



RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITÉ FRÈRES MENTOURI CONSTANTINE 1
INSTITUT DES SCIENCES VÉTÉRINAIRES

Thèse

En vue de l'obtention du diplôme du
doctorat Es-sciences vétérinaires

Option : Épidémiologie Appliquée

Thème

ENQUÊTE ÉPIDÉMIOLOGIQUE ET PRÉVALENCE
DES ENTÉROBACTÉRIES PATHOGÈNES DANS LA CHAÎNE
ALIMENTAIRE À L'EST ALGÉRIEN

SOUTENU PUBLIQUEMENT PAR : 28/02/2023

GHOUGAL Khireddine

Membres du jury :

Président :	ELGROUD Rachid	Pr	Université Constantine 1, ISVK
Encadrante :	DIB Amira Leila	Pr	Université Constantine 1, ISVK
Co-encadrant :	KÜREKCI Cemil	Dr	Université Mustapha Kemal, Turquie
Rapporteur :	LAKHDARA Nedjoua	Pr	Université Constantine 1, ISVK
Rapporteur :	BENTCHOUALA Chafia	Pr	Université Constantine 3
Rapporteur :	CHAHED Amina	Pr	ENSV-Alger
Invitée d'honneur :	KAYOUECHE Fatima Zohra	Pr	Université Constantine 1, ISVK

Année universitaire 2022-2023

REMERCIEMENTS

A l'issue de ce travail, je remercie avant tout DIEU, le tout puissant, de m'avoir donné volonté, courage et patience pour enfin atteindre mes objectifs.

Mes remerciements s'adressent en premier, à ma directrice de thèse

Pr. Amira Leila DIB

Professeure en Hygiène et Sécurité des Aliments, à l'Institut des Sciences Vétérinaires, Université Constantine1 et membre du laboratoire de recherche « GSPA ». Envers qui je suis particulièrement reconnaissant. Je tiens à la remercier pour son encadrement, sa gentillesse et la confiance qu'elle m'a accordé en acceptant de diriger ce travail.

Au Dr. Cemil KÜREKCI

Enseignant chercheur au département d'hygiène et de technologie alimentaires, Faculté de médecine vétérinaire, Université Mustafa Kemal de Hatay, Turquie. Mon Co-encadrant, qui a mis à ma disposition les conditions matérielles nécessaires pour la réalisation de ce travail, pour sa disponibilité et ses remarques pertinentes.

Au Dr. Mohammed GAGAOUA

Chercheur à PEGASE, INRAE Rennes, France, pour son aide dans la correction de ce manuscrit, sa disponibilité et sa gentillesse.

A Monsieur El-Hacene BERERHI

Professeur, directeur de l'Institut des Sciences Vétérinaires. Pour sa disponibilité, sa générosité. J'apprécie fortement ses hautes qualités scientifiques et valeurs humaines.

Un hommage particulier est adressé à :

A Monsieur Rachid ELGROUD

Professeur à l'Institut des Sciences Vétérinaires, qui m'a honoré en acceptant de présider le jury.

A Madame Nadjoua LAKHDARA

Professeure à l'Institut des Sciences Vétérinaires, qui m'a fait l'honneur d'être l'une des examinateurs de ma thèse.

A Madame Chafia BENTCHOUALA

Professeure à la faculté de médecine, Université Constantine 3, qui m'a fait l'honneur de participer à mon jury de thèse.

A Madame Amina CHAHED

Professeure à l'ENSV Alger. C'est un réel plaisir de l'avoir comme membre de jury. Sincères remerciements.

Mon profond respect et remerciements à Madame Fatima Zohra KAYOUECHE

Professeure à l'Institut des Sciences Vétérinaires Qui m'a fait l'honneur d'avoir accepté de participer à mon jury de thèse, comme invitée d'honneur.

A Monsieur Abdelmalek BEN MEKHLOUF

Professeur à l'institut des sciences vétérinaires, mon encadrant de magistère pour son soutien, ses précieux conseils et sa disponibilité.

A Madame Faiza ZEMMOUCHI-TEKKOUK

Professeure à l'Institut des Sciences Vétérinaires, pour son aide dans la correction de ce manuscrit, sa disponibilité et sa gentillesse.

A Monsieur **OUALBANI Karim**, ingénieur du laboratoire d'HIDAOA, à l'institut des Sciences Vétérinaires, qui m'a accueilli à bras ouverts au sein du laboratoire et a mis à ma disposition les conditions nécessaires pour la réalisation de ce travail.

