



Revue Africaine de Santé et de Productions Animales,

Volume 3, Numéro 1, Page 36 –45, ISSN : 3020-0474



ARTICLE ORIGINAL

Prévalence des bactéries du genre *Salmonella* et *Escherichia coli* dans les fermes de porc à Yopougon (Côte d'Ivoire)

Gbohounou Fabrice GNALI¹; N'dri Sabine VAKOU¹; Pazé N'guessan KOUAME²; Régis Lionel ADOU¹; Eric Kouame YAO²; Marie Pascal TETTY¹; Romain KOFFI¹; Daniel SARAKA¹; Kalpy Julien COULIBALY¹

1- Institut Pasteur de Côte d'Ivoire, 01 BP 490 Abidjan, Côte d'Ivoire

2- Université Felix Houphouët Boigny de Cocody, Côte d'Ivoire

*Auteur correspondant : Gbohounou Fabrice GNALI, e-mail : gna1imath15@gmail.com ; Tél : (+225 07 77 640 054)

DOI : <https://doi.org/10.46298/raspa.14942>

Reçu : 16/12/2024 ; Accepté : 30/10/2025 ; Publié : 15/11/2025

Résumé

La contamination microbiologique de la viande de porc est une préoccupation de plus en plus importante à mesure que sa consommation augmente. Cette étude vise à examiner la contamination microbiologique de la viande de porc par les bactéries du genre *Salmonella* et *Escherichia coli* dans un environnement de production porcine. A cet effet, quarante (40) échantillons fécaux de porcs élevés en enclos dans quatre (04) fermes de la commune de Yopougon ont été collectés et analysés. Les méthodes microbiologiques classiques, y compris l'enrichissement, le pré-enrichissement, la culture sur milieu sélectif, l'isolement sur gélose ordinaire et les tests biochimiques, ont été utilisées pour identifier les caractéristiques biochimiques spécifiques de chaque bactérie. La prévalence globale du genre *Escherichia coli* était de 80 % sans variation significative entre les fermes ($p=0,946$) ou selon le statut des animaux ($p=0,614$). En outre, la prévalence des espèces de *Salmonella* était de 12,5 % également sans différence significative entre les groupes.

Ces données préliminaires suggèrent une circulation importante d'*E. coli* et, dans une moindre mesure, de *Salmonella* dans les élevages étudiés. Des études complémentaires sont nécessaires pour évaluer le potentiel pathogène des souches identifiées et optimiser les mesures de biosécurité au niveau des acteurs du secteur de l'élevage porcin en Côte d'Ivoire.

Mots clés : *Escherichia coli*, *Salmonella*, prévalence, élevage porcin, biosécurité

Introduction

La présence régulière de micro-organismes pathogènes dans les aliments constitue un problème majeur de santé publique. En effet, les bactéries ingérées par l'homme sont responsables d'infections endémiques dans le monde entier. Les toxi-infections d'origine alimentaire constituent un problème de santé publique mondial. L'Organisation mondiale de la santé [11] estime que les maladies d'origine alimentaire affectent annuellement 600 millions de personnes, avec une contribution significative des bactéries résistantes aux antibiotiques. La contamination par ces pathogènes se fait souvent via les habitudes quotidiennes, créant un potentiel lien entre un hôte et un individu. Par conséquent, l'alimentation demeure une source permanente d'agents pathogènes pour l'homme. Dans les sociétés de consommation modernes, la viande d'élevage joue un rôle clé dans la satisfaction des besoins en protéines alimentaires des populations. Le porc est la deuxième viande la plus consommée dans le monde, après le bœuf (Organisation de coopération et de développement économiques/Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture [9]) Cette tendance a entraîné une augmentation de la production mondiale de porc. En Côte d'Ivoire, par exemple, le secteur porcin a connu une croissance significative, la production passant de 8 583 tonnes d'équivalent carcasse (TEC) en 2014 à 11 620 TEC en 2019 - soit une augmentation d'environ 35 %. Le cheptel porcin total (issu de l'élevage moderne et traditionnel) est passé de 375 669 têtes en 2014 à 431 389 têtes en 2019, soit un taux de croissance moyen de 15 % (Ministère des Ressources Animales et Halieutiques [7]). L'exposition aux bactéries pathogènes associées à la viande de porc s'explique principalement par une chaîne de contamination

