine. Le ravidasvir induit un ralentissement de la croissance du stade anneau et a un effet létal sur les stades trophozoïtes et schizontes. Le traitement continu du ravidasvir, quelle que soit la concentration testée, montre une diminution de la charge parasitaire de 3 logs en 72h.

Conclusion et discussion. Le ravidasvir présente un effet significatif sur les formes asexués de Plasmodium et pourrait s'inscrire dans des trithérapies en combinaison des ACT afin de limiter la transmission du parasite et réduire la charge parasitaire des patients. Couplé à son effet anti-gamétocytaire et à son profil pharmacologique prometteur, le ravidasvir pourrait compléter le portefeuille des molécules antipaludiques dans le futur. Les modes d'action généraux du ravidasvir et le plan de développement clinique sont présentés dans le résumé soumis par Valentin Joste.

COSP 3. Evolution and determinants of malaria parasites associated with atovaquone-proguanil resistance: a genetic epidemiology study

Romain Coppée, Véronique Sarrasin, Mathis Glacet, Xyomara Chavez Pacheco, Nicolas Vaucouleur, Sabina Dahlström, Lise Musset, Bruno Pradines, Marc Thellier, Maëlys Delouis, Colin Sutherland, Kevin Kain, Atovaquone-Proguanil Treatment Failure Study Group, Juliette Nectoux, Jacques Lebras, Sandrine Houzé, Jérôme Clain. Laboratoire ESCAPE - Université de Rouen Normandie*

Background: Atovaquone–proguanil (AP) was widely used for chemoprophylaxis and treatment of uncomplicated *Plasmodium falciparum* malaria, and is now considered as an additional molecule for future triple artemisinin-based combination therapies. Although highly effective, late treatment failures due to atovaquone resistance have been reported in non-immune travelers.

Methods: We conducted a genetic epidemiology study of AP treatment failures reported to the French Malaria Reference Centre between 1999 and 2019. Pre-treatment (day-0) and post-failure isolates were analysed using mitochondrial and nuclear genotyping, whole-genome sequencing, microsatellite analysis, and droplet digital PCR. We assessed the origin of the *cytochrome b* codon 268 (cytb268) mutation and evaluated the role of *dhfr* antifolate resistance mutations. Risk factors for AP failure were analysed using multivariable logistic regression.

Findings: Eighty-three AP treatment failures associated with selection of a cytb268 mutation were identified, corresponding to an estimated failure rate of 0·48%. Paired genomic analyses showed that day-0 and failure isolates were genetically identical except for the cytb268 mutation, supporting de novo emergence during treatment. Droplet digital PCR detected no cytb268 mutant

alleles in baseline samples (n=24; >530 000 droplets analysed). cytb268 mutations arose independently on multiple mitochondrial backgrounds. All failure-associated parasites harboured double or triple *dhfr* mutant haplotypes, most commonly N51I-C59R-S108N (70·7%). In matched baseline isolates, *dhfr* double or triple mutants were more frequent in cases than controls (100% vs 84·4%; p=0·005). AP failure was independently associated with Caucasian ethnicity (OR 17·99, 95% CI 2·27–142·70), prior proguanil-containing chemoprophylaxis (11·64, 2·85–47·53), and high parasitaemia (2·34, 1·16–4·73).

Interpretation: AP treatment failure results from de novo selection of cytb268 mutations on a pre-existing antifolate-resistant dhfr background. Despite their rarity, these findings refine the biological basis of AP resistance and support continued surveillance, while confirming that AP remains a highly effective antimalarial.

Session 2. Parasitoses et changements climatiques

Modérateurs : Coralie L'Ollivier & Jérôme Boissier

Communications invitées

COIP 3. Quand s'éloigner de la parasitologie y ramène finalement : vers plats collants et microsporidies bizarres. Jean-Lou Justine, Muséum d'Histoire Naturelle

COIP 4. Parasites en mouvement : le rôle du changement climatique dans une perspective une seule santé. Pascal Boireau¸ Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation

Communications sélectionnées

COSP 4. Séroconversion maternelle tardive : un défi diagnostique pour la toxoplasmose congénitale

Rym Ben Abdallah, A. Ghariani, R. Maatoug, K. Aoun, A. Bouratbine. Laboratoire de Parasitologie-Mycologie, Institut Pasteur de Tunis*

Introduction. Les séroconversions toxoplasmiques du 3ème trimestre sont associées au risque le plus élevé de transmission fœtale. L'objectif de cette étude était d'étudier les particularités du diagnostic néonatal de la toxoplasmose congénitale (TC) dans cette situation.

Matériel et méthodes. Il s'agissait d'une étude rétrospective, descriptive et analytique incluant 24 femmes et leurs nouveau-nés (NN), adressés au laboratoire de Parasitologie-Mycologie de l'Institut Pasteur de Tunis durant la période 2010-2025 pour diagnostic néonatal de TC. Toutes les mères ont présenté une première sérologie positive (IgM ± IgG) après 28 SA sans diagnostic anténatal de TC. Toutes les femmes ainsi que leurs enfants ont été prélevés en post-partum avant le 15e jour. Les IgM et IgG ont été recherchées par ELISA chez la mère et l'enfant, l'avidité des IgG a été réalisée chez la mère et un western blot comparatif mère–NN a été effectué. Tous les enfants ont été régulièrement suivis par la sérologie.

Résultats Avant J15 de vie, 5 NN (20,8%) n'avaient pas d'IgG en ELISA. Leurs mères prélevées de façon concomitante avaient des IgM isolées sans IgG. Les western blots comparatifs ont détectés la présence d'IgG chez les mères et leurs enfants avec un même profil de bandes. Il s'agissait pour les 5 cas, d'infections tardives du 3ème trimestre avec une positivité détectée en moyenne à 38,8 SA ±1. Le diagnostic de TC a été porté chez 4 (80%) NN sur la présence d'IgM (un avant J15 et trois à J30). Les IgG ont été détectés par ELISA à J30 pour les 4NN. L'enfant non infecté n'a développé ni IgM ni IgG lors du suivi sérologique. Chez 19 NN (79,2%) les IgG ont été détectées en ELISA avant J15 de vie. Leurs mères avaient des IgG avec un index d'avidité faible (moyenne 0,20 ±0,11, extrêmes 0,06–0,49). Il s'agissait pour les 19 cas, d'infections moins tardives du 3ème trimestre que le

groupe précédent, avec une positivité détectée en moyenne à 33 SA ±4 (p=0,006). Le diagnostic de TC a été confirmé chez 12 NN (63%) sur la positivité du western blot dans 9 cas et la présence d'IgM par ELISA au-delà de J10 de vie dans 3 cas.

Discussion et conclusion. La séroconversion maternelle tardive peut s'accompagner d'une absence d'IgG chez le NN à la naissance. Dans ces situations, l'analyse du sérum maternel en période néonatale et le suivi sérologique de l'enfant sont utiles pour le diagnostic de la TC.

COSP 5. L'évolution du parasitisme intestinal entre 2020 et 2025, diagnostiqué au laboratoire de Parasitologie, CHU Annaba

Farida Saadni*, Nada Boukabache, Latifa Tounsi, Saara Touta, Anissa Krallaf, Abir Abidat, Roukaya Mansouri. Laboratoire de Parasitologie-Mycologie Médicales, Faculté de Médecine et CHU Annaba, Algérie

Dans le but d'évaluer la fréquence des parasitoses intestinales dans la région d'Annaba, nous avons mené une étude rétrospective et prospective au laboratoire de parasitologie-mycologie du CHU Annaba, s'étalant sur six ans (de janvier 2020 à décembre 2025).

L'étude a concerné 3063 prélèvements, dont 97,74% étaient des selles, 2,15% des scotch-tests anaux et 0,09% des spécimens adultes à identifier. Chaque échantillon a bénéficié d'un examen parasitologique standard (direct, coloration instantanée lugol, techniques de concentration Ritchie, Kato-Miura/ ou Willis), ainsi qu'à des colorations spécifiques (Ziehl-Neelsen modifiée, Kohn au noir chlorazol) selon les besoins. La fréquence globale des parasitoses intestinales diagnostiquées est de 8,84 %.

Le parasitisme est dominé par les Protozoaires (89.3 %), en particulier *Endolimax nanus* (51,85 %) *Entamoeba coli* (11,85 %), *Blastocystis hominis* (9,6%), *Giardia intestinalis* (6,66 %), et Entamoeba histolytica/dispar (6,66%). Les helminthes représentent (10,7) %, avec *Enterobius vermicularis* (9,25 % %) comme principale espèce identifiée. Nous avons également isolé des espèces rares telle que *Trichomonas intestinalis* et *Fasciola hepatica*. Le mono-parasitisme est observé dans 92,2 % des cas et le poly-parasitisme dans 7,8 %. L'utilisation des techniques d'enrichissement a permis de récupérer quelques cas positifs non détectés par l'examen direct seul, améliorant ainsi la sensibilité du diagnostic.

Les résultats obtenus reflètent l'impact des conditions d'hygiène, de l'environnement et du mode de vie de la population d'Annaba. Comparée à d'autres régions à forte endémie, la ville d'Annaba, située au Nord Est Algérien, présente un profil parasitaire modéré, mais justifie un renforcement des mesures de prévention et de dépistage.

COSP 6. Evaluation des traitements de masse contre la filariose lymphatique au Bénin (2000-2021)

Yolande Sissinto Savi de Tove*, Ganye A., Sintondji F., Wakpo A., Gbaguidi L., Boko P., Ibikounle M., Batcho W., Adjinakou G., Ogouyemi-Hounto A., Kinde-Gazard D., Massougbodji A. Université Abomey Calavi

Introduction. Le Bénin à l'instar des autres pays endémiques, a mené plusieurs actions pour éliminer la filariose lymphatique en tant que problème de santé publique. La présente étude vise à inventorier l'impact des traitements de masse mis en place sur la transmission de la filariose lymphatique au Bénin.

Matériel et Méthodes. Il s'agissait d'une étude rétrospective sur une période de 21 ans allant de janvier 2000 à décembre 2021. L'échantillonnage était un recensement systématique et exhaustif de toutes les évaluations du Programme National de lutte contre les Maladies Transmissibles portant sur la filariose lymphatique à *Wuchereria bancrofti* dans les communes ayant déjà reçu au moins cinq tours de traitement de masse à l'ivermectine et à l'albendazole. Les indicateurs évalués étaient la prévalence de la filariose lymphatique, la couverture thérapeutique et l'effectif des cas d'hydrocèle de de lymphœdème.

Résultats. Au Bénin 48 communes étaient endémiques soit 62% des communes. Au nombre des communes endémiques, 75% avaient bénéficié de traitement médicamenteux de masse avec une couverture thérapeutique> 65% sur au moins 5 ans. Les évaluations de la transmission avaient révélé une prévalence < 1% dans toutes les communes, les classant comme non endémiques. Le recensement de 8724 cas d'hydrocèles et 3536 cas de lymphœdèmes avait été réalisé suivi de formations des agents de santé pour leur prise en charge.

Discussion. Dans les pays frontaliers à l'Ouest et à l'Est du Bénin, les études respectivement en 2018 et 2017 réalisées par Dorkeno et Dung ont révélé que 7 tours de traitement à l'ivermectine et à l'albendazole suffisaient pour enrayer la transmission au Togo ; par contre au Nigeria après 14 tours de traitement médicamenteux de masse, 29 districts avaient encore des transmissions persistantes. Le nombre de tournées nécessaires pour réduire la prévalence de la microfilarémie à moins de 1 % dépend de la prévalence de départ de la microfilarémie, l'observance par la population du traitement de masse et l'efficacité de la lutte antivectorelle.

Conclusion. Le Bénin a connu une évolution favorable par la baisse importante de la transmission dans mais la lutte contre cette maladie tropicale négligée se poursuit.

Session 3. Parasitoses vectorisées

Modérateurs : Jacques Sevestre & Antoine Berry

Communications invitées

COIP 5. Parasitoses vectorisées chez les animaux domestiques au Maroc : état des lieux et enjeux actuels. Maria Bourquia, Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II

COIP 6. Tiques «géantes» : Réémergence de *Hyalomma lusitanicum* dans le sud de la France. Philippe Parola, Aix Marseille Université

Communications sélectionnées

COSP 7. Décrypter les interactions hôtes parasites régulant le développement de Trypano*soma brucei* dans les glandes salivaires de la mouche tsé-tsé

Justine Escard, Brice Rotureau, Adeline Mallet, Manuel Majrouh. Institut Pasteur*

La trypanosomiase humaine africaine est causée par le parasite protiste *Trypanosoma brucei*, un agent pathogène présent uniquement en Afrique subsaharienne, où l'on trouve son vecteur, la mouche tsé-tsé. Au sein de la mouche, le parasite suit un cycle de vie complexe pour coloniser la glande salivaire de l'insecte et assurer sa transmission au prochain hôte. Les parasites s'attachent aux microvillosités de l'épithélium des glandes grâce à leur flagelle, prolifèrent et se différencient en formes infectieuses pour les mammifères qui seront libérées dans la salive lors des repas sanguins. Cet attachement crucial dans les glandes salivaires a été étudié par microscopie électronique à transmission (MET) et a montré que les extensions flagellaires du parasite pénétraient dans les microvillosités de la mouche tsé-tsé ; cependant, l'examen en deux dimensions n'a pas permis d'apprécier l'étendue de ces excroissances flagellaires. De plus, les images présentées dans ce travail n'ont pas permis de comprendre la diversité des stades parasitaires présents dans les glandes salivaires. Enfin, l'impact de l'infection par le parasite sur l'ultrastructure des glandes salivaires reste inconnu. Nous visons donc à (1) déterminer l'ultrastructure tridimensionnelle (3D) des formes attachées, (2) quantifier les différents stades présents dans les glandes salivaires, et (3) évaluer l'impact d'une infection sur l'ultrastructure des glandes salivaires. Pour répondre à ces différentes questions de recherche, nous utilisons un ensemble de techniques de microscopie électronique en 3D, combinant la microscopie électronique à transmission par coupes sériées (ssTEM) et la microscopie électronique à balayage à faisceau ionique (FIB-SEM), pour déterminer l'ultrastructure 3D des parasites ; et l'imagerie par rayons X, pour identifier l'impact de l'infection sur les cellules de la mouche tsé-tsé. Nos résultats permettront de lever le voile sur certaines des dernières étapes inconnues du cycle du parasite, améliorant ainsi notre compréhension de la biologie des trypanosomes et fournissant de nouvelles cibles potentielles pour contrôler la transmission du parasite par des approches de paratransgénèse.

COSP 8. Stratégie vaccinale intranasale contre *Besnoitia besnoiti* : induction d'une réponse immunitaire et réduction de la charge parasitaire en modèle murin

Françoise Debierre, Jalil Maiguashca Sanchez, Mathieu Epardaud, Isabelle Dimier-Poisson, Nathalie Moiré, Françoise Debierre-Grockiego. UMR 282 ISP, Université Tours, INRAE, 37200 Tours*

La besnoitiose bovine est une parasitose due au parasite apicomplexe *Besnoitia besnoiti*. Elle est endémique en Espagne, en Italie, au Portugal et dans le sud de la France mais des foyers ont également été décrits dans le nord de la France, dans d'autres pays européens ainsi que dans diverses régions du monde. Le cycle parasitaire n'est pas totalement élucidé puisque l'hôte définitif à l'origine des oocystes n'est pas identifié. En revanche, il est admis que la contamination des bovins se fait entre individus principalement par l'intermédiaire d'insectes hématophages. Les bovins cliniquement atteints peuvent présenter des lésions cutanées, des œdèmes, un amaigrissement ainsi qu'une infertilité. La mortalité reste généralement inférieure à 10% dans les troupeaux concernés. A ce jour, les mesures de contrôle reposent essentiellement sur la réforme des animaux infectés et le dépistage des individus en provenance des zones endémiques. Les insecticides et des mesures d'éloignement peuvent contribuer à réduire les risques de transmission. Les bovins infectés étant vraisemblablement porteurs du parasite à vie et en l'absence de médicament autorisé, seule la mise au point d'un vaccin permettrait une lutte réellement efficace contre cette maladie. Cependant, le développement d'un vaccin contre la besnoitiose est confronté à plusieurs difficultés : (i) les essais d'infection expérimentale de bovins n'ont pas permis d'atteindre 100% d'animaux positifs ; (ii) aucune donnée de la littérature ne rapporte d'essai vaccinal contre *B. besnoiti*, et ce, même dans un autre modèle que le bovin ; (3) aucune protéine immunogène n'a été recherchée/identifiée chez ce parasite. Dans ce contexte, nous avons appliqué une stratégie vaccinale précédemment développée dans notre équipe et ayant montré une efficace optimale contre un autre parasite apicomplexe, *Toxoplasma gondii*. Ainsi, la fraction protéique soluble totale du parasite a été associée à un muco-excipient (propriétaire de la biotech Lovaltech) pour une administration par voie nasale, afin d'induire des réponses immunitaires à la fois muqueuse et systémique. Cette formulation a été testée en modèle murin afin d'étudier les réponses immunitaires humorales et cellulaires. Deux semaines après la troisième administration, la vaccination induisait une réponse humorale spécifique (IgM et d'IgG) associée à une réponse cellulaire splénique de type Th1/Th17. Après infection intrapéritonéale, la charge parasitaire était significativement diminuée chez les souris vaccinées. Ces résultats soutiennent le potentiel de cette stratégie vaccinale muqueuse pour le développement d'un vaccin contre la besnoitiose bovine et justifient la poursuite des études dans l'espèce cible, les bovins.

