

*République Algérienne Démocratique et Populaire*  
*Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique*  
Université A. MIRA - Bejaia

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie  
Département microbiologie  
Spécialité : Microbiologie fondamentale



Réf :.....

Mémoire de Fin de Cycle  
En vue de l'obtention du diplôme

**MASTER**

*Thème*

**Prévalence et résistance du**  
***Staphylococcus aureus* chez les animaux**  
**sauvages**

Présenté par :  
**ZOUAOUI Thiziri**

Soutenu le : 23/06/2018

Devant le jury composé de :

Mr. NABTI E  
Mr. TOUATI A  
Mme. ZENATI K  
Mlle. MAIRI A

Professeur  
Professeur  
MAA  
Doctorante

Président  
Encadreur  
Examinatrice  
Co-encadreur

**Année universitaire : 2017 / 2018**

# *Remerciements*

*Je tiens à remercier le Pr. TOUATI A. Pour son soutien, sa disponibilité, sa patience, et sa confiance tout au long de ce travail.*

*Ainsi qu'à ma co-promotrice Mlle. MAIRI A. pour sa grande aide, sa patience, sa disponibilité, ses conseils et ses encouragements, en guise de ma reconnaissance pour elle.*

*Mes remerciements également pour les membres du jury pour avoir accepté d'examiner et d'évaluer ce travail.*

*Tous mes remerciements pour les associations de chasse ainsi qu'à la conservation des forêts pour leur contribution à la réalisation des prélèvements.*

*A Mr. AABANE : Conservateur principal de la conservation de Bejaia pour sa disponibilité, et tout son aide, mes sincères remerciements.*

# *Dédicaces*

*Je dédie ce travail à ma très chère mère, merci pour tout ton soutien, ton aide, tes encouragements, tes sacrifices, tes conseils tout au long de mon trajet, que dieu te garde pour nous.*

*Ainsi qu'à mon frère qui a su m'épauler et me supporter grand merci, que dieu te garde pour nous.*

*A toute ma famille paternelle et maternelle.*

*A tous mes amis, particulièrement les plus proches :*

*Idir, Menad, Adib, Ninouche, Deleila, Thiziri, Meriem, Kanza, Sarah, Myasa, Rafik.*

*Ainsi qu'à l'équipe du petit labo.*

# *Sommaire*

## Sommaire

### Liste des abréviations

### Liste des tableaux

### Liste des figures

<b>Introduction .....</b>	<b>1</b>
<b>Matériel et méthodes .....</b>	<b>5</b>
I- Prélèvements .....	5
II- Détermination de la sensibilité des souches aux antibiotiques .....	6
<b>Résultats .....</b>	<b>8</b>
I- Population d'animaux étudiée .....	8
II- Souches de <i>S.aureus</i> isolées .....	8
III - Prévalence des souches <i>S.aureus</i> .....	10
IV- Détermination de la sensibilité aux antibiotiques .....	11
V- Souches de <i>S.aureus</i> résistantes à la méthicilline.....	12
VI- Prévalence de souches SARM .....	13
<b>Discussion et conclusion .....</b>	<b>14</b>
<b>Références bibliographique .....</b>	<b>17</b>

## *Liste des abréviations*

**SARM** : *Staphylococcus aureus* Résistant à la Méthécilline

**SCC** : Staphylococcal cassette Chromosome

**PLP** : Protéine Liant Pénicilline

**LPV** : Leucocidine de Panton et Valentine

**HA-MRSA** : Méthécillin Résistant *Staphylococcus aureus* healthcare-associated

**CA-MRSA** : Méthécillin Résistant *Staphylococcus aureus* community-acquired

**LA-MRSA** : Méthécillin Résistant *Staphylococcus aureus* livestock-associated

**MSCRAMM** : Microbial Surface Component Recognizing Adhesive Matrix Molecules

**TSB** : Bouillon Trypticase Soja

**GC** : Bouillon Gioletti-Cantoni

**DNase** : Désoxyribonucléase

**HCl** : Acide chlorhydrique

**MH** : Mueller-Hinton

**EUAST** : European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing

**Fox** : Céfoxitine

**Clin** : Clindamycine

**GEN** : Gentamycine

**Ldz** : Linezolide

**Cip** : Ciprofloxacine

**CMI** : Concentration Minimale Inhibitrice

**n** : Nombre d'échantillon

**R** : Résistant

**S** : Sensible

<b>Tableau 1</b> : Préparation des dilutions d'antibiotiques .....	6
<b>Tableau 2</b> : Nombre de prélèvements.....	8
<b>Tableau 3</b> : Résultats et interprétation de la CMI.....	11
<b>Tableau 4</b> : Nombre de souches SARM isolées par animal .....	12

<b>Figure 1</b> : Carte géographique des différents sites de prélèvements réalisés .....	5
<b>Figure 2</b> : Répartition des animaux par régions .....	9
<b>Figure 3</b> : Photo d'une DNase positive .....	10
<b>Figure 4</b> : Photo d'une Coloration de Gram.....	10
<b>Figure 5</b> : Portage des souches <i>S. aureus</i> par animal .....	10
<b>Figure 6</b> : Prévalence de souches de <i>S. aureus</i> par animal.....	11
<b>Figure 7</b> : Portage des souches SARM par animal.....	12
<b>Figure 8</b> : Taux de portage du SARM par animal .....	13



# *Introduction*

La médecine est construite sur les antibiotiques, ces derniers sont une discipline que nous prenons pour acquis. Puisque les bactéries ont changé, nous devons aussi changer et changer la plupart des pratiques d'utilisation des antibiotiques, dès lors, s'est engagée une course permanente entre l'évolution des bactéries résistantes d'une part, et le développement de nouvelles molécules, d'autre part. Bien que la situation de résistance soit pessimiste et que l'avenir des antibiotiques semble incertain, nous entrons heureusement dans ce qui peut être considéré comme l'âge d'or de la microbiologie (**Prescott, 2014; Vasoo et al., 2015**).

*Staphylococcus aureus* est un micro-organisme faisant partie du microbiote naturel des humains et des animaux, principalement en colonisant la peau et les muqueuses nasales ainsi que buccales des humains et des animaux sains (**Gharsa et al., 2012**). Les maladies causées par ce pathogène versatile sont encore plus graves, si les souches de *S. aureus* résistantes à la méthicilline (SARM) sont impliquées (**Becker et al., 2017**).

Les bactéries ont démontrés une remarquable capacité à développer différents types des mécanismes de résistance qui interviennent dans la résistance aux antibiotiques, Elle peut être naturelle, ou acquise par mutations spontanées ou par acquisition de gènes de résistance par un transfert horizontal (**Cohn et Middleton, 2010; Hasan, 2013**).

*S. aureus* est capable d'acquérir de multiples gènes de résistance (**Petinaki et Spiliopoulou, 2012**). Son premier mécanisme de résistance aux  $\beta$ -lactamines est la production d'une pénicillinase qui hydrolyse le cycle  $\beta$ -lactame, cette résistance est liée à l'acquisition d'un plasmide codant pour une pénicillinase. Dès 1961, le deuxième mécanisme de résistance de *S. aureus* résistant à la méthicilline (SARM) a été rapporté (**Hirvonen, 2014**).

Le SARM est caractérisé par l'acquisition d'un élément génétique mobile appelé cassette chromosomique staphylococcique (SCC*mec*) qui porte le gène *mecA* qui correspond à un fragment d'ADN de 21 à 67 kb. Les types I, II et III caractérisent les SARM nosocomiaux, les type IV et V, les SARM communautaires (**Berbis, 2011**).

Ce dernier code pour la protéine de liaison à la pénicilline (PLP) additionnelle dénommée (PLP2a) qui possède très peu d'affinités pour la méticilline et les bêtalactamines **(Figueiredo et Ferreira, 2014)**.

En outre de sa résistance aux antibiotiques  $\beta$ -lactamines, le SARM peut être résistant à de multiples classes d'antibiotiques, en raison des gènes de résistance supplémentaires intégrés dans SCCmec, c'est-à-dire des plasmides intégrés codant pour des résistances aux macrolides, aminoglycosides, tétracycline, , lincosamide et streptogramine rendant ainsi la souche multi-résistante **(Deurenberg et Stobberingh, 2008)**.

