

**Etudes de la qualité Microbiologique d'une pâte alimentaire faite de Maïs (*Zea mays*), d'Arachides (*Arachis hypogaea*), de Sésames (*Sesamum indicum*) et de Moringa (*Moringa oleifera*), (MAS-moringa), consommée dans la région de Kindia.**

**Studies of the Microbiological quality of a food paste made from Corn (*Zea mays*), Peanuts (*Arachis hypogaea*), Sesame (*Sesamum indicum*) and Moringa (*Moringa oleifera*), (MAS-moringa), consumed in the region by Kindia.**

Sangare M<sup>1</sup>, Kalivogui S<sup>1</sup>, Bah MK<sup>2</sup>

<sup>1</sup>- Institut de Recherche en Biologie Appliquée de Guinée (IRBAG), Département de Bactériologie

<sup>2</sup>- Centre d'Etudes et de Recherche Environnementale (CERE), Université de Conakry.

Auteur correspondant : Dr Mory Sangaré, Centre d'Etudes et de Recherche Environnementale (CERE), Université de Conakry E-mail : \*[morisangare@yahoo.fr](mailto:morisangare@yahoo.fr) +224 622 38 04 95.

### Résumé

**Introduction.** MAS-moringa, pâte alimentaire, faite de Maïs, d'Arachides, de Sésames, de Moringa, de lait écrémé, du sucre et de l'eau, connaît ces derniers temps une grande consommation dans le milieu rural de Kindia, République de Guinée. Elle est utilisée dans la prise en charge de la malnutrition aiguë sans complication médicale. Pour éviter les maladies liées à sa consommation, il était donc opportun de contrôler sa charge microbienne. L'objectif de cette étude était de déterminer sa qualité Microbiologique en termes de germes totaux et pathogènes et savoir si elle est propre à la consommation humaine.

**Méthodologies :** Durant 6 mois, 300 échantillons de MAS-moringa, pasteurisés dont 180 g chacun, ont été prélevés au hasard sur les rations des enfants. Le dénombrement et la détection ont été obtenus à partir des boîtes d'agarensemencées et la PCR (Polymerase Chain Reaction en temps réel).

**Résultat :** aucun *Salmonella spp*, *Shigella spp*, *Candida spp*, *Campylobacter spp*, de staphylococcus aureus et *Vibrio cholerae spp* trouvé dans les échantillons. Les bactéries indicatrices de contamination notamment la flore totale, les coliformes fécaux, coliformes thermotolérants, les staphylococcus, Bactéries sulfite-réductrices en anaérobiose comptent respectivement 8 ; 7 ; 6 ; 5 ; 5 Unité Formant Colonies (UFC) ou /g de MAS-moringa.

**Conclusion :** MAS-moringa, tel que préparé, est propre à la consommation humaine.

**Mots clés :** Aliment, Guinée, MAS-moringa, Microbiologique, qualité.

### Abstract

**Introduction:** MAS-moringa, pasta, made from Corn, Peanuts, Sesame, Moringa, skimmed milk, sugar and water, has recently been widely consumed in the rural environment of Kindia, Republic of Guinea. It is used in the management of acute malnutrition without medical complications. To avoid illnesses linked to its consumption, it was therefore opportune to control its microbial load. The objective of this study was to determine its microbiological quality in terms of total germs and pathogens and whether it is fit for human consumption.

**Methods:** During 6 months, 300 samples of MAS-moringa, pasteurized including 180 g each, were taken at random from the children's rations. Enumeration and detection were obtained from inoculated agar dishes and PCR (Real-time Polymerase Chain Reaction).

**Results:** No *Salmonella spp*, *Shigella spp*, *Candida spp*, *Campylobacter spp*, *Staphylococcus aureus* and *Vibrio cholerae spp* found in the samples. Bacteria indicating contamination in particular the total flora, fecal coliforms, thermotolerant coliforms, staphylococcus, sulfite-reducing bacteria in anaerobiosis respectively count 8; 7; 6; 5; 5 Colonial Forming Unit (CFU) or /g of MAS-moringa.