A Monsieur **Abdennour AZIZI**, Maître-assistant à l'université de Batna 1, pour son aide dans l'étude statistique, ses nombreuses remarques et suggestions et sa disponibilité.

A Mademoiselle **Sameh BAGHEZZA**, inspectrice et docteur à l'université de Batna 1, pour ses encouragements, ses orientations et sa gentillesse.

A Monsieur **KASSAH AbedRaouf**, Docteur vétérinaire et fournisseur de matériels de laboratoire, pour sa disponibilité, son aide et sa gentillesse.

A Monsieur **Sofiane BEKAKRA**, pour son aide précieuse, son soutien et ses encouragements. Merci à tous les vétérinaires de la DSA et des subdivisions et les praticiens privés de la wilaya d'Oum El Bouaghi et Constantine surtout : BOUSSAÂDA Amina, FOUGHALI Mina Asma, NEDJOUR Amina, MESSAI Naima, CHEBOUT Hadia, FORTAS Zina, HAMZA Amel, BENLAMRI Ilhem, BENSIZRARA Sihem, BEGHOU Ouarda, MAAREF Nedjemeddine,

YAHY Sofiane, DJERBOUAA Mousaab, ZERDANI Fethi, GHOUHAL Ouiza, BOUKHIL Yacine, FILALI Ismail , HABES Soumia, CHIHA Nabil et LAAJALI Lamisse, SABAA Lilia Hinda et KAMLI Chadia, SAHRAOUI Hiba pour leur motivation et disponibilité.

Je remercie également tous les éleveurs et les ouvriers des abattoirs qui ont accepté de participer à ce projet et nous ont accueilli dans leurs exploitations. En espérant avoir répondu, au moins un peu, à leurs questions.

A mes parents, sans qui je n'aurais jamais réalisé mon rêve et surpassé mes handicaps. Pour le soutien inconditionnel et l'amour qu'ils m'ont apporté.

Je remercie mes frères, **Karim, Mohamed, Nabil Abedallah, Imed, Ilyes, Yaakoub**. Et mes sœurs : **Habiba et Khaoula**, mes beaux-frères : **El-hadi et Moumene** qui ont toujours été là pour moi.

A mes belles sœurs : **Nadia, Sissa, Karima et Soumia** Pour leur présence à mes côtés.

Je remercie très spécialement mon ami proche, **BEGHOU Nedjmeddine** pour son soutien inconditionnel et son encouragement.

Je remercie mon ami **LAMRI Bilel**, et **SOLTANE mehyeddine** à qui je dois ma reconnaissance et mon attachement. Enfin, je remercie tous mes collègues(e)s que je respecte tant : **ABBED Meriem, BOUZID Oualid, OUKSSEL Romana, HADJRISSE Hacene, BELKHARCHOUHE Ilyes, BOUCHAGRA Nadhira, OULMI Nafissa et HERRAT Razika, NAGA Bilel.**

DEDICACES

A ma très chère MAMAN

Ta prière et ta bénédiction m'ont été d'un grand secours pour mener à bien mes études. Tu as fait plus qu'une mère puisse faire pour que ses enfants suivent le bon chemin dans leur vie et leurs études.

Puisse Dieu, le tout puissant, vous préserver et vous accorder santé, longue vie et bonheur.

A mon très cher PAPA

De tous les pères, tu as été le meilleur, tu as su m'entourer d'attention, m'inculquer les valeurs nobles de la vie, m'apprendre le sens du travail, de l'honnêteté et de la responsabilité. Merci d'avoir été toujours là pour moi, un grand soutien tout au long de mes études. Prompt rétablissement.

A mes très chers frères et sœurs

Pour le soutien, les encouragements, les prières, qu'ils m'ont apportés tout au long de ma vie.

A mes amis

BEGHOU Nedjmeddine, LAMRI Bilel, SOLTANE Mehyeddine, CHLAGHMA Said, Merry ABBED. Au étudiants vétérinaires promotion 2020, particulièrement : Ahmed ZOUIKRI ; Rayane MERRAD ; Daoud CHERAITIA ; Messaoud TROUNI et Hichem SOUALAH.

À tous les membres de la famille **GHOUGAL** sans aucune exception. Et à tous ceux, pour qui ma réussite tient à cœur.