Plus d'un demi-siècle après sa mise à disposition en milieu hospitalier, la vancomycine est encore considérée comme le traitement de référence des infections sévères à staphylocoques (dorés ou à coagulase négative) résistants aux pénicillines **(Wolff, 2012)**.

La première souche de *S. aureus* intermédiaire à la vancomycine n'a été décrite qu'en 1997, et la première souche résistante à la vancomycine en 2002. Ce phénomène relativement nouveau et inquiétant justifie une surveillance attentive **(Batard et al., 2005)**.

Le linézolide et la vancomycine sont deux options thérapeutiques majeures dans le traitement des SARM. Ces données suggèrent que le linézolide, un inhibiteur de la synthèse protéique, pourrait être supérieur à la vancomycine en diminuant une réaction inflammatoire excessive et en protégeant des dommages associés au SARM **(Jacqueline et al., 2014)**.

*Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) est une cause importante d'infections nosocomiales chez l'homme ; le traitement est devenu de plus en plus difficile en raison du développement de la résistance à de nombreux antimicrobiens couramment utilisés **(Traversa et al., 2015)**.

Les SARM sont généralement capables de causer des infections cutanées sévères, des infections des tissus mous et occasionnellement une pneumonie nécrosante associée à une mortalité élevée, car ces souches ont la capacité de produire la toxine de la Leucocidine de Panton et Valentin (LPV) donc elles sont préoccupantes du point de vue de santé publique **(Kraushaar et Fetsch, 2014; Watkins et al., 2012)**.

Les souches *S. aureus* sont des agents pathogènes particulièrement graves et potentiellement mortels qui possèdent des mécanismes de virulence incluant des protéines et des enzymes extracellulaires. Ces protéines associées à la surface sous le nom de « MSCRAMM » également appelées « andésines », lient des molécules tel que le collagène, fibronectine et fibrinogène et initient les infections endovasculaires, osseuses et articulaires et aident dans la formation des biofilms. Tandis que les enzymes sont responsables de la destruction des tissus ainsi que sa diffusion, parmi lesquelles on cite la protéase, hyaluronidases, lipase et nucléase (**Alioua et al., 2014; Lowy, 1998**).

Le SARM a été initialement trouvé comme un agent pathogène opportuniste dans les hôpitaux et a été nommé healthcare-associated (HA)-MRSA. Plus tard, on a également découvert que le SARM infecte des personnes immunocompétentes, causant principalement des infections de la peau et des tissus mous (SARM d'origine communautaire, community-acquired (CA)-MRSA, (**Pantosti, 2012**).

De nouveaux SARM, connus sous le nom de SARM du bétail, ont été détectés chez des animaux producteurs d'aliments, notamment des porcs, des bovins, des poulets (**De Neeling et al., 2007; Lee, 2006**) des chevaux et des animaux de compagnie (**Cuny et al., 2010**). En 2004, les programmes de surveillance et de contrôle établis pour l'homme dans certains pays européens ont conduit à la découverte d'un nouveau SARM associé à la production porcine (**Huijsdens et al., 2006; Voss et al., 2005**), connu sous le nom de livestock-associated (LA)-MRSA.

Généralement, la faune sauvage n'est pas exposée aux antibiotiques utilisés en cliniques (**Baquero et al., 2009**), mais actuellement, y a un nombre important de voies d'expositions qui pourraient entraîner la résistance chez cette dernière (**Santos et al., 2013**).

Des études espagnoles ont révélé que la prévalence du SARM chez les porcs en plein air a mis en évidence le risque d'exposition des animaux sauvages au SARM (**Porrero et al., 2012**). Bien que des études aient démontré la transmission d'agents microbiens entre les animaux domestiques et la faune sauvage (**Gortázar et al., 2007**).

Ainsi, la convergence entre les habitats, le contact des animaux sauvages avec d'autres animaux domestiques ou avec les humains a conduit à une augmentation de l'échange des déterminants génétiques de la résistance entre leurs micro-biotes (**Sousa et al., 2014**).

Alors que des études sur le SARM chez l'homme, les animaux de compagnie et le bétail ont été largement documentées, le rôle de ce pathogène particulier dans la faune sauvage est rarement étudié. L'émergence de SARM chez les animaux sauvages pourrait représenter une menace sérieuse pour la santé humaine, les animaux de compagnie et le bétail (**Loncaric et al., 2013a**).

À notre connaissance, la distribution de SARM chez la faune sauvage n'a pas été spécifiquement évaluée. Le but de cette étude était d'étudier la prévalence de *S. aureus* /SARM chez les animaux sauvages vivant en liberté au niveau de différentes régions de la Wilaya de Béjaïa afin d'identifier si le SARM a encore atteint les animaux sauvages.

*Matériel et  
méthodes*

## I- Prélèvements

Durant la période allant du premier février jusqu'au 24 mai 2018, nous avons procédé à la collecte d'échantillons de selles d'animaux sauvages par écouvillonnage. En parallèle nous avons effectué un écouvillonnage nasal et rectal quand il nous est possible. Ces prélèvements ont été obtenus grâce à l'aide des membres d'associations de chasse et des agents de la conservation des forêts de la région de Béjaia. Ces derniers nous ont notamment aidés à identifier les différents types de selles par animal. Ces prélèvements ont été ensuite acheminés au niveau du laboratoire d'écologie microbienne de l'université de Béjaia pour être analysés (figure 1).

