

# Facteurs des risques de contagion microbienne provenant des ordures ménagères par l'intermédiaire de *Musca domestica* dans la Ville de Boma au Kongo-Central, RD Congo.

Risk factors for microbial contagion from household waste via *Musca domestica* in the city of Boma, Kongo-Central, DR Congo.

Raphael LUZOLO KINIUMBA<sup>1</sup>, TSHIMANGA YONA TSHIMY<sup>2</sup>, Arlette LONA LONA<sup>3</sup>, Jean LUFULUABO KASUYI<sup>4</sup>, Pascal LUTUMBA TSHINDELE<sup>5</sup>, Denis KANDOLO KAKONGO<sup>6</sup>.

<sup>1</sup>Département de Biologie médicale, Université Président Joseph Kasa-Vubu, Kongo-Central, RD Congo ;

<sup>2</sup>Section Biologie médicale, Institut Supérieur des Techniques Médicales Révérend Bokundoa, RD Congo ;

<sup>3</sup>Section Biologie médicale, Institut Supérieur de Techniques Médicales de Tshela, Kongo-Central, RD Congo ;

<sup>4</sup>Section Biologie médicale, Institut Supérieur de Techniques Médicales de Kinshasa, RD Congo ;

<sup>5</sup>Département de Médecine Tropicale, Faculté de médecine, Université de Kinshasa, Kinshasa, RD Congo ;

<sup>6</sup>Section Biologie médicale, Institut Supérieur de Techniques Médicales de Kinshasa, Kinshasa, RD Congo.

## RESUME :

Cette étude avait pour objectif d'évaluer la fréquence des microorganismes transportés par les mouches *Musca domestica* dans les communes de Nzadi, Kabondo et Kalamu de la zone santé urbaine de Boma. C'est une étude prospective, descriptive et analytique réalisée sur 75 mouches collectées dans 15 sites répartis dans les trois communes. Les mouches ont été classées en petites et grandes tailles. Les analyses microbiologiques ont été réalisées à l'état frais, après coloration de Gram et par culture. Les données ont été analysées à l'aide des tests du Chi carré de Pearson et du test exact de Fisher avec un seuil de signification fixé à  $p < 0,05$ . Les résultats ont montré une prédominance des grandes mouches (54,67 %) par rapport aux petites mouches (45,33 %) ( $p < 0,05$ ). Aucune différence significative n'a été observée selon les communes ou les sites de collecte. Trente-huit parasites ont été identifiés, dominés par les kystes d'*Entamoeba histolytica* (47,37 %) et de *Giardia lamblia* (39,47 %). Les bactéries ont constitué les agents pathogènes les plus fréquents avec 45 cas (60 %), les grandes mouches étant significativement plus contaminées que les petites ( $p = 0,001$ ). Les espèces bactériennes les plus isolées étaient *Escherichia coli* (21,33 %), *Salmonella* spp. (9,33 %) et *Staphylococcus aureus* (9,33 %). Les levures étaient rares (6,67 %). Aucune association statistiquement significative n'a été observée entre les communes, la taille des mouches et la répartition des agents pathogènes ( $p > 0,05$ ). En conclusion, ces mouches constituent des vecteurs potentiels de divers agents pathogènes.

Mots clés : facteurs de risque, contagion microbienne, ordures ménagères, *Musca domestica*, Ville de Boma

## ABSTRACT :

This study aimed to evaluate the frequency of microorganisms transported by *Musca domestica* houseflies in the communes of Nzadi, Kabondo, and Kalamu within the Boma urban health zone. It is a prospective, descriptive, and analytical study was conducted on 75 houseflies collected from 15 sites across the three communes. The flies were classified into small and large sizes. Microbiological analyses were performed directly on fresh samples, after Gram staining, and by culture. Data were analyzed using Pearson's chi-squared test and Fisher's exact test, with a significance threshold set at  $p < 0.05$ . The results showed a predominance of large houseflies (54.67%) compared to small houseflies (45.33%) ( $p < 0.05$ ). No significant differences were observed between the communes or collection sites. Thirty-eight parasites were identified, predominantly cysts of *Entamoeba histolytica* (47.37%) and *Giardia lamblia* (39.47%). Bacteria were the most frequent pathogens, accounting for 45 cases (60%), with large flies being significantly more contaminated than small ones ( $p = 0.001$ ). The most frequently isolated bacterial species were *Escherichia coli* (21.33%), *Salmonella* spp. (9.33%), and *Staphylococcus aureus* (9.33%). Yeasts were rare (6.67%). No statistically significant association was observed between the municipalities, fly size, and pathogen distribution ( $p > 0.05$ ). In conclusion, these flies are potential vectors of various pathogens.

Keywords: risk factors, microbial contagion, household waste, *Musca domestica*, Boma City.

## \*Adresse des Auteur(s)

**Raphael LUZOLO KINIUMBA**, Département de Biologie médicale, Université Président Joseph Kasa-Vubu, Kongo-Central, RD Congo ;

E-mail : [luzolokin@gmail.com](mailto:luzolokin@gmail.com) ;

Tél : +243 998865285 ;

**TSHIMANGA YONA TSHIMY**, Section Biologie médicale, Institut Supérieur des Techniques Médicales Révérend Bokundoa, Kongo-Central, RD Congo ;

**Arlette LONA LONA**, Section Biologie médicale, Institut Supérieur des Techniques Médicales de Tshela, Kongo-Central, RD Congo ;

**Jean LUFULUABO KASUYI**, Section Biologie médicale, Institut Supérieur des Techniques Médicales de Kinshasa, Kinshasa, RD Congo ;

<https://orcid.org/0009-0009-1770-1958>

**Pascal LUTUMBA TSHINDELE**, Département de Médecine Tropicale, Faculté de médecine, Université de Kinshasa, Kinshasa, RD Congo ;

**Denis KANDOLO KAKONGO**, Section Biologie médicale, Institut Supérieur des Techniques Médicales de Kinshasa, Kinshasa, RD Congo.