qui débute durant la phase d'engraissement dans les élevages de porcs [15]) et se termine sur la table du consommateur. Dans cette chaîne, la viande de porc est souvent contaminée par le contenu intestinal [16]. Par conséquent, les bactéries pathogènes les plus fréquemment rencontrées sont d'origine fécale. Ces bactéries présentent un potentiel pathogène pour l'homme lors de la manipulation et de la préparation de la viande destinée à la consommation. En raison de la coexistence d'un microbiote normal et de bactéries pathogènes intestinales dans les matières fécales, *E. coli* s'est imposé comme un indicateur sanitaire essentiel, qui révèle le potentiel de contamination du système digestif des porcs et les risques associés pour la santé humaine [5]. Ainsi, le genre *Escherichia* est couramment utilisé pour évaluer le risque global de contamination par des micro-organismes pathogènes. Par ailleurs, la viande de porc étant reconnue comme l'une des principales sources d'infections à *Salmonella* chez l'homme et l'un des principaux réservoirs d'espèces de *Salmonella*, les évaluations des risques liés aux micro-organismes de la viande de porc se sont également concentrées sur *Salmonella* [3]. Ainsi, *Escherichia coli* et *Salmonella* servent d'indicateurs de la qualité microbiologique de la viande de porc. Il est essentiel d'étudier le potentiel de contamination des fèces de porcs dans les environnements d'alimentation et d'entretien, en particulier dans les fermes, en fonction du statut des porcs (porcs d'engraissement, verrats, truies ou porcelets). De plus, peu de données sont disponibles sur la prévalence de ces pathogènes dans les élevages porcins ivoiriens.

L'objectif de cette étude est de déterminer la prévalence des entérobactéries, en particulier des genres *E. coli* et *Salmonella*, dans les fèces des porcs élevés dans des fermes à Abidjan.

II. Matériel et méthodes

I.1. Matériel

Cette étude prospective a été menée du 1er juin au 30 septembre 2023 dans des élevages de porcs situés dans la zone périurbaine de Yopougon (**figure 1**). Les prélèvements d'échantillons ont été effectués durant cette période et les analyses de laboratoire ont été réalisées à l'Unité de Chimie et Microbiologie de l'Environnement (UCME) de l'Institut Pasteur de Côte d'Ivoire. Les fermes sélectionnées pour cette étude comprenaient des enclos abritant des truies reproductrices, des truies allaitantes, des porcelets sevrés, des verrats et des porcs d'engraissement. Des matériaux appropriés tel que les gants et spatules, ont été choisis pour collecter des échantillons fécaux afin d'évaluer la présence de *Salmonella sp.* et d'*Escherichia coli* dans tous les groupes de porcs disponibles dans ces quatre fermes. L'unité de chimie et de microbiologie environnementales, au sein du

département de l'environnement et de la santé, a servi de plate-forme pour l'identification des agents pathogènes. L'isolement et l'identification des germes pathogènes à partir des milieux d'enrichissement que sont l'eau peptonée tamponnée (EPT) et le bouillon Rappaport-Vassiliadis (RV10). La détection d'*Escherichia coli* et *Salmonella sp.*, ont été fait respectivement à l'aide de la gélose à l'éosine et au bleu de méthylène (EMB) et la gélose Salmonella-Shigella (SS). La gélose ordinaire a été utilisée pour l'isolement général des bactéries et le portoir réduit de Le Minor a permis l'identification sélective des caractéristiques biochimiques ou métaboliques propres à *E. coli* et *Salmonella sp.*

Les réactifs utilisés pour détecter les activités enzymatiques, étaient essentiellement la cytochrome oxydase, l'uréase, la catalase et la production d'indole