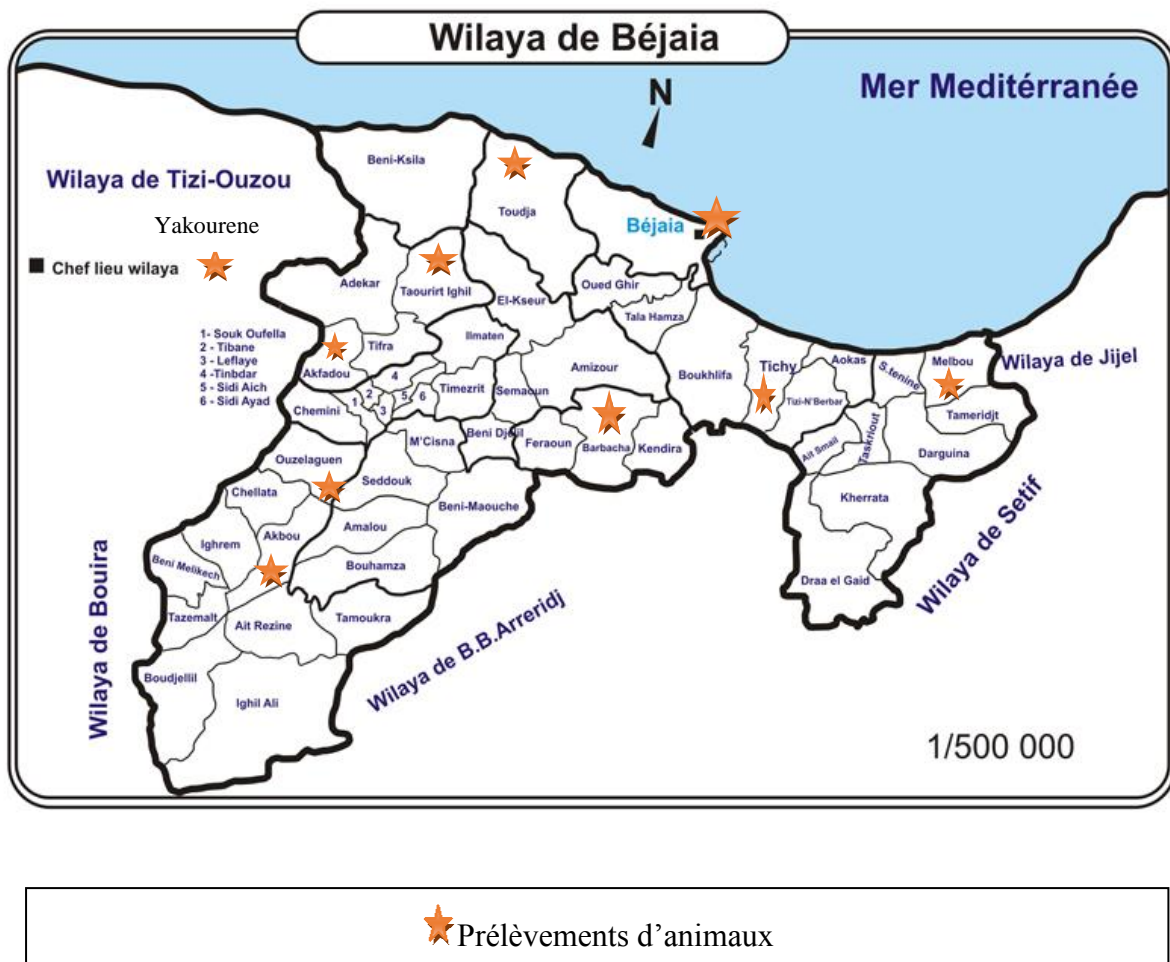


Figure 1 : Carte géographique des différents sites de prélèvements réalisés

## II- Détermination de la sensibilité des souches aux antibiotiques

La sensibilité des souches de *S. aureus* cinq familles d'antibiotiques a été déterminée par la méthode des dilutions sur gélose Mueller-Hinton (MH) selon les recommandations de l'EUCAST. Pour ce faire nous avons préparé différentes dilutions d'antibiotiques (préparations injectables, en poudre ou en solution) à partir d'une concentration stock de 2560 mg/L selon les recommandations de l'EUCAST (**EUCAST/ESCMID, 2000**). Les antibiotiques testés sont : la Céfoxitine, Clindamycine, Gentamycine, Linezolide et Ciprofloxacine.

**Tableau 1** : Préparation des dilutions d'antibiotiques

Concentration antimicrobienne (mg / L) dans la solution mère	Solution mère de volume (ml)	Volume d'eau distillée (ml)	Concentration antimicrobienne obtenue (mg / L)	Concentration finale dans le milieu après addition de 19 ml d'agar
2560	1	7	320	16
320	1	1	160	8
320	1	3	80	4
320	1	7	40	2
40	1	1	20	1
40	1	3	10	0,5

Nous avons coulé dans des boîtes de Pétri 19 ml de gélose MH additionnée de 1 ml de chaque dilution d'antibiotique, puis nous avons laissé sécher 10 à 15 minutes.

L'ensemencement a été réalisé en spots (10 µl) à partir d'un inoculum de 10<sup>6</sup> UFC/ml. Après incubation à 37 °C pendant 24H, l'interprétation en catégories cliniques S et R a été faite selon EUCAST 2018.



# *Résultats*

## I- Population d'animaux étudiée

Au cours de notre étude, un total de 241 prélèvements a été obtenu à partir de différents animaux sauvages, dont 10 prélèvements nasaux, 10 prélèvements par écouvillonnage rectaux pour les mêmes animaux et 221 échantillons de selles. Le tableau 2 donne la répartition de ces prélèvements par animal et la figure 2 la répartition des animaux par régions

**Tableau 2** : Nombre de prélèvements

Animal	Sangliers	Singes magot	Cerfs	Lièvres	Chacals	Porc-épic	Oiseaux
Nasal	07*	/	/	/	/	03*	/
Rectal	07*	/	/	/	/	03*	/
Selles	58	65	37	27	16	10	08
Total des prélèvements	72	65	37	27	16	16	08
Nombre d'animaux prélevé	65	65	37	27	16	13	08

\* : Les prélèvements nasaux et rectaux effectués chez le sanglier et le porc-épic sont effectués chez le même animal.

## II- Souches de *S. aureus* isolées

Huit souches de *S. aureus* ont été isolées et identifiées durant notre étude (figure 3 et 4), dont 4 souches ont été isolées à partir des prélèvements nasaux chez le sanglier (n=2) et du porc-épic (n=2), deux souches à partir des prélèvements rectaux chez le sanglier (n=2) et une souche chez le lièvre et le singe à partir de selles (figure 5) (sachant que chez le sanglier ce n'est pas le même animal).