COSP 9. Analyse épidémiologique, clinique et moléculaire des hémosporidioses chez des rapaces et corvidés accueillis dans un centre de soins d'Ile de France

Veronica Risco-Castillo, Asma El Garni, Sara Hilka, Linda Duval. Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort*

L'impact des infections par les hémosporidies chez les oiseaux accueillis en centres de soins demeure largement méconnu. Cette étude a pour objectif la détermination de la prévalence et les facteurs de risque associés à l'admission de rapaces et de corvidés infectés dans un centre de soins de la région parisienne. En évaluant leurs chances de rétablissement et de relâcher, ainsi que les risques de transmission aux autres oiseaux hospitalisés, ce travail permet de proposer des mesures sanitaires adaptées aux structures de réhabilitation de la faune sauvage. Des prélèvements sanguins ont été réalisés sur 37 rapaces appartenant à 6 espèces et 150 corvidés issus de 4 espèces lors de leur arrivée à l'hôpital de la faune sauvage de l'École nationale vétérinaire d'Alfort (CHUV-FS, EnvA). L'identification des hémosporidies et l'estimation de la parasitémie ont été effectuées par l'analyse de frottis sanguins. Par la suite, les prélèvements positifs ont été analysés par PCR et séquençage afin d'assurer une identification moléculaire précise des parasites. Les analyses ont confirmé la présence des genres *Haemoproteus*, *Leucocytozoon* et *Plasmodium*. Les résultats statistiques ont mis en évidence une association significative entre l'âge des individus et l'infection par *Plasmodium* sp. Ce dernier s'est révélé prédominant chez les corvidés et plus fréquemment impliqué dans les cas de co-infestations, tandis que le genre *Leucocytozoon* semble plus prévalent chez les rapaces. Enfin, l'étude souligne qu'aucun impact significatif de ces infections n'a été observé sur le succès final du relâcher des oiseaux.

COSP 10. Caractérisation moléculaire de la microflore bactérienne des moustiques collectés dans la région Algéroise et la région de Boumerdes au nord de l'Algérie ainsi que la région de Biskra au sud-est algérien

Djamana Mekhneche, Haiet Adjmi, Sophie Brun, Arezki Izri, Mohammad Akhoundi. Faculté des Sciences Médicales Youcef El Khatib , Faculté de Médecine et de pharmacie d'Alger, Etablissement Publique Hospitalier Bologhine Ibn Ziri*

Les moustiques sont responsables de la transmission de nombreux agents pathogènes et parasites d'importance médicale, tels que des virus, des bactéries, des protozoaires et des nématodes, provoquant des maladies graves comme le paludisme, la dengue, la fièvre jaune, l'encéphalite ou la filariose. Leur microbiote joue un rôle clé dans la transmission de ces pathogènes ainsi que dans la physiologie de l'insecte. L'importance médicale des moustiques découle essentiellement de leur rôle de vecteurs, ce qui en fait un enjeu majeur pour la santé publique. En Algérie, peu de données disponibles sur la composition microbienne des populations locales de moustiques et sur les agents infectieux qu'ils peuvent héberger. Cette étude vise à caractériser le microbiote de différentes espèces de moustiques collectées dans 3 régions algériennes situées au nord et au sud du pays, et à identifier les agents potentiellement transmissibles.

À cette fin, les moustiques ont été capturés à l'aide de pièges lumineux miniatures CDC (Camry Premium, Allemagne), de pièges BG-Sentinel II (BGS), ainsi que de pièges à appât humain, sur 40 sites de prélèvement à Alger et Boumerdes (nord

de l'Algérie) et à Biskra (sud du pays). Les spécimens collectés ont été soumis à une identification morphologique et moléculaire. L'identification moléculaire a été réalisée en ciblant le gène mitochondrial de la cytochrome oxydase 1 (COI). L'analyse du microbiote a été effectuée par PCR conventionnelle ciblant le gène de l'ARN 16S, suivie d'un séquençage haut débit bidirectionnel pour la détection d'agents bactériens potentiels.

Un total de 4288 échantillons a été collecté et identifié morphologiquement, parmi lesquelles 2406 ont été analysées en utilisant des approches protéomique et moléculaire. Les espèces identifiées incluent : Culex pipiens (n=1777), *Culex molestus* (n=118), *Culex quinquefasciatus* (n=67), *Culex perfuscus* (n=15), *Culex univittatus* (n=60), *Culiseta longiareolata* (n=309) et *Culiseta litorea* (n=60). La recherche des agents pathogènes transmissibles, effectuée par PCR conventionnelle et séquençage du gène 16S, a permis d'identifier : *Staphylococcus* spp. (n=5), *Serratia marcescens* (n=1), *Enterobacter cloacae* (n=5), *Acinetobacter* spp. (n=1), *Bacillus* spp. (n=3), *Bacillus subtilis* (n=2), *Kocuria marina* (n=1), *Micrococcus luteus* (n=1), *Micrococcus* spp. (n=2), *Pseudomonas fluorescens* (n=2) et *Pseudomonas* spp. (n=1). Ces espèces de bactéries identifiées associées à nos moustiques sont des agents pathogènes opportunistes chez les patients immunodéprimés ou porteurs de dispositifs médicaux, pouvant être responsables d'infections pouvant engager le pronostic vital chez l'homme. Par ailleurs, les bactéries intestinales qui modifient la concentration et la composition en fer après un repas sanguin pourraient contribuer à la mise au point de nouvelles méthodes visant à bloquer plusieurs agents pathogènes chez le moustique.

Par conséquent, cette étude fournit les premiers résultats sur le microbiote des moustiques analysés dans les zones étudiées, ce qui pourrait être utile pour des études ultérieures, et surtout pour la surveillance vectorielle et la prévention des maladies transmises par les moustiques dans la région.

Session 4. Mécanistique et physiopathologie des parasitoses

Modérateurs : Sandrine Cojean & Mickael Riou

Communication invitée

COIP 7. Modifications de la cellule par Eimeria : les kinases de rhoptries sont-elles de bonnes cibles thérapeutiques ? Anne Silvestre, INRAe, Université de Tours

Communications sélectionnées

COSP 11. Obtention d'un nouvel outil cellulaire pour l'étude des interactions spécifiques entre *Toxoplasma gondii* et son hôte définitif félin : les organoïdes intestinaux.

Julie Rouzet, Marine Le Dudal, Patrick Verwaerde, Sandra Thoumire, Julia Andersson , Eva Tyden, Delphine Le Roux . ANSES, INRAE, École Nationale Vétérinaire de Maisons-Alfort; Department of Animal Biosciences, Swedish University of Agricultural Sciences; - Department of Animal Biosciences, Radu Blaga.*

Introduction. *Toxoplasma gondii* (Tg) est un parasite à répartition mondiale capable d'infecter tous les animaux à sang chaud et responsable de la toxoplasmose, une zoonose touchant environ un tiers de la population mondiale. En Europe, il a été classé 3e parmi 31 parasites d'origine alimentaire menaçant la santé publique par la FAO/WHO. En France, la primo-infection chez les femmes enceintes est estimée à 26 % (1). Bien que souvent asymptomatique chez les individus immunocompétents, la toxoplasmose peut être sévère chez les personnes immunodéprimées et les fœtus. Aucun vaccin n'est actuellement disponible pour protéger ces populations à risque. Cela s'explique en partie par une connaissance encore limitée du cycle de reproduction sexuée du parasite, qui se déroule exclusivement dans l'intestin de son hôte définitif, le chat. Les organoïdes intestinaux constituent donc un modèle prometteur pour étudier cette étape cruciale du cycle de Tg qui aboutit à la formation d'oocystes tout en représentant une alternative à l'expérimentation animale, mais leur culture à partir de cellules cryptiques félines reste difficile (2-6).

Matériel et méthodes. Nous avons pu développer une procédure robuste d'obtention de tissus intestinaux félins ainsi qu'un protocole efficace de production d'organoïdes de différents segments intestinaux, obtenus d'animaux récemment décédés au Centre Hospitalo-Universitaire Vétérinaire (pour raisons médicales et avec consentement).

Résultats. Les premières structures sont observées dès 4 jours de culture, et ont une période de croissance d'environ vingt jours. Ces organoïdes se développent, quel que soit le temps entre le décès de l'animal et la mise en culture, jusqu'à 24h post-mortem. Ils peuvent être amplifiés par passage, de manière répétée, permettant la mise en place de banque d'organoïdes. Leur infection par des tachyzoïtes de Tg a été observée sans les manipuler pour exposer le côté luminal, mais le modèle reste à optimiser.

Discussion et conclusion. Les organoïdes d'intestins de chat représentent une approche innovante et alternative à l'expérimentation animale, pour étudier la reproduction sexuée de Tg et la formation d'oocystes. Maintenant que nous maitrisons leur obtention et différentiation, des modèles d'infection sont en cours de réalisation. Notre projet permettra d'identifier de nouvelles cibles pour perturber le cycle du parasite chez son hôte définitif.

Références. (1) Mazzilli, et al. Epidemiol Infect. 2025 ; (2) Powell, et al., Biol Open. 2017 ; (3) Tekes, et al. Cells. 2020 ; (4) Martorelli Di Genova, et al., PLoS Biol. 2019 ; (5) Warschkau, et al., Communications Biology. 2026; (6) Hryckowian, et al., mSphere. 2025.

COSP 12. Functional characterisation of cysteine cathepsins in apicomplexan parasite *Cryptosporidium parvum*

Antoine Mayté, Elise Courtot, Alix Sausset, Anais Devaud, Julien Pichon, Gilles Lalmanach, Sonia Lacroix-Lamandé, Julie Tottey. UMR 1282 - Infectiologie et Santé Publique, Université de Tours*

Cryptosporidiosis is a diarrhoeal disease caused by an apicomplexan parasite of the genus *Cryptosporidium*. In humans and cattle, one of the most prevalent species is *Cryptosporidium parvum*. It represents a major concern for both human and veterinary health, particularly affecting young and immunocompromised individuals, and leading to significant economic consequences for cattle farming. Currently, no treatment allows complete parasite clearance, highlighting the need to identify new therapeutic targets. To address this issue, we study a family of five *C. parvum* proteases related to cysteine cathepsins and called cryptopains. In 2013, by using a cysteine protease inhibitor, Ndao et al. demonstrated the importance of these proteases in the virulence of C. parvum in a murine infection model, suggesting that these parasitic enzymes are promising therapeutic targets. The objective of this study is to functionally characterise each of the *C. parvum* cryptopains. To address the involvement of cryptopain members throughout the parasite life cycle, we performed RT-qPCR on different parasite stages, enzymatic activity assays on parasite protein lysates, and cysteine cathepsin inhibition assays in vitro in infected cell cultures. To characterise the localisation and biological function of cryptopains, we generated transgenic parasite strains using CRISPR/Cas9 for subsequent analysis by expansion microscopy as well as in vitro and in vivo phenotypic assays. Our results show that the five cryptopains are transcribed in *C. parvum*, some of them displaying distinct transcription patterns, suggesting stage-specific roles during the parasite life cycle. Biochemical activity assays on sporozoite protein lysates showed that cryptopain-4 and/or cryptopain-5 are active in the sporozoite stage, unlike cryptopain-1 to -3. Furthermore, the use of different cysteine cathepsin inhibitors in infected cell cultures resulted in a reduction of the asexual replication of C. parvum, highlighting the importance of both cathepsins L-like (cryptopain-1 to -3) and C-like proteases (cryptopain-4 to -5) in the parasite intracellular development. Using a stable transgenic parasite strain expressing cryptopain-1 endogenously tagged with 3HA, we localised cryptopain-1 within *C. parvum* female gametes as well as in sporozoites. Recovery of a second transgenic strain in which the cryptopain-1 gene was deleted suggests that cryptopain-1 is not essential for *C. parvum*. The phenotypic analysis of the cryptopain-1 knock-out strain is currently ongoing. Using the same transgenic methodology, our research also focuses on cryptopain-3, predicted to localise to the micronemes of the infective sporozoite stage (Guérin et al. 2023), aiming to confirm its precise localisation and evaluate the impact of its gene knock-out.

COSP 13. Etude des vésicules extracellulaires de *Trichinella* spp. et de leur potentiel immunomodulateur

Jana Dhaybi, A. Chevillot, L.L. Estevez, D. Destouches, B. Couturaud, A. Blaizot, M. Maurer, I. Vallee. UMR BIPAR Anses, EnvA, Inrae, Laboratoire de santé animale, École Nationale Vétérinaire de Maisons-Alfort*

Introduction. *Trichinella* est un nématode zoonotique qui infecte tous les mammifères monogastriques. C'est un parasite intracellulaire à cycle monoxène avec deux niches cellulaires : l'épithélium intestinal puis après migration, les fibres musculaires striées squelettiques. Le genre *Trichinella* comprend dix espèces

dont certaines sont encapsulées (comme *T. spiralis*) car la fibre musculaire, détournée en cellule nourricière, s'entoure de collagène et les espèces non-encapsulées comme *T. pseudospiralis*. Les relations de *Trichinella* avec son hôte sont peu étudiées, et notamment chez les espèces non-encapsulées. La sécrétion de vésicules extracellulaires (VE) par *T. spiralis* est décrite depuis peu, principalement au stade larve musculaire (L1M). Quelques travaux présentent un effet immunomodulateur in vitro par polarisation de la réponse immunitaire vers un profil Th2. L'objectif de notre travail est de caractériser les VE de *T. spiralis* versus celles de *T. pseudospiralis* et d'évaluer leur potentiel immunomodulateur in vitro.

Matériels et Méthodes. Les VE parasitaires des deux espèces ont été préparées par ultracentrifugation différentielle à partir des produits excrétoires-sécrétoires (E/S) des L1M.

Résultats. La visualisation des VE isolées en microscopie électronique confirme des structures arrondies et bien définies, validant le protocole de préparation. L'analyse des VE réalisée par tunable resistive pulse sensing a permis de quantifier les différents lots produits. Les VE de *T. spiralis* présentent une taille médiane de 151 nm, contre 131 nm pour celles de *T. pseudospiralis*.. L'analyse protéomique a conduit à l'identification de 156 protéines dans les VE de T. spiralis et 870 protéines dans celles de *T. pseudospiralis*, associées à diverses fonctions moléculaires, notamment des activités serine-type endopeptidase et désoxyribonucléase II. La lignée murine de cellules dendritiques JAWSII et celle de macrophages RAW 264.7 ont été exposées aux antigènes E/S et VE de *T. spiralis* et *T. pseudospiralis*. L'activation ou l'inhibition des gènes pro- ou anti-inflammatoires (IL-6, TNF-alpha, IFN-gamma, IL-4, IL-10...) et les molécules co-stimulatrices CD80 et CD86, impliquées dans l'activation des cellules présentatrices d'antigène a été évaluée par RT-qPCR. Le profil d'expression des gènes codant pour les interleukines pro- et anti-inflammatoires ainsi que les molécules co-stimulatrices suggère une immunomodulation compatible avec une polarisation immunitaire mixte au début de l'infection.

Conclusion. Ces résultats préliminaires seront complétés par le dosage d'interleukines et de chimiokines en Luminex. Enfin, une étude transcriptomique sera réalisée pour identifier les miARN enrichis dans ces vésicules, susceptibles de contribuer aux effets immunomodulateurs observés. Ce travail a été financé en partie par l'ANR TrichinEV « ANR-23-CE15-0035-01 » et EU Project 101136346 EUPAHW -SOA20.

COSP 14. Eucaryome de la plaque dentaire au cours du développement de la parodontite

Julien Santi-Rocca, David F. Martín-García, Iván Lorca-Alonso, Sandra González-de la Fuente, Begoña Aguado, Mark Bonner, Véronique Amard, Pierre Amiot, Charlotte Bar, Vincent Berbon, Nefissa Berkani, Alix Burke, Ivonne Cartagena, Jean-Michel Chatard, Céline Coutayar, Guillaume Depraz, Isabel Morales, Narcisa Popa, Stéphane Regniers, Thomas Rissoan, Catherine Robert, Arnaud Tremoureux, Marion Verdy, Manuel Fresno Escudero, Núria Gironès Pujol. Science and Healthcare for Oral Welfare, Université de Toulouse.*

Introduction. La parodontite est une maladie infectieuse et inflammatoire chronique qui touche près de la moitié de la population mondiale. Une description plus complète de l'écologie microbienne sous-gingivale permettra de mieux comprendre sa physiopathologie et son implication dans le développement de pathologies associées. La composante eucaryote de cet écosystème restant peu étudiée, nous visons à caractériser l'eucaryome de la plaque sous-gingivale et à analyser ses relations avec les états de santé parodontale, les profils microbiotiques et les complexes bactériens que nous avons précédemment définis utilisant 135 échantillons (Santi-Rocca et al., 2025).