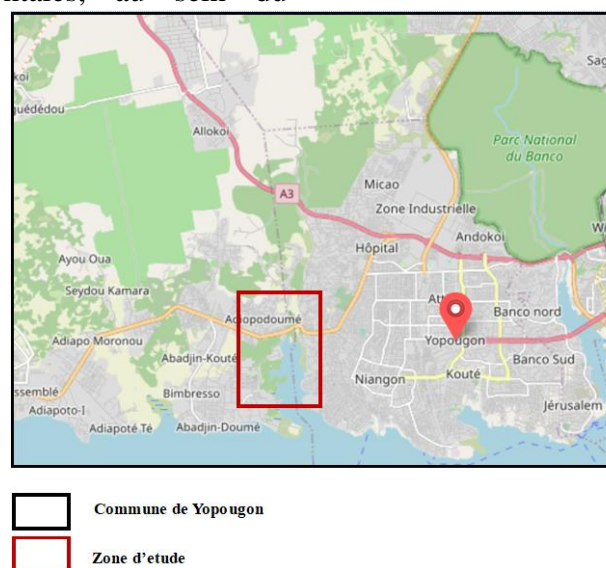


Figure 1 : Zone d'étude

I.2. Méthodes

I.2.1. Échantillonnage fécal

Cette étude a évalué la prévalence des pathogènes des genres *Escherichia* et *Salmonella* dans les élevages de porcs. Quatre (4) élevages modernes de porcs en enclos ont été sélectionnés comme sites appropriés pour évaluer la présence de ces pathogènes. Des échantillons fécaux ont été prélevés à l'aide d'outils spécialisés adaptés à cet effet. Dans chaque exploitation, un échantillon a été prélevé dans chaque enclos. Dans un enclos, les fèces fraîchement excrétées ont été collectées à l'aide de spatules stériles. Le prélèvement a été effectué dans la partie immergée des fèces afin de s'assurer que les agents pathogènes identifiés proviennent du tractus intestinal plutôt que de l'environnement, tel que l'enclos. Les échantillons fécaux ont été placés dans des tubes stériles étiquetés avec un numéro de commande unique, le type de compartiment et le statut de l'animal. Au total, 40 échantillons ont été collectés, conservés dans des glacières contenant des blocs de glace et transportés au laboratoire de l'Institut Pasteur d'Adiopodoumé, situé dans la commune de Yopougon.

I.2.2. Analyse microbiologique

I.2.2.1. Isolement des bactéries pathogènes du genre *Escherichia*

Le processus d'isolement des bactéries pathogènes du genre *Escherichia* commence par l'enrichissement de 5 grammes de matières fécales dans 5 millilitres d'eau distillée stérile dans un tube Falcon stérile. Un millilitre (1 ml) de ce mélange est ajouté à 9 ml d'eau peptonée tamponnée (EPT) et incubé à 37°C. Après 24 heures d'incubation,

l'échantillon est mis en culture sur de la gélose EMB, suivie d'une nouvelle incubation à 37 °C pendant 24 heures. Les colonies suspectées d'être des *Escherichia coli* sont identifiées par leur reflet métallique caractéristique sur les colonies de couleur pourpre. Ces colonies sont repiquées sur de la gélose ordinaire et soumises à des tests biochimiques pour confirmer les caractéristiques spécifiques d'*E. coli*.

I.2.2.2. Isolement du genre *Salmonella*

Pour *Salmonella*, un pré-enrichissement est effectué à l'aide d'un tampon EPT. Après 24 heures d'incubation, 1 ml du milieu pré-enrichi est prélevé à l'aide de pipettes stériles et ajouté à 9 ml de bouillon Rappaport-Vassiliadis (RV10). L'échantillon est incubé à 37°C pendant 4-6 heures. Ensuite, on ensemence en stries sur une gélose SS quelques gouttes du bouillon RV10 et on incube pendant 24 heures. Après incubation, les colonies suspectées d'être des salmonelles sont repiquées sur de la gélose ordinaire en vue d'une identification biochimique spécifique afin de confirmer leur appartenance au genre *Salmonella* sp.

I.2.2.3. Analyses statistiques

Les données relatives aux échantillons testés positifs ou négatifs pour *Escherichia coli* et *Salmonella* au cours des différentes étapes de la procédure microbiologique ont été enregistrées dans un tableau Excel. Ces données ont été exprimées sous forme de fréquences. Le test du chi carré (χ^2) a été appliqué pour identifier les différences significatives dans les fréquences d'*Escherichia coli* et de *Salmonella* sp. en fonction du statut des porcs et de l'exploitation spécifique. Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel SPSS, version 23.