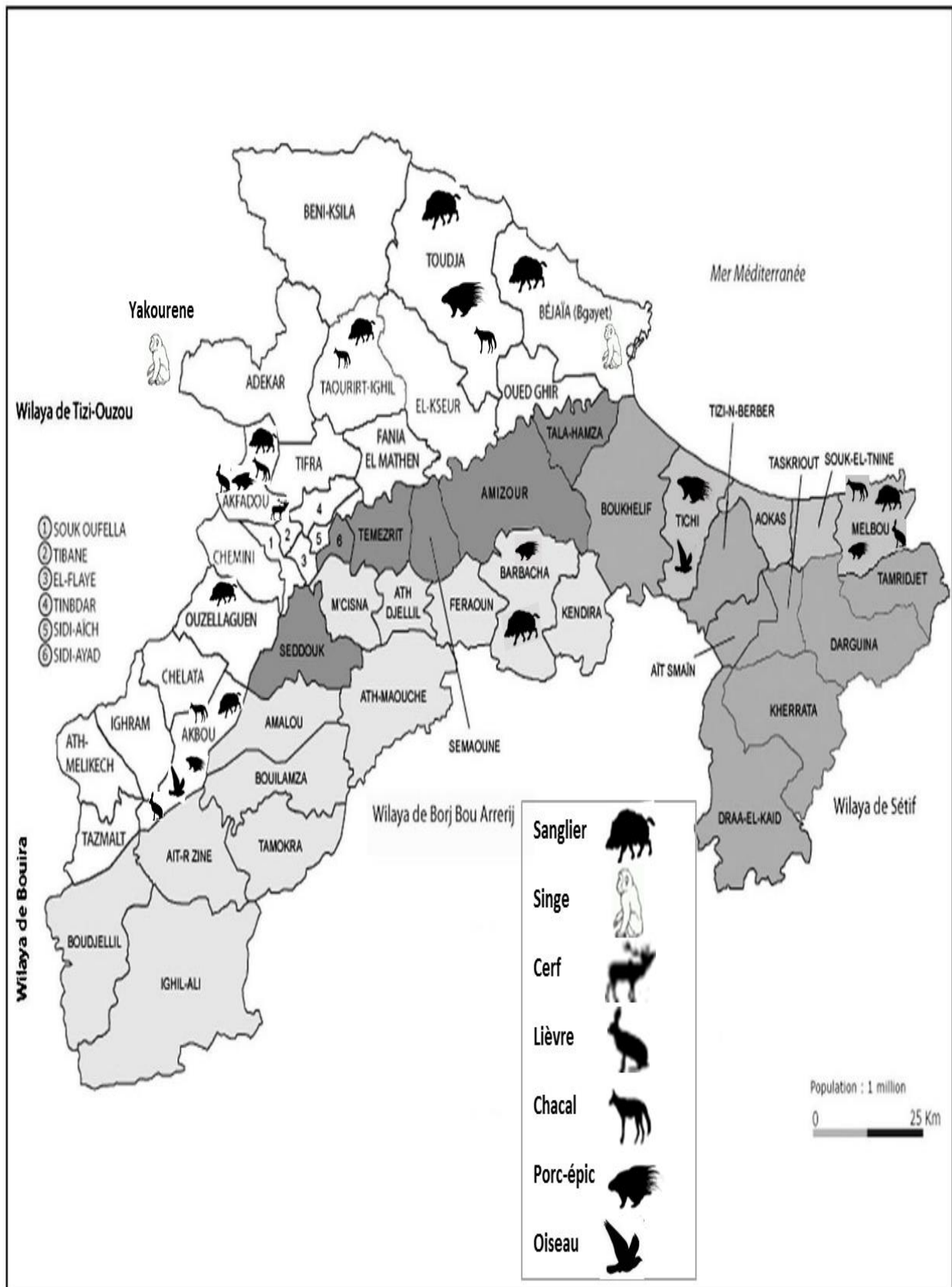


Figure 2 : Répartition des animaux par régions

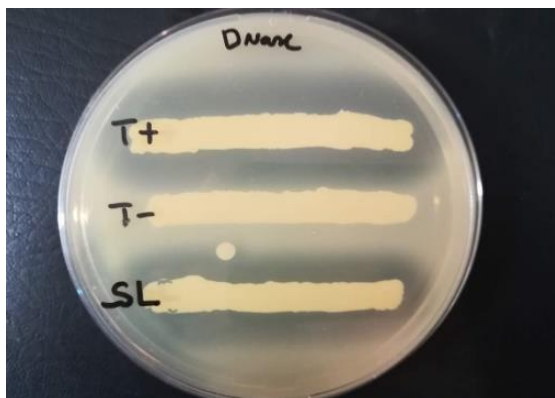


Figure 3 : Photo d'une DNase positive

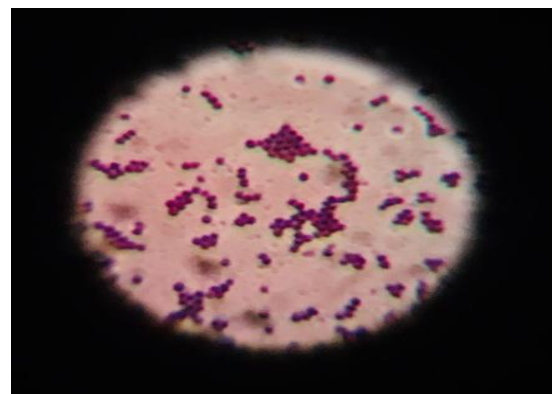


Figure 4 : Photo d'une Coloration de Gram

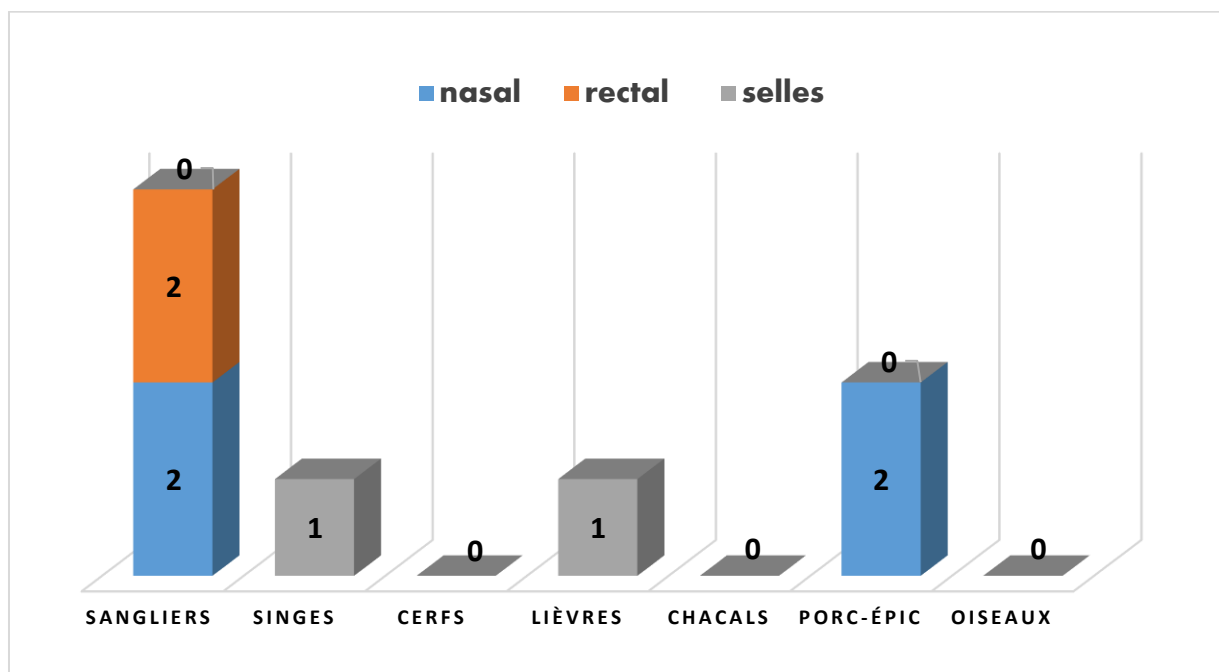


Figure 5 : Portage des souches *S. aureus* par animal

### III - Prévalence des souches *S. aureus*

Au cours de notre étude, nous avons obtenu un taux de portage total de souches de *S. aureus* de 3,31% (8/241) chez les différents animaux sauvages étudiés. D'après la figure 6, un taux de 12,5% (2/16) est noté chez le porc-épic, suivi du sanglier avec un taux de 5,55% (4/72), un taux de 3,07% (1/27) chez le lièvre et enfin le singe avec un taux de 1,53% (1/65). Cependant, aucune souche de *S. aureus* n'a été isolée chez le cerf, chacal et chez les oiseaux.

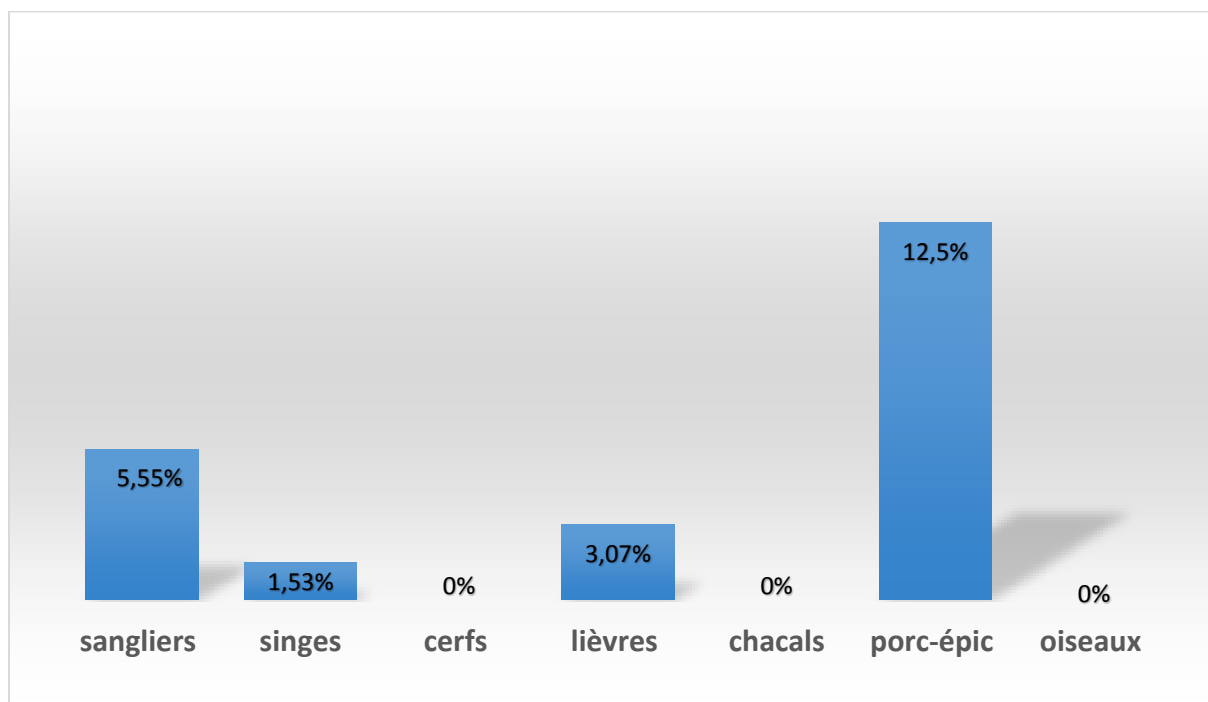


Figure 6 : Prévalence de souches de *S. aureus* par animal

### III- Détermination de la sensibilité aux antibiotiques

Les résultats des CMI pour les 8 souches de *S. aureus* isolées, vis-à-vis d'antibiotiques (céfoxitine, gentamycine, ciprofloxacine, clindamycine et linezolid) sont donnés dans le tableau suivant (tableau 3).

