

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 de Microbiologie
Filière : Sciences Biologiques
Option : Microbiologie en Secteur Biomédical et Vétérinaire



Réf :.....

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

MASTER

Thème

Etude du portage des souches de *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline chez les animaux d'élevage

Présenté par : *Serradj Célia*

Soutenu le :

Devant le jury composé de :

Pr. IGUAROUADA .M.A

MAA

Président

Pr.TOUATI. A

Professeur

Encadreur

Mme. Belhadi-Zenati. K

Professeur

Examinatrice

Année universitaire : 2015/2016

Remerciements

A monsieur le Pr.Touati. A qui m'a aidée et sans cesse guidé avec rigueur et optimisme pour réaliser ce modeste travail. Qu'il soit assuré de tout mon respect et de toute ma reconnaissance.

A ma co-promotrice Melle Mairi. A qui m'a guidée et patiemment conseillée. Qu'elle soit assurée de ma sincère reconnaissance.

Aux membres du jury qui nous ont fait l'honneur d'accepter d'examiner ce travail.

Je remercie la direction d'agriculture de la wilaya de Bejaia et la EUR Hasseyini pharm qui nous ont apportés une aide indispensable dans nos travaux. Sincères remerciements.

A tous les éleveurs et les fermiers pour leur aimable accueil, Un grand merci pour leur soutien sans faille lors des phases de prélèvements.

Dédicaces

Je dédie ce travail à mes très chers parents et mes sœurs qui m'ont toujours soutenu dans mes choix.

A toi papa : tu es la personne que j'aime le plus au monde, je ne trouve pas de mots pour exprimer tous l'amour et le respect que je ressens envers toi. Merci de m'avoir épaulé tout au long de ma vie.

A maman : merci d'avoir toujours été là pour moi, tes sacrifices et tes conseils que je tenais à cœur. je t'aime Mama.

Nariman, faouizi, Katia je vous adore énormément.

A toute ma famille paternelle et maternelle.

Sommaire

Liste d'abréviation	
Introduction	1
Matériel et méthodes	
1. Prélèvements	6
2. Isolement	6
3. Enquête sur les antibiotiques vétérinaires vendus à Bejaia	7
4. Analyse statistique	7
Résultats	
1. Résultats de la population d'animaux étudiée	8
2. Souches de S.aureus résistant à la méthicilline isolées	9
3. Portage de S.aureus résistant à la méthicilline	10
4. Résultat de l'enquête des antibiotiques vétérinaires vendus à Bejaia	11
Discussion et conclusion	13
Références bibliographiques	18

Liste des abréviations

CC : Complexe Clonal

LPV : Leucocidine de Panton-Valentine

PLP2a : Protéine Liant les Pénicillines 2a

SARM : *Staphylococcus aureus* Résistant à la Méthicilline

SARM-C : SARM communautaire

SARM-H : SARM hospitalier

SARM-L : SARM d'élevage

SCC*mec* : Staphylococcal Cassette Chromosome *mec*

ST: Séquence Type

TSST-1: Toxic shock syndrome toxin-1

TSB: Trypticase Soja Broth

Introduction

Introduction

1 La médecine humaine est confrontée depuis ces dernières années à
2 l'émergence et à la dissémination rapide des bactéries multi-résistantes (BMR). Les
3 impasses thérapeutiques devant les infections à BMR est une véritable menace pour
4 la médecine humaine et vétérinaire (Messenger et *al.*, 2014)

5 *Staphylococcus aureus* est un micro-organisme faisant partie du microbiote
6 naturel des humains et des animaux, principalement en colonisant la peau et les
7 muqueuses nasales et buccales des humains et des animaux sains (Gharsa et *al.*,
8 2012). Il est capable de causer des infections dans ces sites comprenant par
9 exemple la folliculite, furoncles, impétigo, mammites, infections de plaies et le
10 syndrome staphylococcique de la peau (Peacock et Paterson, 2015). Cependant cet
11 agent opportuniste peut causer des infections plus compliquées comme la
12 bactériémie, la pneumonie, l'endocardite, l'ostéomyélite et le syndrome du choc
13 toxique (Benito et *al.*, 2015). Les maladies causées par ce pathogène versatile sont
14 encore plus graves, si les souches de *S. aureus* résistantes à la méthicilline (SARM)
15 sont impliquées (Becker et *al.*, 2015).

16 La résistance aux antibiotiques peut être naturelle, ou acquise par mutations
17 spontanées ou par acquisition de gènes de résistance par un transfert horizontal
18 (Cohn et Middleton, 2010). En outre, *S. aureus* est capable d'acquérir de multiples
19 gènes de résistance (Petinaki et Spiliopoulou, 2012). Le premier mécanisme de
20 résistance des staphylocoques aux β -lactamines est la production d'une pénicillinase
21 qui hydrolyse le cycle β -lactame. En effet, dès l'utilisation de la pénicilline G dans les
22 années 40, les premières souches résistantes ont fait leur apparition. Cette
23 résistance est liée à l'acquisition d'un plasmide codant pour une pénicillinase. La
24 prévalence des souches de *S. aureus* contenant ce plasmide n'a cessé d'augmenter
25 pour atteindre 90-95 % des isolats cliniques en Italie (Annalisa Pantosti, 2012).

26 La méthicilline est un homologue structurel de la pénicilline G qui a été développé
27 par Beecham en 1959 en tant que thérapeutique contre les infections à *S.aureus*
28 résistante à la pénicilline par production d'une pénicillinase. Cependant, le deuxième
29 mécanisme de résistance de *S.aureus* résistant à la méthicilline a été rapporté des
30 1961 (Hirvonen, 2014).

31 La résistance à la méthicilline est médiée par l'acquisition d'un élément
32 génétique mobile appelé cassette chromosomique staphylococcique (*SCCmec*) qui
33 porte le gène *mecA*. Ce dernier code pour une protéine de liaison à la pénicilline
34 (PLP) additionnelle dénommée (PLP2a) ayant une faible affinité pour toutes les β -
35 lactamines (Figueiredo et Ferreira, 2014). Ces éléments *SCCmec* présents chez
36 toutes les souches de SARM varient en taille et en structure. Certains contiennent
37 des gènes de résistance supplémentaires localisés dans des plasmides intégrés
38 codant pour des résistances aux macrolides, aminosides, tétracyclines, rendant ainsi
39 la souche multi-résistante (Deurenberg et Stobberingh, 2008).

