

Objectifs

La résistance aux antimicrobiens des *Neisseria gonorrhoeae* est préoccupante. Très peu sont les informations sur les profils de sensibilité aux antimicrobiens et les mécanismes de résistance génétique associés chez les NG à Madagascar. Nous rapportons les données de sensibilité des isolats de NG obtenus par le laboratoire médical (CBC) de l'Institut Pasteur de Madagascar, Antananarivo, Madagascar, au cours de la période 2014-2020. Nous présentons les données sur les mécanismes de résistance aux antimicrobiens et les profils phénotypiques d'un sous-ensemble de ces isolats.

Méthodes

Nous avons récupéré les données rétrospectives (N = 395) de patients associés aux NG isolés entre 2014 et 2020 par le CBC. Nous avons retesté 46 isolats viables, dont six décrits résistants à la ceftriaxone et deux à l'azithromycine, ainsi que 33 isolés en 2020. Nous avons déterminé les concentrations minimales inhibitrices pour la ceftriaxone, la ciprofloxacine, l'azithromycine, la pénicilline, la tétracycline et la spectinomycine par la méthode E-test. Nous avons obtenu des séquences du génome entier et identifié les déterminants génétiques associés à la résistance aux antimicrobiens et les séquences types (ST).

Résultats

Sur la période d'étude, les isolats résistants à la ceftriaxone ont dépassé le seuil de 5 % en 2017 (7,4 % (4/ sur 54)) et en 2020 (7,1 % (3/ sur 42)). Tous les isolats retestés se sont révélés sensibles à la ceftriaxone, à l'azithromycine et à la spectinomycine, et résistants à la ciprofloxacine. La majorité étaient résistantes à la pénicilline (83 % (38/sur 46)) et à la tétracycline (87 % (40/sur 46)). Nous avons détecté des mutations chromosomiques associées à la résistance aux antibiotiques dans les gènes *gyrA*, *parC*, *penA*, *ponA*, *porB* et *mtrR*. Aucun des isolats retestés ne portait le gène mosaïque *penA*. Le taux élevé de résistance à la pénicilline et à la tétracycline s'explique par la présence du gène *bla_{TEM}* (94,7% (36/ sur 38)) et de *tetM* (97,5% (39/ sur 40)). Nous avons trouvé un nombre élevé de MLST-ST circulants. Près de la moitié d'entre eux étaient de nouveaux types, et un nouveau ST figurait parmi les quatre plus prédominants.

Conclusion

Notre rapport fournit un ensemble de données détaillées, obtenues grâce à des méthodes phénotypiques et génotypiques, qui serviront de base pour la surveillance future de la NG. Nous n'avons pas pu confirmer la présence d'isolats résistants à la ceftriaxone. Nos résultats soulignent l'importance de mettre en œuvre une surveillance avec une assurance qualité de la résistance aux antimicrobiens des gonocoques à Madagascar.