Tableau 3 : Résultats et interprétation de la CMI

souches/ antibiotique	Fox		GEN		CIP		Cli		Lzd	
	CMI	catégorie	CMI	catégorie	CMI	catégorie	CMI	catégorie	CMI	catégorie
SL(R)2	8	R	<0,5	S	>2	R	>2	R	1	S
SL(N)4	4	S	2	R	2	R	>2	R	1	S
SL(N)6	8	R	1	S	>2	R	>2	R	>2	R
SL(R)7	4	S	<0,5	S	>2	R	>2	R	1	S
PK(N)1	8	R	<0,5	S	>2	R	>2	R	1	S
PK(N)3	8	R	1	S	>2	R	>2	R	2	R
Sg45	8	R	1	S	>2	R	>2	R	2	R
Lv19	8	R	>2	R	2	R	>2	R	>2	R

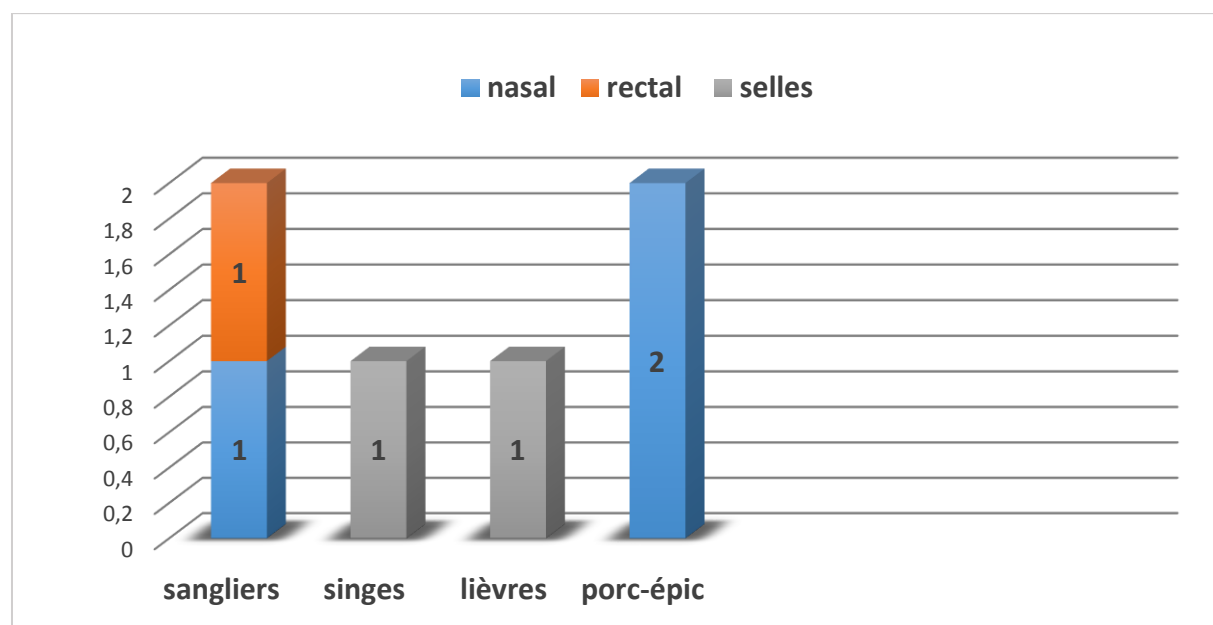
D'après le tableau 3, on note que 6 souches de *S. aureus* sont résistantes à la céfoxitine (CMI > 4), 4 souches sont résistantes au linezolid (CMI > 1) et 2 souches résistantes à la gentamycine (CMI > 1). Toutes les souches sont résistantes à la clindamycine et à la ciprofloxacine (CMI > 1).

#### IV- Souches de *S. aureus* résistantes à la méthicilline

Les 6 souches de *S. aureus* résistantes à la céfoxitine sont considérées comme étant probablement des souches SARM. Ces souches ont été isolées chez le sanglier (n= 2/ nasal=1, rectal=1), le porc-épic (n= 2/ nasal=2), singe (n= 1/selles) et le lièvre (n= 1/selles) (figure 7).

**Tableau 4 :** Nombre de souches SARM isolées par animal

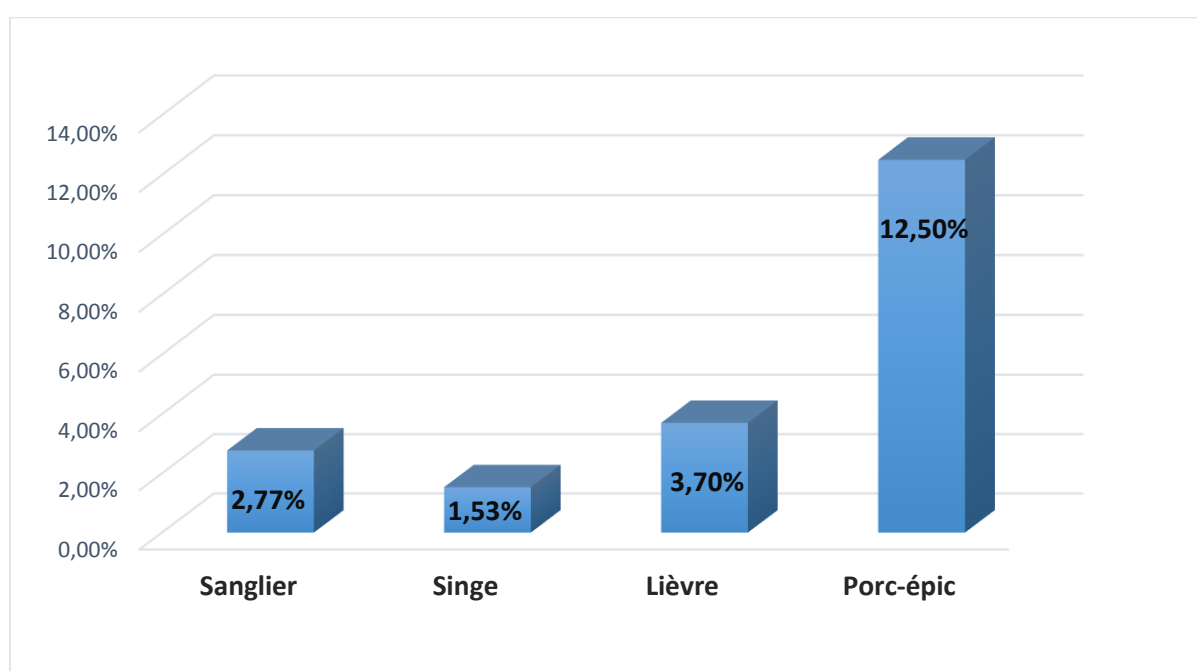
Animal	Nombre de prélèvements	Souches <i>S.aureus</i>	Souches SARM
Sangliers	65	04	02(nasal=1,rectal=1)
Singes	65	01	01 (selles)
Cerfs	37	00	00
Lièvres	27	01	01 (selles)
Chacals	16	00	00
Porc-épic	13	02	02 (nasal)
Oiseaux	08	00	00



**Figure 7 :** Portage des souches SARM par animal

## VI- Prévalence de souches SARM

Un taux de portage de souches de SARM de 2,48% (6/241) a été observé durant notre étude. On remarque un taux plus élevé chez le porc-épic avec un taux de 12,5% (2/16 souches par prélèvement nasal), par contre un taux moins important est obtenu chez le sanglier 2,77% (2/72 souches par prélèvement nasal) et chez le lièvre qui est de 3,70% (1/27 souche par récolte de selles), respectivement. Suivi du singe avec un taux de 1,53% (1/65 par récolte de selles). Le taux de portage des souches de SARM par animal est illustré ci-dessous (Figure 8).



**Figure 8** : Taux de portage du SARM par animal

*Discussion et*  
*Conclusion*



La présence de SARM chez les animaux sauvages a été sporadiquement signalée à ce jour (**Porrero et al., 2013; Wardyn et al., 2012**). Les données sur la faune peuvent être utiles pour évaluer la circulation du SARM chez les espèces sauvages et la voie potentielle de transmission aux animaux domestiques et, finalement, aux humains (**Traversa et al., 2015**).