40 Le fond génétique de *S.aureus* et le type *SCCmec* acquis, ont contribué à la
41 multiplication des clones de SARM (Deurenberg et Stobberingh, 2008). Initialement,
42 les souches de SARM ont été impliquées que dans les infections acquises à l'hôpital
43 (SARM-H) et qui sont difficiles à traiter en raison de leur multi-résistance aux
44 antibiotiques (Wendlandt et al., 2013). Les principaux clones du SARM-H
45 comprennent le clone (ST250), Allemand (ST45), brésilien (ST239), Ibérique
46 (ST247) et Japonais (ST5) (Budimir et al., 2015). Plus tard, un nouveau groupe de
47 SARM appelé SARM communautaire (SARM-C) a émergé chez les individus en
48 bonne santé qui n'ont pas été en contact avec les établissements hospitaliers, et qui
49 n'ont aucun lien avec les facteurs de risque associés au SARM-H (antécédents de
50 colonisation par le SARM, hospitalisation, dialyse, disposition de cathéter...ect). Ces

51 souches sont caractérisées par la production de la toxine de la Leucocidine de
52 Panton et Valentin (LPV) et sont préoccupantes du point de vue de santé publique
53 car elles sont généralement capables de causer des infections cutanées sévères,
54 des infections des tissus mous et occasionnellement une pneumonie nécrosante
55 associée à une mortalité élevée (Watkins et *al.*, 2012 ; Kraushaar et Fetsch, 2014).
56 Des complexes clonaux comme le CC8 ou CC80 et CC30, entre autres ont été
57 impliqués dans la diffusion de SARM-C. En outre, le SARM-C est connu pour coder
58 plusieurs facteurs de virulence, mais ayant de faibles niveaux de résistance (Smith
59 et Wardyn., 2015).

60 Au cours de ces dernières années, un nouveau clone de SARM est apparu en
61 Europe et associé aux animaux d'élevage (SARM-L) du complexe clonal CC398. Ce
62 clone a été retrouvé chez les animaux d'élevage, les personnes en contact avec
63 ces animaux (vétérinaires et agriculteurs) et dans des aliments d'origine animale
64 (Chairat et *al.*, 2015). Ce clone porte un nouveau gène de résistance à la méthicilline
65 nommé *mecC* qui partage 70% d'homologie avec le gène *mecA* et il a été
66 récemment décrit chez les souches de *S. aureus* isolées de mammites bovines en
67 Angleterre (Becker et *al.*, 2015). Les souches de SARM portant le gène *mecC* ont
68 été identifiées principalement chez les animaux d'élevage, animaux de compagnie et
69 d'autres animaux et chez l'Homme (Luini et *al.*, 2015).

70 Un débat a commencé depuis les premières descriptions des souches de
71 SARM associé à l'élevage (SARM-L) supposant que les isolats SARM-L sont dotés
72 des mêmes facteurs de virulence des espèces de *S. aureus* qui infecte l'Homme et
73 l'animal. Par ailleurs, la grande majorité des animaux d'élevage colonisés, ne
74 développent pas de signes d'infections cliniques. Cependant, de nombreux rapports
75 de cas ont démontré la capacité des complexes clonaux associés à l'élevage de

76 causer tous les types d'infections humaines attribuées à *S.aureus* en général, y
77 compris les manifestations légères et graves (Becker et *al.*, 2015). Certaines
78 catégories professionnelles (vétérinaires, agriculteurs, employés des abattoirs) sont
79 particulièrement exposées au risque d'être porteuses de SARM-L et peuvent
80 développer des infections liées à leur contact avec les animaux d'élevage et
81 l'environnement agricole (Van Den Broek et *al.*, 2009; Van Cleef et *al.*, 2011).

82 Plusieurs études ont rapporté la transmission de SARM entre les animaux
83 d'élevage et l'Homme (Epstein et Price., 2009). Cette constatation suggère que la
84 transmission inter-espèces peut se produire, avec les personnes qui sont
85 directement exposées aux animaux d'élevage et qui peuvent être vraisemblablement
86 la source pour la transmission du SARM-L à d'autres parties de la population
87 humaine ainsi que par les aliments issus des animaux colonisés par le SARM et qui
88 sont destinés à la consommation humaine, ou bien indirectement par l'acquisition des
89 gènes de SARM-L (Bangerter et *al.*, 2016).

90 Le phénomène d'antibiorésistance chez les animaux d'élevage est souvent
91 interprété comme une conséquence de la pression de sélection exercée par les
92 antibiotiques en usage vétérinaire. L'antibiorésistance traduirait la capacité
93 d'adaptation des microorganismes à la pression de sélection des antibiotiques pour
94 échapper à l'activité inhibitrice de ces antibiotiques. En d'autres termes la pression
95 exercée par l'antibiotique va sélectionner et maintenir les organismes résistants de la
96 flore bactérienne (Aarestrup, 2015).

97 L'usage des antibiotiques en thérapeutique vétérinaire chez les animaux
98 d'élevage assure une antibiothérapie métaphylactique, prophylactique et curative.
99 L'antibiothérapie métaphylactique est le traitement des animaux cliniquement sains
100 appartenant au même troupeau des animaux présentant des signes cliniques. Dans

101 ce cas, les infections peuvent être traitées avant qu'elles ne deviennent cliniquement
102 visibles. En raison des systèmes de production modernes, cela peut être la seule
103 façon de traiter de grands groupes d'animaux avec des antibiotiques tels que des
104 dizaines de milliers de volailles. Une antibiothérapie prophylactique est adaptée pour
105 le traitement des animaux en bonne santé afin de prévenir les maladies et une
106 antibiothérapie à visé curative permet de traiter les infections bactériennes de
107 l'animal comme le traitement des infections intestinales et pulmonaires chez les
108 bovins, les infections respiratoires des volailles, les mammites des vaches
109 laitières....etc. Ce type de pratique est réalisé de manière ponctuelle. Ainsi,
110 l'administration d'antibiotiques peut concerner un seul animal, un groupe ou un
111 troupeau entier d'animaux (Aarestrup , 2015).

112 La résistance de souches de SARM chez les animaux d'élevage en Algérie
113 est mal documentée. L'objectif de cette étude est la détermination de la prévalence
114 de SARM chez les animaux d'élevage dans différentes wilayas algériennes.