**Conclusion:** MAS-moringa, as prepared, is safe for human consumption.

**Keywords:** Food, Guinée, MAS-moringa, Microbiological, quality.

### Introduction

Les intoxications alimentaires sont la première cause d'hospitalisation dans le monde ref. L'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) et le Centre européen de prévention et de contrôle des maladies ont signalé environ 360 000 hospitalisations dues à des infections alimentaires confirmées et près de 500 cas mortels dans l'Union européenne en 2016 [1].

Le contrôle microbien des aliments est une question cruciale de sécurité alimentaire. L'importance de cette pratique est illustrée sur le marché européen par les kits de détection des agents pathogènes qui représentent 4 milliards d'euros en 2018. Il est prévu qu'ils atteignent 6,5 milliards d'euros en 2025 [1]. Les épidémies causées par des bactéries partagent une symptomatologie commune (diarrhée, fièvre,

vomissements), ce qui rend difficile l'identification de l'agent causal. Parmi les infections bactériennes, la salmonellose, la campylobactériose, les infections aux *Escherichia coli* productrices de Shiga et la Shigellose toxines sont responsables de la grande majorité des maladies, des hospitalisations et des décès ref. Les méthodes de détection et de dénombrement bactériens à partir des matrices alimentaires sont traditionnellement basées sur la culture bactérienne sur des boîtes d'agar ref. Ces méthodes sont sensibles et sélectives mais peu adaptées aux besoins de l'industrie alimentaire et aux agences de contrôle à cause du long temps d'analyse et de leurs coûts élevés. Deux à trois jours sont nécessaires pour obtenir les premiers résultats, et la confirmation de l'agent pathogène spécifique peut prendre plus d'une semaine. Le temps est un paramètre crucial dans la détection des pathogènes d'origine alimentaire. En conséquence, les méthodes d'analyses moléculaires basées sur la détection des acides nucléiques (ADN ou ARN) s'imposent comme méthodes de choix [1]. Elles permettent de détecter les agents pathogènes de manière spécifique, rapide et robuste et ainsi de répondre aux enjeux sanitaires et économiques. Les enjeux d'une alimentation saine et équilibrée chez l'enfant sont multiples : permettre une croissance harmonieuse et un développement optimal par un apport nutritionnel adapté à l'âge, à la croissance et à l'activité physique, prévenir des toxi-infections alimentaires résultant de la mauvaise manipulation tout au long de la chaîne de préparation alimentaire, y remédier et favoriser une relation de qualité au moment des repas. Dans cette étude, la technique de réaction de polymérisation en chaîne PCR (Polymerase Chain Reaction) en temps réel sera utilisée. C'est une méthode qui va nous permettre de procéder aux analyses microbiologiques de MAS-moringa en y détectant l'ADN microbien spécifique en tant que cible. Il s'agira des agents causaux de la salmonellose, la Campylobactériose, de la Shigellose, de la Staphylococcose et des champignons comme le *Candida* qui sont responsables de la grande majorité des toxi-infections alimentaires. La numération des germes totaux sur géloses spécifiques permettra de comparer la qualité microbiologique de MAS-moringa aux références microbiologiques connues : la Norme AFNOR, Norme Internationale de la Commission Internationale pour la Définition des Caractéristiques des Aliments. Vu la grande consommation de MAS-moringa, pâte alimentaire, faite de Maïs (*Zea mays*), d'Arachides (*Arachis hypogaea*), de Sésames (*Sesamum indicum*), de Moringa (*Moringa oleifera*), de lait écrémé, du sucre et de l'eau, la manipulation à différents niveaux de sa fabrication pourrait entraîner une toxi-infection alimentaire. Le but de cette étude est de déterminer la qualité Microbiologique de MAS-moringa, faire de lui un aliment alternatif au Plumpy nut, il devra être donc sûr, durable, et propre à la consommation humaine.