Au cours de notre étude, nous avons obtenu un taux de portage total de 3,31% (8/241) de *S. aureus* chez les différentes espèces étudiées. Ce portage est inférieur à ceux rapportés par plusieurs auteurs : Monecke et ces collaborateurs ont rapporté un taux de 5.52% (155/2855) chez différents animaux sauvages dans différents pays d'Europe (Autriche, Allemagne et la Suède) (**Monecke et al., 2016**). Mrochen et ces collaborateurs dans leur étude ont rapporté un taux de 15.3% (45/295) chez dix espèces différentes de rongeurs sauvages en Allemagne, France et en République tchèque (**Mrochen et al., 2017**). Un taux de 20,45% (242/1183) a été rapporté par Porrero et ces collaborateurs lors de son étude sur différents animaux sauvages (**Porrero et al., 2014**). De même, Gómez et ces collaborateurs ont rapporté chez des petits mammifères sauvages en Espagne un taux de 13% (13/101) (**Gómez et al., 2014**).

Nous avons rapporté un taux de 1.53% (1/65) chez le singe magot. Ce taux est inférieur à celui rapporté par Roberts et ces collaborateurs qui est de 42,4% (25/59) chez le macaque au Népal (**Roberts et al., 2018**). Concernant le sanglier, nous avons enregistré un taux de portage de 5,55% (4/72). Ce taux est légèrement inférieur à celui rapporté par Meemken et ces collaborateurs qui est de 6,8% (8/117) (**Meemken et al., 2013**) et reste au deçà de celui rapporté par Seinige et ces collaborateurs avec un taux de 45,5% (41/111) (**Seinige et al., 2017**). Un taux de 66% (30/45) a été obtenu par Sousa et ces collaborateurs au nord du Portugal (**Sousa et al., 2017**), et un taux de 0.86% (7/817) en Espagne a été rapporté par Porrero et ces collaborateurs (**Porrero et al., 2013**). Ces derniers auteurs ont aussi rapporté un taux de 0.37% (1/273) chez le cerf. De même, un taux de 44% (4/9) a été rapporté par Alcalá et ces collaborateurs (**Alcalá et al., 2016**). Cependant, aucun portage chez le cerf n'a été observé au cours de notre étude.

Alcalá et ces collaborateurs (**Alcalá et al., 2016**) ont rapporté durant leur étude qu'aucun portage n'a été trouvé chez le lièvre tandis que dans notre étude un taux de portage de 3,07% (1/27) a été observé.

Il y a peu d'études sur le portage de *S. aureus* chez les oiseaux sauvages. Dans le cadre de notre étude aucun portage n'a été observé contrairement à d'autres études au Portugal, Sousa et ces collaborateurs ont rapporté un taux de 6,3% (1/16) chez des oiseaux de proie (**Sousa et al., 2014**). en Espagne, un taux de portage de 6,66% (1/15) chez les pétrels a été rapporté par Candela et ces collaborateurs (**Candela et al. 2008**). et un taux de 34,78% (32/92) chez les cigognes a été rapporté par Gómez et ces collaborateurs (**Gómez et al., 2016**).

Concernant, le portage chez le porc-et-pic et le chacal, nous n'avons pas trouvé d'articles publiés pour pouvoir comparer.

Le *S. aureus* résistant à la méthicilline (SARM) est apparu il y a 50 ans comme agent pathogène nosocomial mais, au cours de la dernière décennie, il est devenu une cause fréquente d'infections communautaires (**Pantosti, 2012**). Alors que les études sur le SARM chez l'homme, les animaux de compagnie et le bétail ont été largement documentées, il y a toujours peu d'informations sur les infections, le portage et le rôle de ce pathogène particulier chez la faune sauvage (**Loncaric et al., 2013a**).

Durant notre étude, la prévalence de SARM est de 2,48% (6/241). Ce taux est supérieur à celui rapporté par Gómez et ces collaborateurs dans leur étude sur des petits mammifères sauvages qui est de 1,98% (2/101) (**Gómez et al., 2014**) et à celui rapporté en Espagne par Porrero et ces collaborateurs chez différents animaux sauvages avec un taux de 0,96% (13/ 1342) (**Porrero et al., 2013**). Cependant ce taux reste comparable à celui rapporté par Himsworth et ces collaborateurs qui est de 3,5% (22/637) chez des rats sauvages en Norvège (**Himsworth et al., 2014**).

Les résultats montrent une très faible prévalence de SARM chez le singe magot avec un taux de 1,53% (1/65). Ce taux est inférieur par rapport à celui rapporté au Népal par Roberts et ces collaborateurs chez le macaque qui est 6,8% % (4/59) (**Roberts et al., 2018**).

Une prévalence de SARM de 2,77% (2/72) a été obtenue au cours de notre étude chez le sanglier tandis qu'aucun portage de SARM n'a été observé dans l'étude de Cuny et ces collaborateurs et celle de Meemken et ces collaborateurs (**Cuny et al., 2012 ; Meemken et al., 2013**).

Une prévalence de SARM de 3,28% (5/152) a été rapporté par Loncaric et ces collaborateurs chez le lièvre en Europe (**Loncaric et al., 2013a**) qui est comparable à celle obtenue durant notre étude qui est de 3,07% (1/27).

Concernant les oiseaux, un taux de portage de SARM de 3,70% (2/54) a été rapporté par Loncaric et ces collaborateurs chez le corbeau en Autriche (**Loncaric et al., 2013b**) et un taux de 0.3% (4/1325) a été rapporté par Konicek et ces collaborateurs chez les oiseaux sauvages en Autriche et en République tchèque (**Konicek et al., 2016**) tandis que nous, nous n'avons aucun portage ni de *S. aureus*, ni de SARM au cours de notre étude.

Pour la prévalence de SARM chez le porc-épic nous n'avons pas trouvé d'articles publiés pour pouvoir comparer.

Au cours de cette étude réalisée durant une période de 4 mois sur les animaux sauvages, 241 échantillons (nasal, rectal, selles) ont été analysés. L'objectif été l'isolement, l'identification et l'étude du profil de résistance isolats de *Staphylococcus aureus*.

Le SARM a déjà accumulé des résistances à un nombre important d'antibiotiques et qui continue d'évoluer pour mieux se disséminer et résister aux traitements thérapeutiques.

En raison de la menace pour la santé animale et humaine due à l'émergence de SARM chez les animaux ainsi que de la rareté des données publiées sur la faune sauvage, des études systématiques sont nécessaires pour surveiller la transmission possible de *S. aureus* / SARM associés à l'homme et au bétail à la faune et vice versa, ainsi que la transmission possible, par contact non protégé avec les animaux.

Alors la prévalence de *S. aureus*/ SARM chez la faune sauvage ainsi que les structures de sa population dans différentes espèces hôtes de la faune justifient une étude plus poussée.