*Matériel et
méthodes*

115 **1. Prélèvements**

116 Au cours de notre étude qui s'est déroulée pendant la période allant de janvier
117 à avril 2016, des prélèvements nasaux et fécaux par écouvillonnage nasal et rectal
118 ont été effectués à partir d'un total de 1251 animaux d'élevage ainsi que chez 12
119 fermiers. En plus, 20 échantillons de nourriture et eaux ont été analysés. Ces
120 prélèvements ont été réalisés dans différentes wilayas incluant Bejaia, Jijel, Sétif,
121 Tizi-Ouzou, Bouira et Bordj Bou Arreridj. Après prélèvements, les échantillons ont
122 été acheminés au niveau du laboratoire d'écologie microbienne de l'université de
123 Bejaia pour être analysés. Des données sur l'utilisation des antibiotiques par ces
124 éleveurs ont été recueillies.

125 **2. Isolements**

126 L'écouvillon nasal et rectal ont été introduits dans 1ml de bouillon Trypticase
127 Soja (TSB) (Institut Pasteur, Alger). Un volume de 1ml d'eau et environ 3 g de
128 nourriture ont été introduits dans 5ml de TSB. Ces bouillons ont été incubés à
129 37°C/1h afin de réaliser un pré-enrichissement. Un volume de 50 µl du pré-
130 enrichissement a été ajouté à 180 µl de bouillon Gioletti-Cantoni (Liofilchem, Italie)
131 contenant de la colistine (10µg/ml) et de l'oxacilline (4µg/ml).

132 Après incubation à 37°C/24-48h dans des conditions d'anaérobiose, tous les
133 tubes présentant un noircissement ont étéensemencés sur une gélose Baird
134 Parker (Biochem, France) additionnée de colistine (10 µg/ml) et d'oxacilline (4 µg/ml).
135 Après incubation à 37°C/24-48h, les colonies noires, brillantes, entourées d'un halo
136 clair ont été considérées comme des souches de *Staphylococcus aureus* résistantes
137 à la méthicilline (SARM).

138 **3. Enquête sur les antibiotiques vétérinaires vendus au niveau de la wilaya**
139 **de Bejaia**

140 Au cours de notre étude, une enquête a été réalisée sur l'évaluation de la
141 quantité d'antibiotiques à usage vétérinaire vendus au niveau de la wilaya de Bejaia.
142 A cet effet, les informations ont été obtenus au niveau de la Direction d'Agriculture de
143 la wilaya de Bejaia et de la EURL HASSAINI Pharm qui est une entreprise locale de
144 vente en gros de médicaments vétérinaires dans la wilaya de BEJAIA. Cette
145 démarche a consisté sur une étude comparative de la quantité d'antibiotiques
146 vendus annuellement à Bejaia, de 2012 au premier trimestre 2016.

147 **4. Analyse statistique**

148 Les différents résultats obtenus ont été analysés statistiquement en utilisant le
149 test de χ^2 et le test exact de Fisher par le logiciel XL Stat 2015.

Résultats

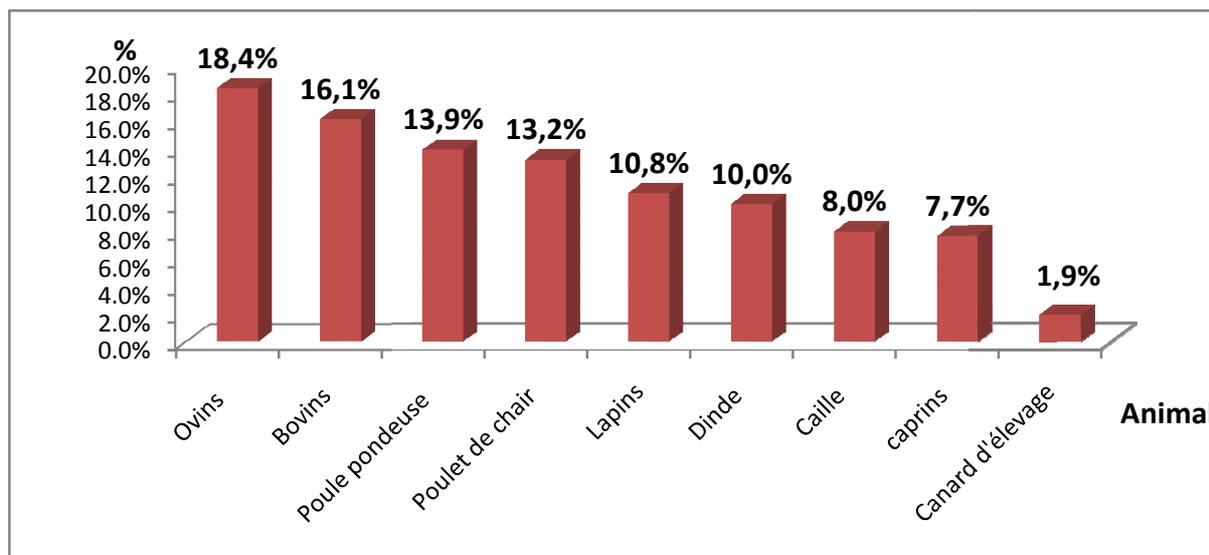
149 **1. Population d’animaux étudiée**

150 Au cours de notre étude, un total de 1251 animaux d’élevage a été inclus.
 151 Les animaux prélevés dans les différentes wilayas concernées sont donnés dans
 152 le tableau I et la répartition des prélèvements par animal est illustrée dans la
 153 figure 1. On note d’après ce tableau que certains animaux ont été prélevés dans
 154 1 ou 2 endroits uniquement du fait que ces animaux ne sont pas en élevage
 155 courant (caille et canard d’élevage).

156 Nous avons noté que dans les élevages de volaille, caille et lapins, les éleveurs
 157 utilisaient les antibiotiques dans la majorité des cas comme traitement
 158 prophylactique contrairement aux bovins, ovins, caprins et canard d’élevage qui
 159 n’ont pas été traités.