III. Résultats

II.1. Prevalence par ferme

La proportion d'échantillons fécaux positifs pour *Escherichia coli* (80 %) est plus élevée que la proportion d'échantillons négatifs (20 %). Cependant, la prévalence d'*Escherichia coli*

dans les échantillons fécaux des quatre fermes ne présente pas de différences statistiquement significatives ($p = 0,946$) (**Tableau I**)

Tableau I: Prévalence (%) de *Escherichia coli* par ferme

Ferme	<i>Escherichia coli</i> Positive	<i>Escherichia coli</i> Négative	Total
Ferme 1	n (%) 8 (80)	2 (20)	10 (100)
Ferme 2	n (%) 8 (80)	2 (20)	10 (100)
Ferme 3	n (%) 7 (70)	3 (30)	10 (100)
Ferme 4	n (%) 9 (90)	1 (10)	10 (100)
Total	32 (80)	8 (20)	40 (100)

Chi-carré (χ^2): 0.946, ns (non significatif)

II.2. Prévalence d'*Escherichia coli* selon le statut de l'animale

La prévalence d'*Escherichia coli* dans les fèces de porcs en fonction du statut de l'animal montre que la proportion d'échantillons positifs est systématiquement plus élevée que celle des échantillons négatifs dans toutes les catégories :

porcs d'engraissement (100 % positifs), porcelets sevrés (70 % positifs), truies en lactation (66,7 % positifs), truies reproductrices (76,9 % positifs) et verrats (88,9 % positifs) (**Tableau II**).

Tableau II: Prevalence (%) de *Escherichia coli* selon le statut de l'animal

Statut de l'animal	<i>Escherichia coli</i> Positif	<i>Escherichia coli</i> Négatif	Total
Porc à l'engrais	n (%) 5 (100)	0 (0.0)	5 (100)
Porcelet sevré	n (%) 7 (70)	3 (30)	10 (100)
Truie en lactation	n (%) 2 (66.7)	1 (33.3)	3 (100)
Truie reproductrice	n (%) 10 (76.9)	3 (23.1)	13 (100)
Verrat	n (%) 8 (88.9)	1 (11.1)	9 (100)
Total	32 (80)	8 (20)	40 (100)

Chi-square (χ^2): 0.614, ns (non significatif)

II.3. Prévalence de *Salmonella sp.* par ferme

Les résultats de la prévalence de *Salmonella sp.* sont différents de ceux d'*Escherichia coli*. La proportion d'échantillons fécaux positifs pour *Salmonella sp.* est plus faible (12,5%) que celle des échantillons négatifs (87,5%). Toutefois, ces différences ne sont pas statistiquement significatives ($p = 1,000$) (Tableau III).

Tableau III: Prévalence (%) de *Salmonella sp.* par ferme

Ferme	<i>Salmonella sp.</i> Positif	<i>Salmonella sp.</i> Négatif	Total
Ferme 1	n (%) 1 (10)	9 (90)	10 (100)
Ferme 2	n (%) 1 (10)	9 (90)	10 (100)
Ferme 3	n (%) 1 (10)	9 (90)	10 (100)
Ferme 4	n (%) 2 (20)	8 (80)	10 (100)
Total	5 (12.5)	35 (87.5)	40 (100)

Chi-square (χ^2): 1.000, ns (*non significatif*)

II.4. Prévalence de *Salmonella sp.* selon le statut de l'animal

Des tendances similaires sont observées lorsque l'on compare la proportion d'échantillons fécaux positifs pour *Salmonella sp.* en fonction du statut de l'animal. Les prévalences observées dans cette étude soutiennent l'hypothèse d'une présence élevée d'entérobactéries, en particulier d'*E. coli* et de *Salmonella sp.* chez les porcs d'élevage (Tableau IV).