Matériels et méthodes. Les organismes eucaryotes ont été identifiés par séquençage de la région V5 du gène 18S rRNA sur les mêmes échantillons. Les séquences ont été assignées à des UTGs à l'aide d'une approche bio-informatique probabiliste non exclusive que nous avons développée.

Résultats. Le séquençage de 42 échantillons a généré 21 406 334 lectures, soit 509 675 (± 73 472) lectures par échantillon. Après filtrage des contaminants (dont *Homo sapiens* et *Saccharomyces cerevisiae*), 2 321 796 lectures (10,85 % du total) correspondent au microbiote eucaryote, avec 113 identifiants uniques de séquences (feature ID, FID). L'eucaryome sous-gingival est dominé par un nombre très limité de taxons : six UTGs représentent 99,7 % des lectures restantes, deux parasites et quatre champignons. *Entamoeba gingivalis* est détectée dans 100 % des échantillons et représente 64,4 % des lectures. Avec 53 FIDs, *E. gingivalis* comporte 3 sous-types génétiques distincts (>0,05 substitution/site) avec une répartition spécifique selon les états de santé. *Trichomonas tenax* est présent dans 75,6 % des échantillons et représente 33,1 % des lectures, avec 44 FIDs mais une faible variabilité génétique (<0,01 substitution/site). Les champignons constituent une fraction minoritaire du microbiote eucaryote : *Candida* spp. (prévalence 19,5 %, abondance 1,6 %, 4 FIDs), *Penicillium* spp. (14,6 %, 0,26 %), *Rhodotorula* spp. (51,2 %, 0,20 %) et *Malassezia r*estricta (70,7 %, 0,17 %).

Discussion et conclusions. L'eucaryome de la plaque sous-gingivale apparaît fortement dominé par les parasites oraux, *Entamoeba gingivalis* et *Trichomonas tenax*, tandis que les champignons représentent une composante minoritaire. Ces résultats suggèrent que les protistes font partie intégrante de l'écologie microbienne orale et pourraient avoir un impact sur la physiopathologie de la parodontite. L'analyse des 93 échantillons restants permettra de définir plus précisément les associations entre eucaryotes, complexes bactériens, profils microbiotiques et états de santé, ainsi que d'évaluer la pertinence des parasites dans le diagnostic du risque parodontal et dans la prise en charge thérapeutique de la parodontite.

5èmes Journées Franco-Maghrébines de Parasitologie-Mycologie

Session 1. Zoonoses parasitaires

Modérateurs : Maria Bourquia & Karim Aoun

Communications invitées

COIP 8. Parasitoses humaines et animaux d'élevage. Aïda Bouratbine, Institut Pasteur de Tunis

COIP 9. Echinococcosis: Update on Epidemiology, Diagnosis, and Control. Maria Paola Maurelli, Université Federico II de Naples

Communications sélectionnées

COSP 15. Identification de *Cryptosporidium parvum* (sous-type IIaA15G2R1) et de *Giardia duodenalis* (assemblage E et A) chez les veaux diarrhéiques en Tunisie

Faten Bouaicha, Aurélie Chevillot, Lahna Sahraoui1, Bruno Polack, Maxime Delsart, Karim Adjou. École Nationale Vétérinaire de Maisons-Alfort*

Introduction. *Cryptosporidium* spp. et *Giardia duodenalis* sont deux protozoaires zoonotiques qui infectent l'Homme et les mammifères. Les deux parasites sont impliqués dans le complexe de diarrhée néonatale chez le veau, à l'origine de pertes économiques considérables. En Tunisie, plusieurs études ont porté sur la prévalence de l'infection par *C. parvum* et la caractérisation moléculaire des différentes souches isolées chez des enfants ou des personnes immunodéprimés, mettant l'accent sur l'importance de ce parasite sur la santé publique. Cependant, chez les ruminants, peu d'études ont été menées.

Matériel et méthodes. Entre octobre 2024 et février 2026, au cours de trois périodes de collecte, 231 prélèvements de matières fécales ont été réalisés chez des veaux âgés de moins de 45 jours dans 13 élevages en Tunisie. Les échantillons ont été analysés pour la recherche des oocystes de *Cryptosporidium* spp. et des kystes de *Giardia duodenalis* par immunofluorescence directe (IFD). Les échantillons positifs en IFD ont été analysés par PCR ciblant les gènes 18S rRNA et gp60 pour *Cryptosporidium* spp., et le gène TPI pour *Giardia duodenalis*. Les échantillons positifs en PCR ont ensuite été séquencés afin de déterminer l'espèce de *Cryptosporidium*, le sous-type éventuel de *C. parvum* et l'assemblage de *Giardia duodenalis*.

Résultats. Les oocystes de *Cryptosporidium* spp. ont été détectés par IFD dans 43,3% (100/231) des échantillons. La charge parasitaire variait de 500 à 81500 oocystes par gramme. Parmi les échantillons positifs en IFD, 77% (77/100) étaient positifs en PCR 18S rRNA. Trois espèces de *Cryptosporidium* ont été identifiés, *C. p*arvum (70/77), *C. bovis* (5/77), *C. ryanae* (2/77). Tous les isolats de *C. parvum* ayant pu être analysés par PCR gp60, appartenaient à la famille zoonotique

IIa. Quatre sous-types ont été identifiés IIaA15G2R1 (N=10), IIaA17G2R1 (N=5), IIaA16G2R1 (N=4) et IIaA19G2R1 (N=1). Les kystes de *Giardia duodenalis* ont été détecté dans 27,3% (63/231) des échantillons. Tous les échantillons étaient positifs par PCR TPI, les assemblage E (spécifique des ruminants) et A ont été retrouvés. La co-infection *Cryptosporidium* spp. et *Giardia duodenalis* a été retrouvée chez 16,9% (39/231) des échantillons.

Discussion et conclusions. L'identification du sous-type zoonotique (IIaA15G2R1) de *C. parvum* et de l'assemblage A de *G. duodenalis* suggère le veau comme un réservoir potentiel de l'infection par ces deux protozoaires et souligne l'importance de ces parasites en santé publique.

COSP 16. Zoonoses parasitaires négligées : cas de la fasciolose et de l'échinococcose dans les carcasses bovines des abattoirs de Korhogo (Nord de la Côte d'Ivoire)

Fatou Coulibaly, Fatoumata Coulibaly, N. David Aka, K. Benjamin Mbari, B. Nicolas Aboly, A. Jean-Louis Ndiaye. Université Peleforo Gon Coulibaly*

Les zoonoses représentent un enjeu majeur de santé publique mondiale. Selon l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) et l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE), plus de 60 % des maladies infectieuses humaines sont d'origine animale et près de 75 % des maladies émergentes sont des zoonoses. Parmi celles-ci, la fasciolose et l'échinococcose constituent des parasitoses négligées susceptibles d'être transmises à l'homme, notamment par l'intermédiaire des animaux d'élevage et des produits carnés. La présente étude a été réalisée dans les principaux abattoirs du département de Korhogo, au nord de la Côte d'Ivoire, plus précisément dans les sous-préfectures de Korhogo, Napié et Niofoin. Elle visait à évaluer la présence de la fasciolose hépatique et de l'échinococcose kystique dans les carcasses bovines et à apprécier le risque potentiel pour la santé publique. L'étude a combiné des enquêtes auprès des acteurs de la filière viande, des observations de terrain ainsi que l'inspection sanitaire et vétérinaire post mortem des carcasses bovines dans les abattoirs. Les données collectées ont été analysées à l'aide des logiciels Excel (version 2016) et SPSS (version 20.0). Les résultats montrent que la fasciolose et l'échinococcose sont effectivement présentes dans les abattoirs du département de Korhogo et sont globalement connues des acteurs enquêtés. La fasciolose apparaît plus fréquente que l'échinococcose. Par ailleurs, la sous-préfecture de Korhogo présente le plus grand nombre de cas détectés comparativement à Napié et Niofoin. Ces résultats mettent en évidence la circulation de ces zoonoses parasitaires dans les abattoirs de la région et soulignent le risque potentiel qu'elles représentent pour la santé animale et humaine. Un renforcement de la surveillance sanitaire ainsi que des investigations complémentaires au niveau des structures de santé sont nécessaires afin de mieux prévenir ces infections et protéger les populations.

COSP 17. Produits végétaux frais et risque de transmission de cestodes zoonotiques : détection d'*Echinococcus granulosus* s.l. et de *Taenia* spp. dans les cultures maraichères en Tunisie

Ines Kamoun, Selim M'Rad, Lamia Zemzemi, Roxanne Barosi, Franck Boué, Hamouda Babba, Gérald Umhang, Myriam Oudni-M'Rad. Faculté de Pharmacie, Université de Monastir, Tunisie*

La contamination des denrées alimentaires par des parasites pathogènes constitue un risque sanitaire majeur à l'échelle mondiale, en particulier à travers la consommation de produits crus contaminés tels que les fruits et légumes. Des travaux ont mis en évidence la présence de plusieurs parasites sur des légumes commercialisés en Tunisie, et un taux de contamination élevé des salades (12 %) et des fraises (81,3 %) par *Echinococcus granulosus sensu stricto* (s.s.) L'échinococcose kystique (EK), due au cestode *E. granulosus sensu lato* (s.l.), constitue un problème majeur de santé publique en Tunisie. L'homme, hôte accidentel, s'infecte par l'ingestion des œufs excrétés dans l'environnement par les hôtes définitifs, principalement le chien. Cette étude a évalué la contamination parasitaire des végétaux directement au niveau des zones de production (cultures maraîchères) pour mieux comprendre la contamination.

Au total, 502 échantillons de légumes à feuille (salades,persil, blette, menthe) et de fraises ont été collectés en 2023 et 2024 dans 106 exploitations agricoles réparties dans cinq gouvernorats de Tunisie couvrant différents étages bioclimatiques. L'ADN d'*E. granulosus* s.l. a été recherché par qPCR multiplex et le nombre d'œufs a été estimée par PCR digitale. Les espèces de *Taenia* ont été identifiées par PCR/séquençage.

Nos résultats ont démontré que 23,3 % des légumes à feuilles et 25,6 % des fraises étaient contaminés par des œufs d'*E. granulosus* s.s., avec une charge parasitaire estimée entre 1 et 190 œufs par échantillon. La moyenne=9,31, supérieure à la médiane=1, suggère une distribution influencée par quelques valeurs extrêmes. D'autres cestodes ont été détectés dans 13,3% des échantillons, parmi ces échantillons positifs (n=66) nous avons identifié : *T. hydatigena* (21 %), *T. multiceps* (9 %) et *T. serialis* (1,5 %). Des différences de contamination statistiquement significatives ont été observées entre les régions, suggérant un impact des facteurs environnementaux et des pratiques agricoles locales, alors qu'aucune différence n'a été notée entre les types de matrices végétales pour *E. granulosus* s.s. Bien que la viabilité des œufs n'ait pas été évaluée, leur mise en évidence avec des taux importants dans des produits consommés crus souligne un risque potentiel en matière de sécurité sanitaire. Ces résultats soulignent la nécessité de sécuriser les exploitations maraîchères (gestion des chiens de garde, l'eau d'irrigation.) et le renforcement des stratégies « One Health » pour réduire l'exposition humaine dès la source de production.

COSP 18. Le lion de l'Atlas face aux parasites : première investigation du parasitisme interne et externe au Jardin zoologique national de Rabat.

Salma Bouziane, Abderrahmane Zahri, Jannet Sayadi Safaa, Bouziane Selma, Saissi Sahar, Azizi Saad, Karadjian Grégory, Bourquia Maria. Unité de Parasitologie et Maladies Parasitaires, Département de Pathologie et Santé Publique Vétérinaires, Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II, Rabat, Maroc.*

Introduction et rationnel. Le lion de l'Atlas, disparu de son habitat naturel depuis la seconde moitié du XIXe siècle, est aujourd'hui principalement préservé en captivité, notamment au Jardin Zoologique National de Rabat. Bien que cette conservation soit essentielle pour la sauvegarde de l'espèce, elle expose les animaux à divers risques sanitaires, parmi lesquels les infestations parasitaires occupent une place importante. Dans leur environnement naturel, ces infections restent généralement subcliniques et intégrées aux équilibres écologiques. En revanche, les conditions de captivité peuvent favoriser leur transmission et leur intensification. L'étude du profil parasitaire apparaît ainsi essentielle pour mieux caractériser ces infestations et renforcer la gestion sanitaire de cette population particulièrement vulnérable.

Matériel et méthodes. Cette étude visait à détecter et à identifier les parasites internes et externes affectant les lions de l'Atlas maintenus en captivité au Jardin Zoologique National de Rabat. À cette fin, plusieurs méthodes diagnostiques ont été mises en œuvre. La recherche des parasites gastro-intestinaux a été réalisée par la technique de flottaison avec centrifugation, tandis que les hémoparasites ont été investigués à l'aide de frottis sanguins. Les ectoparasites ont été examinés par observation directe, et des écouvillonnages auriculaires ont été effectués afin de dépister d'éventuelles infestations de gale auriculaire.

Résultats. L'examen macroscopique des échantillons fécaux a permis de récupérer 99 vers appartenant à la famille des Ascarididae, suggérant une infestation par des nématodes intestinaux. Les analyses microscopiques ont révélé un taux de positivité de 89,2 % des échantillons. Parmi les parasites identifiés, Toxascaris leonina était l'espèce prédominante, suivie de *Cystoisospora* sp. et *Toxocara cati*. Des oocystes de coccidies non identifiées ont également été observés, ainsi que des œufs appartenant aux genres *Ancylostoma* sp. et à la famille Taeniidae. En revanche, aucune infection par des hémoparasites ni par des ectoparasites n'a été mise en évidence au cours de cette étude.

Discussion et conclusion. Ces résultats mettent en évidence la nécessité d'un suivi sanitaire régulier et de la mise en place de mesures de biosécurité appropriées afin de limiter les infestations parasitaires. Ils soulignent également l'importance d'une vigilance accrue face aux parasites à potentiel zoonotique, dans le but de préserver la santé des lions et de réduire les risques de transmission aux humains.

COSP 19. Echinococcose kystique chez l'enfant en Tunisie : Bilan de 26 ans de surveillance épidémiologique et moléculaire (1999-2025)

Selim M'Rad, Messaoud Marwa, Sahnoun Lassaad, Babba Hamouda, Oudni-M'Rad Myriam. Laboratoire de Parasitologie et Mycologie Médicale et Moléculaire- LR2ES08, Faculté de Pharmacie, Université de Monastir, Tunisie*

En Tunisie, l'échinococcose kystique (EK) demeure un problème majeur de santé publique avec un taux d'incidence chirurgical annuel (IC) de 12,7/ 100000 habitants. Cette zoonose, qui débute souvent durant l'enfance, est due au

développement du stade larvaire du complexe *Echinococcus granulosusu sensu lato* (s.l.). Nous présentons une synthèse de 26 ans de travaux (1999-2025) dédié à l'EK pédiatrique afin de caractériser le profil épidémiologique, la fertilité des kystes et la diversité génétique d'*E. granulosus* s.l.

L'étude repose sur l'analyse de 985 kystes collectés chez 866 enfants âgés de 1 à 18 ans, opérés au CHU de Monastir. Les données démographiques des patients, la localisation et la fertilité des kystes et la viabilité des protoscolex ont été systématiquement évaluées. Le génotypage a été réalisée par PCR et séquençage tandis que la dynamique d'infestation des patients porteurs de kystes multiples (2 à 10 kystes) a été explorée par analyse des microsatellites nucléaires. En parallèle, une étude multicentrique a été menée dans le gouvernorat de Tataouine pour confronter son statut officiel de zone hypoendémique à la réalité du terrain.

L'infestation prédomine chez les garçons de moins de 10 ans. La localisation pulmonaire est majoritaire (63% des cas) devant le foie (24%). Les formes multikystes représentent 20% des cas, essentiellement hépato-pulmonaires. Les kystes affichent une fertilité élevée (88%) et une viablitité des protoscolex de 82 %. Si le génotype G1 d'*E. granulosus sensu stricto* (s.s.) est largement prédominant, deux cas rares ont été identifiés: une co-infestation simultanée par les espèces *Echinococcus canadensis* (G6) et *E. granulosus* s.s. (G1) et une infestation par *E. granulosus* s.s. (G3). L'analyse microsatellite a révélé que 65 % des enfants porteurs de kystes multiples avaient au moins deux kystes issus d'une ingestion de plusieurs œufs lors d'un seul événement d'infestation et que 69% d'entre eux avaient développé ces kystes dans deux organes différents. Le «paradoxe de Tataouine» a été mis en évidence: officiellement classée zone la plus hypoendémique du pays (IC = 0,92), elle présente pourtant une séroprévalence humaine (8,5 %) et une contamination environnementale parasitaire (11,1 %) élevées. La persistance de l'endémie et la fréquence des ré-infestations soulignent la nécessité de réévaluer les cartes d'endémicité nationale. L'apport des microsatellites est crucial pour distinguer les nouvelles infestations et tracer les chaînes de transmission, afin d'adapter les stratégies de prévention aux spécificités régionales.