TABLE DES MATIERES

Liste des abréviations.....	I
Liste des figures.....	VI
Liste des tableaux.....	VIII
INTRODUCTION.....	1

REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I : ÉLEVAGES ET PRODUCTIONS ANIMALES

I.1. Élevages.....	04
I.1.1. Élevage dans le monde.....	04
I.1.2. Élevage en Algérie.....	05
I.1.2.1. Élevage bovin.....	05
I.1.2.2. Élevage ovin.....	08
I.1.2.3. Élevage avicole.....	10
I.2. Productions animales.....	11
I.2.1. Viande rouge.....	11
I.2.1.1. Production dans le monde et en Algérie.....	11
I.2.1.2. Consommation dans le monde et en Algérie.....	13
I.2.2. Viande blanche.....	14
I.2.2.1. Production dans le monde et en Algérie.....	14
I.2.2.2. Consommation dans le monde et en Algérie.....	15

CHAPITRE II : EPIDEMIOLOGIE DES PRINCIPALES ENTEROBACTERIES PATHOGENES

II.1. Enterobacteriaceae.....	16
II.1.1. Généralités.....	16
II.1.2. Principales entérobactéries pathogènes.....	18
II.1.2.1. <i>Salmonella</i> spp.....	18
II.1.2.2. <i>Escherichia coli</i>	18
II.1.2.3. Autres bactéries pathogènes.....	19
II.2. Sources de contamination.....	20
II.2.1. Au niveau des exploitations.....	20
II.2.1.1. Animaux.....	21
II.2.1.2. Environnement.....	23
II.2.1.3. Alimentation.....	23
II.2.1.4. Plantes.....	24
II.2.1.5. Litière.....	24
II.2.1.6. Matériel d'élevage.....	24
II.2.1.7. Homme.....	24
II.2.2. Au niveau des ateliers d'abattage.....	25
II.2.2.1. Transport.....	25
II.2.2.2. Abattoir.....	25
II.2.3. Au niveau de la découpe et de la transformation.....	25
II.3. Modalités de transmission.....	26
II.3.1. Transmission verticale.....	26
II.3.2. Transmission horizontale.....	26
II.4. Maladies d'origine alimentaire.....	26
II.4.1. Définitions.....	26
II.4.2. Mécanismes d'apparition des toxi-infections alimentaires.....	27
II.4.3. Épidémiologie des TIAC.....	28

II.4.3.1. Au niveau mondial.....	28
II.4.3.2. En Algérie.....	31

CHAPITRE III : ANTIBIOTHERAPIE ET ANTIBIORESISTANCE

III.1. Généralités sur les antibiotiques.....	33
III.2. Classification des antibiotiques.....	33
III.2.1. Bêta-lactamines.....	34
III.2.2. Aminosides ou aminoglycosides.....	34
III.2.3. Phénicolés.....	35
III.2.4. Tétracyclines.....	35
III.2.5. Macrolides et apparentés.....	35
III.2.6. Sulfamides et triméthoprimes.....	36
III.2.7. Quinolones.....	36
III.2.8. Polymyxines.....	37
III.3. Mécanismes d'action des antibiotiques.....	37
III.3.1. Action au niveau de la paroi bactérienne.....	37
III.3.2. Action au niveau de la membrane cytoplasmique.....	38
III.3.3. Action au niveau du cytoplasme.....	38
III.3.3.1. Inhibition de la synthèse des protéines.....	38
III.3.3.2. Inhibition de la synthèse des acides nucléiques.....	38
III.3.3.3. Inhibition de la synthèse des folates.....	39
III.4. Antibiorésistance.....	39
III.4.1. Mécanisme de résistance.....	40
III.4.1.1. Modification de la cible.....	41
III.4.1.2. Mécanismes enzymatiques : production d'enzyme inactivatrice.....	41
III.4.1.3. Imperméabilité par la modification des porines.....	41
III.4.1.4. Efflux actif via des pompes.....	41
III.4.2. Émergence et transmission des résistances.....	42
III.4.2.1. Transfert du matériel génétique.....	42
III.5. Antibiorésistance des entérobactéries pathogènes.....	43
III.5.1. Résistance aux bêta-lactamines.....	44
III.5.2. Résistance aux aminosides et aux quinolones.....	47
III.5.3. Résistance aux sulfamides.....	47
III.5.4. Résistance à la colistine.....	47