Tableau IV: Prévalence (%) de *Salmonella sp.* selon le statut de l'animal

Statut de l'animal	<i>Salmonella sp.</i> Positif	<i>Salmonella sp.</i> Négatif	Total
Porc à l'engrais	n (%) 1 (20.0)	4 (80)	5 (100)
Porcelet sevré	n (%) 0 (0.0)	10 (100)	10 (100)
Truie en lactation	n (%) 1 (33.3)	2 (66.7)	3 (100)
Truie reproductrice	n (%) 2 (15.4)	11 (84.6)	13 (100)
Verrat	n (%) 1 (10)	8 (90)	9 (100)
Total	5 (12.5)	35 (87.5)	40 (100)

Chi-square (χ^2): 0.422, ns (*non significatif*)

Discussion

L'incidence des agents pathogènes chez les porcs a fait l'objet de nombreuses études. Certaines recherches indiquent que le contrôle des agents pathogènes susceptibles de contaminer la viande de porc débute durant la phase d'engraissement des porcs élevés pour la consommation [12]. D'autres mentionnent que les étapes d'abattage et de préparation sont des points critiques pour le contrôle de la contamination [17 ; 2] ;. Cette étude fournit des données préliminaires sur la prévalence d'*E. coli* et de *Salmonella* dans les fermes porcines de Yopougon. L'analyse de la prévalence des entérobactéries a révélé une prévalence élevée, quelle que soit la ferme ou du rôle des animaux qui y vivent. Les différences observées n'étaient pas statistiquement significatives. Toutefois, les résultats soulignent que la flore bactérienne des porcs dans les exploitations agricoles pourrait servir de réservoir d'agents pathogènes, ce qui présenterait des risques potentiels pour la santé des consommateurs et l'environnement. Les porcs ont présenté des échantillons fécaux positifs pour *Escherichia coli* et *Salmonella* dans toutes les exploitations (voir tableaux I et III). La présence régulière de ces bactéries est souvent associée à l'hygiène des bâtiments [14]. La prévalence élevée d'*E. coli* (80%) reflète probablement sa présence comme commensal intestinal naturel, tandis que la prévalence plus modeste de *Salmonella* (12,5%) suggère une contamination environnementale variable.

La collecte des excréments était réalisée quotidiennement dans la plupart des enclos, les excréments étant déposés à proximité des fermes à des fins de compostage dans les cultures voisines. Cette pratique peut expliquer la plus faible proportion de bactéries *Salmonella* par rapport à *Escherichia coli* dans les échantillons analysés. La contamination des porcs par *Salmonella* se produit principalement par les fèces, le contact avec des animaux ou des matériaux infectés, les visiteurs, l'eau de boisson ou les parasites [4]. Ces résultats révèlent des lacunes dans la gestion de la biosécurité des exploitations pour contrôler l'exposition des animaux aux bactéries pathogènes. Cela peut expliquer la présence d'échantillons positifs pour *E. coli* et *Salmonella sp.* dans les exploitations incluses

dans cette étude. Nos résultats sont cohérents avec la littérature internationale concernant la présence

ubiquitaire d'*E. coli* dans les élevages porcins [14]. La prévalence de *Salmonella* observée se situe dans la fourchette rapportée par Tian et collaborateur dans des contextes similaires.

Les résultats ont également révélé une variation de la prévalence des agents infectieux suivant les différentes sections de l'exploitation en fonction du statut des animaux. Dans les exploitations étudiées, les enclos abritant les truies reproductrices présentaient la prévalence la plus élevée d'*E. coli* par rapport aux verrats, aux porcelets sevrés, aux porcs d'engraissement et aux truies en lactation. Ces résultats indiquent que le niveau de soins appliqués varie selon les compartiments de l'exploitation, en fonction de l'impact potentiel d'une infection sur la productivité. Des observations similaires ont été rapportées par Le Floc'h et collaborateurs qui soulignent que les protocoles de nettoyage et de désinfection sont appliqués de manière moins rigoureuse pendant la phase d'engraissement que durant les phases de post-sevrage et de maternité. (Ces résultats s'appliquent également aux différences de prévalence de *Salmonella* entre les sections de l'exploitation. Les niveaux d'hygiène étaient plus élevés dans les compartiments des truies reproductrices, des truies allaitantes et des porcs d'engraissement que dans ceux des porcelets sevrés. Des tendances similaires ont été observées dans d'autres études. De même, il a été constaté que la prévalence de *Salmonella* chez les porcs d'engraissement était l'un des facteurs les plus importants associés à la contamination par *Salmonella* des carcasses de porc transformées [8].