COSP 20. Première identification moléculaire de *Cryptosporidium* spp. et *Giardia duodenalis* chez les pigeons en France : implications dans l'approche One Health.

Mohamed Mammeri, Anaïs Devulder, Aurélie Chevillot, Dany Espuche , Cécile Le Barzic, Pascal Arné, Veronica Risco-Castillo, Bruno Polack, Mohamed Mammeri. UMR BIPAR, Laboratoire de Santé Animale Anses, VIROLOGIE, INRAe, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, France*

Les pigeons (*Columba livia domestica* et *Columba palumbus*) sont des espèces ubiquistes présentes dans les villes du monde entier. Leur interaction avec les humains, les animaux domestiques et les oiseaux sauvages en fait des porteurs potentiels d'agents pathogènes transmissibles, notamment des parasites zoonotiques. L'objectif de cette étude était d'identifier des protozoaires appartenant aux genres *Cryptosporidium* et *Giardia* chez ces deux espèces

de pigeons hébergées au Centre Hospitalier Universitaire Vétérinaire de la Faune Sauvage (CHUVFS) de l'École nationale vétérinaire d'Alfort, en France. Des échantillons fécaux provenant de 371 pigeons (*Columba livia* et *Columba palumbus*), dont une large majorité de juvéniles, ont été collectés et analysés à l'aide de l'immunofluorescence directe ainsi que des techniques d'identification moléculaire (PCR 18S rRNA et gp60). Quatre-vingt-six et douze échantillons fécaux se sont révélés positifs respectivement pour *Cryptosporidium* spp. et *Giardia* spp. par immunofluorescence. Les jeunes pigeons semblaient être infectés par *Cryptosporidium* spp. plus fréquemment que les adultes. De plus, les pigeons ramiers semblaient être plus souvent infectés par *Giardia* spp., tandis que les pigeons bisets présentaient une prévalence plus élevée de *Cryptosporidium* spp. L'analyse moléculaire a révélé la présence d'espèces zoonotiques, notamment *Cryptosporidium meleagridis*, *Cryptosporidium parvum* et *Giardia duodenalis* assemblage B. Étant donné que ces espèces sont connues pour infecter l'être humain, les pigeons pourraient représenter une source potentielle de transmission zoonotique.

Session 2. Le Paludisme au Maghreb en phase de post-élimination

Modérateurs : Isabelle Villena & Pierre Marty

Communications invitées

COIP 10. Le paludisme en Algérie : Point de situation. Fatma Bachi, Institut Pasteur d'Alger

COIP 11. Profil des cas d'importation en Tunisie et mesures de surveillance et de prévention. Karim Aoun, Institut Pasteur de Tunis

Communications sélectionnées

COSP 21. Le voyageur comme vecteur humain : Proposition d'un framework One Health et d'une matrice de risque comportemental vectoriel chez les voyageurs marocains

Nouhaila Sehli, Hafida Naoui, Maryem Iken, Badre Eddine Lmimouni. Service de Parasitologie et Mycologie Médicale, Hôpital Militaire d'Instruction Mohammed V de Rabat, Faculté de Médecine et de Pharmacie, Université Mohamed V, Rabat, Maroc*

Introduction et Rationnel. Dans un contexte de 1,4 milliard de voyages internationaux annuels (OMS, 2022), la littérature classique positionne le voyageur comme sujet à protéger. Ce travail propose un repositionnement fondamental : le voyageur insuffisamment protégé est simultanément un bridge host involontaire, facilitant la transmission de parasitoses vectorielles (paludisme, dengue, chikungunya, schistosomiase) entre populations habituellement non en contact. En l'absence d'infrastructure de médecine des voyages au Maroc, l'objectif est de développer un outil quantitatif d'évaluation du risque comportemental vectoriel et un framework One Health intégratif.

Matériel et Méthodes. Étude prospective, descriptive et analytique, mai 2024-février 2025, Service de Parasitologie de l'HMIMV de Rabat (n = 134). La Matrice de Risque Comportemental Vectoriel (MRCV) combine trois dimensions pondérées selon les méta-analyses Cochrane et recommandations OMS, intégrées dans l'Indice de Risque Vectoriel Importé : IRVI = SE × (1 − SP) × SVE, normalisé sur 1,0. Le cadre H-V-E (Humain–Vecteur–Écosystème) articule les trois interfaces bio-épidémiologiques du voyageur dans une perspective One Health.

Résultats. L'IRVI populationnel est de 0,213/1,0 (risque modéré), masquant une hétérogénéité critique : les 55 % de Voyageurs Fantômes présentent individuellement un IRVI de 0,35 (zone modérée-élevée). Le niveau de protection effectif moyen (SP = 0,279) révèle que les voyageurs marocains n'atteignent que 27,9 % du niveau recommandé. Seulement 13,4 % utilisent une moustiquaire imprégnée, 38,6 % un répulsif DEET, et 71,3 % ne consultent jamais avant le départ. Trois profils sont identifiés : Voyageur Fantôme, Voyageur Bouclier et Voyageur Sentinelle. Le Spectre d'Invisibilité Vectorielle décrit la corrélation inverse entre fréquence épidémiologique réelle et connaissance déclarée : la dengue (390 M infections/an) n'est connue que par 22,0 % des voyageurs, la schistosomiase (240 M cas/an) par 16,3 % seulement.

Discussion et Conclusion. Le déficit observé est structurel, non comportemental 91,5 % des voyageurs reconnaissent eux-mêmes la sous-information face à une offre inexistante. La Fenêtre de Transmission Post-Voyage (FTPV) formalise la période à risque maximal de transmission locale après retour, s'écoulant aujourd'hui sans aucune surveillance médicale. Le Moussafir One Health Protocol (MOHP) et le Sentinel Traveler Network (STN) sont proposés en réponse systémique, exploitant chaque voyageur consultant comme capteur biologique vivant du paysage parasitaire mondial. La MRCV et l'IRVI, outils heuristiques de première génération, nécessitent une validation prospective multicentrique (AUC cible > 0,75). Protéger un voyageur contre les parasitoses vectorielles n'est pas un acte médical individuel : c'est un acte de santé publique One Health.

COSP 22. Innovations diagnostiques dans le paludisme : intégration des approches parasitologiques, moléculaires et des technologies de diagnostic au point de soin.

Oumaima Boujamid, E. Elmezouari, R. Moutaj. Service de Parasitologie-Mycologie, Hôpital Militaire Avicenne, Marrakech*

Contexte. Le paludisme demeure l'une des principales maladies parasitaires à l'échelle mondiale, avec environ 249 millions de cas et plus de 600 000 décès annuels selon les estimations récentes de l'Organisation mondiale de la santé. Dans ce contexte, l'amélioration des outils diagnostiques constitue un enjeu majeur pour la prise en charge clinique, la surveillance épidémiologique et les stratégies d'élimination de la maladie.

Objectif. Cette revue de la littérature vise à analyser de manière critique les innovations diagnostiques du paludisme et à discuter l'apport complémentaire

des méthodes parasitologiques conventionnelles et des technologies moléculaires émergentes.

Méthodes. Une analyse narrative de la littérature scientifique récente a été réalisée à partir des bases de données biomédicales internationales (PubMed, Scopus et Web of Science).

Résultats. La microscopie par goutte épaisse et frottis sanguin demeure la méthode de référence permettant l'identification des espèces de *Plasmodium* et l'estimation de la parasitémie. Toutefois, sa performance dépend fortement de l'expertise de l'opérateur et peut être limitée en cas de parasitémie faible. Les tests de diagnostic rapide basés sur la détection d'antigènes parasitaires tels que HRP2 et pLDH ont amélioré l'accessibilité au diagnostic dans les contextes à ressources limitées. Les approches moléculaires, notamment la PCR conventionnelle, la PCR en temps réel et l'amplification isotherme de type LAMP, offrent une sensibilité élevée permettant la détection d'infections submicroscopiques.

Conclusion. L'intégration des méthodes parasitologiques conventionnelles et des technologies moléculaires émergentes constitue une stratégie diagnostique essentielle pour améliorer la détection du paludisme.

COSP 23. Performances diagnostiques du système de microscopie numérique automatisé miLab™ MAL pour la détection de *Plasmodium* spp. en comparaison du diagnostic basé sur la microscopie standard

Yacine Elaiba, Lorra Monpierre, Nicolas Louboutin, Pablo Ruiz, Françoise Foulet, Rémy Durand, Françoise Botterel. Unité de Parasitologie-Mycologie, Département de Prévention, Diagnostic et Traitement des Infections, Hôpitaux Universitaires Henri Mondor, Créteil, France

Introduction. La détection microscopique de *Plasmodium* spp. par frottis sanguin et goutte épaisse reste la référence en matière de diagnostic du paludisme mais son efficacité dépend fortement de la qualité de la coloration et de l'expertise au microscope. Récemment, les technologies basées sur l'intelligence artificielle (IA) ont amélioré les performances des laboratoires de biologie médicale dans le diagnostic du paludisme. Le miLab™ MAL (Noul Inc., République de Corée) est un système de microscopie assisté par IA, conçu pour détecter les espèces de *Plasmodium* à l'aide d'un frottis sanguin mince. **But de l'étude**. Cette étude visait à évaluer les performances du miLab™ MAL en France en comparaison avec les outils classiques de diagnostic d'un laboratoire hospitalier ouvert 24/7.

Matériel et méthodes. De Juillet 2025 à Janvier j2026, 140 échantillons sanguins provenant de patients fébriles avec retour de voyage tropical ou faisant l'objet d'un suivi post-traitement ont été analysés au laboratoire de Parasitologie -Mycologie de l'hôpital Henri Mondor de Créteil de manière prospective à l'aide

de méthodes diagnostiques conventionnelles, LAMP pour *Plasmodium* spp. (Alethia® Malaria, Meridian) associé à la lecture du frottis sanguin et de la goutte épaisse. Ces résultats ont été comparés aux résultats obtenus par le miLab™ MAL.

Résultats. Les méthodes conventionnelles ont identifié 83 échantillons positifs et 79 négatifs, tandis que miLab™ MAL en a identifié 76 positifs et 86 négatifs. Par rapport à la technique LAMP et/ou au frottis sanguin associé à la goutte épaisse, miLab™ MAL a montré une sensibilité de 90,4 %, une spécificité de 98,7 % et un coefficient kappa de Cohen de 0,89. En comparaison de la microscopie sur frottis sanguin, la sensibilité augmente à 97,4 %, avec une spécificité de 97,7% et une valeur kappa de 0,95. Sur l'identification des espèces, 11 *P. falciparum* n'ont pas été correctement identifiés, deux *P. ovale* et un *P. malariae* ont été identifiés à tort *P. vivax* par le miLab™ MAL. Une sous-estimation des parasitémies par le système miLab™ MAL a été observée pour 57 échantillons positifs.

Discussion – Conclusion. Cette étude représente la première évaluation du miLab™ MAL en France. Si cette technologie a démontré de bonnes performances pour la détection de *Plasmodium* spp., des limites ont été observées dans la différenciation des espèces et l'estimation de la parasitémie. Avec une optimisation supplémentaire, cette approche pourrait devenir un outil précieux pour le diagnostic du paludisme dans les milieux aux ressources limitées.

COSP 24. The challenge of distinguishing *Plasmodium falciparum* recrudescence from reinfection in low-endemicity settings

Anna Cosson, Nimol Khim, Sokomar Ngoun, Leang Rithea, Virasak Banouvong, Boualam Khamlome, Seng Chandavin, Kul Chanvong, Khean Chanra, Frederic Ariey, Benoit Witkowski, Pascal Ringwald, Jean Popovici, Romain Coppée. Université de Rouen-Normandie UR ESCAPE/Université Paris-Cité UMR MERIT

Background. Malaria incidence has markedly declined across the Greater Mekong Subregion (GMS) over the past decade. However, the emergence and spread of multidrug-resistant Plasmodium falciparum have led to therapeutic failure rates exceeding 10% in several areas, prompting the adoption of alternative artemisinin-based combination therapies. In low-endemicity settings approaching elimination, accurately distinguishing therapeutic failure (recrudescence) from new infection (reinfection) is essential for monitoring antimalarial drug efficacy. Yet the shrinking parasite population has resulted in a marked reduction in genetic diversity, with many circulating strains becoming highly related or genetically indistinguishable. This observation challenges the effectiveness of standard molecular genotyping tools used in therapeutic efficacy studies.

Methods. Here, we analyzed 255 *P. falciparum* isolates collected between 2019 and 2024 from patients in Cambodia and Laos. Four genotyping strategies were compared: i) standard Sanger sequencing of WHO-recommended markers (msp1, msp2, and glurp); ii) targeted amplicon deep sequencing (TADS) using an

established five-loci panel (csp, cpp, cpmp, ama1-D3, and msp7); iii) a novel five-loci set optimized in silico through stochastic modelling; and iv) whole-genome sequencing (WGS) analyzed using identity-by-descent (IBD). WGS data were further contextualized using regional background isolates from the MalariaGEN Pf8 database to assess the parasite relatedness within local populations.

Results. Standard genotyping classified 64.1% of infections as genetically identical. Although both TADS and in silico-optimized panels improved discriminatory power, a substantial proportion of infections remained indistinguishable, with 59.7% and 58.4% of samples sharing identical genotypes, respectively. Among the 255 infections analyzed, five patients were suspected of experiencing therapeutic failure. WGS combined with IBD analysis provided higher genomic resolution. However, 3 cases remained inconclusive due to extremely high levels of parasite relatedness. Comparative analysis the MalariaGEN Pf8 database revealed that such high background relatedness (and the resulting ambiguity in infection classification) is widespread in low-transmission regions globally, but far less common in Africa.

Conclusions. The marked decline in *P. falciparum* genetic diversity in the GMS substantially limits the ability of both WHO-recommended markers and advanced genomic approaches to distinguish recrudescence from reinfection at the individual level. In regions nearing malaria elimination, robust monitoring of antimalarial drug efficacy will require high-resolution genomic analyses with complementary phenotypic approaches, such as in vitro drug susceptibility testing (for example, IC50 measurements).

Session 3. Dermato-mycologie : entre traditions et émergences

Modérateurs : Alicia Moreno-Sabater & Sophie Brun

Communication invitée

COIM 1. Dynamique épidémiologique des dermatomycoses. Stéphane Ranque, Aix Marseille Université

Communications sélectionnées

COSM 1. In vitro activity of olorofim, rezafungin, fosmanogepix, and ibrexafungerp against *Trichophyton indotineae*

Brice Tireau, Elise Recalt, Michel Monod, Ann Packeu, Elizabet D'Hooge, Alicia Moreno-Sabater, Eric Dannaoui. Unité de Parasitologie-Mycologie, Service de Microbiologie, Hôpital Necker, AP-HP, Paris, France*

Introduction. The emergence dermatophytosis caused by *Trichophyton indotineae* is a major public health challenge. Isolates are often resistant to terbinafine, and alternative treatment with itraconazole is not optimal with

relapse rates exceeding 40% for itraconazole-susceptible isolates. Moreover, azole resistance is also emerging. New antifungals (olorofim, rezafungin, fosmanogepix, ibrexafungerp) are available or in final stage of development, but microbiological data regarding their activity against dermatophytes remain scarce or non-existent. To better define the spectrum of activity for these new drugs, we evaluated their in vitro activity.

Materials and Methods. Susceptibility to 8 antifungals (terbinafine, itraconazole, voriconazole, amorolfine, olorofim, rezafungin, fosmanogepix, ibrexafungerp) was evaluated by broth microdilution (EUCAST) on 40 isolates: 25 T. indotineae, 13 *T. rubrum*, and 2 *T. mentagrophytes* complex. For classic drugs, the minimum inhibitory concentration (MIC) was determined spectrophotometrically according to EUCAST. For olorofim, MIC was read at 50% and 90% inhibition at days 5 (D5) and 7 (D7). The minimum effective concentration (MEC) of the other new molecules was read at D5 and D7. Susceptibility to rezafungin was also assessed using concentration gradient strips.

Results. Out of the 40 isolates, 5 *T. rubrum* and 14 *T. indotineae* had MICs above the ECOFF for terbinafine, and 1 *T. indotineae* for itraconazole. In total, one *T. indotineae* exhibited resistance to both molecules. At D5, the median MIC/MEC values (in mg/L) for olorofim, rezafungin, fosmanogepix, and ibrexafungerp were respectively: 0.004 (range: 0.002-0.008), 0.004 (range: 0.002-0.008), 2 (range: 0.125-2), and 0.125 (range: 0.016-0.25). For rezafungin, the essential agreement (+/- 1 dilution) between gradient strips and EUCAST was 94%. MIC results at D5 and D7 were within +/- 2 dilutions in 100%, 95%, 95%, and 84% of cases, respectively.