<https://orcid.org/0009-0003-9094-4397>

## I. INTRODUCTION

A l'échelle mondiale, les maladies infectieuses associées aux vecteurs demeurent un important problème de santé publique. Parmi les vecteurs mécaniques, la mouche domestique (*Musca domestica*) est reconnue pour sa capacité à transporter et à disséminer de nombreux agents pathogènes responsables de maladies humaines et animales [1-2]. Une revue systématique a révélé que cette espèce peut héberger plus de 130 agents pathogènes, notamment des bactéries, des parasites, des virus et des champignons, dont plusieurs présentent un intérêt majeur pour la santé publique [1]. En raison de son comportement synanthrope, *Musca domestica* assure le transport mécanique des microorganismes depuis

## Facteurs des risques de contagion microbienne ...

les matières fécales, les déchets organiques et les eaux usées vers les aliments et les surfaces fréquentées par l'homme [3].

En Afrique, l'urbanisation rapide, la croissance démographique et l'insuffisance des systèmes de gestion des déchets favorisent la prolifération des mouches domestiques et augmentent les risques de transmission des maladies infectieuses [4-7]. Les déchets ménagers non collectés constituent des réservoirs importants de microorganismes pathogènes et créent des conditions favorables au développement des populations de mouches [8-10]. Plusieurs études ont rapporté la présence fréquente d'*Escherichia coli*, de *Salmonella spp.*, de *Shigella spp.* et d'autres bactéries entériques sur les mouches collectées dans les décharges et les environnements urbains insalubres [1,6,11-15].

En Afrique subsaharienne, les insuffisances en matière d'assainissement et de gestion des déchets demeurent particulièrement préoccupantes. Les décharges sauvages, les dépôts anarchiques d'ordures ménagères et l'absence d'infrastructures adéquates favorisent la multiplication des vecteurs mécaniques et la circulation des agents pathogènes dans l'environnement [4-5,16-20]. Dans ces conditions, *Musca domestica* agit comme un pont écologique entre les déchets, les matières fécales et les populations humaines, contribuant ainsi à la propagation des maladies diarrhéiques, parasitaires et bactériennes [2-3,21-27].

En République Démocratique du Congo, la gestion des déchets ménagers constitue encore un défi majeur de santé publique. Dans plusieurs villes, l'insuffisance des infrastructures d'assainissement et la présence de dépotoirs à ciel ouvert favorisent la prolifération des mouches domestiques et l'exposition des populations à divers agents pathogènes [5,28-31]. Pourtant, les données scientifiques locales relatives au rôle de *Musca domestica* dans la transmission mécanique des microorganismes pathogènes restent limitées et insuffisamment documentées [2,31-34].

La ville de Boma n'échappe pas à cette réalité. Sa croissance urbaine, associée à l'accumulation croissante de déchets ménagers et à l'insuffisance des mesures d'assainissement, crée un environnement favorable à la prolifération des mouches domestiques. La proximité entre les habitations, les marchés, les décharges publiques et les activités commerciales augmente le risque de contact entre les mouches, les aliments et les populations humaines [1,3,32-34]. Malgré cette situation préoccupante, peu d'études ont évalué la nature des agents pathogènes transportés par *Musca domestica* dans les communes de la ville de Boma ainsi que leur répartition selon les sites de collecte.

Pour atteindre l'objectif général de cette étude, les objectifs spécifiques suivants ont été poursuivis :

- Identifier et sélectionner les différentes catégories d'ordures ménagères retenues pour l'étude ;
- Capturer des mouches domestiques présentes au niveau des sites de dépôt d'ordures ménagères ;
- Réaliser les prélèvements microbiologiques à partir des spécimens collectés et les ensemercer sur des milieux de culture appropriés ;
- Effectuer l'analyse microbiologique des échantillons par culture afin de mettre en évidence les microorganismes présents ;
- Identifier les différents germes isolés au cours des analyses microbiologiques ;
- Déterminer la fréquence et la répartition des germes identifiés en fonction des sites et des types d'ordures ménagères étudiés ;
- Procéder au traitement et à l'analyse statistique des données recueillies ;
- Formuler des recommandations à l'intention de la zone santé urbaine de Boma et à la coordination urbaine de l'environnement et ainsi que de la population de Boma en vue d'améliorer la gestion des ordures ménagères et de réduire les risques de contamination microbienne.

Cette étude se justifie par le fait que les ordures ménagères constituent depuis longtemps une source permanente et importante de risques de contamination microbienne pour l'homme, la mouche domestique jouant souvent un rôle d'agent vecteur dans la transmission de ces germes. Nos observations de terrain révèlent une situation préoccupante caractérisée par de mauvaises pratiques de gestion des déchets ménagers, notamment à proximité des aliments vendus sur la voie publique, ainsi qu'une faible adhésion de la population aux mesures prescrites par les services d'hygiène et d'assainissement. Ces derniers sont souvent perçus comme de simples structures de perception de taxes, au détriment de leur mission de protection de la santé publique.

Par ailleurs, les maladies liées à l'insalubrité de l'environnement et à la mauvaise gestion des ordures ménagères représentent une proportion importante des problèmes de santé en République Démocratique du Congo, et particulièrement dans notre site d'étude.

Dans ce contexte, la présente étude revêt une importance capitale. Elle vise à évaluer les risques de contamination associés à la mauvaise gestion des ordures ménagères afin de fournir aux autorités compétentes ainsi qu'à la population des informations pertinentes susceptibles d'orienter la prise de décisions et la mise en œuvre de mesures appropriées en

matière d'assainissement de l'environnement et de gestion durable des déchets ménagers.

## II. MATERIEL ET METHODES

Cette étude prospective et analytique a porté sur un échantillon biologique de 75 spécimens de *Musca domestica* collectés dans trois communes de la ville de Boma de la zone de santé urbaine de Boma. La collecte a été réalisée exclusivement dans les environnements des marchés, des églises et des écoles, au niveau des décharges d'ordures ménagères, durant la période allant du 15 octobre 2024 au 14 janvier 2025, soit trois mois.

Dans chaque commune, cinq sites ont été sélectionnés, et cinq mouches ont été capturées par site, pour un total de 25 mouches par commune. L'échantillonnage était de type non probabiliste, selon la méthode d'urne sans remise.