Les enclos des porcs sont le lieu d'accumulation des matières fécales, ce qui rend difficile pour cette étude d'isoler les risques sanitaires spécifiques qu'*E. coli* pose aux consommateurs de viande de porc du point de vue de l'environnement de la ferme. Cette limitation est due à la présence naturelle d'*E. coli* dans les intestins des animaux [10]. Cependant, certaines souches d'*E. coli* peuvent provoquer des maladies chez les consommateurs. Les études futures devraient se concentrer sur la contamination par les souches d'*Escherichia coli* productrices de toxines chez les porcs, telles que *E. coli* entéro-

toxigène (ETEC), *E. coli* producteur de toxine de Shiga (STEC), qui comprend *E. coli* associé à la maladie de l'œdème (EDEC) et *E. coli* entéro-hémorragique (EHEC), *E. coli* entéro-pathogène (EPEC), et *E. coli* pathogène extra-intestinal (ExPEC) [1 ; 13]. En outre, la recherche devrait porter sur la résistance aux antibiotiques de ces souches.

Conclusion

Cette étude a examiné la prévalence des entérobactéries des genres *Escherichia coli* et *Salmonella* dans les élevages de porcs. Les résultats indiquent une circulation notable d'*Escherichia coli* et de *Salmonella* dans les fermes porcines investiguées. Ces résultats soulignent l'importance de la mise en œuvre de mesures de biosécurité dans les exploitations afin de réduire la contamination par des agents pathogènes tels qu'*E. coli* et *Salmonella sp* dans la production porcine.

Ils soulignent également la nécessité pour les exploitations de maintenir des normes d'hygiène cohérentes dans toutes les sections de l'élevage porcin.

La taille de l'échantillon, l'identification par la méthode biochimique classique, ne permettant pas de différencier les souches pathogènes des souches commensales et l'absence de typage moléculaire, sont des facteurs qui restreignent l'évaluation du potentiel épidémiologique de cette étude.

Toutefois, des recherches complémentaires sont nécessaires pour confirmer ces résultats avec une taille d'échantillon plus significative, associé à la caractérisation du potentiel pathogène des souches et l'évaluation du profil de résistance.

Remerciements

Les auteurs remercient les directeurs d'exploitation pour leur contribution aux activités de collecte de données.

Conflits d'intérêts

Les auteurs ne déclarent aucun conflit d'intérêts. Ils affirment qu'aucun financement n'a été reçu pour la réalisation de cette étude.