160 **Tableau I : Lieu et nombre de prélèvements par animal**

Animal/Lieu	Volaille			Caille	Canard d'élevage	Bovins	Ovins	Caprins	Lapins	Total
	Poulet de chair	Poule pondeuse	Dinde							
Bejaia	95	115	20	50	20	129	45	60	53	587
Jijel	50	10	0	0	0	3	0	0	0	60
Sétif	0	5	80	0	0	11	33	13	0	142
BBA	0	44	25	0	4	25	134	12	0	244
Tizi-Ouzou	20	0	0	0	0	34	18	11	26	109
Bouira	0	0	0	50	0	0	0	0	56	106
Total	165	174	125	100	24	202	230	96	135	1251



161

162 **Figure 1** : Répartition des différents prélèvements par animal

163 **2. Souches de *S.aureus* résistant à la méthicilline isolées**

164 Un total de 265 souches présumées SARM a été obtenu durant notre étude,
 165 dont 69 souches ont été isolées dans les prélèvements nasaux et 197 dans les
 166 prélèvements rectaux. La répartition de souches isolées par animal est donnée
 167 dans le tableau II. Chez certains animaux un double portage nasal et rectal a été
 168 observé avec un taux de 2.47% (31/1251).

169 En plus, une souche de SARM a été isolée chez un éleveur à partir d'un
 170 prélèvement rectal donnant une prévalence de 0.33% (1/12). De plus une autre
 171 souche SARM a été isolée à partir d'un échantillon d'eau donnant ainsi un taux de
 172 5% (1/20).

173 **Tableau II** : Nombre de souche de SARM par animal

Animal	Poulet de chair	Poule pondeuse	Caille	Dinde	Canard d'élevage	Ovins	Bovins	Caprins	Lapins	Total
Nbre de souches de SARM	88 (33.2%)	59 (22.2%)	13 (4.9%)	34 (12.8%)	4 (1.5%)	30 (11.3%)	16 (6.03%)	18 (6.7%)	3 (1.1%)	265

174

175 **3. Portage de *S.aureus* résistant à la méthicilline**

176 **3.1. Portage de *S.aureus* résistant à la méthicilline par animal**

177 Le taux de portage total de SARM obtenu au cours de notre étude est de 16.87%
 178 (211/1251). Concernant le portage par animal, nous avons noté que le taux de
 179 portage le plus élevé est observé chez le poulet de chair avec un taux de 41.2%,
 180 tandis que, le plus faible est rapporté pour les lapins avec un taux de 2.2%. Le
 181 tableau III donne les taux de portage de SARM par animal.

182 Le résultat de l'étude statistique a montré des différences significatives dans les
 183 taux de portage de SARM pour les différents animaux étudiés ($p \leq 0.05$).

184 **Tableau III** : Taux de portage de SARM par animal

Animal	Volaille			Caille	Canard d'élevage	Bovins	Ovins	Caprins	Lapins	Total
	Poulet de chair	Poule pondeuse	Dinde							
Nbre d'animaux	165	174	125	100	24	202	230	96	135	1251
Animaux porteurs de SARM	68 (41.2%)	39 (22.4%)	28 (22.4%)	13 (13%)	3 (12.5%)	16 (7.9%)	25 (10.8%)	16 (16.6%)	3 (2.2%)	211

185

186 **3.2. Portage de *S.aureus* résistant à la méthicilline selon le site de prélèvement**

187 Le taux de portage de SARM selon le site de prélèvement est respectivement
 188 de 15.9% et 5.52% pour le portage rectal et le portage nasal. Il est à noter que le
 189 portage rectal est plus important que le portage nasal avec une différence
 190 significative ($p \leq 0.05$) chez la volaille, la caille et les bovins, contrairement chez le
 191 canard d'élevage ($p=0,4$) et l'ovin ($p=0,058$).

192 Chez les caprins, le taux de portage nasal est plus élevé que le portage rectal,
 193 cependant aucune différence significative n'a été observée ($p=0,1$).

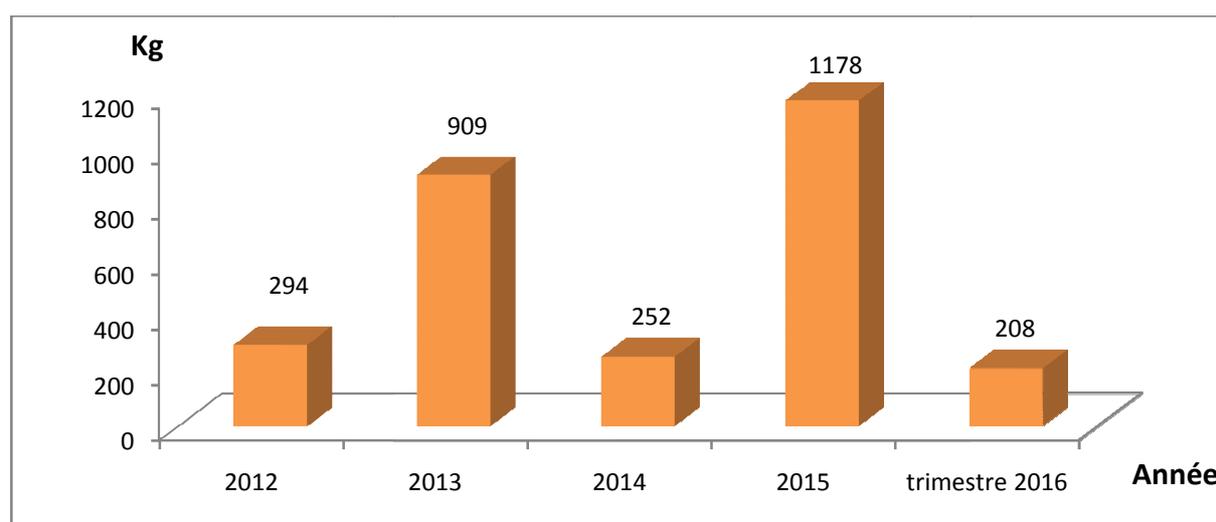
194 **Tableau IV** : Portage de souches de SARM selon le site de prélèvement

Animal/Nbre	Volaille			Caille	Canard d'élevage	Bovins	Ovins	Caprins	Lapins	Total
	Poulet de chair	Poule pondeuse	Dinde							
Nbre d'animaux	165	174	125	100	24	202	230	96	135	1251
Nasal	15 (9%)	17 (9.7%)	7 (5.6%)	0	1 (4.1%)	3 (1.4%)	15 (6.5%)	11 (11.4%)	0	69
Rectal	73 (44.2%)	42 (24.1%)	27 (21.6%)	13 (13%)	3 (12.5%)	13 (6.4%)	18 (7.8%)	5 (5.2%)	3 (2.2%)	197

195

196 **4. Résultat sur l'enquête des antibiotiques vétérinaires vendus à**
 197 **Bejaia**

198 Entre la période allant de 2012 jusqu'au premier trimestre de 2016, un total de
 199 2841 Kg d'antibiotiques vétérinaires a été vendu au niveau de la wilaya de Bejaia. La
 200 quantité d'antibiotiques vétérinaires la plus vendu a été enregistrée durant l'année
 201 2015. Un autre point signalé et que pour le premier trimestre 2016 la quantité
 202 vendue est presque équivalente à celle de l'année 2012 et 2014.