#### Matériel et Méthodes

**Type et lieu de l'étude.** Il s'agissait d'une étude sur 6

mois (du 01 janvier au 30 juin 2020). Elle a concerné l'analyse microbiologique de la ration alimentaire en MAS-moringa des enfants de 6-59 mois souffrant de la malnutrition aiguë, reçus dans deux centres de santé publiques dont 1 rural (Madina Oula) et 1 urbain (Manquepas, ville de Kindia). La ville cosmopolite et minière de Kindia est à 135 km de Conakry, capitale de la République de Guinée. Le quartier Manque pas, centre de la ville de Kindia, avec une forte densité de sa population, connaît d'importantes activités administratives et économiques. Son centre de santé est de loin le plus utilisé de la préfecture. A revenu faible, la population de la commune urbaine en 2008, était de 181.126 habitants pour 28.980 enfants de moins de 5 ans. La sous-préfecture de Madina Oula, frontalière à la République de Sierra Léone, se situe à 75 km de la ville de Kindia. Sa population, essentiellement agropastorale (grainière de la préfecture) est de 2345 habitants soit 375 enfants de moins de 5 ans. Les malnutris au nombre de 100 enfants ont été recrutés de façon systématique. Tous les enfants souffrant de la malnutrition aiguë modérée (MAM) ou sévère (MAS) sans complication médicale qui se sont présentés au cours du mois de janvier 2020 et suivis pendant 6 mois (jusqu'au 30 juin 2020). L'aspect éthique : tous les parents des malnutris concernés par l'étude ont été informés de l'objectif de cette étude et ont accepté suivant un consentement éclairé à participer à l'étude. Au total 300 échantillons ont été prélevés sur les rations alimentaires de ces enfants dans ces centres de santé. Le Département de Microbiologie, d'hygiène alimentaire et Environnementale de l'Institut de Recherche en Biologie Appliquée de Guinée et son laboratoire Russo-guinéen, situés à 7 km de la ville de Kindia, ont abrité les travaux d'analyse. L'isolement se fera en fonction des milieux spécifiques, du temps et de la température d'incubation entraînant la formation des colonies caractéristiques. La Polymérase Chain Reaction (PCR) en temps réel était la méthode d'isolement des germes pathogènes probables.

**Préparation de MAS-moringa.** Séparément, les poudres des ingrédients de MAS-moringa ont été obtenues des graines et feuilles, suite au diagramme de fabrication suivant : triage – lavage - séchage à l'ombre – grillage – broyage - tamisage (250µm.) - farine [2]. Selon les proportions ci-dessous, Homogénéiser 10 g de maïs dans 90 ml d'eau tiède, le chauffer à 70°C, y mettre immédiatement deux pincées de maïs malté. Y ajouter la pâte d'arachide, les poudres du sésame, de moringa, du sucre et du lait écrémé en poudre. A l'aide d'une machine électrique ou des matériels propres, Mélanger l'ensemble sous forme de pâte. Placer ce mélange pâteux dans une marmite en aluminium ; faire une pasteurisation à l'autoclave à 80-95°C pendant 2 à 3 mn, ou faire cuire en ébullition sous couvercle, pendant 5 à 15 minutes. Repartir à côté d'une flamme en portion de 180 g dans des boîtes plastiques stériles et fermer hermétiquement. A ce stade, MAS-moringa est prêt à être consommé. Le tableau I indique la formulation de MAS-moringa.

**Travaux d'analyse.**

Consommables du laboratoire: l'alcool 70°, eau physiologique, coton, bande, eau distillée. Milieux de culture spécifiques pour germes indicateurs, Colorant de Gram : alcool, fushine, violet de gentiane, lugol. Bleu de méthylène, boîte de plastique de conservation. Huile de cèdre. Non consommables du laboratoire : microscope, autoclave, étuve, lance à platine, lampe à alcool, boîte de Pétri, flacons, lame et lamelle, tubes. Thermocycleur pour PCR quantitative (QPCR) ou PCR en temps réel. Réactifs: pour PCR : serefast microbiology.