CHAPITRE IV : METHODES DE SURVEILLANCE DES ENTEROBACTERIES PATHOGENES ET LEURS MESURES PREVENTIVES

IV.1. Méthodes de contrôle microbiologiques.....	48
IV.1.1. Marqueurs épidémiologiques.....	48
IV.1.1.1. Méthodes phénotypiques.....	48
IV.1.1.2. Méthodes génotypiques.....	48
IV.1.1.3. Méthodes immunologiques.....	51
IV.2. Mesures préventives.....	51
IV.2.1. Prescriptions applicables aux exploitations.....	51
IV.2.2. Prescriptions applicables au niveau des abattoirs.....	52
IV.2.3. Lutte contre l'antibiorésistance.....	53

PARTIE PRATIQUE

PARTIE I : Étude des facteurs de risque potentiels favorisant la contamination de la chaîne alimentaire par les entérobactéries pathogènes

I.1. Matériel & Méthodes.....	55
I.1.1. Matériel.....	55
I.1.1.1. Présentation de la région d'études.....	55
I.1.1.2. Période d'étude.....	55
I.1.1.3. Population cible.....	55
I.1.1.4. Échantillonnage.....	56
I.1.2. Méthodes.....	58
I.1.2.1. Enquête épidémiologique.....	58
I.1.2.2. Dénombrement et identification des bactéries.....	58
I.1.2.3. Évaluation des facteurs de risque.....	61
I.1.2.4. Analyse statistique.....	61
Chapitre 1 : Enquête épidémiologique	
I.1. Résultats & Discussion.....	62
I.1.1. Caractéristiques des exploitations.....	62
I.1.2. Caractéristiques des abattoirs.....	65
Chapitre 2 : Dénombrement et identification des bactéries	
II.1. Résultats & Discussion.....	69
II.1.1. Dénombrement et évaluation de l'hygiène.....	69
II.1.2. Identification des bactéries isolées.....	72
II.1.3. Interprétation du dendrogramme.....	83
Chapitre 3 : Analyse uni-variée des facteurs de risque	
III.1. Résultats & Discussion.....	87
III.1.1. Analyse uni-variée des facteurs de risque.....	87
III.2. Conclusion.....	93

PARTIE II : Étude de la sensibilité des entérobactéries pathogènes aux antibiotiques

I.1. Matériel & Méthodes.....	94
I.1.1. Enquête descriptive.....	94
I.1.1.1. Région d'étude.....	94
I.1.1.2. Choix de la population cible.....	94
I.1.1.3. Questionnaire.....	94
I.1.2. Évaluation de la sensibilité aux antibiotiques.....	95
I.1.2.1. Antibiotiques.....	95
I.1.2.2. Souches bactériennes.....	96
I.1.2.3. Antibiogramme.....	96
I.1.3. Détection et identification des gènes de résistance aux antibiotiques.....	97
I.1.3.1. Extraction de l'ADN par choc thermique.....	97
I.1.3.2. Amplification de l'ADN par PCR multiplex.....	97
I.1.3.3. Préparation du mélange réactionnel.....	98
I.1.3.4. Électrophorèse et lecture.....	99
I.1.4. Analyse statistique.....	99
Chapitre 1 : Utilisation des antibiotiques dans les élevages	
II.1. Résultats & Discussion.....	100

II.1.1. Enquête descriptive.....	100
II.1.1.1. Caractéristiques générales.....	100
II.1.1.2. Pathologies dominantes.....	102
II.1.1.3. Fréquence et mode d'utilisation des antibiotiques.....	103
II.1.1.4. Antibiotiques les plus utilisés.....	105
II.1.1.5. Voies d'administration.....	108
II.1.1.6. Durée du traitement.....	109
II.1.1.7. Motifs du choix de l'antibiotique.....	109
II.1.1.8. Respect de la dose prescrite dans la notice et le délai d'attente.....	111
II.1.1.9. Automédication.....	113
II.1.1.10. Lutte contre l'antibiorésistance.....	114

Chapitre 2 : Évaluation de la sensibilité des souches aux antibiotiques

II.2. Résultats & Discussion.....	115
II.2.1. Résistance des entérobactéries dans la chaîne alimentaire.....	115
II.2.1.1. Résistance aux antibiotiques.....	115
II.2.1.2. Résistance aux antibiotiques dans les exploitations.....	117
II.2.1.3. Résistance aux antibiotiques dans les abattoirs.....	119
II.2.1.4. Résistance aux antibiotiques dans les boucheries.....	120
II.2.2. Résistance des différentes espèces isolées.....	122
II.2.2.1. Résistance des souches <i>E. coli</i>	123
II.2.2.2. Résistance des <i>Enterobacter</i> spp.....	128
II.2.2.3. Résistance de <i>Klebsiella</i> spp.....	129
II.2.2.4. Résistance de <i>Proteus</i> et de <i>Citrobacter</i>	130
II.2.3. Multi-résistante.....	131
II.2.4. Fréquence des différents phénotypes de résistance aux bêta-lactamines.....	136