Les mouches ont été capturées de manière aseptique à l'aide d'un dispositif attrape-insectes. Après leur capture, elles ont été placées dans de l'eau peptonée afin d'assurer leur conservation et leur transport vers le laboratoire. Les échantillons ont ensuite été incubés à 37 °C pendant 24 heures.

Les analyses bactériologiques et parasitologiques ont été réalisées au laboratoire de la Polyclinique Diocésaine de Secours (ex-MABAKU). Les examens suivants ont été effectués :

- Examen microscopique direct à l'état frais ;
- Examen microscopique après coloration de Gram ;
- Culture et isolement sur milieux usuels, notamment la gélose MacConkey et la gélose au sang ;
- Identification des microorganismes isolés à l'aide de la galerie LEMINOR, du test de la catalase et du test de filamentation.

### II.1. Analyse statistique

Les données recueillies ont été saisies et analysées à l'aide des logiciels Microsoft Excel 2010 et SPSS version 21. Les variables qualitatives ont été présentées sous forme de fréquences et de pourcentages. Les associations entre les variables ont été évaluées à l'aide du test du Chi carré de Pearson ou du test exact de Fisher lorsque les conditions d'application du Chi carré n'étaient pas remplies. Le seuil de significativité statistique a été fixé à 5 % ( $p < 0,05$ ).

### II.2. Considérations éthiques

Cette étude a été soumise à l'approbation éthique du Comité de Bioéthique de l'Institut Supérieur des Techniques

Médicales de Kinshasa. Les autorisations administratives nécessaires ont été obtenues auprès de la Zone de Santé Urbaine de Boma ainsi que de la Coordination Urbaine de l'environnement de la ville historique et portuaire de Boma.

Un formulaire d'assentiment libre et éclairé a été lu et signé par les personnes concernées avant toute activité de collecte des données. Toutes les informations recueillies dans le cadre de cette recherche ont été traitées dans le strict respect des principes éthiques, notamment la confidentialité, l'anonymat et le respect de la dignité des participants.

## III. RESULTATS

Les résultats obtenus dans cette étude sont principalement présentés dans les tableaux. Le tableau 1 montre la fréquence des mouches selon leurs tailles, et le tableau 2 en donne la fréquence selon leurs tailles par rapport aux communes.

**Tableau 1. Fréquence des mouches selon leurs tailles**

| Mouche        | Fréquence | Pourcentage   | p-value (signification bilatérale) |
|---------------|-----------|---------------|------------------------------------|
| Petite mouche | 34        | 45,33%        | 0,000                              |
| Grande mouche | 41        | 54,67%        |                                    |
| <b>Total</b>  | <b>75</b> | <b>100,0%</b> |                                    |

Les grandes mouches étaient plus représentées que les petites mouches dans les échantillons analysés. Le test de khi-deux de Pearson montre une signification bilatérale de  $p < 0,05$ .

**Tableau 2. Fréquence des mouches selon leurs tailles par rapport aux communes**

|              | Taille des mouches |                   | Total             | p -value (signification bilatérale) |
|--------------|--------------------|-------------------|-------------------|-------------------------------------|
|              | Petite mouche      | Grande mouche     |                   |                                     |
| NZADI        | 13(17,33%)         | 12(16%)           | 25(33,33%)        | 0,686                               |
| KABONDO      | 10(13,33%)         | 15(20%)           | 25(33,33%)        |                                     |
| KALAMU       | 11(14,66%)         | 14(18,66%)        | 25(33,33%)        |                                     |
| <b>Total</b> | <b>34(45,33%)</b>  | <b>41(54,67%)</b> | <b>75(100,0%)</b> |                                     |

La répartition des petites et grandes mouches est similaire dans les trois communes. Le test de chi-deux de Pearson n'a montré aucune différence significative, soit  $p > 0,05$ .

## Facteurs des risques de contagion microbienne ...

La fréquence des mouches selon leurs tailles par rapport aux sites est donnée au Tableau 3, et celle des parasites à l'analyse à frais des échantillons des mouches selon leurs tailles est donnée au tableau 4.

**Tableau 3. Fréquence des mouches selon leurs tailles par rapport aux sites**

| N° | Sites           | Taille des mouches |               | Total | p-value |
|----|-----------------|--------------------|---------------|-------|---------|
|    |                 | Petite mouche      | Petite mouche |       |         |
| 01 | IBM             | 2                  | 3             | 5     | 0,825   |
| 02 | Km <sup>3</sup> | 4                  | 1             | 5     |         |
| 03 | PV              | 2                  | 3             | 5     |         |
| 04 | IB              | 2                  | 3             | 5     |         |
| 05 | P               | 3                  | 2             | 5     |         |
| 06 | DN              | 1                  | 4             | 5     |         |
| 07 | F               | 3                  | 2             | 5     |         |
| 08 | HGR             | 1                  | 4             | 5     |         |
| 09 | DUMBI           | 2                  | 3             | 5     |         |
| 10 | IB/SK           | 3                  | 2             | 5     |         |
| 11 | DKS             | 4                  | 1             | 5     |         |
| 12 | WMNG            | 2                  | 3             | 5     |         |
| 13 | PCR             | 2                  | 3             | 5     |         |
| 14 | PMB             | 1                  | 4             | 5     |         |
| 15 | KVV             | 2                  | 3             | 5     |         |
| 16 | Total           | 34                 | 41            | 75    |         |

- Les sites de Km<sup>3</sup>, DKS et P, F et IB/SK présentent une prédominance des petites mouches et les sites DN, HGR, PMB, IBM, PV, IB, DUMBI, WMNG et PCR montrent une prédominance des grandes mouches. Certains sites présentent une distribution relativement équilibrée.
- Ainsi, les grandes mouches sont légèrement plus nombreuses que les petites mouches dans l'ensemble des sites étudiés. Le test exact de Fisher montre qu'il n'y a pas une signification à  $p > 0,05$ .