**Transport des échantillons.** Les échantillons, contenus dans des boîtes de yaourt hermétiquement fermées, ont été pris comme tel, au hasard, sur la ration des enfants malnutris, aux centres de santé de Manquepas et de Madina Oula. Ils ont été étiquetés et mis dans une glacière de +4°C et transportés en 1 heure en voiture au laboratoire. Aussitôt arrivés, aussitôt enregistrés et analysés. L'analyse a porté sur 300 échantillons de MAS-moringa dont 180 g chacun. (25 g pour la numération des germes et 25 g pour la PCR). Ce qui fait 28 % de l'échantillon analysé.

**Dilution de l'échantillon de MAS-moringa.**

Sur chaque 180 g de MAS-moringa, 25 g ont été prélevés aseptiquement et diluer, 25g/225 ml de Tryptone Sel Eau (TSE), ce qui revient à 1g d'aliment dilué dans 9 ml d'eau de TSE. (Ce diluant est stérilisé à 121°C pendant 20mn pour un pH 7). Le tube était agité par des mouvements de rotation ou au moyen d'un Vortex. Ainsi, on obtenait une dilution au 1/10. Avec une nouvelle pipette de 1 ml on prélevait 1 ml de cette dilution que l'on introduisait dans un nouveau tube de diluant de 9 ml ; on obtenait une dilution au 1/100 et ainsi de suite jusqu'au niveau de dilution recherché [3-4].

**Ensemencements**

Pour effectuer un ensemencement on commençait toujours par la solution la plus diluée. Ce qui nous permettait de garder la même pipette pour tous les prélèvements sans pour autant contaminer les prélèvements suivants. Pour l'ensemencement en profondeur, on mettait 1 ml de solution-dilution dans la boîte de pétri, puis on le recouvrait de 15 ml de milieu en surfusion. On mélangeait chaque boîte par mouvement de 5 fois dans un sens horizontal, vertical, horaire et antihoraire. On laissait solidifier. Incubait à temps par températures appropriées aux microorganismes (boîtes renversées). On comptait les colonies dans des boîtes contenant entre 15-300 [3-5]. Cette méthode d'ensemencement en profondeur a pour but d'éviter que les colonies s'étalent. Ce qui permet un meilleur dénombrement. Pour l'ensemencement en profondeur double couche, procédait de la même manière, mais après que la gélose soit à peu près solide on rajoutait une seconde couche de gélose. Pour l'ensemencement en surface, on coulait déjà le milieu que l'on laissait refroidir, puis on étalait la solution à l'aide d'un étaleur stérile. Pour l'ensemencement dans

un tube, le milieu est en surfusion (=Etat d'un corps qui reste liquide au-delà de sa température de solidification.) On ajoutait la suspension dans la gélose, puis on la refroidissait sous l'eau [3-5].

**Numération en milieu Gélosé en boîte de Pétri.**

Elle reposait sur le principe que toute bactérie vivante introduite dans la masse ou en surface d'un milieu gélosé favorable donne en principe naissance après incubation à une colonie macroscopique [6]. Le nombre total de colonies correspond alors au nombre d'Unité Formant une Colonie (UFC) présents dans l'inoculum. Sur chaque boîte l'origine de l'analyse, le milieu utilisé et la dilution correspondante ont été enregistrés (sur le côté de façon à ne pas être gêné par la suite pour le comptage). Le calcul de la concentration en microorganismes, nombre UFC/ml ou / g d'échantillon était fait de la façon suivante :  $N = C / v (n_1 + 0,1 n_2) d$  : cas de deux boîtes par dilution. Avec **C** est la somme des colonies, **V** est le volume qui est égale à 1ml, **n<sub>1</sub>** et **n<sub>2</sub>** sont le nombre de boîtes compté à la première et à la deuxième dilution respectivement et le **d** est la dilution en question [6].