Discussion/Conclusion. To align with established EUCAST recommendations for other antifungals, we propose a reading at 50% inhibition on day 5 for olorofim, and a visual reading on D5 for manogepix, rezafungin, and ibrexafungerp. Our results demonstrate in vitro resistance of fosmanogepix against dermatophytes. In silico analysis of protein sequence of *Trichophyton* spp. reveals two mutations known to induce manogepix resistance in *Saccharomyces cerevisiae*. The overall MIC/MECs of the other new antifungals were low. In conclusion, the in vitro activity of rezafungin, olorofim, and ibrexafungerp could make them promising alternatives against multidrug-resistant *Trichophyton* spp.

COSM 2. Evaluation multicentrique des performances de l'application MSI-2 pour l'identification de l'espèce *Trichophyton indotineae* en conditions réelles d'utilisation

Kenza Lamriben, Anne-Cécile Normand, Noémie Coron, Christine Schuttler, Cyrille Vallin, Elodie Pernot-Marino, Juliette Guitard, Alicia Moreno-Sabater, Thomas Guilmin, Sara Gonzalez-Munoz, Nicolas Soetart, Jacques Guillot, Renaud Piarroux, Arnaud Fekkar, Arnaud Jabet. Assistance Publique - Hôpitaux de Paris*

Introduction. *Trichophyton indotineae* est une espèce de dermatophyte récemment décrite responsable de lésions étendues de la peau glabre. Sa diffusion rapide à l'échelle mondiale ainsi que sa résistance fréquente à la

terbinafine en font un enjeu de santé publique. Son identification en routine est difficile en raison de sa proximité phénotypique avec *T. mentagrophytes* et *T. interdigitale*. En 2022, l'application MSI-2 a été mise à jour de manière à permettre l'identification de *T. indotineae* par spectrométrie de masse. En condition expérimentale, les valeurs de sensibilité et de spécificité étaient respectivement de 95,6% et 99,6% (Normand et al. 2022). L'objectif de notre étude était d'évaluer les performances de MSI-2 pour l'identification de *T. indotineae* en conditions réelles d'utilisation.

Matériel et Méthode. Pour tous les isolats du complexe *T. mentagrophytes* ayant eu un séquençage de la région ITS (identification de référence) et une identification en spectrométrie de masse avec l'application MSI-2, les résultats d'identification avec un score supérieur à 20 obtenus dans cinq laboratoires ont été analysés. Les spectres étaient obtenus à partir de cultures primaires ou de repiquages. La sensibilité et la spécificité de MSI-2 pour l'identification de T. indotineae ont été calculés selon différents paramètres d'analyse.

Résultats. L'analyse a inclus 1007 spectres correspondant à 327 isolats (250 de *T. mentagrophytes*, 58 de *T. indotineae* et 19 de *T. interdigitale*) (Tableau). L'analyse par nombre de spectres montre une sensibilité de 79,2% (145/183) et une spécificité de 98,8% (814/824) (Tableau). En ne retenant que l'identification ayant obtenu le meilleur score parmi les réplicats réalisés pour une même souche, la sensibilité est de 84,5% (49/58) et la spécificité de 99,3% (267/269). La majorité des erreurs d'identification de spectres de *T. indotineae* se concentrent dans un seul centre (17/38, 44,7%) où les isolats sont identifiés sur le milieu DERM (BioMérieux), milieu sur lequel aucun des spectres de référence présents dans la base MSI-2 n'a été acquis. En excluant ce centre de l'analyse, la sensibilité est de 86,2% lorsque l'analyse est effectuée sur le nombre total de spectres et de 86,8% lorsque seule la meilleure identification est retenue.

Conclusion. Cette étude confirme en vie réelle (multiplicité des appareils, des opérateurs, des conditions de culture, ...) les bonnes performances de MSI-2 pour l'identification de T. indotineae avec un intérêt tant diagnostique qu'épidémiologique des données générées par l'application. Le bénéfice d'intégrer de nouvelles références acquises sur le milieu DERM va faire l'objet d'une évaluation.

COSM 3. Évaluation du test PCR multiplex en temps réel DermaGenius® Resistance pour l'identification et la détection rapides des espèces de *Trichophyton* résistantes à la terbinafine

Yacine Elaiba, Lorra Monpierre, Françoise Foulet, Soulaf Suyyagh-Albouz, Delphine Patarot, Frédérique Boquel, Cécile Angebault, Françoise Botterel. Unité de Parasitologie-Mycologie, Département Prévention, Diagnostic, Traitement des Infections, Hôpitaux Universitaires Henri Mondor, Créteil, France*

Introduction. La résistance à la terbinafine chez les espèces de *Trichophyton* est de plus en plus signalée dans plusieurs régions du monde. La détection de

cette résistance n'est pas faite systématiquement dans nos laboratoires de CHU car la méthode conventionnelle est longue et techniquement exigeante. But de l'étude : Les performances du test PCR en temps réel DermaGenius® Resistance pour la détection d'isolats de *Trichophyton* présentant des mutations sur le gène de la squalène epoxydase (SQLE) associées à une résistance à la terbinafine ont été évaluées en comparaison des approches diagnostiques conventionnelles.

Matériel et méthodes. Trente isolats cliniques de *Trichophyton* complexe *mentagrophytes/interdigitale* et complexe *rubrum* ont été inclus dans l'étude. Tous les isolats ont été caractérisés par un séquençage ITS et le séquençage Sanger du gène de la SQLE pour rechercher des mutations associées à la résistance à la terbinafine. Les tests de sensibilité à la terbinafine ont été effectués à l'aide des méthodes de diffusion en gradient sur bandelette (Liofilcheim®) et de microdilution EUCAST. Ces isolats ont été également testés à l'aide du kit de PCR en temps réel DermaGenius® Resistance.

Résultats. Au sein du complexe *T. mentagrophytes/interdigitale*, 11 isolats ont été identifiés comme *T. indotineae* et neuf comme *T. interdigitale* par les méthodes classiques d'identification moléculaire. Au sein du complexe d'espèces *T. rubrum*, neuf isolats ont été identifiés comme T. rubrum *sensu stricto* et un comme *Trichophyton soudanense*. Des mutants SQLE ont été détectés dans 11 des 30 isolats, dont neuf isolats de *T. interdigitale* et deux isolats de *T. rubrum*. Avec le kit DermaGenius®, 20 isolats du complexe d'espèces T. mentagrophytes/interdigitale ont été identifiés dont neuf avec des mutations du gène de la SQLE. Le kit a également identifié dix isolats du complexe d'espèces *T. rubrum/soudanense*, dont deux avec des mutations de la SQLE. Les résultats étaient en parfaite concordance avec ceux obtenus par séquençage et avec les tests de sensibilité à la terbinafine.

Discussion – conclusion. Le test PCR en temps réel DermaGenius® Resistance constitue un outil rapide et fiable pour la détection de la résistance à la terbinafine chez *Trichophyton* complexe *mentagrophytes/interdigitale* et complexe *rubrum* sans aller à la détection précise de l'espèce. Ce test représente une alternative pratique aux méthodes conventionnelles et peut permettre une identification plus précoce des souches résistantes, améliorant ainsi la prise en charge des patients.

COSM 4. Consultations dermato-mycologiques : un levier majeur pour améliorer le diagnostic des dermatomycoses

Mateo Pouilly, Anne-Laure Demartin, Catherine Peillon, Jeanne Ramet, Caroline Mahinc, Pierre Flori. CHU de Saint-Étienne.*

Introduction. Depuis 2024, le CHU de Saint-Étienne a mis en place des consultations mixtes dermatologie–mycologie. Ce dispositif multidisciplinaire vise à optimiser la prise en charge des infections mycologiques superficielles en associant, au cours d'une même consultation, l'évaluation clinique, la réalisation

des prélèvements et leur analyse microbiologique par un même praticien. De plus, nous réalisons la recherche de dermatophyte pour un laboratoire privé.

Méthodologie. Cette étude rétrospective et multicentrique analyse 5 484 échantillons traités en 2025 dans le secteur mycologie au sein du laboratoire des agents infectieux et d'hygiène du CHU de Saint-Étienne. Les prélèvements réalisés lors des consultations dermato-mycologiques ont été comparés à ceux provenant de deux autres sources : des échantillons externes issus d'un partenariat avec un laboratoire privé et des prélèvements réalisés dans les autres services hospitaliers du CHU. L'objectif était d'évaluer l'impact des conditions pré-analytiques de prélèvement sur la qualité des résultats mycologiques, notamment la positivité de la culture, la positivité de l'examen direct et les taux de contamination.

Résultats. Les prélèvements réalisés lors des consultations dermato-mycologiques présentent de meilleures performances analytiques, avec une proportion plus faible de contaminations simples, définies par l'isolement d'une seule espèce contaminante [36,3 % vs 47,5 % ($p < 0,001$) pour les laboratoires privés, et 48,4 % ($p < 0,05$) pour les autres services du CHU]. Aucune différence n'est observée pour les contaminations multiples. Cependant, la positivité de l'examen direct est également plus élevée en consultation, 44,6% vs 28,6 % et 22,2 % respectivement ($p < 0,001$) soulignant l'importance des étapes pré-analytiques.

Discussion et conclusion. La mise en place de cette filière permet ainsi de réduire les faux négatifs et les contaminations, améliorant la fiabilité diagnostiques. Elle favorise également une collaboration entre dermatologie et mycologie dans un contexte d'augmentation importante des demandes d'examens mycologiques. Certaines limites doivent néanmoins être soulignées. Un biais de recrutement hospitalier est probable, les consultations spécialisées regroupant davantage de cas complexes. De plus, l'analyse ne prend pas en compte certaines données cliniques, telles que les traitements antifongiques antérieurs ou les comorbidités associées (données non disponibles sur les examens externes au CHU). La standardisation des pratiques de prélèvement auprès des partenaires externes, pourrait améliorer la surveillance épidémiologique. L'organisation mise en place au CHU de Saint-Étienne apparaît ainsi comme un modèle pertinent pour optimiser le diagnostic des dermatophytoses et pourrait être transposée à d'autres centres.

Session 4. Mycoses invasives : entre évolution et résistance

Modérateurs : Fatma Bachi & Jean-Pierre Gangneux

Communication invitée

COIM 2. Mucormycoses : l'expérience Algérienne. Sihem Benhaissa, CHU Mustapha Pacha

Communications sélectionnées

COSM 5. A Novel Oral PEGylated Liposomal Amphotericin B with High Therapeutic Efficacy in Severe Fungal Infections

Daniel A. Santos, Victor Augusto Teixeira Leocádio, Guilherme Santos Ramos, Danielle Leticia Silva, Gustavo José Cota de Freitas, Barbara Maria de Amorim Santos, Helane Lúcia Oliveira de Morais, Pedro Henrique Reis da Silva, Julia Facci Colangelo, Christian Fernandes, Daniele G. Souza, Nalu Teixeira Aguiar Peres, Frédéric Frézard. Universidade Federal de Minas Gerais, Brazil*

Access to lipid-based amphotericin B (AmB) formulations remains severely limited in endemic regions of life-threatening mycoses, largely due to the prohibitive cost. To address this gap, a novel PEGylated liposomal AmB formulation (LAmB) was developed with the dual goal of improving oral bioavailability and reducing production costs, offering a potentially transformative therapeutic alternative for resource-limited settings. The therapeutic potential of LAmB was evaluated in two murine models of severe fungal infection: disseminated sporotrichosis caused by *Sporothrix brasiliensis* and pulmonary cryptococcosis caused by *Cryptococcus neoformans*.

In both models, mice received daily oral LAmB (10 mg/kg), intraperitoneal conventional AmB deoxycholate (Anforicin®) (0.5 mg/kg) or saline as untreated control. Outcomes assessed included fungal burden in multiple tissues, inflammatory mediators, biochemical markers of hepatic and renal function (AST, ALT, creatinine), and histopathological analysis.

In both infection models, orally administered LAmB significantly reduced fungal burden at local and disseminated sites, achieving efficacy comparable or superior to parenteral AmB. In sporotrichosis, the experimental design was structured to simulate both subcutaneous and systemic infection scenarios, and LAmB effectively controlled infection across early, intermediate, and late treatment protocols, consistently preventing central nervous system dissemination regardless of when therapy was initiated. In cryptococcosis, LAmB achieved 100% animal survival, outperforming commercial formulation, while also reducing brain dissemination. Beyond direct antifungal activity, both formulations attenuated key inflammatory mediators, including IL-6, CXCL10, and CCL2, across relevant tissue compartments. Notably, LAmB reduced pulmonary inflammation and preserved the alveolar architecture, suggesting that PEGylation not only enhances fungal clearance but also mitigates collateral immunopathology. Hepatic and renal biochemical parameters remained within normal reference ranges across both models, indicating a safety profile at the doses employed.

Collectively, these findings demonstrate that PEGylation confers long-circulating properties to liposomes, enhancing tissue distribution and oral bioavailability while maintaining antifungal potency and limiting toxicity. Importantly, the formulation is currently undergoing clinical evaluation in cats naturally infected with sporotrichosis, given the well-established role of felines in zoonotic transmission, representing a pivotal translational step toward its future application in human medicine.

COSM 6. Premiers retours de l'enquête FRASPC sur la déclaration volontaire des aspergilloses chroniques de 2024 au CNR-AspC à partir des données sérologiques

Laurence Delhaes*, Jean-Pierre Gangneux, Eloise Ramel, Angélique Bonnet, Jean Lamoureux, Maria-Alexandra Stoica, Damien Costa, Helene Morisse-Pradier, Jean Menotti, Florence Persat, G Devouassoux, Lilia Hasseine, Loïc Simon, Sylvie Leroy, Sophie Brun, Yurdagül Uzunhan, Françoise Botterel, Soulaf Albouz, Bernard Maitre, Emilie Guemas, Morgane Andreoletti, Marlène Murris, Nathalie Bourgeois, Laurence Lachaud, Raphaël Chiron, Taieb Chouaki, Céline Damiani, Claire Andrejak, Anne Donnars, Suzanne Guepin, Pascaline Priou, Arnaud Fekkar, Marion Blaize, Christophe Cracco, Fakhri Jeddi, Rose-Anne Lavergne, François-Xavier Blanc, Adélaïde Chesnay, Guillaume Desoubeaux, Julie Mankikian, Maxime Moniot, Philippe Poirier, Guillaume Laurichesse, Marc Sautour, Frédéric Dalle, Camille Poisson, Sébastien Imbert, Hélène Guégan. CNR-AspC.

Introduction et Rationnel. Les aspergilloses chroniques représentent un ensemble de pathologies évoluant sur plusieurs mois et aboutissant à terme à une destruction lente du tissu pulmonaire, comportant en premier lieu les aspergilloses pulmonaires chroniques (APC) et les aspergilloses broncho-pulmonaires allergiques (ABPA). On compte également des atteintes localisées (sinusites aspergillaires) ou encore des formes frustres avec marqueurs d'une exposition chronique à Aspergillus. Elles surviennent principalement chez des patients présentant des conditions favorisantes, telles qu'une pathologie respiratoire chronique (Broncho-pneumopathie chronique obstructive, emphysème, asthme, mucoviscidose…) ou des cavités pulmonaires séquellaires, notamment post-tuberculeuses ou néoplasiques. Bien que sous-diagnostiquées, elles sont relativement fréquentes dans la population générale. Une estimation mondiale récente fait état de 2 millions de nouveaux cas par an d'APC avec 300 000 décès. En France, leur prévalence est en augmentation régulière. Dans le cadre de la surveillance des aspergilloses chroniques déployée par le CNRMA, les LA-Aspergilloses chroniques (CNR-AspC) ont mis en place l'enquête FRASPC. L'objectif de cette étude est de préciser l'épidémiologie et la prise en charge des aspergilloses chroniques en France ; elle est basée sur une déclaration volontaire des cas sur l'année 2024.

Matériel et Méthodes. Sur la base du volontariat, 18 centres représentatifs du territoire français ont participé à l'enquête FRASPC-2024. Dans le cadre des activités de surveillance du CNR-AspC et pour chaque centre, nous avons :

-(i) colligé les données clinico-biologiques des patients présentant au moins 2 sérologies positives à minimum 3 semaines d'intervalle sur la période d'étude et la caractérisation des maladies aspergillaires chroniques associées. Ces données permettent de calculer la valeur prédictive positive d'une double sérologie aspergillaire positive

-(ii) caractérisé sur le plan clinique, sérologique et mycologique les APC et ABPA déclarées par ces 18 centres.