**Tableau 4. Fréquence des parasites à l'analyse à frais des échantillons des mouches selon leurs tailles**

| Tailles         | Parasites                        |                                 |                                      |                                 | Total      | p-value ( |
|-----------------|----------------------------------|---------------------------------|--------------------------------------|---------------------------------|------------|-----------|
|                 | <i>Strongyloides stercoralis</i> | <i>Trichomonas intestinalis</i> | <i>Kyste d'Entamoeba histolytica</i> | <i>Kyste de Giardia lamblia</i> |            |           |
| Petites mouches | 2(5,26%)                         | 0(0%)                           | 10(26,32%)                           | 8(21%)                          | 20(52,6 %) | 1,000     |
| Grandes mouches | 1(2,63%)                         | 2(5,26%)                        | 8(21%)                               | 7(18,42%)                       | 18(47,4%)  |           |
| <b>Total</b>    | 3(7,89%)                         | 2(5,26%)                        | 18(47,37%)                           | 15(39,47%)                      | 38(100%)   |           |

Les résultats montrent que les petites mouches hébergent légèrement plus de parasites (20 cas ; 52,6 %) que les grandes mouches (18 cas ; 47,4%). Cependant, la différence reste faible, suggérant une répartition relativement homogène des parasites selon la taille des mouches.

Le parasite le plus fréquemment retrouvé est le kyste d'*Amoebiasis* (*Entamoeba histolytica*), avec 18 cas sur 38 (47,4%). Le kyste de *Giardia lamblia* occupe la deuxième position avec 15cas (39,5 %), distribués équitablement entre les petites et les grandes mouches (7 cas chacune).

Les *Strongyloides stercoralis* sont rares, observées seulement dans 3 cas (7,89 %), avec une fréquence élevée chez les grandes mouches.

Le *Trichomonas intestinalis* est le parasite le moins retrouvé, avec 2 cas (5,26%), observé uniquement chez les grandes mouches.

Le test exact de Fisher ne montre aucune association entre les mouches et la fréquence des parasites à  $p > 0,05$ .

**Tableau 5. Fréquence des bactéries à l'analyse à frais des échantillons des mouches selon leurs tailles**

| Tailles         | Positif    | Négatif | Total      | p-value |
|-----------------|------------|---------|------------|---------|
| Petites mouches | 13(17,33%) | 21(28%) | 34(45,33%) | 0,001   |
| Grandes mouches | 32(42,67%) | 9(12%)  | 41(54,67%) |         |
| <b>Total</b>    | 45(60%)    | 30(40%) | 75(100%)   |         |

- Les grandes mouches présentent une fréquence de contamination bactérienne nettement plus élevée que les petites mouches (42,67 % contre 17,33%)
- Globalement, sur les 75 mouches analysées, 45 étaient positives, correspondant à 60% contre 40 % de résultats négatifs. Le test de khi deux de Pearson montre une signification bilatérale de à  $p < 0,05$ .

**Tableau 6. Fréquence des levures à l'analyse à frais des échantillons des mouches selon leurs tailles**

| Tailles         | Positif  | Négatif    | Total      | p-value |
|-----------------|----------|------------|------------|---------|
| Petites mouches | 3(4%)    | 31(41,33%) | 34(45,33%) | 1.000   |
| Grandes mouches | 2(2,67%) | 39(52%)    | 41(54,67%) |         |
| <b>Total</b>    | 5(6,67%) | 70(93,33%) | 75(100%)   |         |

- Sur un total de 75 mouches analysées, 5 (6,67 %) étaient positives aux levures tandis que 70 (93,33%) étaient négatives.
- Chez les petites mouches, 3 cas (4 %) positifs ont été retrouvés sur 34 mouches) tandis que chez les grandes mouches, 2 cas (2,67%) positifs, ont été retrouvés sur 41.
- Ces résultats montrent que la présence des levures est globalement faible dans les deux groupes de mouches. Le test exact de Fisher ne montre pas d'association entre la fréquence des mouches et les levures à  $p > 0,05$ .

Au total, 88 agents pathogènes ont été identifiés chez 75 mouches, dont 60 % bactéries, 50,67 % parasites et 6,67 % levures. Les bactéries constituent donc les agents les plus fréquemment retrouvés chez les mouches étudiées.

La commune de KABONDO, les bactéries sont les plus représentées avec 19 cas (25,33%), par rapport aux autres communes. La commune de KALAMU, les parasites sont plus fréquents avec 16 cas (21,33%), par rapport au reste des communes. Le test exact de Fisher ne montre aucune différence significative à  $p > 0,05$ .

**Tableau 7. Fréquence des bactéries en cultures suivant les échantillons des mouches selon leurs tailles**

| Tailles         | <i>E. Coli</i> | <i>Salmonella</i><br>sps | <i>S.aureus</i> | <i>Proteus</i><br>sps | <i>Staph</i> sps | <i>Shigella</i> sps | <i>Klebs</i> sps | <i>Proteus</i><br><i>mirabilis</i> | <i>Klebs</i><br><i>oxytoca</i> | <i>Salmonella</i><br><i>typhi</i> | Stérile | Total | p-value |
|-----------------|----------------|--------------------------|-----------------|-----------------------|------------------|---------------------|------------------|------------------------------------|--------------------------------|-----------------------------------|---------|-------|---------|
| Petites mouches | 05             | 3                        | 1               | 1                     | 0                | 0                   | 1                | 1                                  | 4                              | 1                                 | 17      | 34    | 0,133   |
| Grandes mouches | 11             | 4                        | 6               | 0                     | 01               | 01                  | 3                | 2                                  | 1                              | 0                                 | 12      | 41    |         |
| Total           | 16(21,33%)     | 07(9,33%)                | 07(9,33%)       | 01(1,33%)             | 01(1,33%)        | 01(1,33%)           | 04(5,33%)        | 03(4%)                             | 05(6,66%)                      | 01(1,33%)                         | 29      | 75    |         |

Chez les petites mouches, les cultures positives étaient 17 cas sur 34 soit 22,66%. Parmi les bactéries identifiées, *E. coli* était la bactérie la plus retrouvée avec 5 cas, suivi de *Klebsiella oxytoca* avec (4 cas), de *Salmonella spp* (3 cas). Les autres germes tels que *Staphylococcus aureus*, *Proteus spp*, *Klebsiella spp* et *Proteus mirabilis* ont été observés chacun dans 1 cas, tandis qu'aucun cas de *Shigella spp* ni de *Salmonella typhi* n'a été détecté.