**Technique de la PCR en temps réel**

Sous la direction du laboratoire mobile de la Fédération de Russie (Rosпотребнадзор) en Guinée, l'analyse a été effectuée de la façon suivante : La première étape a consisté à effectuer un échantillonnage représentatif et d'homogénéiser les échantillons. Echantillons dilués 1/10<sup>ème</sup> (25 g de MAS-moringa/225 ml d'eau distillées stériles). Après lyse cellulaire des tissus alimentaires, l'ADN était extrait à l'aide de différents kits pour rechercher les bactéries correspondantes. Les principaux germes pathogènes recherchés dans les échantillons de MAS-moringa étaient les *Salmonella spp*, *Shigella spp*, *Campylobacter spp*, *Vibrio cholerae*, *Staphylococcus aureus*, et *Candida spp*, majoritairement détectés dans les cas de toxoinfection alimentaires [1]. Le test de recherche de bactéries par la méthode de la PCR repose sur la technique d'amplification en chaîne par polymérase. Cette méthode permet de multiplier une séquence spécifique d'ADN d'une bactérie : Une première étape consiste à extraire l'ADN des différentes bactéries présentes dans l'échantillon grâce à des solvants qui cassent l'enveloppe des cellules. Cet ADN est ensuite filtré et purifié. Dans une seconde étape, l'ADN est placé dans un thermo cycleur où il va être amplifié au cours de quarante cycles. Les séquences d'ADN dupliquées, lors d'un cycle servent de base de duplication aux cycles suivants. Cela permet une multiplication exponentielle du nombre de fractions d'ADN significatif. Durant cette phase de duplication un marqueur chimique fluorescent est fixé sur les séquences des bactéries dupliquées pour mesurer de façon semi-quantitative (+++, ++, +, +/-, -) par lecture spectrométrique, la présence des bactéries dans l'échantillon initial [7,8].

**Résultats**

La composition de la formulation de 180 g de MAS-moringa est indiquée dans le tableau I.

**Tableau I :** formulation de 180 g de MAS-moringa.

| Produits              | Quantité en (g) |
|-----------------------|-----------------|
| Maïs                  | 10              |
| Arachide              | 54              |
| Sésame                | 9               |
| Sucre                 | 10              |
| Moringa               | 5               |
| Lait en poudre écrémé | 2               |
| l'eau bouillie (ml)   | 90              |
| Total en (g)          | 180             |

Chaque pot contient 180 g de MAS-moringa. 2 pincées de Maïs malté = (graine germée, séchée, broyée, tamisée en poudre, riche en amylase qui liquéfie la bouillie)

Le dénombrement des germes totaux (indicateurs de contamination fécale) et pathogènes ont été donné dans le tableau ci-dessous (tableau III).

**Tableau III :** Résultat du dénombrement selon la norme de l'Association française de normalisation (AFNOR)

| Bactéries                               | Normes | Sommes des colonies | Nombre de Bactéries par UFC | ou g/Mas-moringa | Test de Student p (value) à 95% | Décision |
|---|--------|---------------------|-----------------------------|------------------|---------------------------------|----------|
| Flore aérobie Mésophile                 | 900000 | 30                  | 8                           | 0,009            |                                 | Conforme |
| Coliformes fécaux                       | 3000   | 28                  | 7                           | 0,001            |                                 | Conforme |
| Coliformes Thermotolérants              | 10     | 25                  | 6                           | 0,4              |                                 | Conforme |
| Staphylocoque                           | 300    | 20                  | 5                           | 0,009            |                                 | Conforme |
| Sulfito-réductrice à 46° en anaérobiose | 30     | 18                  | 5                           | 0,09             |                                 | Conforme |

Les colonies caractéristiques après coloration au bleu de méthylène et au Gram, ont subi des tests biochimiques. 'IMVIC (Indole/ Méthyle rouge/ Voges Proskau).

Microorganismes aérobie mésophile. Les colonies suspectes sont blanchâtres, laiteuses avec une forme de grain de riz et poussent en profondeur.

Coliformes thermotolérants fécaux et Escherichia coli. Les colonies suspectes sont rouges ou violettes

Staphylococcus aureus. Les colonies suspectes sont noires au centre avec une couronne blanche et d'un halo clair.