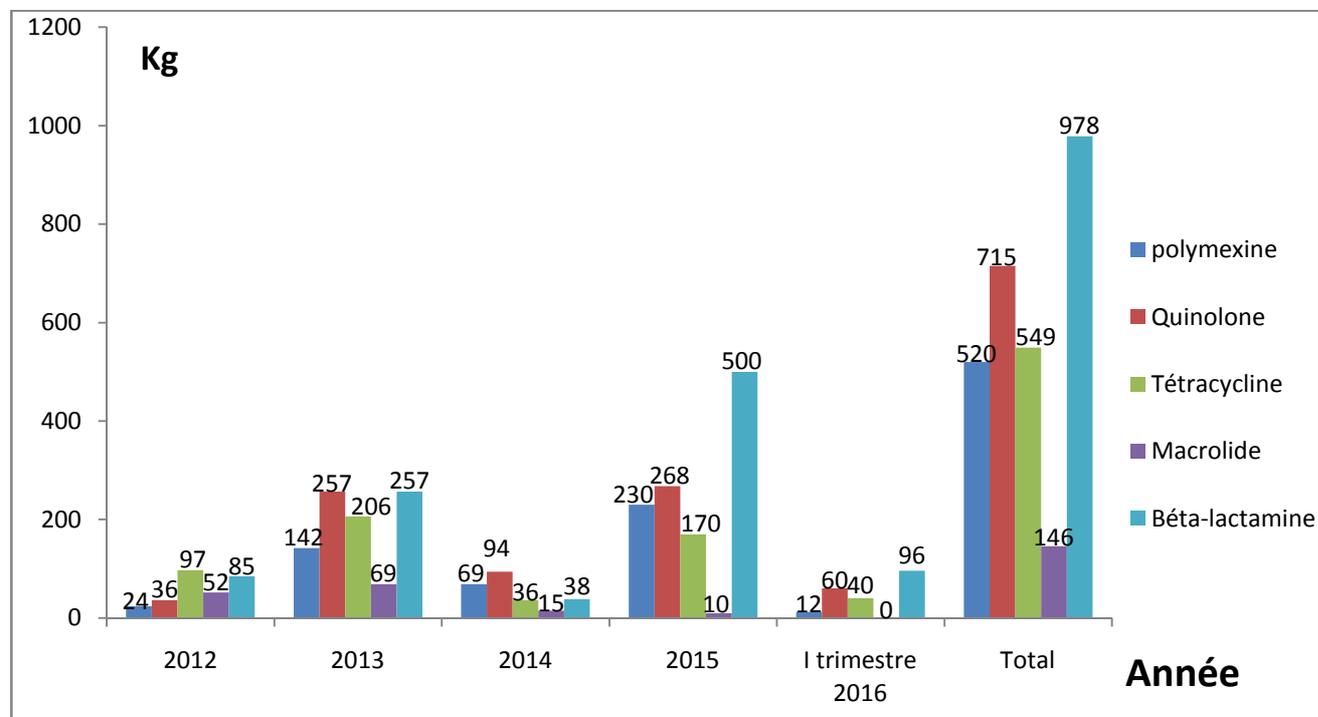


203

204 **Figure 2** : Quantité d'antibiotiques vétérinaires vendus, de 2012 au premier trimestre 2016,
 205 au niveau de la wilaya de Bejaia

Résultats

206 La figure 3 représente la quantité d'antibiotiques vétérinaires vendus par famille
207 d'antibiotiques entre 2012 au trimestre premier de 2016. On note que la famille
208 d'antimicrobiens la plus vendue est celle des bêta-lactamines (pénicilline).



209

210 **Figure 3** : Quantité d'antibiotiques vendus par famille d'antibiotique, de 2012 au
211 premier trimestre 2016, au niveau de la wilaya de Bejaia

Discussion et conclusion

212 *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) a émergé il y a 50
213 ans, comme un agent pathogène nosocomial mais dans la dernière décennie, il est
214 devenu également une cause majeure d'infections graves dans la communauté,
215 notamment chez l'Homme et l'animal (Stefani et *al.*, 2012).

216 Durant notre étude, la prévalence de SARM dans la volaille est de 29.09%.
217 Ce taux est légèrement supérieur à celui rapporté par Persoons et *al.*, 2009 en
218 Belgique. La prévalence la plus élevée dans notre étude est observée pour le
219 poulet de chair avec un taux de 41,2%. Cette forte prévalence est due probablement
220 à l'utilisation fréquente des antibiotiques dans les élevages de poulet de chair. La
221 présence de souches de SARM peut persister dans l'environnement des poulaillers
222 et coloniser ainsi d'autres bandes (Persoons et *al.*, 2009).

223 Notre étude révèle que l'utilisation des antibiotiques comme antibiothérapie
224 métophylactique, prophylactique ou curative chez la volaille est généralement liée au
225 type d'élevage souvent exercé de manière extensive. Cependant la sélection de
226 BMR tels que les SARM-L indique de manière claire et préoccupante que l'utilisation
227 des antibiotiques dans l'élevage industriel de la volaille constitue une réelle menace
228 pour la santé humaine et la sécurité alimentaire au niveau mondial (Sallam et *al.*,
229 2015).