Chez les grandes mouches, les cultures positives étaient plus nombreuses soit 29 cas (38,67%). *E. coli* représentait le germe le plus fréquent avec 11 cas (14,67%), suivi de *Staphylococcus aureus* 6 cas (8%) et de *Salmonella spp* 4 cas (5,33%). On note également la présence de *Klebsiella spp* (3 cas (4%)), *Proteus mirabilis* 2 cas (2,67%), ainsi que quelques cas de *Shigella spp*, *Klebsiella oxytoca* et *Salmonella typhi*. Le test exact de Fisher ne montre aucune signification à  $p > 0,05$ .

Le tableau 8 donne la répartition des agents pathogènes portés par des mouches à l'examen à l'état frais selon les communes.

**Tableau 8. Répartition des agents pathogènes portés par des mouches à l'examen à l'état frais selon les communes**

| Commune | Parasites  | Levures   | Bactéries  | p-value |
|---------|------------|-----------|------------|---------|
| NZADI   | 10(13,33%) | 03(4%)    | 13(17,33%) | 0,359   |
| KABONDO | 12(16%)    | 02(2,67%) | 19(25,33%) |         |
| KALAMU  | 16(21,33%) | 0(0%)     | 13(17,33%) |         |
| Total   | 38(50,67%) | 05(6,67%) | 45(56%)    |         |

## Facteurs des risques de contagion microbienne ...

**Tableau 9. Répartition des parasites des résultats de l'examen à frais des échantillons des mouches selon les communes**

| N° | Commune | Kyste d' <i>Entamoeba histolytica</i> | Kyste de <i>Giardia lamblia</i> | <i>Strongyloides stercoralis</i> | <i>Trichomonas intestinalis</i> | Total      | p-value |
|----|---------|---------------------------------------|---------------------------------|----------------------------------|---------------------------------|------------|---------|
| 1  | NZADI   | 4(10,53%)                             | 5(13,16%)                       | 1(2,63%)                         | 0(0%)                           | 10(26,32%) | 0,362   |
| 2  | KABONDO | 6(15,79%)                             | 5(13,16%)                       | 0(0%)                            | 1(2,63%)                        | 12(31,57%) |         |
| 3  | KALAMU  | 8(21,05%)                             | 5(13,16%)                       | 2(5,26%)                         | 1(2,63%)                        | 16(42,10%) |         |
| 4  | Total   | 18(47,3%)                             | 15(39,47%)                      | 3(7,89%)                         | 2(5,26%)                        | 38(100,0%) |         |

Au total, 38 parasites ont été observés, le parasite le plus fréquent était *Entamoeba histolytica* 47,3%), suivi de *Giardia lamblia* (39,47%). Les anguillules (7,89%) et *Trichomonas* (5,26%) étaient faiblement représentés.

La commune de KALAMU a enregistré le nombre le plus élevé de parasites 42,11%, avec une prédominance d'*Entamoeba histolytica* 21,05%. Les communes de KABONDO 31, 57% et NZADI 26,32%) cas de parasites. Dans toutes les communes, *Giardia* était à fréquence égale. Le test exact de Fisher ne montre aucune association statistiquement significative entre les types de parasites observés et les communes étudiées à  $p > 0,05$ .

**Tableau 10. Répartition des bactéries des résultats de la culture des échantillons des mouches selon les communes**

| N° | Communes | <i>E. Coli</i> | <i>Salmonella</i> spp | <i>Staphylococcus aureus</i> | <i>Staphylococcus</i> spp | <i>Proteus</i> spp | <i>Shigella</i> spp | <i>Klebsiella</i> spp | <i>Proteus mirabilis</i> | <i>Klebsiella oxytoca</i> | <i>Salmonella typhi</i> | Total | p-value |
|----|----------|----------------|-----------------------|------------------------------|---------------------------|--------------------|---------------------|-----------------------|--------------------------|---------------------------|-------------------------|-------|---------|
| 1  | NZADI    | 4              | 2                     | 5                            | 0                         | 1                  | 1                   | 1                     | 0                        | 0                         | 0                       | 14    | 1,00    |
| 2  | KABONDO  | 6              | 3                     | 1                            | 0                         | 0                  | 0                   | 1                     | 3                        | 3                         | 1                       | 18    | 0,00    |
| 3  | KALAMU   | 6              | 2                     | 0                            | 1                         | 0                  | 0                   | 2                     | 0                        | 2                         | 0                       | 13    | 0,00    |
| 4  | Total    | 16             | 7                     | 6                            | 1                         | 1                  | 1                   | 4                     | 3                        | 5                         | 1                       | 45    |         |

Les résultats montrent que les bactéries les plus fréquemment isolées sont *E. coli*, elle est suivie de *Salmonella* spp et *Staphylococcus aureus*, avec respectivement 7 cas pour l'un et 6 cas pour l'autre. Les autres bactéries ont été retrouvées à de faibles fréquences : *Klebsiella oxytoca* (5 cas), *Proteus mirabilis* (3 cas), tandis que *Proteus* spp, *Shigella* spp, *Klebsiella* spp et *Salmonella typhi* n'ont été isolés qu'à un seul cas chacun. Le test exact de Fisher ne montre aucune association entre la répartition des différentes bactéries dans les trois communes à  $p > 0,05$ .

**Tableau 11. Relation entre les mouches, les agents pathogènes et les communes**

| Commune      | Petites mouches   | Grandes mouches   | Parasites         | Levures        | Bactéries         | Total agents pathogènes | p-value |
|--------------|-------------------|-------------------|-------------------|----------------|-------------------|-------------------------|---------|
| NZADI        | 13                | 12                | 10                | 3              | 14                | 27(30,68%)              | 1,000   |
| KABONDO      | 10                | 15                | 12                | 2              | 18                | 32(36,36%)              |         |
| KALAMU       | 11                | 14                | 16                | 0              | 13                | 29(32,96%)              |         |
| <b>Total</b> | <b>34(45,33%)</b> | <b>41(54,67%)</b> | <b>38(43,18%)</b> | <b>5(5,6%)</b> | <b>45(51,14%)</b> | <b>88 (100,0%)</b>      |         |

La répartition des agents pathogènes par rapport aux mouches et les différentes communes ne montre aucune association au test exact de Fisher à  $p > 0,05$ .