Bactéries sulfito-réductrices en anaérobiose les colonies suspectes sont noires. Floconneuses, isolées ou confluentes. [3-5].

Comparativement aux normes AFNOR, Les échantillons de MAS-moringa examinés sont très pauvres en charge microbienne, même si les Bactéries sulfito-réductrices en anaérobiose et les Coliformes Thermo tolérants sont proches de la norme. Tous les échantillons sont propres à la consommation humaine.

La réaction de PCR (Polymerase Chain Reaction), beaucoup plus spécifique, utilisée pour identifier les germes généralement impliqués dans les toxiinfections alimentaires ont décrits dans le tableau IV

**Tableau IV :** Résultats de la Polymerase Chain Reaction (PCR) Analyse de confirmation

| Microbes                     | ADN détectés | Observation                |
|------------------------------|--------------|----------------------------|
| <i>Salmonella ssp</i>        | 0            | Absence dans l'échantillon |
| <i>Vibrio cholerea</i>       | 0            | Absence dans l'échantillon |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 0            | Absence dans l'échantillon |
| <i>Campylobacter ssp</i>     | 0            | Absence dans l'échantillon |
| <i>Shigella ssp</i>          | 0            | Absence dans l'échantillon |
| <i>Candida ssp</i>           | 0            | Absence dans l'échantillon |

Aucun ADN de bactéries et champignons n'a été détecté dans ces échantillons. Cette réaction spécifique confirme que les échantillons examinés sont propres à la consommation humaine.

L'apport nutritionnel de MAS-moringa sur les enfants malnutris a été efficace. Le sexe ratio des 100 malnutris à l'étude est F/M = 1,08 avec un âge moyen de 2,5 ans. Sur les 2880 kg de MAS-moringa consommés, 54 kg d'échantillon ont été prélevés et analysé. En terme de contribution de MAS-moringa et du Plumpy nut sur l'amélioration des paramètres nutritionnels et hematobiochimiques, 80 malnutris sévères sans complications médicales sont sorties guéris avec un rapport poids par taille : P / T >= -2 Z-score des normes OMS. 20 enfants malnutris sont sortis guéris avec un Périmètre brachial (PB) >= 125 mm lors de deux consultations consécutives. La durée moyenne de séjour pour ceux consommant plumpy nut était de 42 jours, alors que celle de ceux consommant MAS-moringa était de 44 jours. La moyenne de gain de poids pour ceux consommant plumpy nut était de 14 g/kg/p, contre 12g/kg/p pour ceux consommant MAS-Moringa. La Moyenne de taux d'hémoglobine pour ceux consommant MAS-moringa a significativement augmenté de 4 à 12g/dl (p = 0,02). Même augmentation significative 5 à 13g/dl (p = 0,01) pour ceux consommant le plumpy nut. Il en est de même que la Moyenne de taux de sucre pour ceux consommant MAS-moringa qui a augmenté de 0,50 à 0,85 g/l (p = 0,03), idem pour ceux consommant le plumpy nut qui ont connus une augmentation significative du taux de sucre sanguin de 0,65 à 0,92g/l (p= 0,04).

### Discussion

Durant 6 mois, 300 échantillons de MAS-moringa, pasteurisés ont été prélevés au hasard sur les rations des enfants. La détection et le dénombrement des bactéries ont été obtenus respectivement à partir de la PCR et des boites d'agarensemencées.