230 Chez les bovins, nous avons obtenu un taux de portage de 7.92%. Plusieurs
231 auteurs ont rapporté des taux similaires (Haran et *al.*, 2012 ; Tenhagen et *al.*, 2014;
232 Alba et *al.*, 2015 ; Luini et *al.*, 2015). Par conséquent, cette faible prévalence de
233 SARM au sein du troupeau pourrait réduire le potentiel zoonotique de ces souches,
234 mais la présence de vaches infectées par le SARM dans les élevages laitiers pourrait
235 rester inaperçue, puisque seule l'analyse bactériologique du lait est généralement
236 effectuée. Un autre point important dans le cas de la présence de souches de SARM

237 chez les bovins est la mammite causée par le SARM qui peut compliquer le
238 traitement de l'infection (Havaei et *al.*, 2015).

239 Des prévalences de 10.87% et 16.67% ont été respectivement rapportées
240 chez les ovins et les caprins. Des prévalences similaires ont également été
241 rapportées dans les pays européens (Lozano et *al.*, 2009 ; Spanu et *al.*, 2010). Bien
242 que, la prévalence du SARM fût faible chez les ovins et les caprins, le risque de sa
243 transmission à d'autres populations est fort possible (Carfora et *al.*, 2016). Ces
244 résultats confirment que la prévalence des SARM est faible chez les ruminants
245 (Spanu et *al.*, 2010).

246 Les résultats montrent une très faible prévalence de SARM chez les lapins
247 avec un taux de 2.22%. Cette faible prévalence a également été rapportée en
248 Autriche par Loncaric et Kunzel, 2013.

249 Au cours de notre étude la détection de souches de SARM chez les animaux
250 d'élevage pourrait jouer un rôle dans la propagation du SARM chez les animaux, les
251 travailleurs et l'environnement agricole (Traversa et *al.*, 2015).

252 L'émergence de SARM chez les animaux d'élevage au début des années 2000 a
253 poussé certains pays comme le Danemark et les Pays Bas à incorporer le Zinc et la
254 tétracycline dans les aliments pour le bétail afin de réduire le SARM chez ces
255 animaux. Cette pratique a été suivi par la sélection de souches de SARM spécifiques
256 d'élevage portant des gène de résistance au Zinc et à la tétracycline (Vincent et *al.*,
257 2014).

258 Notre enquête a révélé qu'un total de 2841 Kg d'antibiotiques vétérinaires a
259 été vendu de l'année de 2012 au premier trimestre de 2016 dans la wilaya de Bejaia.
260 Cependant la quantité d'antimicrobiens la plus vendu a été enregistrée en 2015 et au
261 premier trimestre 2016 (qui est équivalente à l'année 2012 et 2014).

262 L'utilisation de ces antibiotiques autant à titre préventif que curatif est susceptible
263 d'entraîner l'émergence de résistances bactériennes qui peuvent se disséminer dans
264 l'environnement ou la chaîne alimentaire. Les premières mises en garde contre ce
265 risque ont été lancées dans les publications scientifiques dès 1955 (Monnet, 2016).
266 Il existait bien sûr des mécanismes naturels de résistance préexistant à cette
267 introduction, mais des résistances sont apparues de novo, notamment vis-à-vis des
268 antibiotiques synthétiques.

269 Les effets de cette résistance chez les humains sont étudiés depuis longtemps, d'où
270 les recommandations d'un usage judicieux en toutes circonstances. En ce qui
271 concerne les usages vétérinaires, ils contribuent aussi au problème de la résistance,
272 situation toutefois moins élucidée. L'usage des antibiotiques en production animale a
273 une importance cruciale pour la santé des animaux, mais certaines utilisations
274 soulèvent des questionnements, notamment leur emploi à titre de facteurs de
275 croissance, dont le but est d'améliorer les performances zootechniques (Carlet et
276 Shlemmer, 2015).

277 Les effets potentiels de l'usage des antibiotiques vétérinaires sur la santé humaine
278 sont encore l'objet de débats. Les proposant de restrictions scandent que le risque
279 est suffisant pour appliquer le principe de précaution. Quant aux opposants, ils
280 mentionnent qu'en réduire l'usage peut notamment entraîner une dégradation de la
281 santé animale ainsi qu'une augmentation de la transmission de maladies infectieuses
282 entre les animaux et les humains. Cependant des souches de BMR apparaissent
283 régulièrement, et il est reconnu qu'un usage accru, prolongé ou inapproprié des
284 antibiotiques est un facteur de risque d'apparition de cette résistance (Kemper,
285 2008).

286 L'augmentation de la résistance aux antibiotiques se situe dans un contexte où la
287 perspective de développement de nouvelles molécules est extrêmement réduite.
288 C'est pourquoi, la préservation de l'efficacité des antibiotiques constitue aussi pour
289 les éleveurs un enjeu majeur tant pour préserver la santé animale que pour les
290 risques qui peuvent découler de l'usage des antibiotiques vétérinaires dans le
291 domaine de la santé humaine. Il est nécessaire d'améliorer de manière plus
292 spécifique la sensibilisation et l'information des éleveurs sur les risques
293 d'antibiorésistance et sur les moyens qui s'offrent à eux de les diminuer (Monnet,
294 2016).

295 Il est devenu clair que la résistance aux antibiotiques est une des menaces les
296 plus graves pour l'utilisation continue des antibiotiques en médecine humaine et
297 vétérinaire. Les maladies causées par les BMR sont désormais vus au quotidien, et
298 certains agents pathogènes ont acquis une résistance à plusieurs classes
299 d'antibiotiques. L'acquisition des gènes de résistance par transfert horizontal, la
300 chaîne alimentaire ainsi que le potentiel zoonotique de certains pathogènes comme
301 *S.aureus* constituent des enjeux majeurs sanitaires pour la filière d'élevage.
302 Cependant, des initiatives doivent être prises pour limiter les phénomènes de
303 l'antibiorésistance chez les animaux d'élevage pour la préservation de la santé
304 humaine. Nous sommes confrontés à effectués d'autres étude pour comprendre et
305 évaluer la résistance chez les animaux d'élevage.

306 En perspectives, nos résultats sont préliminaires et doivent être complétés par :

307 - Une caractérisation moléculaire des souches de SARM et identification de leur
308 origine.

Discussion et conclusion

309 - Effectuer un suivi sur la consommation des antibiotiques vétérinaires destinés à
310 l'élevage.

311 - Sensibilisation des éleveurs et des fermiers en organisant des colloques nationaux
312 sur le bon usage des antibiotiques en médecine vétérinaire.