- Les grandes mouches étaient plus nombreuses (54,67%) que les petites mouches (45,33%) dans l'ensemble des communes.
- KABONDO a présenté le plus grand nombre de bactéries (18 cas), tandis que KALAMU a enregistré la fréquence la plus élevée de parasites (16 cas).
- Les levures étaient faiblement représentées et absentes dans la commune de KALAMU.
- Les bactéries constituaient les agents pathogènes les plus fréquents transportés par les mouches dans les différentes communes étudiées.

En bref, la figure 1 suivante met en évidence la présence de plusieurs agents pathogènes dans ordures ménagères. Les bactéries constituent la catégorie la plus fréquemment retrouvée, avec 45 occurrences (51,14 %), suivies des grandes mouches, avec 41 occurrences (54,67 %), et des parasites, avec 38 occurrences (43,18 %). Les petites mouches représentent 34 occurrences (45,33 %), tandis que les levures sont les moins fréquemment observés, avec 5 occurrences (5,6 %). Ces résultats témoignent d'une diversité importante d'agents potentiellement pathogènes dans les échantillons d'eau étudiés, suggérant un risque microbiologique nécessitant une attention particulière.

Répartition totale des agents pathogènes (toutes communes confondues)

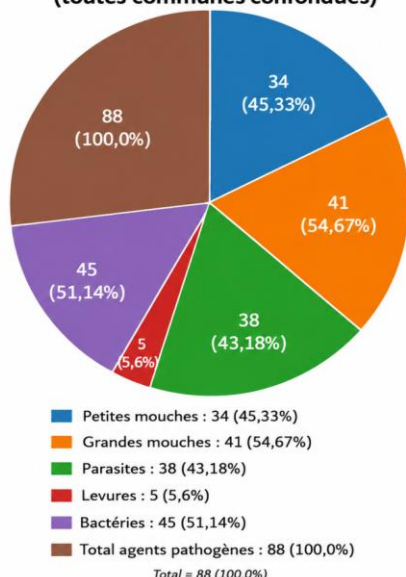


Figure 1. Répartitions totales des agents pathogènes pour toutes les communes

#### IV. DISCUSSION

La présente étude avait pour objectif d'évaluer le rôle de *Musca domestica* comme vecteur mécanique d'agents pathogènes dans les communes de Nzadi, Kabondo et Kalamu de la ville de Boma. Les résultats obtenus confirment l'importance sanitaire de cette mouche synanthrope dans la dissémination des microorganismes potentiellement

pathogènes pour l'homme. Ces observations concordent avec les travaux de Khamesipour et al. [1], Nayduch et Burrus [2] ainsi qu'Issa [3], qui ont démontré que *Musca domestica* constitue un important vecteur mécanique de nombreux agents pathogènes responsables d'infections humaines. De même, Komono et al. [6] ont mis en évidence le risque de transmission bactérienne associé aux mouches synanthropes dans les milieux urbains africains.

L'analyse morphologique des échantillons a montré une légère prédominance des grandes mouches (54,67 %) par rapport aux petites mouches (45,33 %). Cette différence était statistiquement significative. Toutefois, la répartition des tailles selon les communes et les sites de collecte n'a révélé aucune différence significative, suggérant une distribution relativement homogène de la population de *Musca domestica* dans les différents milieux étudiés. Cette observation rejoint les conclusions de Nayduch et Burrus [2], qui rapportent que la densité et la répartition des mouches domestiques dépendent principalement des conditions écologiques locales et de la disponibilité des matières organiques en décomposition. L'homogénéité observée dans notre étude pourrait être liée aux caractéristiques similaires des décharges ménagères des trois communes investiguées.

L'examen parasitologique a mis en évidence la présence de plusieurs parasites d'intérêt médical, notamment les kystes d'*Entamoeba histolytica* (47,37 %) et de *Giardia lamblia* (39,47 %), qui représentaient les espèces les plus fréquemment retrouvées. Ces résultats corroborent ceux rapportés par Khamesipour et al. [1], Issa [3] et Mehlhorn et al. [9], qui ont démontré que les mouches domestiques peuvent transporter de nombreux parasites intestinaux provenant des matières fécales humaines et animales. La fréquence élevée d'*Entamoeba histolytica* pourrait s'expliquer par la résistance environnementale de ses kystes et leur abondance dans les milieux caractérisés par une gestion inadéquate des déchets ménagers et des excréta [4,5].

Par ailleurs, la présence de *Strongyloides stercoralis* et de *Trichomonas intestinalis*, bien que faible, témoigne de la capacité des mouches à transporter divers stades parasitaires. Des observations similaires ont été décrites par Bourée [24], Gentilini et al. [21] ainsi que Mehlhorn et al. [9], qui soulignent le rôle des insectes synanthropes dans la dissémination passive des parasites intestinaux. Toutefois, contrairement à certaines études ayant identifié principalement *Ascaris lumbricoides* et les ankylostomes [22,26], notre étude a retrouvé une prédominance d'*Entamoeba histolytica* et de *Giardia lamblia*. Cette différence pourrait être liée aux variations écologiques, climatiques et sanitaires entre les zones d'étude.

L'absence d'association statistiquement significative entre la taille des mouches et la fréquence des parasites suggère que la contamination parasitaire dépend davantage du niveau d'exposition environnementale que de la morphologie des insectes. Cette hypothèse est soutenue par les travaux de Hewitt [11] et d'Issa [3], qui indiquent que les mouches acquièrent les agents pathogènes essentiellement lors de leur contact avec des substrats contaminés.