Résultats et Discussion. En 2024, près de 30 000 sérologies aspergillaires ont été faites à travers les 18 centres. Environ 1 000 patients avaient au moins 2 sérologies positives à 3 semaines d'intervalle ; 3 000 patients avaient 1 seule

sérologie positive ; le reste étaient séronégatifs. Les distribution et proportions étaient variables d'une région et d'une ville à une autre. Cette étude FRASPC apportera des données récentes notamment sur l'épidémiologie et le diagnostic des aspergilloses chroniques en France, et de confirmer l'intérêt et la faisabilité d'un suivi annuel sur déclarations volontaires au sein du CNR-AspC.

COSM 7. Infections à *Trichosporon austroamericanum* chez des patients hospitalisés à Marseille, 2022–2024

E. Burel, C. Sartor, V. Moal, V. Bossi, J. Sevestre, J. Solignac, R. Charrel, M. Desnos-Ollivier, S. Ranque, Estelle Menu. RITMES, Aix Marseille Université*

Contexte. Les infections fongiques invasives représentent un risque important pour la santé des patients immunodéprimés, en particulier en milieu hospitalier. *Trichosporon austroamericanum* est apparue comme une cause rare d'infection fongique invasive. Entre 2022 et 2024, six cas de trichosporonose ont été détectés chez des patients hospitalisés dans un centre hospitalier universitaire multisite à Marseille, en France. Les résultats initiaux obtenus par MALDI-TOF MS ont identifié à tort les isolats comme *T. inkin*, ce qui a conduit à une analyse génomique approfondie.

Méthodes. Les patients présentant une trichosporonose confirmée par culture ont été documentés prospectivement dans trois hôpitaux sur une période de deux ans. En raison de ce regroupement inhabituel de cas, une enquête environnementale détaillée a été menée. L'identification des espèces et la caractérisation des souches ont été réalisées à l'aide du séquençage de la région IGS1 et du séquençage du génome entier (WGS), incluant l'analyse des SNP et la comparaison des génomes mitochondriaux. Les isolats cliniques et environnementaux ont été analysés afin d'identifier d'éventuelles sources de transmission.

Résultats. Six isolats cliniques de *T. austroamericanum* et un isolat environnemental ont été obtenus. Les analyses génomiques ont confirmé l'identité de l'espèce et mis en évidence une diversité importante entre les isolats. Les analyses des SNP ont montré une forte variabilité inter-souches, compatible avec un profil polyclonal. Les génomes mitochondriaux présentaient également des profils mutationnels distincts, suggérant leur utilité pour une différenciation des souches. L'enquête environnementale a permis d'identifier un isolat de *T. austroamericanum* dans un échantillon d'air d'une unité de soins intensifs d'un autre hôpital, sans qu'aucun lien épidémiologique avec les patients n'ait pu être établi.

Conclusions. Notre étude documente l'émergence de *T. austroamericanum* en milieu hospitalier et met en évidence les limites des méthodes d'identification de routine, susceptibles de confondre cette espèce avec *T. inkin*. La diversité génomique marquée observée suggère une circulation polyclonale plutôt qu'une épidémie liée à une source unique. L'analyse des génomes mitochondriaux apparaît prometteuse pour une résolution intra-espèce. Ces résultats soulignent

la nécessité de disposer d'outils diagnostiques précis et d'accroître la vigilance face à ce pathogène opportuniste récemment décrit.

COSM 8. Caractérisation des mécanismes de résistance d'isolats d'*Aspergillus fumigatus* présentant une sensibilité diminuée aux azolés

Jean Menotti, J. Li, M. Louvet, M. Suarez-Robles, D. Bachmann, D. Brandalise, M. Aruanno, F. Persat, D. Dupont, M. Wallon, E. Dannaoui, D. Sanglard, F. Lamoth. Service de Parasitologie et de Mycologie Médicale, Hospices Civils de Lyon / Université Lyon 1, Lyon, France ; Equipe de Recherche de Mycologie, Institut de Microbiologie, CHU Vaudois / Université de Lausanne, Lausanne, Suisse ; Service de Microbiologie, Hôpital Necker, AP-HP / Université Paris-Cité, Paris, France

Introduction et rationnel. L'émergence d'isolats d'*Aspergillus fumigatus* résistant aux azolés devient préoccupante du fait de la pression de sélection exercée par l'administration de traitements azolés au long cours chez des patients ou par l'utilisation massive de fongicides azolés en agriculture. Les mécanismes les plus fréquents consistent en des mutations ponctuelles du gène codant pour la 14^{e} -déméthylase dans la voie de biosynthèse de l'ergostérol, associée à des répétitions en tandem dans son promoteur. D'autres mécanismes de résistance ont été décrits mais leur pertinence et leur fréquence restent moins bien caractérisées. Notre objectif était de caractériser les isolats avec des concentration minimales inhibitrices (CMI) élevées au voriconazole et un gène cyp51A sauvage.

Matériel et méthodes. Nous avons sélectionné 6 isolats cliniques d'*A. fumigatus* présentant une CMI ≥1 mg/L pour le voriconazole, associée à une absence de mutation dans le gène cyp51A ou de répétition en tandem dans son promoteur. Les gènes hapE et hmg1 ont été séquencés pour rechercher des mutations. Les expressions des gènes cyp51A, cyp51B et des gènes codant pour plusieurs protéines d'efflux ont été quantifiées par RTqPCR. L'activité des transporteurs ABC a été mesurée par un test à la rhodamine 6G.

Résultats. Les séquences du gène hapE étaient sauvages sans coder pour une substitution P88 pour les 6 isolats. L'isolat B a présenté une délétion F262 associée à une substitution S263L non décrite jusqu'à présent, l'isolat E une substitution S269P, l'isolat G une substitution G307D et l'isolat K une substitution S269F dans la séquence protéique codée par le gène hmg1. Tous les isolats présentaient un polymorphisme S212P et 4 isolats sur 6 un polymorphisme Y564H. Une augmentation significative de l'expression du gène cyp51A était observée pour l'isolat K. Concernant les pompes à efflux, des augmentations significatives de l'expression des gènes mdr1, msfC, abcB et cdr1B ont été observées pour certains isolats (Figure 1). Une augmentation marquée de l'efflux de la rhodamine 6G a été observée pour les isolats D et H.

Discussion et conclusion. Les mutations du gène hmg1 pourraient constituer un mécanisme de résistance aux azolés fréquent chez les isolats d'*A. fumigatus*

présentant à la fois une sensibilité diminuée aux azolés et un gène cyp51A sauvage. Elles semblent souvent associées à une augmentation de l'expression des transporteurs MFS. Pour 2 isolats sans mutation retrouvée, une augmentation de l'expression du gène abcB et de l'activité des transporteurs ABC pourrait être le mécanisme prédominant de la résistance aux azolés.

COSM 9. Place de la métagénomique dans le diagnostic précoce des aspergilloses pulmonaires invasives chez le patient neutropénique atteints d'hémopathies malignes

David Palleschi, Eloïse Bailly, Julie Marechal, Corentin Beclere, Marc Sautour, Alain Bonnin, Louise Basmaciyan, Frédéric Dalle. CHU Dijon Bourgogne CHU Dijon Bourgogne*

Introduction et rationnel. Les aspergilloses pulmonaires invasives (API) sont des infections opportunistes rares mais graves, responsables d'une morbi-mortalité élevée chez les patients neutropéniques atteints d'hémopathies malignes. Leur diagnostic repose sur un faisceau d'arguments cliniques, radiologiques et biologiques selon la classification EORTC/MSG 2020. Toutefois, les méthodes microbiologiques conventionnelles présentent des performances limitées, retardant fréquemment le diagnostic ou laissant persister des situations sans étiologie microbiologique documentée. La métagénomique de nouvelle génération (mNGS) appliquée à l'ADN circulant plasmatique pourrait constituer une approche innovante pour améliorer le diagnostic précoce des API.

Matériel et méthodes. Cette étude est une étude rétrospective monocentrique de type cas-témoin, menée entre mai et octobre 2025 au sein du laboratoire de parasitologie-mycologie du CHU Dijon Bourgogne. Les patients inclus avaient été hospitalisés pour la prise en charge d'une hémopathie maligne dans le service d'oncohématologie du CHU Dijon Bourgogne entre 2006 et 2012. L'objectif de l'étude était d'évaluer les performances d'une méthode commerciale de mNGS non ciblée DISQVER® (Noscendo™) sur des échantillons plasmatiques pour le diagnostic d'API. La cohorte comprenait onze patients atteints d'API et huit patients témoins sans infection documentée. Au total, 57 échantillons de plasma ont été analysés soit 3 échantillons par patient.

Résultats. L'analyse métagénomique a permis la détection d'ADN d'*Aspergillus* spp. pour 17 échantillons issus de patients atteints d'API. La méthode mNGS a montré une sensibilité et une précocité diagnostique supérieures aux outils biologiques conventionnels. L'intégration des résultats de la mNGS aux critères biologiques EORTC/MSG aurait permis la reclassification de 2 API initialement classées comme possibles en API probables, alors que l'ensemble des examens microbiologiques standards était négatif. Aucun résultat en faveur d'API n'a été observé chez les patients témoins, suggérant une bonne valeur prédictive négative. La mNGS a également permis l'identification de co-infections, dont certaines ont été confirmées par les méthodes microbiologiques usuelles, tandis que d'autres étaient concordantes avec le tableau clinico-radiologique sans confirmation microbiologique formelle.

Discussion et conclusion. La mNGS plasmatique non ciblée constitue un outil diagnostique innovant et performant pour les aspergilloses pulmonaires invasives chez les patients neutropéniques atteints d'hémopathies malignes. Elle permet une détection plus précoce que les méthodes microbiologiques conventionnelles et apporte une information diagnostique déterminante dans des situations cliniques sans étiologie microbiologique documentée. Plus largement, cette étude illustre l'intérêt potentiel de la mNGS plasmatique comme outil complémentaire en infectiologie, notamment pour le diagnostic rapide des infections complexes ou documentées tardivement par les méthodes usuelles.

Congrès de la Société Française de Mycologie Médicale

Session 1. Mycoses : un défi One Health

Modérateurs : Aïda Bouratbine & Guillaume Desoubeaux

Communications invitées

COIM 3. Dérèglement climatique à l'origine de l'émergence fongique. Françoise Botterel, Université Paris Est-Créteil

COIM 4. Usage des fongicides dans l'agriculture française : conséquences sur la santé environnementale. Anne-Sophie Walker, INRAe

Communications sélectionnées

COSM 10. *Aspergillus fumigatus* circulant dans des élevages avicoles des Pays de la Loire : sensibilité aux azolés, mutations du gène CYP51A et analyse structurale des variants

Faraj Fajloun[1], Jessica Josia Mbotizara[1], Estelle Robert[2], Julia Rhliouch[3], Cedric Logé[2], Patrice Le Pape[2], Jacques Guillot[1,4].

1. Univ. d'Angers, Univ. de Brest, Oniris, IRF, SFR ICAT, 49000 Angers 2. Nantes Université, CHU de Nantes, Cibles et médicaments des infections et de l'immunité, IICiMed, UR 1155, 44000 Nantes 3. MC Vet Conseil, groupe Cristal, 53810 Changé 4. Oniris VetAgroBio Nantes, Dermatologie-Parasitologie-Mycologie, 44300 Nantes

La résistance d'*Aspergillus fumigatus* aux antifongiques azolés représente une menace croissante pour la santé publique et animale. Cette étude s'inscrit dans le cadre du projet ANR « *Aspergillus* One Health », visant à identifier les environnements favorisant la sélection et la dissémination d'isolats résistants. En 2024 et 2025, 217 échantillons de paille et de litière ont été collectés dans 53 élevages avicoles. Ces échantillons ont été mis en culture sur trois milieux de culture, dont un supplémenté en tébuconazole (6 µg/mL), puis incubés à 43°C. L'identification microscopique a confirmé la présence d'*A. fumigatus* section Fumigati pour 84 échantillons (38,7 %) issus de 33 élevages (62,2 %), conduisant à l'isolement de 125 souches. La sensibilité aux azolés a été évaluée selon la méthode EUCAST modifiée. Trois molécules ont été testées : l'itraconazole (0,5 ; 1 ; 2 µg/mL), le voriconazole (0,5 ; 1 ; 2 µg/mL) et l'énilconazole (1 ; 2 ; 4 ; 8 µg/mL), un azolé utilisé dans les élevages. Parmi ces isolats, 17 provenant de 6 élevages (11,3 %) présentaient un profil de résistance : 5 vis-à-vis de l'itraconazole (CMI > 2 µg/mL) et 12 vis-à-vis du voriconazole (CMI > 2 µg/mL) (avec conjointement une CMI élevée vis-à-vis de l'énilconazole). Le séquençage du gène CYP51A et de sa région promotrice des 17 isolats (Dauchy et al. 2017) a permis d'identifier les altérations d'origine environnementale TR34/L98H et TR46/Y121F/T289A. Certains isolats présentaient d'autres substitutions associées S363P, I364V

et G448S, décrites antérieurement (Zhang et al. 2021), suggérant des profils génétiques plus complexes. Ces mutations ont été projetées sur un modèle in-house tridimensionnel de la protéine CYP51A pour évaluer leur impact potentiel sur l'affinité des azolés vis-à-vis de la protéine cible. Enfin, pour 2 isolats résistants, aucune mutation n'a été identifiée indiquant l'existence de mécanismes de résistance alternatifs. Ces résultats mettent en évidence l'intérêt d'une approche intégrative alliant microbiologie, génétique et bioinformatique pour mieux comprendre la résistance aux azolés chez *A. fumigatus*. Plusieurs mutations, peu décrites dans la littérature, reflètent l'émergence potentielle de nouveaux variants dans l'environnement avicole et une évolution progressive des profils génétiques. Ils ouvrent également des perspectives vers des analyses génomiques approfondies, actuellement en cours, incluant le génotypage STAf et le séquençage du génome entier, afin de caractériser l'évolution et la dissémination des souches résistantes.

COSM 11. Projet de sciences participatives pour l'étude de la diversité des levures du sol en milieu urbain (FungiSol)

Isabelle Ourliac-Garnier, Raquel Supo-Santillan, Marjorie Albassier, Estelle Robert, Manon Cadeau, Emmy Colombet, Julien Auclaire, Auriane Fraix, Thomas Ferran, Elise Recalt, Eric Dannaoui, Patrice Le Pape, Florent Morio. Nantes Université*

Objectifs. Une étude américaine récente a mis en évidence dans l'environnement plusieurs espèces de levures habituellement commensales chez l'Homme (1), soulignant le rôle potentiel du sol comme réservoir de levures pathogènes (2). Dans ce contexte, nous présentons les résultats d'un projet pilote de sciences participatives impliquant des enfants d'âge scolaire, visant à décrire la diversité des levures dans les sols de la métropole nantaise.

Matériels et méthodes. Entre janvier et avril 2023, quatre établissements scolaires nantais (128 élèves de 10 à 16 ans) ont participé au projet. Chaque élève a prélevé deux échantillons de sol au sein de son école (cours, potager, parterre de fleurs, plantes en pot…. Pour chaque échantillon, 2 g de terre ont été incubés en milieu liquide (YPD+antibiotiques), à 30°C sous agitation pendant 72 h, puis deux dilutions (10^{-4} et 10^{-5}) ont été ensemencées sur gélose YPD pour isoler les levures. Celles-ci ont été repiquées sur gélose Sabouraud et sur milieu chromogène, puis chaque morphotype (aspect, taille, texture, couleur) a été identifié par spectrométrie de masse MALDI-TOF (Bruker Biotyper), éventuellement complétée par le séquençage des régions ITS de l'ADNr.

Résultats. Dans ces conditions, des levures ont été isolées dans 62% des échantillons (n=159). Parmi les 2 042 colonies de levures examinées, 216 morphotypes ont été isolés. Parmi celles-ci, 46 espèces de levures distinctes (27 genres différents), ont été identifiées. La répartition/diversité des espèces différaient d'une école à l'autre, *Torulaspora delbrueckii* étant la principale espèce isolée (10-43%, n = 82), suivie de *Hanseniaspora uvarum* (2-18%, n = 25) et de *Barnettozyma californica* (0-21%, n = 21). Plusieurs espèces opportunistes ont été mises en évidence en particulier *C. tropicalis* mais aussi *Pichia kudriavzevii*,

Pichia norvegensis, *Kluyveromyces m*arxianus, *Nakaseomyces glabratus* et *Clavispora lusitaniae*. Deux nouvelles espèces ont été identifiées et sont en cours de description.

Conclusions. Réunir les citoyens et les chercheurs autour du projet FungiSol est à la fois une occasion de sensibiliser le public à la biodiversité fongique et à la mycologie médicale, et un moyen d'accélérer la recherche scientifique dans ce domaine. Les résultats de cette étude pilote soulignent le rôle potentiel du sol en milieu urbain comme réservoir de levures opportunistes. La sensibilité in vitro aux antifongiques des principales espèces opportunistes est en cours d'évaluation.