Chapitre 3 : Détection et identification des gènes de résistance aux antibiotiques

III.1. Résultats & Discussion.....	138
III.1.1. Identification des gènes de résistance aux antibiotiques.....	138
III.1.1.1. Détection moléculaire des gènes codant pour les β -lactamases.....	139
III.1.1.2. Détection moléculaire des gènes codant pour les quinolones.....	141
III.1.1.3. Détection moléculaire des gènes codant pour les sulfamides.....	144
III.2. Conclusion.....	148
DISCUSSION GENERALE.....	149
CONCLUSION GENERALE.....	153
RECOMMANDATIONS & PERSPECTIVES.....	155
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	157
ANNEXES	
ARTICLE SCIENTIFIQUE	
RESUMES	

LISTE DES ABRÉVIATIONS

A

AAC : acétyltransférase
ADN : Acide Désoxyribonucléique
AFSSA : Agence Française de Sécurité Sanitaire des Aliments
Ag : Antigène
AK : Amikacine
AMC : Amoxicilline + Acide clavulanique
AMG : Aminoglycosides
AMP : ampicilline
AmpC : Céphalosporinase de classe C β lactamase
Anses : Agence Nationale de Sécurité Sanitaire
ANT : nucléotidyl transférase
AMX : Amoxicilline
API 20E : Analytical profile index 20E (E : Entérobactéries).
ATM : Aztréonam

B

BCC : Bouillon cœur cerveau
BET : Bromure d'éthidium BGN : Bacille à Gram négatif
BLSE : β -lactamases à spectre étendu
BLA : Bovin laitier amélioré
BLM : Bovin laitier moderne BLL : Bovin laitier local
BMR : Bactéries Multi-Résistantes
bp : paire de bases
BPH : Les bonnes pratiques d'hygiène
BTS :Bacterial test standard

C

C : Concentration
C° : Celsius
CA-SFM : Comité de l'antibiogramme de la Société Française de Microbiologie
CDC : Center for Disease Control
Cf : Coliformes fécaux

CFP : Céfopérazone
C1G : Céphalosporines de première génération
C2G : Céphalosporines de deuxième génération
C3G : Céphalosporines de troisième génération
C4G : Céphalosporines de quatrième génération
cAmpC : β -lactamase de classe C (céphalosporinase chromosomique)
CA-SFM : Comité de l'Antibiogramme de la Société Française de Microbiologie
CAZ: Céfotazidime
CIP: Ciprofloxacine
CLSI: Clinical and Laboratory Standards Institute
CMI : Concentration minimale inhibitrice
CMY : Résistance aux Céphamycines
CN : Gentamicine
CT : Colistine
CTX-M : Résistance au céfotaxime, premier isolement à Munich
CU : Commission européenne

D

DSA : Direction des Services Agricoles
dNTP : Désoxynucléotides triphosphate

E

EAEC : entéroaggrégative *E. coli*
E.coli : *Escherichia coli*
EDTA : Acide éthylène diamine tétra acétique
EDS : Eau distillée stérile
EFSA : Autorité Européenne de Sécurité des Aliments
ECDC : Centre Européen de Prévention et de Contrôle des maladies
EHEC ou VTEC : entérohémorragic *E. coli*
EPEC : Entéropathogenic *E. Coli*
EPC : Entérobactéries productrices de carbapénémases
ETEC: Entérotoxigenic *E. coli*
EUCAST: European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases
EDTA : Éthylène diamine tétra-acétique

ETP : Ertapénème

F

FAM: Flore Aérobie Mésophile

FAO: Food and Agriculture Organization

FDA: Food and Drug Administration

FF: Fosfomycine

FOX: Céfoxitine

G

g : gramme

GNS : Gélose Nutritive Saline

GS : Gélose au sang

H

HCCA : Alpha cyano-4- hydroxy-cinnamicacid

HPLC: High-performance liquid chromatography

h: heure

I

I : Intermédiaire

IP : Institut Pasteur

INSP : Institut National de Santé Publique

IP : Indice de Peroxyde

ISO : Organisation Internationale normalisation

IMP: Imipenem resistant Pseudomonas

IPM: Imipénème

J

JO: Journal officiel

K

KPC: Klebsiella pneumoniae carbapenemase

L

LPS:Lipopolysaccharides

M

MADR : Ministère de l'Agriculture et de Développement Rural

MALDI-TOF MS: Matrix-assisted laser desorption/ionisation, TOF: Time-of flight mass spectrometry