Concernant les analyses bactériologiques, les résultats montrent que 60 % des mouches étaient porteuses de bactéries, confirmant ainsi leur rôle majeur dans la transmission mécanique des agents bactériens. Cette fréquence élevée est conforme aux observations de Khamesipour et al. [1], Nayduch et Burrus [2] et Yéru et al. [15], qui ont démontré que les mouches hébergent une grande diversité de bactéries potentiellement pathogènes. Les grandes mouches présentaient une fréquence de contamination significativement plus élevée que les petites mouches, ce qui pourrait être expliqué par une surface corporelle plus importante favorisant l'adhésion des microorganismes.

Les bactéries les plus fréquemment isolées étaient *Escherichia coli* (21,33 %), *Salmonella* spp. (9,33 %) et *Staphylococcus aureus* (9,33 %). Ces résultats sont proches de ceux rapportés par Komono et al. [6], qui ont identifié *E. coli* (23,0 %), *Salmonella* spp. (23,0 %) et *Staphylococcus* spp. (15,8 %) parmi les bactéries les plus fréquemment transportées par les mouches synanthropes. La prédominance d'*E. coli* dans notre étude s'explique probablement par son origine fécale et reflète la forte contamination environnementale des décharges ménagères étudiées. Des résultats similaires ont été décrits par Heitroff et al. [8], Khamesipour et al. [1] et Nayduch et Burrus [2].

La détection de *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Proteus* spp., *Klebsiella* spp. et *Salmonella typhi* revêt également une importance particulière du point de vue de la santé publique. Ces bactéries sont impliquées dans diverses infections digestives et systémiques telles que la fièvre typhoïde, la shigellose et les gastroentérites bactériennes [18,19,20]. Leur isolement chez les mouches confirme que ces insectes peuvent participer à la propagation des maladies diarrhéiques dans les zones où l'assainissement demeure insuffisant [1,2,3]. Komono et al. [6] ont d'ailleurs montré que les entérobactéries représentaient plus de 61 % des bactéries isolées chez les mouches, une proportion relativement proche de celle observée dans notre étude.

L'étude a également révélé une faible prévalence des levures (6,67 %). Aucune différence significative n'a été observée selon la taille des mouches ou la commune d'origine. Cette faible fréquence pourrait être liée à une moindre survie des

levures dans les conditions environnementales locales ou à une faible contamination fongique des décharges ménagères. Des observations comparables ont été rapportées par Yéru et al. [15], qui ont montré que les bactéries sont généralement plus abondantes que les levures dans le microbiote associé aux mouches.

L'analyse de la répartition géographique des agents pathogènes a montré que la commune de Kabondo présentait la plus forte fréquence bactérienne tandis que Kalamu enregistrait le plus grand nombre de parasites. Cependant, aucune association statistiquement significative n'a été observée entre les communes et les différents agents pathogènes identifiés. Cette absence de différence pourrait s'expliquer par la similitude des conditions d'hygiène, de gestion des déchets et des caractéristiques environnementales dans les trois communes étudiées. Ferronato et Torretta [4] ainsi que l'Organisation mondiale de la Santé [5] soulignent que la mauvaise gestion des déchets constitue un facteur majeur favorisant la prolifération des vecteurs mécaniques et la circulation des microorganismes pathogènes.

Globalement, les bactéries représentaient les agents pathogènes les plus fréquemment retrouvés (51,14 %), suivies des parasites (43,18 %) puis des levures (5,68 %). Ces résultats confirment les observations de Komono et al. [6], qui ont montré que les bactéries constituent les microorganismes les plus fréquemment associés aux mouches synanthropes. Ils corroborent également les conclusions de Khamesipour et al. [1], Nayduch et Burrus [2] et Issa [3], selon lesquelles *Musca domestica* joue un rôle majeur dans la transmission mécanique de nombreux agents infectieux.

Ainsi, les résultats obtenus mettent en évidence le rôle important de *Musca domestica* comme vecteur mécanique d'agents pathogènes dans les milieux urbains de Boma. Ils soulignent la nécessité de renforcer les mesures d'assainissement, d'améliorer la gestion des déchets ménagers et de développer des stratégies efficaces de lutte contre les mouches afin de réduire les risques de transmission des maladies infectieuses [4,5,10,28].

La principale limite de cette étude réside dans la taille relativement modeste de l'échantillon et dans le fait que les analyses ont été réalisées uniquement sur des mouches collectées dans les décharges ménagères. Des études futures incluant un plus grand nombre d'échantillons, différents sites de collecte et des techniques moléculaires plus sensibles permettraient d'approfondir la compréhension du rôle de *Musca domestica* dans l'épidémiologie des maladies infectieuses à Boma et en République Démocratique du Congo, comme le recommandent Khamesipour et al. [1] et Nayduch et Burrus [2].

## V. CONCLUSION

La présente étude avait pour objectif général de déterminer les agents pathogènes transportés par *Musca domestica* collectées dans les décharges d'ordures ménagères des communes de Nzadi, Kabondo et Kalamu dans la ville de Boma.

Plus spécifiquement, il s'agissait d'identifier les parasites, les bactéries et les levures portés par les mouches domestiques, de comparer leur fréquence selon la taille des mouches et d'évaluer leur répartition dans les différentes communes étudiées.

Les résultats obtenus montrent que *Musca domestica* est effectivement porteuse de plusieurs agents pathogènes d'importance médicale. Les analyses parasitologiques ont permis d'identifier principalement les kystes d'*Entamoeba histolytica* et de *Giardia lamblia*. Les analyses bactériologiques ont révélé une prédominance d'*Escherichia coli*, suivie de *Salmonella* spp. et de *Staphylococcus aureus*. Les levures ont été retrouvées dans une faible proportion.

Concernant la première hypothèse selon laquelle les mouches domestiques de la ville de Boma transporteraient des agents pathogènes, les résultats obtenus permettent de la confirmer. En effet, 88 agents pathogènes ont été identifiés chez les 75 mouches analysées, démontrant leur rôle potentiel dans la transmission mécanique des maladies infectieuses.