Ce travail a bénéficié d'un soutien financier de la SFMM dans le cadre de l'appel d'offres Recherche (1) Opulente et al., FEMS Yeast Res.2019May1;19(3):foz032 (2) Morio F., FEMS Yeast Res.2020Feb1;20(1):foz080.

COSM 12. SporeWatchFrance : Etude nationale de la fraction aéroportée d'*Aspergillus fumigatus* résistants aux azolés

Valentine Kassis, Audrey Laboissière, Audrey Guitton, Mathieu Guillaume, Lison Schmidlin, Laurence Millon, Eveline Snelders, Steffi Rocchi. CHU Besançon UMR6249 Chrono-environnement Université Marie et Louis Pasteur Besançon*

Face à une menace fongique émergente, où, de surcroit, les effets non intentionnels de l'utilisation des fongicides dans l'environnement sélectionnent des souches résistantes aux traitements il est essentiel de développer des méthodes de surveillance afin de générer des données fiables sur le fardeau de la résistance aux antifongiques. C'est dans ce contexte que l'étude SporeWatchFrance, volet français du projet international JPI-AMR GAP-AFR a été lancée. L'objectif général est d'analyser la distribution spatiale nationale des *Aspergillus fumigatus* et ceux résistants aux azolés. Pour cela, une étude nationale en sciences participatives a été réalisée en utilisant une méthode standardisée de prélèvement développée par les Pays-Bas. L'étude vise à répondre aux questions suivantes : - Existe-il une différence de répartition aéroportée d'*A. fumigatus* et de la fraction résistante sur le territoire national ? - La répartition d'*A. fumigatus* et la sensibilité aux antifongiques est-elle fonction des variables environnementales (climatiques, d'occupation des sols, usage des fongicides) ?

Huit cent participants ont été sélectionnés via un questionnaire en ligne pour participer à la collecte des spores d'*A. fumigatus* dans l'air extérieur du 15 octobre 2025 au 15 décembre 2025. La méthode d'échantillonnage consiste à collecter passivement les spores fongiques extérieures à l'aide de pièges deltatrap, dans lesquels sont placés 3 films adhésifs. Des tutoriels vidéo et une notice explicative étaient fournies aux participants. Après six semaines d'exposition, les films ont été renvoyés au laboratoire où ils ont été mis en culture avec des milieux sélectifs, avec ou sans azoles, afin d'évaluer le nombre total d'unités formant colonie (UFC) d'*A. fumigatus* et les UFC résistantes au voriconazole (VOR) ou à l'itraconazole (ITR).

633 deltatraps (79%) ont été reçus au laboratoire, et 528 (83 %) étaient conformes aux exigences du protocole en termes de dates et de durée de collecte. A ce jour, 320 deltatraps ont été analysés, avec une fraction maximale de résistance à l'itraconazole de 0,23 détectée en Nouvelle-Aquitaine et une fraction maximale de résistance au voriconazole de 0,48 détectée en Bourgogne Franche-Comté. L'ensemble des 528 deltatraps sera analysé dans le mois à venir et pourra être présenté. Les quantités aéroportées d'*A. fumigatus* sur le territoire national ainsi que la fraction résistante seront analysées en fonction des facteurs environnementaux.

COSM 13. Diversité génétique des isolats de *Trichophyton mentagrophytes* provenant d'animaux de compagnie

Jacques Guillot, Maxime Kittel, Nicolas Soetart, Anne-Cécile Normand, Caroline Dumont, Floriane Hubert, Arnaud Fekkar, Renaud Piarroux, Arnaud Jabet. Oniris, Ecole nationale vétérinaire de Nantes*

Introduction. Les dermatophytoses font partie des dermatoses infectieuses les plus fréquentes chez les carnivores domestiques. *Microsporum canis* demeure l'agent étiologique prédominant mais d'autres dermatophytes zoophiles, comme le complexe d'espèces *Trichophyton mentagrophytes*, sont régulièrement mis en cause aussi bien chez le chien que chez le chat. Nous avons pu obtenir un grand nombre d'isolats de *T. mentagrophytes* isolés à partir d'animaux domestiques par le Laboratoire LabOniris de janvier à décembre 2020. Nous avons génotypé ces isolats puis analysé les données épidémiologiques et cliniques (correspondant aux cas de dermatophytoses animales dues à T. mentagrophytes) au regard des résultats de génotypage.

Résultats. Le génotypage a été réalisé pour 348 isolats de *T. mentagrophytes* provenant principalement de chiens et de chats. Huit génotypes ITS ont été identifiés, le génotype III* étant largement prédominant (62,4%), suivi des génotypes III (22,4%) et II* (8,6%). Trois génotypes ITS non décrits précédemment ont également été observés. Le séquençage des gènes tef1-e et tubb dans un sous-ensemble d'isolats a révélé une diversité génétique limitée au sein de chaque génotype ITS, à l'exception du génotype III*, qui présentait plusieurs variants de séquence. Les génotypes III et XXVI ont présenté une distribution géographique restreinte. Aucun génotype de *T. indotineae*, de *T. mentagrophytes* (génotype VII) ni de *T. interdigitale* n'a été identifié. Pour l'analyse épidémiologique et clinique, les résultats de génotypage ont été pris en compte pour 298 isolats provenant exclusivement de chiens et de chats pour lesquels nous disposions d'informations précises. L'analyse statistique a montré que le génotype II* est associé à des formes sévères, souvent généralisées et prurigineuses, plutôt chez des animaux âgés et castrés (chez les chats), au printemps et en automne (chez les chiens). Le génotype III est associé à des formes plus discrètes et localisées, plutôt chez des animaux jeunes, non castrés (chez les chats), en automne (chez les chiens). La contamination humaine est associée aux génotypes II* (à partir de chiens et de chats) et III* (à partir de chats).

Conclusion. Nos résultats soulignent la faible diversité génétique observée parmi les isolats provenant d'animaux de compagnie en France et confirment un brassage génétique réduit entre les génotypes ITS, ce qui est cohérent avec les processus de spéciation en cours au sein du complexe d'espèces *T. mentagrophytes*. L'analyse épidémiologique et clinique suggère que certains génotypes sont associés à des formes cliniques particulières chez l'animal et un risque accru de contamination humaine.

Session 2. Mycobiote : la face cachée du microbiote

Modérateurs : Françoise Botterel & Fréderic Dalle

Communications invitées

COIM 5. Caractérisation fonctionnelle et modulation du mycobiote intestinal humain : à partir de l'expérience bactériologique

Patricia Lepage, INRAe,

COIM 6. Considérations mycologiques lors de la transplantation fécale

Fabien Wuestenberghs, CHU de Bobigny

Communications sélectionnées

COSM 14. Amélioration de la détection métagénomique des infections fongiques dont les aspergilloses dans les PAVM par déplétion de l'ADN humain et séquençage longs reads : Projet Inf-HOLOBIONT

Naëla Gourri, Laurence Delhaes, Olivier Barraud, Sebastien Imbert, Sylvain Meyer. Université de Bordeaux, INSERM U1045*

Introduction et rationnel. Les infections respiratoires, en particulier les pneumopathies acquises sous ventilation mécanique (PAVM), représentent l'une des principales causes d'infections nosocomiales en réanimation (environ 60%). Leur diagnostic repose principalement sur des approches microbiologiques conventionnelles, souvent longues et limitées dans leur capacité à détecter simultanément possibles coinfections. Par ailleurs, les interactions entre microbiote respiratoire, pathogènes opportunistes (notamment du genre *Aspergillus* sp.) et réponse immunitaire de l'hôte restent encore peu caractérisées en simultané. Le projet INF-HOLOBIONT vise à développer une approche diagnostique intégrative et holistique basée sur la métagénomique clinique permettant d'explorer simultanément la présence de pathogènes, la dysbiose microbienne et la réponse immunitaire de l'hôte dans les infections respiratoires.

Matériel et méthodes. Dans ce contexte, des étapes de traitement des échantillons, incluant la déplétion de l'ADN humain et l'utilisation de protocoles

adaptés de préparation de librairies pour le séquençage nanopore, ont été mises en place. Elles permettent l'amélioration de la détection métagénomique des micro-organismes respiratoires. Les données de séquençage obtenues ont ensuite été analysées à l'aide d'un pipeline bioinformatique dédié. Ce dernier permet la classification taxonomique des micro-organismes (champignons, bactéries et virus) à l'aide de Kraken2, suivie d'analyses génomiques incluant le mapping (Minimap2), l'assemblage de génomes (Flye) et l'identification de variants et de gènes de résistance aux antifongiques et antibiotiques. En aval, un rapport détaillé et explicite est mis à disposition du praticien. Des jeux de données publiées, issus d'études cliniques de patients hospitalisés en réanimation pour suspicion d'infection respiratoire ont été utilisés afin d'évaluer les performances de cette approche. Résultats. Les premières analyses mettent en évidence la capacité de la métagénomique à détecter simultanément plusieurs agents pathogènes respiratoires et à caractériser la structure des communautés microbiennes associées.

Discussion et conclusion. Ces travaux constituent une preuve de concept pour l'utilisation d'approches métagénomiques intégratives dans l'étude des infections respiratoires en réanimation. Ils ouvrent des perspectives pour le développement de stratégies diagnostiques plus rapides et plus complètes, intégrant les interactions entre pathogènes, microbiote et réponse immunitaire de l'hôte. La prochaine étape du projet visera à confirmer nos résultats prometteurs sur échantillons rétrospectifs humains documentés. Une fois mise au point cette méthode pourrait être étendu à d'autres de types de pathologies et diagnostiques y compris le diagnostic de maladies infectieuses émergentes.

COSM 15. Contribution of Gut Fungal Communities to Metabolic Dysfunction-Associated Steatohepatitis (MASH): A Culturomics and Functional Approach

Abou Coulibaly, Sébastien Hutter, Carole Cassagne, Jacques Sevestre, Giovanna Mottola-Ghigo, Safiatou Doumbo Niaré, Matthieu Million, Nadine Azas, Mahamadou Ali Théra, René Gerolami, and Stéphane Ranque. RITMES, Aix Marseille Université*

Metabolic dysfunction-associated steatohepatitis (MASH) is a progressive liver disease characterized by hepatic inflammation driven by lipid accumulation in the absence of significant alcohol consumption. While bacterial dysbiosis has been widely investigated, the role of the gut mycobiota remains poorly understood. This study aimed to characterize intestinal fungal communities associated with MASH and explore their functional contribution to disease progression.

Using a culturomics approach, stool samples from 20 MASH patients and 20 healthy controls were analyzed, resulting in the isolation of 111 fungal strains, including 58 yeasts and 53 filamentous fungi. No significant difference in overall fungal abundance was observed between groups (e^{2}, $p = 1.00$), although a high diversity of species was recovered, notably using FastFung medium. Functional analyses revealed that several yeast isolates can produce ethanol and triglycerides in vitro, with significant inter-strain variability. Ethanol production

was significantly higher in isolates from MASH patients (p = 0.04) 10 days of incubation, suggesting a potential endogenous source of alcohol contributing to liver injury. Ethanol tolerance ranged from 3% to 22% for yeasts and 10% to 15% for filamentous fungi. Cytotoxicity assays performed on CHO-K1 and HepG2 cell lines demonstrated strain-dependent toxic, neutral, or stimulatory effects, with highly significant differences between groups (Kruskal-Wallis, < 0.0001).

Overall, these findings suggest that gut fungal communities, particularly yeasts, may contribute to MASH progression through metabolic activities such as ethanol and lipid production. Modulation of the gut mycobiota may represent a novel biomarker and therapeutic target in at-risk populations.

COSM 16. Impact of agricultural chemical inputs on the intestinal microbiota at both microbial and fungal level

Louise Basmaciyan, Eloise Bailly, Amandine Ducreux, Fabienne Bon, Frédéric Dalle. Université Bourgogne Europe - CHU Dijon Bourgogne.

Introduction. The gut microbiome (GM) is a complex and dynamic ecosystem, where microbial interactions are crucial for maintaining host health. Among these, the gut mycobiota significantly influences bacterial community structure and function, contributing to intestinal homeostasis. Dysbiosis, an imbalance in GM composition, can disrupt this equilibrium and is linked to the onset and progression of various diseases. Environmental factors, including pesticide exposure, have emerged as important modulators of GM stability. In this study, we investigated the impact of fipronil, a phenylpyrazole-class pesticide, on the mammalian GM, with a focus on bacterial and fungal communities. Preliminary findings revealed that fipronil enhances the fitness and virulence of *Candida albicans*, increasing its ability to invade and damage intestinal epithelial cells. Additionally, fipronil, like many other pesticides, has previously been identified as a cause of GM dysbiosis in invertebrates, including honeybees.

Methods. Based on these findings, we used high-throughput sequencing (metabarcoding) to analyze the GM composition of mice that were exposed to chronic, sublethal doses of fipronil through oral gavage or drinking water.

Results. Our results indicate that fipronil significantly alters bacterial and fungal populations in the gut, suggesting a disturbance in interkingdom microbial interactions.

Discussion et conclusion. These findings highlight the potential of environmental pesticides to disrupt the balance of gut microbes and emphasize the importance of evaluating their overall impact on host health.

Session 3. Hygiénistes et mycologues : le duo stratégique pour lutter contre les infections fongiques

Modérateurs : Lilia Hasseine & Florent Morio

Communications invitées

COIM 7. Approche pratique des stratégies de maîtrise du risque fongique à moisissures en milieu hospitalier

Jean-Winoc Decousser, Société française d'hygiène hospitalière (SF2H)

COIM 8. Retour d'expérience sur une épidémie hospitalière de portage de *Candida* (syn. *Candidozyma*) *auris* dans la région des Hauts-de-France

Gwenaëlle Locher, CPias Hauts-de-France

Communications sélectionnées

COSM 17. Diversité et distribution des champignons dans l'environnement hospitalier : une étude par culturomique fongique

Paul Serre, Catherine Sartor, Valérie Moal, Stéphane Ranque, Estelle Menu, RITMES, Aix Marseille Université

Introduction et rationnel. Les infections fongiques invasives (IFI) représentent un problème majeur de santé publique, en particulier chez les patients immunodéprimés. Depuis 2022, l'Hôpital de la Conception (AP-HM, Marseille, France) est confronté à des cas groupés d'IFI à *Trichosporon austroamericanum*, espèce fongique émergente décrite pour la première fois en 2024. Afin de trouver la source environnementale de ce champignon, plusieurs enquêtes intra-hospitalières ont été conduites par le Comité de Lutte contre les Infections Nosocomiales (CLIN) local. En parallèle, nous avons élargi la recherche à l'environnement péri-hospitalier, à ce jour peu documenté dans la littérature. L'objectif principal de cette étude était de rechercher la présence de *Trichosporon* spp. dans cet environnement autour de l'Hôpital de la Conception (sols, végétation et surfaces extérieures). L'objectif secondaire consistait à caractériser de manière plus globale la diversité et la distribution des champignons autour de l'établissement, afin de mieux comprendre l'écologie fongique de ces espaces et d'identifier d'autres pathogènes potentiels ou émergents.

Matériel et méthodes. Vingt-quatre prélèvements (13 écouvillons de surface, 11 échantillons de matière organique) ont été collectés dans six zones à risque identifiées au préalable par l'enquête épidémiologique du CLIN réalisée autour des cas de patients. Une approche par culturomique fongique combinant quatre milieux de culture (Sabouraud, ChromAgar®, Potato Dextrose Agar, FastFung) et quatre degrés de dilution a été utilisée. L'identification des isolats a été réalisée par spectrométrie de masse MALDI-TOF et sera complétée par séquençage Sanger.

Résultats. L'ensemble des prélèvements présentait une culture positive. Au total, 372 colonies ont été isolées, représentant 146 isolats uniques, répartis en 48 espèces appartenant à 23 genres fongiques. *Aspergillus* était le genre dominant (30,8%), devant *Penicillium*, *Aureobasidium* et *Alternaria*. Parmi les espèces les plus fréquentes figuraient *Aureobasidium pullulans* (présent dans 58% des prélèvements), *Alternaria alternata* (50%) et *Aspergillus fumigatus* (42%). Des pathogènes classés prioritaires par l'OMS ont été identifiés, dont *A. fumigatus*, quatre espèces de *Fusarium* et cinq Mucorales. Un seul isolat de *Trichosporon* spp. a été retrouvé (*T. coremiiforme*), obtenu à partir de feuilles d'un buisson situé à proximité de la néphrologie. Aucun *T. austroamericanum* n'a été identifié. Le milieu Sabouraud était le plus performant (71% des espèces isolées), mais chaque milieu a néanmoins permis l'isolement d'espèces exclusives.

Discussion et conclusion. Cette étude contribue à la caractérisation de la diversité fongique de l'environnement péri-hospitalier par culturomique et met en évidence une richesse mycologique importante aux abords immédiats de l'établissement. L'isolement de *T. coremiiforme* dans la végétation environnante suggère que cet espace pourrait constituer un réservoir fongique d'intérêt clinique pour ce genre.