MBL: Métallo β -lactamase MC: MacConkey

MCNP test: Carba-NordmannPoirel-Test modifié

mg: Milli gramme

MH: Muller-Hinton mL: millilitre

mn: Minutes

Mm: Millimètre

MLST : Multi-locus sequencing

MRA : Multirésistance aux antibiotiques

N

N : Néomycine

n : Nombre

NaCl : Chlorure de sodium

NCCLS: Clinical and Laboratory Standards nm: nanomètre

NPP : Nombre le Plus Probable

NSP : NeurotoxicShellfishPoisoning

NT : Non Toxinogènes

O

OB : Cloxacilline

OIE : Office International des Epizooties

OMS ou WHO : Organisation Mondiale de Santé ou World HealthOrganization

OTMA : Oxyde de triméthylamine

OX : oxacilline

P

PAGE : Poly Acrylamide Gel Electrophoresis

pAmpC : β -lactamase de classe C (céphalosporinase plasmidique)

PASCRA : Plan Algérien de Surveillance des Contaminants et Résidus dans les Aliments

Pb : Paire de bases

PCA : Plate Count Agar

PCR: Polymerase chain reaction

PFGE: Pulsed Field Gel Electrophoresis

pH : potentiel hydrogène
PER : Pseudomonas extended resistance
PLP : Protéines liant les pénicillines

R

Rv: Reverse

S

SHV: Sulfi-Hydroxile variable
SXT : Triméthoprime/Sulfaméthoxazole

T

TFA : Acide TriFluorocétique
TGC : Tigécycline
T/m : Tour par minute
TRI : Témoin résistant aux inhibiteurs
TS : Trypticase soja
TSB : Trypticase Soja Bouillon
TSI : Triple sugariron

U

UE : Union Européenne
UFC : Unité formant colonie
UP: Ultra-pure
US: United States UV: Ultra Violet

V

V : Volte
VF : Viande foie
VRBL : Violet Red Bile Lactose

X

XLD : Xylose-Lysine-Désoxycholate
% : Pourcent

V

LISTE DES FIGURES

FIGURES	TITRES	PAGES
Figure 1	Répartition mondiale des bovins	04
Figure 2	Évolution du cheptel bovin en Algérie	07
Figure 3	Répartition des principales races ovines en Algérie	08
Figure 4	Évolution du cheptel ovin en Algérie	09
Figure 5	Pays contribuant le plus à l'augmentation de la production par type de viande, évolution entre 2014-16 et 2026	12
Figure 6	Productions animales en Algérie	13
Figure 7	Graphique de consommation des viandes par habitant, par pays ou par région	14
Figure 8	Structure et aspect microscopique des <i>Enterobacteriaceae</i>	17
Figure 9	Source de contamination par les entérobactéries au niveau des élevages	21
Figure 10	Différents types d'infections bactériennes alimentaires	28
Figure 11	Notification des zoonoses humaines confirmées dans l'UE en 2020	29
Figure 12	Chronologie de la découverte des principales classes d'antibiotiques	34
Figure 13	Différents modes d'action des antibiotiques	37
Figure 14	Action des antibiotiques et des résistances	40
Figure 15	Différents mécanismes d'acquisition de résistance chez les bactéries	42
Figure 16	Répartition des différents mécanismes de résistance aux antibiotiques sur le territoire algérien	44
Figure 17	A-Distribution mondiale des entérobactéries productrices de carbapénémase de type KPC, NDM et OXA-48 B-Distribution mondiale des entérobactéries productrices de carbapénémase de type NDM C-Distribution mondiale des entérobactéries productrices de Carbapénémase de type OXA-48	45-46
Figure 18	Principe de la spectrométrie de masse de type MALDI-TOF	49
Figure 19	Carte montrant l'emplacement des fermes, des abattoirs et des boucheries étudiés dans la province d'Oum El-Bouaghi, Algérie	56
Figure 20	Pourcentage des entérobactéries identifiées par galeries biochimiques dans l'ensemble des prélèvements	74
Figure 21	Pourcentage des entérobactéries identifiées par spectrométrie de masse de type MALDI-TOF dans l'ensemble des prélèvements	75