La deuxième hypothèse postulait que la fréquence des agents pathogènes varierait selon la taille des mouches et les communes de provenance. Les résultats montrent que les grandes mouches présentaient une contamination bactérienne significativement plus élevée que les petites mouches. Cependant, aucune différence statistiquement significative n'a été observée pour la répartition des parasites, des levures ou des bactéries entre les différentes communes. Cette hypothèse n'est donc que partiellement confirmée.

Ainsi, cette étude met en évidence le rôle important de *Musca domestica* comme vecteur mécanique de bactéries, parasites et levures dans les décharges ménagères de la ville de Boma. La présence de ces microorganismes témoigne des risques sanitaires associés à l'insalubrité environnementale et souligne la nécessité de renforcer les mesures de prévention et de contrôle.

## REFERENCES

1. Khamesipour F, Lankarani KB, Honarvar B, Kwenti TE. A systematic review of human pathogens carried by the housefly (*Musca domestica* L.). BMC Public Health. 2018;18:1049.

2. Nayduch D, Burrus RG. Microbial ecology of house flies (*Musca domestica*) and their role in pathogen dissemination. Annu Rev Entomol. 2020;65:77-95.
3. Issa R. *Musca domestica* as a mechanical vector of pathogenic microorganisms. Bull Natl Res Cent. 2019;43:73. doi:10.1186/s42269-019-0111-0.
4. Ferronato N, Torretta V. Waste mismanagement in developing countries: a review of global issues. Environ Sci Pollut Res Int. 2019;26:2529-2557.
5. World Health Organization. Waste management and vector control in tropical environments. Geneva: WHO; 2020.
6. Komono D, et al. Risque de transmission potentielle des infections bactériennes par les mouches synanthropes en zone urbaine de Côte d'Ivoire. Rev Mar Sci Agron Vet. 2022. Disponible sur: [https://www.agrimaroc.org/index.php/Actes\\_IAPHV2/article/view/1227](https://www.agrimaroc.org/index.php/Actes_IAPHV2/article/view/1227)
7. Issa R. *Musca domestica* acts as transport vector hosts. Bull Natl Res Cent. 2019;43:73. Disponible sur: <https://doi.org/10.1186/s42269-019-0111-0>
8. Heitroff DL, et al. Entérobactéries. 5e éd. Paris: France; 2018.
9. Mehlhorn H, et al. Les mouches domestiques en tant que vecteurs des parasites et des agents pathogènes. Paris: Éditions scientifiques; 2011.
10. Kene-Bodou J, et al. Risques sanitaires liés aux déchets ménagers sur la population d'Anyama, Côte d'Ivoire. 2019.
11. Hewitt CG. The House Fly (*Musca domestica* Linn.): Its Structure, Habits, Development, Relation to Disease and Control. Cambridge: Cambridge University Press; 2011.
12. Hussein M, Pilloi V, Joshua M, Goddard G, Park T. Sustainable production of housefly (*Musca domestica*) larvae as a protein-rich feed ingredient by utilizing cattle manure. PLoS One. 2017;12.
13. Anderson RD, et al. Discrimination of fever behavior in house flies. PLoS One. 2013;8(7):e62269.

## Facteurs des risques de contagion microbienne ...

14. Fenet-Bouin P. Clé illustrée des familles des coléoptères de France. L'Entomologiste. 1995;50(Suppl):1-56.
15. Yéru M, Junquera AC, Roton A, Acerbi E, et al. The microbiomes of blowflies and houseflies as bacterial transmission reservoirs. Sci Rep. 2017;7.
16. Hussein M, Pilloi V, Joshua M, Goddard G, Park T. Sustainable production of housefly (*Musca domestica*) larvae as a protein-rich feed ingredient by utilizing cattle manure. PLoS One. 2017;12.
17. Aj H, Wang F, Xi Y, Xiaomin T. Antioxidant, antifungal and antiviral activities of chitosan from the larvae of housefly, *Musca domestica* L. Food Chem. 2012;132(1):1-7.
18. Genetics N. Analyse responsable de la fièvre typhoïde. 2021.
19. Germani Y, Sansonetti P. Shigellose et infection à *Escherichia coli* entéroinvasif. Encycl Méd Chir Mal Infect. 1999;9.
20. Organisation mondiale de la Santé. Shigellose: charge de morbidité, épidémiologie et prise en charge des cas. Genève: OMS; 2005.
21. Gentilini M, Caumes E, Richard-Lenoble D, et al. Médecine tropicale. 6e éd. Paris: Médecine-Sciences Flammarion; 2012. p. 538.
22. Mbaye S, Vade B, Klotz F. Ascaris et ascaridiose. Encycl Méd Chir Mal Infect. 2003;8.
23. Chandenier N, Bories G. Examen parasitologique des selles. Développement et Santé. 2002;34(89):156.
24. Bourée P. Aide-mémoire de parasitologie et pathologie tropicale. Paris: Flammarion Médecine-Sciences; 2001. 276 p.
25. Russu M. Gastroentérologie. Troisième partie: l'intestin. Kinshasa: Presses Universitaires du Zaïre; 1978. 569 p.
26. Chevalier B, Ka-Cissé M, Diouf ML, Klotz F. Ankylostomes et ankylostomiase humaine. Encycl Méd Chir Mal Infect. 2002.
27. Patrick H. Petit guide du bio-ménage. Paris; 2005. p. 131.
28. Philippe B. Impacts sanitaires et gestion des déchets: des besoins, des outils et des incompréhensions. Angers; 2005. p. 401.
29. Carballo J, et al. Impact de la production des déchets sur la santé. 2012. Disponible sur: <http://qwl-ch>
30. Callie M, Maitre S. Composition des déchets ménagers dans différentes régions de France. 2021. p. 103.
31. Le Fébure S. Les impacts sanitaires de la contamination des milieux par les déchets. 2019. p. 117.
32. Blanc N. Les effets de la pollution plastique sur les écosystèmes et la santé. 2021. p. 191.
33. Ellouze N. L'organisation des procédés de compostage des déchets organiques ménagers et agricoles. 2023.
34. Garland E. Les innovations dans les procédés d'incinération pour optimiser la récupération d'énergie et réduire les émissions polluantes. Lorraine: Université de Lorraine; 2023.