COSM 18. Epidemiology of *Aspergillus* species in Tunisia and detection of resistance to azoles

Sana Jemel, Ennajah A., Recalt E., Kallel A., Djenontin E., Marouen S., Akila F., Ben Salah A., Ayadi A., Mtibaa L., Botterel F., Dannaoui E., Kallel K. UR17SP03, Centre Hospitalo-Universitaire La Rabta, Jabbari, Tunis 1007, Tunisie ; Université Tunis EL Manar, Faculté de Médecine de Tunis, Tunis 1007, Tunisie ; Université Paris Est Créteil, Dynamyc, F-94010 Créteil, France*

Background. Invasive aspergillosis (IA) is acquired through environmental contamination. The prevalence of Aspergillus species is in relation to local climatic conditions. It appears that the prevalence of azole-resistant Aspergillus, the primary first-line treatment for IA, is increasing worldwide. This prevalence is not yet well understood in certain regions of the world, particularly in the Maghreb. This work aims to determine the epidemiology of *Aspergillus* spp. in Tunisia and to investigate the presence of azole resistance in *A. fumigatus* (Afum) and *A. flavus* (Aflav).

Methods. We collected strains of *Aspergillus* spp. from patients in four departments of Mycology in Tunisia and from the environment (soil and air). Afum and Aflav strains were screened for resistance to azoles using selective culture media. To confirm resistance, the Minimum Inhibitory Concentration (MIC) of azoles were determined using the European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) microdilution broth method and gradient concentration strips (Etest®). Whole Genome Sequencing (WGS) was performed on Afum strains detected as azole-resistant and confirmed with EUCAST. Sequencing reads were aligned to the AF293 reference genome (GCF_000002655.1). Variants were called

and annotated using bioinformatics tools (BCFtools and SnpEff). The analysis focused specifically on mutations in the CYP51A gene and its promoter. Results and Discussion We collected 361 *Aspergillus* isolates from clinical samples and 1062 isolates from environmental samples. Aflav was the most common species in clinical samples representing 41.4% of the *Aspergillus* isolates and Afum represented 13.2%. A. niger was the most common species in environmental samples both in hospital (43.6%) and extra-hospital (35.9%) setting. Aflav is the most responsible AI species in Tunisia (Hadrich et al). Contrary to the northern country where the Afum is the most isolated in the AI, Aflav is known to be more common in hot and humid areas (Hedayati et al). The resistance rate was 2.1% and 4% in clinical and environmental strains respectively. In France, and according to the population studied, azoles resistance prevalence was estimated to less than 10% (Aliano et al). Whole-genome sequencing was performed on three Afum strains confirmed to be azole-resistant according to EUCAST criteria. The environmental strain had E427K/M172V/F46Y substitutions, and the two clinical strains harbored a 34pb tandem repeat in the Cyp51A promoter region associated with the substitution L98H (TR34/L98H). Conclusions Our findings provide new data of the distribution of *Aspergillus* species and demonstrate the presence, at a low rate, of azole-resistance in Afum in Tunisia.

COSM 19. L'évolution des candidémies entre 2020 et 2025, diagnostiquées au laboratoire de Parasitologie-Mycologie médicales, du CHU Annaba, Algérie

Farida Saadni, Saraa Touta, Anissa Krallaf, Roukaya. Mansouri. Faculté de Médecine Annaba, Algérie*

La candidémie constitue la forme la plus fréquente des infections fongiques invasives et représente une cause majeure de morbidité et de mortalité en milieu hospitalier. Cette étude rétrospective, descriptive et analytique menée au laboratoire de parasitologie-mycologie du CHU d'Annaba entre 2020 et 2025, a pour objectif de décrire les caractéristiques clinico-épidémiologique, de préciser la fluctuation des espèces de *Candida* et leurs profils de sensibilité aux antifongiques des cas de candidémies. L'incidence globale est de 5,93 %. La tranche d'âge la plus représentée est celle de 18-39 ans (moyenne 21ans) (33,38%). Le sex-ratio égal à 1,06 avec une légère prédominance masculine. L'analyse des facteurs de risque montre une association significative entre la survenue de candidémie et l'hospitalisation ≥ 7 jours (RR = 62,4 ; $p < 0,001$), la pose de sonde (RR = 8,7 ; $p < 0,001$) et le cathétérisme (RR = 6,8 ; $p < 0,001$). Une proportion importante d'espèces non-albicans a été observée (63,2% contre 36.8% de *C. albicans*), traduisant l'évolution épidémiologique actuelle. Ces résultats soulignent l'importance du diagnostic précoce, de la prévention et d'une prise en charge antifongique adaptée afin de réduire la morbi-mortalité des candidémies au CHU d'Annaba, Algérie.

Session 4. Approche fondamentale : là où tout commence

Modérateurs : Estelle Menu & Boualem Sendid

Communications invitées

COIM 9. Exploration of fungal sesquiterpenes as a source of novel bioactive compounds. Marie-Noëlle Rosso, INRAe,

COIM 10. Structures et mécanismes pariétaux impliqués dans la virulence de *Candida albicans*. Christophe D'Enfert, Institut Pasteur, Paris

Communications sélectionnées

COSM 20. Optimization of a murine infection model with *Trichophyton mentagrophytes* genotype IV for studying the pathogenesis of dermatophytosis.

Wilfried Poirier, Romain Vanberg, Eléa Denil, Emilie Faway, Tsuyoshi Yamada, Kiyotaka Ozawa, Françoise Maréchal, Karine Salamin, Yves Poumay, Michel Monod, Bernard Mignon. Faculty of Veterinary Medicine, Université de Liège

Introduction. Dermatophytoses are the most common cutaneous mycoses, affecting both humans and animals. The emergence of antifungal resistances highlights the need for a better understanding of dermatophyte pathogenesis and host-pathogen interactions. Reliable animal models are therefore essential to study infection mechanisms. Using dermatophyte strains naturally associated with rodents may better reproduce infection in murine models. The aim of this study was to test a strain of *Trichophyton mentagrophytes* isolated from a rodent in a murine skin infection model, analyze host and fungal gene expression, and investigate the role of subtilisin 6 (SUB6) in virulence while mimicking natural infection conditions.

Methods. *Trichophyton mentagrophytes* TIMM 2789, originally isolated from chinchilla, was used to establish a new epicutaneous mouse infection model. Kinetic monitoring of the infection was performed by establishing a global clinical score based on the intensity of three clinical signs, *i.e.* erythema, scaling, and crusting. Skin biopsies were collected from infected mice for histological analysis to assess fungal invasion of skin tissues, and gene expression levels of both host and fungal markers were evaluated by real-time quantitative PCR two and five days post-infection. To assess the contribution of SUB6 to virulence, a SUB6-deleted (ΔSUB6) strain and a complemented strain were generated by genetic transformation, and the pathogenicity of these strains was compared to that of the parental strain.

Results. Phylogenetic analysis was performed to better discriminate *T. mentagrophytes* strains isolated from animals, confirming that strain TIMM 2789 belongs to genotype IV. Infection induced symptoms and lesions, including hair follicles invasion. Early overexpression of certain cytokine genes revealed the involvement of the Th1 (IFNe , IL-12e and TNFe), Th2 (IL-5), Th17 (IL-1e , IL-6), and

regulatory T cell (IL-10) responses in the host. Among fungal genes, a naphthalene reductase (ARP2), a deuterolysin (DEUT), a nonribosomal siderophore peptide synthase (SIDC) and six subtilisins (SUB1, SUB3, SUB5, SUB6, SUB8, and SUB10) were strongly upregulated during infection. Functional analysis using the ΔSUB6 mutant demonstrated that deletion of SUB6 did not significantly reduce fungal virulence, while increased expression of SUB5 suggested a compensatory mechanism.

Conclusions. The use of a rodent-derived strain of *T. mentagrophytes* in a murine infection model provides a relevant framework for studying dermatophyte infections under conditions close to natural ones. This study highlights the activation of multiple host immune responses and identifies key fungal factors such as SIDC and SUB5 as potentially important markers during infection.

COSM 21. A new in vivo murine model of dermatophytosis reveals that infection dynamics are influenced by the ecological niche of dermatophytes.

Romain Vanberg, Eléa Denil, Emilie Faway, Françoise Maréchal, Piret Joëlle, Thomas Balligand, Yves Poumay, Wilfried Poirier and Bernard Mignon. Veterinary Mycology, Fundamental and Applied Research for Animals & Health (FARAH), Faculty of Veterinary Medicine, Université de Liège.*

Introduction et rational. Dermatophytes are the most common pathogenic fungi of the skin. Depending on their ecological niche (anthropophilic, zoophilic, and geophilic), they most often cause distinct clinical presentations. However, it remains unclear whether these differences reflect fundamentally distinct pathogenic mechanisms. To date, no study has directly compared the infection dynamics of dermatophytes according to their ecological niche within a same in vivo model. Our specific objective was to use a validated experimental mouse model to compare host-dermatophyte interactions according to their ecological niche, based on clinical and histopathological criteria, and the expression of fungal and murine target genes.

Material et Methods. Three dermatophyte species representing ecological niches were used: *Trichophyton rubrum* (anthropophilic), *Microsporum canis* (zoophilic), and *Nannizzia gypsea* (geophilic). For infection, a mixed inoculum combining spores, germ tubes, and mycelium was applied epicutaneously to scarified skin. Infection kinetics were monitored using a semi-quantitative clinical score (0 to 4) based on the intensity of three parameters: erythema, scaling, and crusting. Histopathological analyses were performed to assess epidermal invasion and inflammatory infiltrates. Host-pathogen interactions were further evaluated by measuring fungal protease gene expression (deuterolysin, DEUT; subtilisin 6, SUB6; and subtilisin 10, SUB10) and host Th17-associated cytokines (IL-1e , IL-17A, IL-22) by RT-qPCR at day 3 post-infection (PI).

Results. Our murine model proved effective for comparing the three species of dermatophytes. Combined clinical and histopathological analyses revealed clear differences in terms of infection dynamics and tissue invasion: *T. rubrum* induced

moderate and transient lesions associated with superficial epidermal invasion; M. canis caused persistent lesions and extensive skin infiltration; *N. gypsea* triggered symptoms of severe inflammation associated with pronounced tissue damage. At day 3 PI, all three species strongly upregulated fungal proteases (DEUT, SUB6, and SUB10), although DEUT and SUB6 expression was comparatively reduced in the geophilic species. Host responses were dominated by a Th17 cytokine profile, with significant overexpression of IL-1e, IL-17A, and IL-22 regardless of fungal species.

Discussion and Conclusions. For the first time, a standardized murine model was successfully used to compare dermatophytes representative of the three ecological niches. Distinct infection dynamics characterized by differences in symptom severity, tissue invasion, and infection-associated fungal gene expression suggest differences in pathogenic mechanisms related to ecological group. These findings underscore the value of our standardized murine model as a robust tool to further studying host-pathogen interactions of dermatophytosis.

COSM 22. Modulation of epithelial cellular immune response by post-influenza *Aspergillus* superinfection

Margaux Charrier Le Blan, Maaike Suuring, Delphine Fouquenet, Lucile Drobecq, Leana Devuyst, Laura Seldeslachts, Adélaide Chesnay, Greetje Vande Velde, Joost Wauters, Stephanie Humblet-Baron, Guillaume Desoubeaux, Benoit Briard, Elise Biquand. Centre d'Étude des Pathologies Respiratoires, INSERM UMR 1100 - Université de Tours, Tours, France*

Lower respiratory tract infections, particularly those caused by influenza viruses, are the fourth leading cause of death worldwide. These viral pneumonias often lead to complex microbial superinfections and high excess mortality. Among these, the most common fungal superinfection is aspergillosis caused by *Aspergillus fumigatus*, leading to influenza-associated pulmonary aspergillosis (IAPA). Despite the clinical importance of the latter, and poor prognosis, IAPA remains poorly understood mechanistically, notably the alterations in innate immunity induced by influenza infection and promoting susceptibility to fungal superinfection. This project aims to explore how superinfection modulates innate immune responses of pulmonary epithelial cells compared to mono-infections, to uncover new influenza-induced vulnerabilities that may facilitate fungal invasion.

We developed an IAPA model on primary human bronchial epithelial cells differentiated at the air-liquid interface (ALI) to conduct a transcriptomic study comparing viral or fungal mono-infections with superinfection. These experiments were carried out independently on cells of 9 different donors. Cells were infected with influenza A virus, *Aspergillus fumigatus*, or both (superinfection). Total RNA was extracted and subjected to RNA sequencing to identify transcriptional changes specific to superinfection. The gene and protein expression levels of the differently expressed genes were validated by qPCR and western blotting. Selected candidates were functionally tested first via chemical

inhibition. Then we edited the expression of genes either by creating a Knock-Out (KO) using CRISPR-Cas9 or by transducing an inducible shRNA, on a human respiratory basal cell line (BCi-NS1.1) similar to primary cells, followed by infection. Viral and fungal burdens, cytokine responses, and cell viability were analysed. RNA-seq analysis revealed IAPA superinfection has a specific transcriptional signature involving around twenty genes, including PIM1 kinase. PIM1 is a serine/threonine kinase involved in interferon signalling and epithelial integrity. It has been shown to positively regulate canonical NLRP3 inflammasome activation and IL-1e production in human and murine macrophages. However, despite its role in promoting viral replication, the contribution of PIM1 to inflammasome activation during IAPA remains unexplored. Interestingly inhibition of PIM1 lead to a reduction in IL-1e production and a decreased expression of NLRP3 protein in superinfected cells. Moreover, PIM1 inhibition appears to reduce the fungal burden in superinfected cells but does not have a direct effect on the fungus and may impact viral load specifically under superinfection conditions. This project contributes to a better understanding of the cellular mechanisms underlying IAPA and may help identify novel therapeutic targets for improved clinical management of post-influenza *Aspergillus* superinfections.

COSM 23. Identification de nouvelles mutations du gène MRR1 de *Candida parapsilosis* et validation fonctionnelle de leur implication dans la résistance aux azolés

Manon Cadeau, José Rivaldo de Lima, Estelle Robert, Alina Marcela Sabou, Arnaud Fekkar, Christophe Hennequin, Eric Dannaoui, Alexandre Alanio, Sophie Cassaing, Guillaume Desoubeaux, Marion Leterrier-Plong, Lilia Hasseine, Sandrine Houzé, Françoise Botterel, Gregoire Pasquier, Laurence Millon, Isabelle Ourliac-Garnier, Florent Morio. Laboratoire IICiMed, Nantes Université, Nantes*

Introduction. *Candida parapsilosis* est une levure opportuniste récemment classée dans la liste des espèces fongiques prioritaires de l'OMS, en raison de l'augmentation préoccupante de sa résistance au fluconazole et de sa propension à entraîner des épidémies clonales dans les hôpitaux. Dans un travail antérieur, nous avons pu montrer le rôle central du gène MRR1 dans la résistance acquise au fluconazole. L'objectif de cette étude était d'investiguer le polymorphisme du gène MRR1 sur une collection multicentrique d'isolats cliniques résistants au fluconazole.

Matériels et méthodes. La sensibilité au fluconazole a été déterminée par méthode E-test® pour 33 souches cliniques isolées entre 2005 et 2025 et issues de 14 centres hospitaliers. Le gène MRR1 a été séquencé pour l'ensemble des isolats. Une méthode CRISPR-Cas-9, spécifiquement développée pour *C. parapsilosis* a été utilisée pour étudier l'impact des mutations du gène MRR1 sur deux fonds génétiques distincts. La sensibilité à un panel d'antifongiques systémiques a ensuite été déterminée. La virulence et la réponse au traitement par fluconazole (5 µg) ont été évaluées dans un modèle d'infection invasive in vivo (*Galleria mellonella*).

Résultats. Les CMI au fluconazole des souches cliniques variaient de 3 à > 256

µg/ml (médiane > 256 µg/ml). Six isolats présentaient au moins une mutation non synonyme du gène MRR1 dont trois encore jamais décrites (P215L, S857L et G982E). La validation fonctionnelle d'une de ces mutations, G2945A (G982E), par une technique CRISPR-Cas9 a confirmé son rôle de mutation gain de fonction, conférant une résistance de haut niveau au fluconazole et au voriconazole, associée à une diminution de la sensibilité à la flucytosine. In vivo, les mutants CRISPR-Cas9 porteurs de cette mutation G982E présentaient une virulence légèrement diminuée par rapport aux souches parentales. A la différence des souches sauvages, aucun effet sur la survie n'était observé pour les souches G982E dans le groupe traité par fluconazole, confirmant la résistance in vivo.

Conclusion. Cette étude met en évidence de nouvelles mutations du gène MRR1 dans une collection multicentrique française de souches cliniques de *C. parapsilosis* présentant une résistance de haut niveau au fluconazole. La validation fonctionnelle et les données in vivo confirme le rôle d'une d'entre elles dans la résistance acquise au fluconazole et au voriconazole. Le rôle des mutations P215L et S857L est en cours d'investigation.