Figure 22	Répartition des entérobactéries dans les fermes avicoles	76
Figure 23	Répartition des entérobactéries dans les fermes bovines	76
Figure 24	Répartition des entérobactéries dans les fermes ovines	77
Figure 25	Répartition des entérobactéries dans les abattoirs à viande rouge	79
Figure 26	Répartition des entérobactéries dans les abattoirs à viande blanche	79
Figure 27	Répartition des entérobactéries dans les boucheries	82
Figure 28	Arbre phylogénique des clones des souches <i>E.coli</i>	84
Figure 29	Arbre phylogénique des clones des souches <i>E. cloacae</i>	84
Figure 30	Expérience professionnelle des vétérinaires	102
Figure 31	Activités principales des vétérinaires	102
Figure 32	Pathologies dominantes en élevages bovin et ovin	103
Figure 33	Pathologies dominantes en élevage avicole	104
Figure 34	Fréquence et mode d'utilisation des antibiotiques	105
Figure 35	Voies d'administration les plus fréquemment utilisées	109
Figure 36	Choix d'antibiotiques selon les vétérinaires	110
Figure 37	Respect de la dose, de la durée de traitement et du délai d'attente par les éleveurs	112
Figure 38	Avis des vétérinaires sur l'utilisation des antibiotiques par les éleveurs dans le traitement des maladies infectieuses	114
Figure 39	Taux de résistance des entérobactéries isolées dans la chaîne alimentaire, aux antibiotiques	118
Figure 40	Pourcentage de résistance des entérobactéries isolées par type d'exploitations, aux antibiotiques	119
Figure 41	Taux de résistance des entérobactéries isolées dans les exploitations, par antibiotique testé	119
Figure 42	Pourcentage de résistance des entérobactéries isolées par type d'abattoirs, aux antibiotiques	120
Figure 43	Taux de résistance des entérobactéries isolées dans les abattoirs, aux antibiotiques	121
Figure 44	Taux de résistance aux antibiotiques des entérobactéries isolées dans les boucheries	122
Figure 45	Profil électrophorétique des produits de PCR du gène <i>bla_{cmv-2}</i>	140
Figure 46	Profil électrophorétique des produits de PCR du gène <i>Aac(6)-Ib</i> , <i>qnrA1</i> , <i>qnrS2</i> et <i>qnrB1</i>	142
Figure 47	Profil électrophorétique des produits de PCR du gène <i>sul1</i> et <i>sul2</i>	146
Figure 48	Profil électrophorétique des produits de PCR du gène <i>sul3</i>	146

LISTE DES TABLEAUX

Tableaux	TITRES	PAGES
Tableau 1	Nouvelle classification de la famille des <i>Enterobacteriaceae</i>	16
Tableau 2	Répartition des prélèvements dans les exploitations, abattoirs et boucheries	57
Tableau 3	Évaluation de la contamination globale selon les sites de prélèvements (moyenne ± écart Type)	69
Tableau 4	Prévalence des entérobactéries dans les différents prélèvements	73
Tableau 5	Définition et distribution des variables explicatives retenues pour l'analyse de la contamination des fermes, des abattoirs et des boucheries par les entérobactéries	88
Tableau 6	Noms, abréviations et doses des antibiotiques utilisés (EUCAST, 2019)	97
Tableau 7	Amorces utilisées pour les réactions de PCR	99
Tableau 8	Mélange réactionnel pour PCR multiplex	99
Tableau 9	Étapes de l'amplification de l'ADN	99
Tableau 10	Fréquence d'utilisation des antibiotiques en élevages	107
Tableau 11	Fréquence de l'antibiorésistance dans la chaîne alimentaire	117
Tableau 12	Pourcentage de sensibilité et de résistance des espèces isolées	123
Tableau 13	Différents types de profils de résistance des souches isolées	132
Tableau 14	Phénotypes de sensibilité et de résistance des espèces bactériennes	133
Tableau 15	Phénotypes de résistance des espèces bactériennes selon les différentes familles d'antibiotiques	136
Tableau 16	Distribution des principaux phénotypes de résistance aux bêta-lactamines observés en pourcentage (%)	137
Tableau 17	Répartition des gènes de résistance isolés	139
Tableau 18	Pourcentage des gènes de résistance aux sulfamides	145