*Références  
bibliographique*

- ◆ **Alcalá, L., Ruiz, L., Simón, C., Gómez, P., Zarazaga, M., Ortega, C., Rezusta, A., and Torres, C.** (2016). High frequency of *Staphylococcus aureus* detection in game animals with identification of *mecC* gene in MRSA isolates of wild rabbits.
- ◆ **Alioua, M.A., Labid, A., Amoura, K., Bertine, M., Gacemi-Kirane, D., and Dekhil, M.** (2014). Emergence of the European ST80 clone of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* as a cause of healthcare-associated infections in Eastern Algeria. *Médecine Mal. Infect.* *44*, 180–183.
- ◆ **Baquero, F., Alvarez-Ortega, C., and Martinez, J.L.** (2009). Ecology and evolution of antibiotic resistance. *Environ. Microbiol. Rep.* *1*, 469–476.
- ◆ **Batard, É., Ferron-Perrot, C., Caillon, J., and Potel, G.** (2005). Antibiothérapie des infections causées par *Staphylococcus aureus*. *Médecine Thérapeutique* *11*, 395–403.
- ◆ **Becker, K., Ballhausen, B., Kahl, B.C., and Köck, R.** (2017). The clinical impact of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* of the clonal complex 398 for humans. *Vet. Microbiol.* *200*, 33–38.
- ◆ **Berbis.** (2011). Staphylocoques dorés communautaires résistants à la méthicilline : actualités.
- ◆ **Candela, M.G., Barberá, G.G., Sallent, A., and León, L.** (2008). Microbiological survey for selected bacterial pathogens in European storm petrel (<Emphasis Type="Italic">*Hydrobates pelagicus*</Emphasis>, Linnaeus 1758) from Grosa Island (Murcia, Southeastern Spain). *Eur. J. Wildl. Res.* *54*, 373–377.
- ◆ **Cohn, L.A., and Middleton, J.R.** (2010). A veterinary perspective on methicillin-resistant staphylococci. *J. Vet. Emerg. Crit. Care San Antonio Tex* *20*, 31–45.
- ◆ **Cuny, C., Friedrich, A., Kozytska, S., Layer, F., Nübel, U., Ohlsen, K., Strommenger, B., Walther, B., Wieler, L., and Witte, W.** (2010). Emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in different animal species. *Int. J. Med. Microbiol.* *300*, 109–117.

- ◆ **Cuny, C., Friedrich, A.W., and Witte, W.** (2012). Absence of Livestock-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Clonal Complex CC398 as a Nasal Colonizer of Pigs Raised in an Alternative System. *Appl. Environ. Microbiol.* 78, 1296–1297.
- ◆ **De Neeling, A.J., van den Broek, M.J.M., Spalburg, E.C., van Santen-Verheuevel, M.G., Dam-Deisz, W.D.C., Boshuizen, H.C., van de Giessen, A.W., van Duijkeren, E., and Huijsdens, X.W.** (2007). High prevalence of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* in pigs. *Vet. Microbiol.* 122, 366–372.
- ◆ **Deurenberg, R.H., and Stobberingh, E.E.** (2008). The evolution of *Staphylococcus aureus*. *Infect. Genet. Evol. J. Mol. Epidemiol. Evol. Genet. Infect. Dis.* 8, 747–763.
- ◆ **EUCAST/ESCMID** (2000). Determination of minimum inhibitory concentrations (MICs) of antibacterial agents by agar dilution. *Clin. Microbiol. Infect.* 6, 509–515.
- ◆ **Figueiredo, A.M.S., and Ferreira, F.A.** (2014). The multifaceted resources and microevolution of the successful human and animal pathogen methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz* 109, 265–278.
- ◆ **Gharsa, H., Ben Sallem, R., Ben Slama, K., Gómez-Sanz, E., Lozano, C., Jouini, A., Klibi, N., Zarazaga, M., Boudabous, A., and Torres, C.** (2012). High diversity of genetic lineages and virulence genes in nasal *Staphylococcus aureus* isolates from donkeys destined to food consumption in Tunisia with predominance of the ruminant associated CC133 lineage. *BMC Vet. Res.* 8, 203.
- ◆ **Gómez, P., González-Barrio, D., Benito, D., García, J.T., Viñuela, J., Zarazaga, M., Ruiz-Fons, F., and Torres, C.** (2014). Detection of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) carrying the *mecC* gene in wild small mammals in Spain. *J. Antimicrob. Chemother.* 69, 2061–2064.
- ◆ **Gómez, P., Lozano, C., Camacho, M.C., Lima-Barbero, J.-F., Hernández, J.-M., Zarazaga, M., Höfle, Ú., and Torres, C.** (2016). Detection of MRSA ST3061-t843-*mecC* and ST398-t011-*mecA* in white stork nestlings exposed to human residues. *J. Antimicrob. Chemother.* 71, 53–57.

- ◆ **Gortázar, C., Ferroglio, E., Höfle, U., Frölich, K., and Vicente, J.** (2007). Diseases shared between wildlife and livestock: a European perspective. *Eur. J. Wildl. Res.* 53, 241.
- ◆ **Hasan, B.** (2013). Antimicrobial Resistance and Production of Extended Spectrum Beta-Lactamases in Enterobacteriaceae from Birds in Bangladesh. *DIVA*.
- ◆ **Himsworth, C.G., Miller, R.R., Montoya, V., Hoang, L., Romney, M.G., Al-Rawahi, G.N., Kerr, T., Jardine, C.M., Patrick, D.M., Tang, P., et al.** (2014). Carriage of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* by wild urban Norway rats (*Rattus norvegicus*). *PloS One* 9, e87983.
- ◆ **Hirvonen, J.J.** (2014). The use of molecular methods for the detection and identification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Biomark. Med.* 8, 1115–1125.
- ◆ **Huijsdens, X.W., van Dijke, B.J., Spalburg, E., van Santen-Verheuver, M.G., Heck, M.E., Pluister, G.N., Voss, A., Wannet, W.J., and de Neeling, A.J.** (2006). Community-acquired MRSA and pig-farming. *Ann. Clin. Microbiol. Antimicrob.* 5, 26.
- ◆ **Jacqueline, C., Broquet, A., Roquilly, A., Vourc'h, M., Potel, G., Caillon, J., and Asehnoune, K.** (2014). Impact du linézolide (LZD) et de la vancomycine (VAN) sur la production de cytokines et sur la réponse inflammatoire de l'hôte dans un modèle murin de pneumonie à *Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline (SARM). *Ann. Fr. Anesth. Réanimation* 33, A222–A223.
- ◆ **Konicek, C., Vodrážka, P., Barták, P., Knotek, Z., Hess, C., Račka, K., Hess, M., and Troxler, S.** (2016). DETECTION OF ZOO NOTIC PATHOGENS IN WILD BIRDS IN THE CROSS-BORDER REGION AUSTRIA - CZECH REPUBLIC. *J. Wildl. Dis.* 52, 850–861.
- ◆ **Kraushaar, B., and Fetsch, A.** (2014). First description of PVL-positive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in wild boar meat. *Int. J. Food Microbiol.* 186, 68–73.

- ◆ **Lee, J.H.** (2006). Occurrence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains from cattle and chicken, and analyses of their *mecA*, *mecR1* and *mecI* genes. *Vet. Microbiol.* *114*, 155–159.
- ◆ **Loncaric, I., Kübber-Heiss, A., Posautz, A., Stalder, G.L., Hoffmann, D., Rosengarten, R., and Walzer, C.** (2013a). Characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus* spp. carrying the *mecC* gene, isolated from wildlife. *J. Antimicrob. Chemother.* *68*, 2222–2225.
- ◆ **Loncaric, I., Stalder, G.L., Mehinagic, K., Rosengarten, R., Hoelzl, F., Knauer, F., and Walzer, C.** (2013b). Comparison of ESBL – And AmpC Producing Enterobacteriaceae and Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) Isolated from Migratory and Resident Population of Rooks (*Corvus frugilegus*) in Austria. *PLOS ONE* *8*, e84048.
- ◆ **Lowy, F.D.** (1998). *Staphylococcus aureus* Infections. *N. Engl. J. Med.* *339*, 520–532.
- ◆ **Meemken, D., Blaha, T., Hotzel, H., Strommenger, B., Klein, G., Ehricht, R., Monecke, S., and Kehrenberg, C.** (2013). Genotypic and Phenotypic Characterization of *Staphylococcus aureus* Isolates from Wild Boars. *Appl. Environ. Microbiol.* *79*, 1739–1742.
- ◆ **Monecke, S., Gavier-Widén, D., Hotzel, H., Peters, M., Guenther, S., Lazaris, A., Loncaric, I., Müller, E., Reissig, A., Ruppelt-Lorz, A., et al.** (2016). Diversity of *Staphylococcus aureus* Isolates in European Wildlife. *PLOS ONE* *11*, e0168433.
- ◆ **Mrochen, D.M., Schulz, D., Fischer, S., Jeske, K., El Gohary, H., Reil, D., Imholt, C., Trübe, P., Suchomel, J., Tricaud, E., et al.** (2017). Wild rodents and shrews are natural hosts of *Staphylococcus aureus*. *Int. J. Med. Microbiol.*
- ◆ **Pantosti, A.** (2012). Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Associated with Animals and Its Relevance to Human Health. *Front. Microbiol.* *3*.