### Qualité microbiologique de MAS-moringa.

Les bactéries indicatrices de contamination notamment la flore aérobies mésophiles, *les coliformes fécaux*, *coliformes thermo tolérants*, *les staphylococcus*, *Bactéries sulfito-réductrices en anaérobiose* comptent respectivement 8 ; 7 ; 6 ; 5 et 5 Unités Formant la Colonie (UFC) ou g/MAS-moringa (tableau III). Si le nombre de Coliformes thermo tolérants et celui des bactéries réductrices en anaérobiose ne sont pas significativement inférieur à la norme, respectivement  $p = 0,4$  et  $0,09$ , les autres groupes de germes sont significativement en deçà de la norme. La charge des germes des *coliformes fécaux*, des *Coliformes Thermo tolérants*, des autres *Staphylocoques*, des bactéries réductrices en anaérobiose varie respectivement de 7 ; 6 ; 5 UFC/g. ( $p = 0,009$  ;  $p = 0,001$  ;  $p = 0,009$ ) à 95%. Le résultat global de la charge microbienne des échantillons est inférieur aux critères microbiologiques concernant ces germes, respectivement de  $9.10^5$ , de  $3.10^3$ ,  $1.10^1$ ,  $3.10^2$ ,  $3.10^1$  UFC/g dans les plats cuisinés [4-6]. Ces faibles charges des échantillons pourraient s'expliquer par le taux d'humidité très bas dans les différentes farines. En effet, ce taux d'humidité est dû au séchage préalable des grains de maïs, d'arachide, de sésame et de feuille de Moringa. Il est à noter également que ce mélange a été préalablement cuit à l'eau bouillante. Le couplage cuisson/séchage aurait permis une réduction significative de la charge des germes. D'autres auteurs tels que SIKA et al. (2019) ont également montré que le séchage et la pré-cuisson des farines réduisaient les germes. Dans cette étude, les ADN des germes pathogènes comme les *Salmonella*, les *Shigella*, les *Campylobacters*, les *Candida*, le *Staphylococcus aureus* et le *Vibrio cholerae* majoritairement impliqués dans les toxiinfections alimentaires n'ont pas été détectés par la PCR. Ces résultats pourraient traduire le respect des bonnes pratiques d'hygiène au cours de la fabrication des farines. Les différentes farines obtenues dans cette étude sont donc de qualité microbiologique satisfaisante. Ce résultat est un peu proche de celui de Sally Seydi Danso et al, où 69% des plats cuisinés étaient propres à la consommation humaine [5]. La faible charge microbienne des lames colorées au Gram et au bleu de méthylène confirme ce résultat. Signalons l'activité bactéricide probable de la feuille de Moringa oleifera montré par Millogo-Koné H et al., où Le criblage phytochimique a révélé la haute teneur en composés phénoliques (flavonoïdes et tannins), en stérols et triterpènes, tous des composés chimiques avec des effets antimicrobiens et antifongiques [10].

#### Qualité nutritionnelle de MAS-moringa

Une absence totale de troubles digestifs est à noter chez tous les enfants qui ont consommé cette pâte alimentaire de 5,2% de Moringa à saveur dominante d'arachide. C'est un aliment qui a apporté une contribution nutritionnelle positive sur quelques paramètres hémato biochimiques et nutritionnelles chez ces enfants malnutris sans complications médicales: 100% de sorties guéris, taux d'hémoglobine et de glycémie avec une amélioration significative

respectivement ( $p = 0,02$  et  $0,03$ ) très proche de celle induite par le Plumpy nut, pâte de référence de Nutriset dans la prise en charge de la malnutrition aiguë sans complications médicales [9].

#### Conclusion

L'analyse Microbiologique du MAS-moringa montre qu'il est propre à la consommation humaine. La pâte alimentaire s'est révélée négative de *Salmonella ssp*, de *Shigella ssp*, de *Campylobacter ssp*, de *Vibrio cholerae*, de *Candida ssp* et de *Staphylococcus aureus*. Le nombre des germes indicateurs de contamination fécale détecté est conforme aux normes AFNOR, sa contribution à l'amélioration des paramètres nutritionnels et hématobiochimiques font de lui un alternatif crédible aux plumpy nut dans la prise en charge de la malnutrition aiguë.

**Conflit d'intérêt** : aucun.

Tout le **financement** est fait par les auteurs.