Références

- Barros, M. M., Castro, J., Araújo, D., Campos, A. M., Oliveira, R., Silva, S., Outor-Monteiro, D., & Almeida, C. (2023). Swine Colibacillosis: Global Epidemiologic and Antimicrobial Scenario. *Antibiotics (Basel, Switzerland)*, 12(4), 682. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12040682>
- Bernad-Roche, M., Marín-Alcalá, C. M., Cebollada-Solanas, A., de Blas, I., & Mainar-Jaime, R. C. (2023). Building a predictive model for assessing the risk of *Salmonella* shedding at slaughter in fattening pigs. *Frontiers in microbiology*, 14, 1232490. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1232490>.
- Gopinath, S., Carden, S., & Monack, D. (2012). Shedding light on *Salmonella* carriers. *Trends in microbiology*, 20(7), 320–327. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2012.04.004>.
- Harrison, O. L., Gebhardt, J. T., Paulk, C. B., Plattner, B. L., Woodworth, J. C., Rensing, S., Jones, C. K., & Trinetta, V. (2022). Inoculation of Weaned Pigs by Feed, Water, and Airborne Transmission of *Salmonella enterica* Serotype 4,[5],12:i:. *Journal of food protection*, 85(4), 693–700. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-418>.
- Kusturov, V., Kasyanchuk, V., & Bergievich, A. (2017). Analyse de la contamination microbienne des carcasses de porcs pendant l'abattage et les processus primaires. *Messenger scientifique de LNU de médecine vétérinaire et de biotechnologies. Série : Sciences vétérinaires*, 19 (77), 194-199. <https://doi.org/10.15421/nvlvet7742>.
- Le Floc'H, N., Boudon, A., Montagne, L., Gilbert, H., Gondret, F., Lebret, B., Lefaucheur, L., Louveau, I., Merlot, E., Père, M-C., Meunier Salaün, M-C., Prunier, A., Quesnel, H. (2021). Santé et bien-être de la truie gestante et du porc en croissance. *INRAE Productions animales*, 34(3), 211-226. <https://doi.org/10.20870/productionsanimaes.202134.3.4879>.
- MIRAH (2022), politique nationale de développement de l'élevage, de la pêche et de l'aquaculture, (PONADEPA 2022-2026), pp178. <https://faolex.fao.org/docs/pdf/ivc209419>.
- Ntakiyisumba, E., Lee, S., & Won, G. (2023). Identification of risk profiles for *Salmonella* prevalence in pig supply chains in South Korea using meta-analysis and a quantitative microbial risk assessment model. *Food research international (Ottawa, Ont.)*, 170, 112999. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2023.112999>
- OCDE/FAO (2024), Perspectives agricoles de l'OCDE et de la FAO 2024-2033, Éditions OCDE, Paris/FAO, Rome, pp403. <https://doi.org/10.1787/96f19970-fr>.
- OMS (2018). *Escherichia coli* (E. coli). <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/e-coli>.
- OMS (2022). Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS), report 2022. Geneva : World Health Organization. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702>.
- Raufu, I. A., Ahmed, O. A., Aremu, A., Ameh, J. A., Timme, R. E., Hendriksen, R. S., & Ambali, A. (2021). Antimicrobial and Genomic Characterization of *Salmonella* Nigeria from Pigs and Poultry in Ilorin, North-central, Nigeria. *Journal of infection in developing countries*, 15(12), 1899–1909. <https://doi.org/10.3855/jidc.15025>.
- Remfry, S.E., Amachawadi, R.G., Shi, X., Bai, J., Tokach, M.D., Dritz, S.S., Goodband, R.D., Derouchey, J.M., Woodworth, J.C., Nagaraja, T.G. (2021) *Escherichia coli* producteur de shigatoxines dans les excréments des porcs d'engraissement: isolement, identification et implications pour la santé publique des sérogroupes majeurs et mineurs. *Journal de la protection des aliments*, 84 (1), 169-180. <https://doi.org/10.4315/JFP-20-329>.
- Smith, R. P., May, H. E., Burow, E., Meester, M., Tobias, T. J., Sassu, E. L., Pavoni, E., Di Bartolo, I., Prigge, C., Wasyl, D., Zmudzki, J., Viltrop, A., Nurmoja, I., Zoche-Golob, V., Alborali, G. L., Romantini, R., Dors, A., Krumova-Valcheva, G., Koláčková, I., Aprea, G., ... Daskalov, H. (2023). Assessing pig farm biosecurity measures for the control of *Salmonella* on European farms. *Epidemiology and infection*, 151, e130. <https://doi.org/10.1017/S0950268823001115>.
- Tian, Y., Gu, D., Wang, F., Liu, B., Li, J., Kang, X., Meng, C., Jiao, X., & Pan, Z. (2021). Prevalence and Characteristics of *Salmonella* spp. from a Pig Farm in Shanghai, China. *Foodborne pathogens and*

- disease, 18(7), 477–
488. <https://doi.org/10.1089/fpd.2021.0018>
16. Xu, Z., Chen, X., Tan, W., Cui, H., Zhu, Z., Yang, C., Huang, Q., Meng, X., & Li, S. (2021). Prevalence and Antimicrobial Resistance of Salmonella and Staphylococcus aureus in Fattening Pigs in Hubei Province, China. Microbial drug resistance (Larchmont, N.Y.), 27(11), 1594–1602. <https://doi.org/10.1089/mdr.2020.0585>
 17. Yang, T., Zhao, G., Liu, Y., Wang, L., Gao, Y., Zhao, J., Liu, N., Huang, X., Zhang, Q., Liu, J., Zhang, X., Wang, J., & Xu, Y. (2022). Analyse des principaux points de contrôle du risque de contamination microbienne dans les processus de production de porc à l'aide d'un modèle d'évaluation quantitative de l'exposition. *Frontiers in microbiology*, 13, 828279. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.828279>.

Comment citer cet article : Gbohounou Fabrice GNALI; N'dri Sabine VAKOU; Pazé N'guessan KOUAME; Régis Lionel ADOUI; Eric Kouame YAO ; Marie Pascal TETTY; Romain KOFFI; Daniel SARAKA ; Kalpy Julien COULIBALY- <https://doi.org/10.46298/raspa.14942>- [RASPA] Revue africaine de santé et de productions animales, Volume 3 - 2025