*Références
bibliographique*

Références bibliographiques

Aarestrup FM. (2015). The livestock reservoir for antimicrobial resistance: a personal view on changing patterns of risks, effects of interventions and the way forward. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* **370**, 20140085.

Alba P, Feltrin F, Cordaro G, Porrero MC, Kraushaar B, Argudín MA, Nykäsenoja S, Monaco M, Stegger M, Aarestrup FM, Butaye P, Franco A, Battisti A. (2015). Livestock-Associated Methicillin Resistant and Methicillin Susceptible *Staphylococcus aureus* Sequence Type (CC)1 in European Farmed Animals: High Genetic Relatedness of Isolates from Italian Cattle Herds and Humans. *PLoS One.* **10**, 0137143

Bangerter PD, Sidler X, Perreten V, Overesch G. (2016). Longitudinal study on the colonisation and transmission of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in pig farms. *Vet Microbiol.* **183**, 125-34.

Becker K, Ballhausen B, Kahl BC, Köck R. The clinical impact of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* of the clonal complex 398 for humans. (2015). *Vet Microbiol.* **1135**, 30082-1.

Benito D, Gómez P, Aspiroz C, Zarazaga M, Lozano C, Torres C. (2015). Molecular characterization of *Staphylococcus aureus* isolated from humans related to a livestock farm in Spain, with detection of MRSA-CC130 carrying mecC gene: A zoonotic case?. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* **34**, 280-5.

Bortolaia V, Espinosa-Gongora C, Guardabassi L. (2016). Human health risks associated with antimicrobial-resistant *enterococci* and *Staphylococcus aureus* on poultry meat. *Clin Microbiol Infect.* **22**, 130-40.

Brennan GI, Abbott Y, Burns A, Leonard F, McManus BA, O'Connell B, Coleman DC, Shore AC. (2016). The Emergence and Spread of Multiple Livestock-Associated Clonal Complex 398 Methicillin-Resistant and Methicillin-Susceptible *Staphylococcus aureus* Strains among Animals and Humans in the Republic of Ireland, 2010-2014. *PLoS One.* **11**, 0149396.

Budimir A. (2016). MRSA in Croatia: prevalence and management. *Expert Rev Anti Infect Ther.* **14**, 167-76.

Références bibliographiques

Carfora V, Giacinti G, Sagrafoli D, Marri N, Giangolini G, Alba P, Feltrin F, Sorbara L, Amoruso R, Caprioli A, Amatiste S, Battisti A. (2016). Methicillin-resistant and methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* in dairy sheep and in-contact humans: An intra-farm study. *J Dairy Sci.* **99**, 4251-8.

Carfora V, Giacinti G, Sagrafoli D, Marri N, Giangolini G, Alba P, Feltrin F, Sorbara L, Amoruso R, Caprioli A, Amatiste S, Battisti A. (2016). Methicillin-resistant and methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* in dairy sheep and in-contact humans: An intra-farm study. *J Dairy Sci.* **99**, 4251-8.

Carlet J, Shlemmer B. (2015). Consommation d'antibiotiques et résistance aux antibiotiques en France : nécessité une mobilisation déterminée et durable. Bilan des données de surveillance. **17**, 150.

Chairat S, Gharsa H, Lozano C, Gómez-Sanz E, Gómez P, Zarazaga M, Boudabous A, Torres C, Ben Slama K. (2015). Characterization of *Staphylococcus aureus* from Raw Meat Samples in Tunisia: Detection of Clonal Lineage ST398 from the African Continent. *Foodborne Pathog Dis.* **12**, 686-92.

Cohn LA, Middleton JR. (2010). A veterinary perspective on methicillin-resistant *Staphylococci*. *J Vet Emerg Crit Care.* **20**, 31-45.

Deurenberg RH, Stobberingh EE. (2008). The evolution of *Staphylococcus aureus*. *Infect Genet Evol.* **8**, 747-63.

Epstein JH, Price JT. (2009). The significant but understudied impact of pathogen transmission from humans to animals. *Mt Sinai J Med.* **76**, 448-55.

Figueiredo AM, Ferreira FA. (2014). The multifaceted resources and microevolution of the successful human and animal pathogen methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* **109**, 265-78.

Gharsa H, Ben Sallem R, Ben Slama K, Gómez-Sanz E, Lozano C, Jouini A, Klibi N, Zarazaga M, Boudabous A, 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.* **29**, 203.

Références bibliographiques

- Gnanou JC, Sanders P.** (2000). Antibiotic resistance in bacteria of animal origin: methods in use to monitor resistance in EU countries. *Int J Antimicrob Agents*. **15**, 311-22.
- Haran KP, Godden SM, Boxrud D, Jawahir S, Bender JB, Sreevatsan S.** (2012). Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus*, including methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, isolated from bulk tank milk from Minnesota dairy farms. *J Clin Microbiol*. **50**, 688-95.
- Haran KP, Godden SM, Boxrud D, Jawahir S, Bender JB, Sreevatsan S.** (2012). Prevalence and characterization of *Staphylococcus aureus*, including methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, isolated from bulk tank milk from Minnesota dairy farms. *J Clin Microbiol*. **50**, 688-95.
- Havaei SA, Assadbeigi B, Esfahani BN, Hoseini NS, Rezaei N, Havaei SR.** (2015). Detection of *mecA* and enterotoxin genes in *Staphylococcus aureus* isolates associated with bovine mastitis and characterization of Staphylococcal cassette chromosome *mec* (SCC*mec*) in MRSA strains. *Iran J Microbiol*. **7**, 161-7.
- Hirvonen JJ.** (2004). The use of molecular methods for the detection and identification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Biomark Med*. **8**, 1115-25.
- Kemper N.** (2008). Veterinary antibiotics in the aquatic and terrestrial environment. Ecological indicators. **8**, 1-13.
- Kitai S, Shimizu A, Kawano J, Sato E, Nakano C, Uji T, Kitagawa H.** (2005). Characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from retail raw chicken meat in Japan. *J Vet Med Sci*. **67**, 107-10.
- Kraushaar B, Fetsch A.** (2014). First description of PVL-positive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in wild boar meat. *Int J Food Microbiol*. **186**, 68-73.
- Locatelli C, Cremonesi P, Bertocchi L, Zanoni MG, Barberio A, Drigo I, Varisco G, Castiglioni B, Bronzo V, Moroni P.** (2016). Short communication: Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in bulk tank milk of dairy cows and effect of swine population density. *J Dairy Sci*. **99**, 2151-6.