#### Contribution des auteurs :

MS a conçu le sujet, réalisé les analyses microbiologiques et nutritionnelles, collecté les données et rédigé le manuscrit. MKB a réalisé l'échantillonnage, la fabrication des farines composées, SK a réalisé les analyses statistiques, monitoré le groupe pour toute la recherche et corrigé le manuscrit.

#### Références

- 1- **Jasmina V, Sadrine A.** Techniques moléculaires de détection de bactéries d'origine alimentaire. Revue technique de l'ingénieur de l'Institut français pour l'alimentation et l'agriculture [en ligne].2019. 1(281):281. (Consulté 3 janvier 2020).<https://www.techniques-ingenieur.fr/base-documentaire/procedes-chimie-bio-agro-th2/analyse-biocapteurs-et-technologies-omiques-42160210/techniques-moleculaires-de-detection-de-bacteries-d-origine-alimentaire-re281/>
- 2- **André ES, Beugré RLK, Koffi MD, Fankroma TMK, Soumaïla D, Amenan RK-N.** Qualité nutritionnelle, microbiologique et organoleptique de farines composées à base de maïs (*Zea mays*) et de safou (*Dacryodes edulis*) produites en Côte d'Ivoire. Int. J. Biol. Chem. Sci. 2019. 13 (1) :325-337.
- 3- **Chakal A, Kadi N.** Analyse microbiologique et hygiénique des plats cuisinés au niveau du restaurant de la cité universitaire de SOUMAA Université de Blida I Faculté des Sciences de la nature et de la vie. Département de biologie et physiologie cellulaire Mémoire de Master en Biologie (2014), consulté (CONSULTE LE 2 FEVRIER 2020) <http://di.univ-blida.dz:8080/jspui/bitstream/123456789/1080/1/48%20M.MTA.pdf>
- 4- **Novello C, T J.** Analyse Microbiologique des Plats cuisinés. Université Paris 12 IUP SIAL MLE ROUX TPPLATSCUISINES DOC.[EN LIGNE]. 17 NOV. 2019. (CONSULTE LE 2 FEVRIER 2020.

- [http://julientap.free.fr/travail\\_fichiers/tp\\_platscuisines.pdf](http://julientap.free.fr/travail_fichiers/tp_platscuisines.pdf)
- 5- **Sally SD.** Etude de la qualité microbiologique des repas servis au niveau du centre des œuvres universitaires de Dakar (coud) [thèse de Doctorat]. Université Cheikh Anta Diop de Dakar ; 2019. <http://www.beep.ird.fr/collect/eismv/index/assoc/MEM09-18.dir/MEM09-18.pdf>
  - 6- **Catsara M., Dorso Y.** Méthodes d'analyse en 24 heures des denrées alimentaires principe et application aux plats cuisinés. Bull. Acad. Vet. de France, 49 (1976) 237-241. AVF-1976-2-237-pd
  - 7- **Alain H, Elyse P.** La PCR en temps réel: principes et applications. Reviews in Biology and Biotechnology.2019;2(2):11.<https://biochimie.umontréal.ca/wp-content/uploads/sites/37/2015/07/qPCR.pdf>.
  - 8- **Rémi A, Marie-F G, Philippe J.** La PCR quantitative en temps réel : application à la quantification des GMO Oléagineux, Corps Gras, Lipides. Déc. Vol 9, N 6, (2002) 468-73, Fondamental Auteur(s) : INRA, UMR Génomique Appliquée aux Caractères Agronomiques, 2 Place Viala, 34060 Montpellier Cedex 01, France.
  - 9- **WFP, UNHCR.** Manuel pour l'alimentation sélective: la prise en charge de la malnutrition dans les situations d'urgence. Janv.16(2011)1202:7442. <https://www.unhcr.org/fr/4b7422f16.pdf>.
  - 10- **Millogo-Koné H, Kini BF, Yougbaré Z, Yaro MB, Sawadogo M.** Etudes de la photochimie et de l'activité antimicrobienne in vitro des feuilles de Moringa oleifera (Moringaceae).Revue CAMES -Serie Pharm.Med, Trad. Afr 2012, 16.