- ◆ **Petinaki, E., and Spiliopoulou, I.** (2012). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among companion and food-chain animals: impact of human contacts. *Clin. Microbiol. Infect.* *18*, 626–634.
- ◆ **Porrero, M.C., Wassenaar, T.M., Gómez-Barrero, S., García, M., Bárcena, C., Alvarez, J., Sáez-Llorente, J.L., Fernández-Garayzábal, J.F., Moreno, M.A., and Domínguez, L.** (2012). Detection of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Iberian pigs. *Lett. Appl. Microbiol.* *54*, 280–285.
- ◆ **Porrero, M.C., Mentaberre, G., Sánchez, S., Fernández-Llario, P., Gómez-Barrero, S., Navarro-Gonzalez, N., Serrano, E., Casas-Díaz, E., Marco, I., Fernández-Garayzabal, J.-F., et al.** (2013). Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) carriage in different free-living wild animal species in Spain. *Vet. J.* *198*, 127–130.
- ◆ **Porrero, M.C., Mentaberre, G., Sánchez, S., Fernández-Llario, P., Casas-Díaz, E., Mateos, A., Vidal, D., Lavín, S., Fernández-Garayzábal, J.-F., and Domínguez, L.** (2014). Carriage of *Staphylococcus aureus* by Free-Living Wild Animals in Spain. *Appl. Environ. Microbiol.* *80*, 4865–4870.
- ◆ **Prescott, J.F.** (2014). The resistance tsunami, antimicrobial stewardship, and the golden age of microbiology. *Vet. Microbiol.* *171*, 273–278.
- ◆ **Roberts, M.C., Joshi, P.R., Greninger, A.L., Melendez, D., Paudel, S., Acharya, M., Bimali, N.K., Koju, N.P., No, D., Chalise, M., et al.** (2018). The human clone ST22 SCCmec IV methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from swine herds and wild primates in Nepal: is man the common source? *FEMS Microbiol. Ecol.* *94*.
- ◆ **Santos, T., Silva, N., Igrejas, G., Rodrigues, P., Micael, J., Rodrigues, T., Resendes, R., Gonçalves, A., Marinho, C., Gonçalves, D., et al.** (2013). Dissemination of antibiotic resistant *Enterococcus* spp. and *Escherichia coli* from wild birds of Azores Archipelago. *Anaerobe* *24*, 25–31.

- ◆ **Seinige, D., Von Altrock, A., and Kehrenberg, C.** (2017). Genetic diversity and antibiotic susceptibility of *Staphylococcus aureus* isolates from wild boars. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* *54*, 7–12.
- ◆ **Sousa, M., Silva, N., Igrejas, G., Silva, F., Sargo, R., Alegria, N., Benito, D., Gómez, P., Lozano, C., Gómez-Sanz, E., et al.** (2014). Antimicrobial resistance determinants in *Staphylococcus* spp. recovered from birds of prey in Portugal. *Vet. Microbiol.* *171*, 436–440.
- ◆ **Sousa, M., Silva, N., Manageiro, V., Ramos, S., Coelho, A., Gonçalves, D., Caniça, M., Torres, C., Igrejas, G., and Poeta, P.** (2017). First report on MRSA CC398 recovered from wild boars in the north of Portugal. Are we facing a problem ? *Sci. Total Environ.* *596–597*, 26–31.
- ◆ **Traversa, A., Gariano, G.R., Gallina, S., Bianchi, D.M., Orusa, R., Domenis, L., Cavallerio, P., Fossati, L., Serra, R., and Decastelli, L.** (2015). Methicillin resistance in *Staphylococcus aureus* strains isolated from food and wild animal carcasses in Italy. *Food Microbiol.* *52*, 154–158.
- ◆ **Vasoo, S., Barreto, J.N., and Tosh, P.K.** (2015). Emerging issues in gram-negative bacterial resistance : an update for the practicing clinician. *Mayo Clin. Proc.* *90*, 395–403.
- ◆ **Voss, A., Loeffen, F., Bakker, J., Klaassen, C., and Wulf, M.** (2005). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Pig Farming. *Emerg. Infect. Dis.* *11*, 1965–1966.
- ◆ **Wardyn, S.E., Kauffman, L.K., and Smith, T.C.** (2012). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in central Iowa wildlife. *J. Wildl. Dis.* *48*, 1069–1073.
- ◆ **Watkins, R.R., David, M.Z., and Salata, R.A.** (2012). Current concepts on the virulence mechanisms of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J. Med. Microbiol.* *61*, 1179–1193.

- ◆ **Wolff, M.** (2012). Traitement des infections sévères à staphylocoques dorés résistants à la métiline : vancomycine ou nouvelles molécules ? Données récentes. *Réanimation* 21, 295–302.

## Résumé

Le présent travail a été réalisé dans le but d'étudier la prévalence et la résistance de *Staphylococcus aureus* chez les animaux sauvages afin d'approfondir l'étude du portage *S. aureus*/SARM chez la faune sauvage. Pour cela, nous avons réalisé un total de 241 prélèvements par écouvillonnage (nasal, rectal et collecte de selles) au niveau de différentes régions de la Wilaya de Bejaia, chez le sanglier (n=72), singe magot (n=65), cerf de barbarie (n=37), lièvre (n=27), chacal (n=16), porc-épic (n=16), et pour les oiseaux (n=08) que nous avons analysé. D'après les résultats de l'isolement, l'identification et l'étude de la sensibilité aux antibiotiques des souches, nous avons obtenu un taux de portage total de 3,31% (8/241) de *S. aureus*, dont 12,5% (2/16) chez le porc-épic, 5,55% (4/72) chez sanglier, 3,70% (1/27) chez le lièvre et enfin 1,53% (1/65) chez le singe magot. Tandis qu'aucune souche n'a été isolée chez le cerf, chacal et chez les oiseaux. Concernant le portage de SARM nous avons obtenu un taux de 2,48% (6/241) chez les différents animaux sauvages étudiés, dont le porc-épic avec un taux de 12,5% (2/16 prélèvement nasal), 2,77 % chez le sanglier (2/72 souches par prélèvement nasal) et 3,70% chez le lièvre (1/27 souche par récolte de selles) et en fin le singe magot avec un taux de 1,53% (1/65 par récolte de selles).

A notre connaissance, ceci est la première étude effectuée sur le portage de *S. aureus*/ SARM chez la faune sauvages en Algérie.

**Mots clés :** Prévalence de *S. aureus*/SARM, Animaux sauvages, Faune sauvage, Résistance aux antibiotiques.

## Abstract

This work was conducted to study the prevalence and resistance of *Staphylococcus aureus* in wildlife in order to further the study of *S. aureus*/SARM portaging in wildlife. For this, we carried out a total of 241 swab samples (nasal, rectal and stool collection) from different regions of the Wilaya of Bejaia, from wild boar (n=72), magot monkey (n=65), barbaric deer (n=37), hare (n=27), jackal (n=16), porcupine (n=16), and for the birds (n=08) that we analysed. According to the results of isolation, identification and the study of antibiotic susceptibility of strains, we obtained a total carrying rate of 3.31% (8/241) of *S. aureus*, of which 12.5% (2/16) in porcupine, 5.55% (4/72) in wild boar, 3.70% (1/27) in hare and finally 1.53% (1/65) in maggot monkey. While no strains have been isolated from deer, jackal and birds. Concerning the carrying of MRSA we obtained a rate of 2.48% (6/241) in the various wild animals studied, including the porcupine with a rate of 12.5% (2/16 nasal sample), 2.77% in the wild boar (2/72 strains by nasal sample) and 3.70% in the hare (1/27 strain per stool harvest) and finally the monkey magot with a rate of 1.53% (1/65 per stool harvest).

To our knowledge, this is the first study carried out on the portage of *S. aureus*/MRSA in wildlife in Algeria.

**Keywords :** Prevalence of *S. aureus*/ MRSA, Wild animals, wildlife, Antibiotic resistance.