Références bibliographiques

Loncaric I, Künzel F. (2013). Sequence type 398 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection in a pet rabbit. *Vet Dermatol.* **24**, 370-2.

Lozano C, López M, Gómez-Sanz E, Ruiz-Larrea F, Torres C, Zarazaga M. (2009). Detection of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in food samples of animal origin in Spain. *J Antimicrob Chemother.* **64**, 1325-6.

Luini M, Cremonesi P, Magro G, Bianchini V, Minozzi G, Castiglioni B, Piccinini R. (2015). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) is associated with low within-herd prevalence of intra-mammary infections in dairy cows: Genotyping of isolates. *Vet Microbiol.* **178**, 270-4.

Messenger AM, Barnes AN, Gray GC. (2014). Reverse zoonotic disease transmission (zooanthroponosis): a systematic review of seldom-documented human biological threats to animals. *PLoS One.* **9**, 89055.

Monnet DL, Safrany N, Heine N, Price C. (2016). Comment on: A systematic review of the public's knowledge and beliefs about antibiotic resistance. *J Antimicrob Chemother.* **16**, 141.

Peacock SJ, Paterson GK. (2015). Mechanisms of Methicillin Resistance in *Staphylococcus aureus*. *Annu Rev Biochem.* **84**, 577-601.

Persoons D, Van Hoorebeke S, Hermans K, Butaye P, de Kruif A, Haesebrouck F, Dewulf J. (2009). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in poultry. *Emerg Infect Dis.* **15**, 452-3.

Petinaki E, Spiliopoulou I. (2012). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among companion and food-chain animals: impact of human contacts. *Clin Microbiol Infect.* **18**, 626-34.

Sallam KI, Abd-Elghany SM, Elhadidy M, Tamura T. (2015). Molecular Characterization and Antimicrobial Resistance Profile of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Retail Chicken. *J Food Prot.* **78**, 1879-84.

Smith TC, Wardyn SE. (2015). Human Infections with *Staphylococcus aureus* CC398. *Curr Environ Health Rep.* **2**, 41-51.

Références bibliographiques

Spanu V, Viridis S, Scarano C, Cossu F, De Santis EP, Cosseddu AM. (2010). Antibiotic resistance assessment in *S. aureus* strains isolated from raw sheep's milk cheese. *Vet Res Commun.* **1**, 87-90.

Stefani S, Chung DR, Lindsay JA, Friedrich AW, Kearns AM, Westh H, Mackenzie FM. 2012). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA): global epidemiology and harmonisation of typing methods. *Int J Antimicrob Agents.* **39**, 273-82.

Tavakol M, Riekerink RG, Sampimon OC, van Wamel WJ, van Belkum A, Lam TJ. (2012). Bovine-associated MRSA ST398 in the Netherlands. *Acta Vet Scand.* **1**, 54-28.

Tenhagen BA, Vossenkuhl B, Käsbohrer A, Alt K, Kraushaar B, Guerra B, Schroeter A, Fetsch A. (2014). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in cattle food chains - prevalence, diversity, and antimicrobial resistance in Germany. *J Anim Sci.* **92**, 2741-51.

Traversa A, Gariano GR, Gallina S, Bianchi DM, Orusa R, Domenis L, Cavallerio P, Fossati L, Serra R, Decastelli L. (2015). Methicillin resistance in *Staphylococcus aureus* strains isolated from food and wild animal carcasses in Italy. *Food Microbiol.* **52**, 154-8.

Van Cleef BA, Graveland H, Haenen AP, van de Giessen AW, Heederik D, Wagenaar JA, Kluytmans JA. (2011). Persistence of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in field workers after short-term occupational exposure to pigs and veal calves. *J Clin Microbiol.* **49**, 1030-3.

VAN DEN Broek IV, VAN Cleef BA, Haenen A, Broens EM, VAN DER Wolf PJ, VAN DEN Broek MJ, Huijsdens XW, Kluytmans JA, VAN DE Giessen AW, Tiemersma EW. (2009). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in people living and working in pig farms. *Epidemiol Infect.* **137**, 700-8.

Van Duijkeren E, Hengeveld P, Zomer TP, Landman F, Bosch T, Haenen A, van de Giessen A. (2016). Transmission of MRSA between humans and animals on duck and turkey farms. *J Antimicrob Chemother.* **71**, 58-62.

Références bibliographiques

Watkins RR, David MZ, Salata RA. (2012). Current concepts on the virulence mechanisms of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. J Med Microbiol. **61**, 1179-93.

Wendlandt S, Schwarz S, Silley P. (2013). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: a food-borne pathogen? Annu Rev Food Sci Technol. **4**, 117-39.

Résumé

L'épidémiologie de *S.aureus* résistant à la méthicilline chez les animaux d'élevage en Algérie n'a pas été documentée. Notre étude a pour objectif de déterminer la prévalence des souches de SARM chez les animaux d'élevage. Une enquête a été effectuée sur les antibiotiques vétérinaires vendus au niveau de la Wilaya de Bejaia.

Au cours de notre étude, le taux de portage de SARM chez les animaux d'élevage dans différentes wilaya algériennes est de 16.87%. Dont, nous avons notés que le taux de portage le plus élevée est observée chez le poulet de chair avec un taux de 41.2%. Le taux de portage de SARM est respectivement de 15.9% et 5.52% pour le portage rectal et le portage nasal.

La description de souches SARM associée à l'élevage constitue une véritable préoccupation pour la santé humaine.

Mots-clés : animaux d'élevage, SARM d'élevage, portage, Algérie.

Abstract

The epidemiology of Livestock-Associated Methicillin Resistant in Algeria is poorly documented that is why our study aims to determinate the prevalence of livestock-associated méthicilline resistant isolated from different wilaya in Algeria.

MRSA carriage rates in different Algerian wilaya were 16.87%. Which, a rate of 41.2% have been noted as a highest rate in broilers. MRSA carriage rate is respectively 15.9% and 5.52% for rectal and nasal carriage.

The description of MRSA livestock associated in our study constituted a real concern for human health.

Keywords : livestock, MRSA-Livestock, carriage, Algeria.