INTRODUCTION

INTRODUCTION

Depuis plusieurs décennies, les maladies d'origine alimentaires constituent la cause la plus fréquente des maladies intestinales chez l'homme, dans la plupart des pays et sont provoquées majoritairement par des entérobactéries pathogènes, constituant un problème réel ou potentiel dans toutes les parties du monde. Elles font l'objet de préoccupations dans de nombreux secteurs et continuent à inquiéter l'opinion publique, à mobiliser les circuits de consommation, de production et de commercialisation des produits d'origine animales et à monopoliser les chercheurs et les responsables de la santé publique. En effet, elles ont une importance considérable dans les domaines vétérinaire et médical, tant par les pertes économiques, liées aux diminutions de productions, aux saisies et aux coûts des moyens et contrôles de préventions, que par la forte incidence des toxi-infections alimentaires collectives, dans un contexte actuel où une sécurité sanitaire absolue est exigée par le consommateur **(Carlier & Lagrange, 2001)**.

En outre, l'Algérie à l'instar des pays en voie de développement, a recentré le concept de la sécurité sanitaire des aliments à travers des mesures institutionnelles et administratives visant à améliorer l'accès des populations à une nourriture abondante tant en quantité qu'en qualité. Ainsi, différentes actions ont été entreprises depuis que ce concept a pris le dessus sur celui de l'autosuffisance alimentaire. Les différents plans initiés ont pris en compte cette notion dans toute stratégie de développement national **(Harrag Masbah & Youssef, 2019)**.

La sécurité sanitaire des aliments est devenue un enjeu majeur pour les pouvoirs publics, les consommateurs et les professionnels de produits destinés à la consommation humaine. Cette sécurité passe, en particulier, par la maîtrise de la contamination des produits alimentaires, par les bactéries pathogènes **(Elgroud, 2009)**.

Aussi, il est essentiel de prendre en considération le problème de la contamination des élevages tant pour son impact sur la santé publique que pour les répercussions économiques non négligeables qu'il peut engendrer. Or, si la contamination de la viande est possible à tous les niveaux de la chaîne alimentaire, la période d'élevage représente une étape critique pour le développement des entérobactéries pathogènes.

Les abattoirs constituent également l'un des points critiques majeurs de l'hygiène des viandes et 80 à 90% de la microflore retrouvée dans la viande provient des abattoirs. De plus, les manipulations non hygiéniques pendant l'abattage et la préparation des carcasses conduisent à des contaminations superficielles très importantes, qui peuvent affecter la santé du consommateur et la qualité de la viande **(Cheghib, 2015)**.

D'autre part, l'accroissement et l'accumulation des résistances aux antibiotiques est un autre aspect du problème de santé publique, en raison de l'émergence et de l'expansion rapide des entérobactéries pathogènes résistantes aux antibiotiques. Jusqu'à la fin des années 1990, les bactéries résistantes aux antibiotiques étaient essentiellement isolées chez les patients hospitalisés. Néanmoins, ce n'est plus le cas aujourd'hui, la résistance aux antibiotiques est également observée en dehors de l'hôpital (**Muylaert & Mainil, 2013**).

En outre, leur utilisation abusive et leur administration sans respect du délai d'attente contribuent également à une sélection progressive de résistances vis-à-vis de différentes familles d'antibiotiques (**Harbottle *et al.*, 2006; Levy, 2014**).

En revanche, la prise de conscience de la gravité du phénomène d'antibiorésistance est relativement récente. Depuis les années 2000, les plans et recommandations au sujet de la lutte et de la surveillance de l'antibiorésistance, comme du bon usage des antibiotiques, se sont multipliés, tant en médecine humaine que vétérinaire, au niveau national et à l'échelle européenne et internationale.

Ainsi, l'absence de systèmes de surveillance et de contrôle peut favoriser l'apparition de nombreuses pathologies chez l'homme, engendrant un réel problème de santé publique.

Pour tenter de maîtriser la sécurité sanitaire des aliments et de prévenir les crises sanitaires alimentaires, la surveillance des microorganismes et l'usage des antibiotiques depuis la production primaire (exploitations), en passant par la transformation (abattoirs), jusqu'à la distribution des denrées alimentaires (boucheries), est indispensable.

Ces différents aspects ont suscité l'intérêt de réaliser une étude qui a pour principal objectif, l'évaluation des facteurs de risques potentiels favorisant la contamination par les entérobactéries pathogènes et leur prévalence dans la chaîne alimentaire au niveau de l'Est algérien.

Notre travail s'articule autour de deux axes, une revue bibliographique qui aborde des notions relatives à l'élevage et aux productions animales dans le monde et en Algérie, l'épidémiologie des entérobactéries pathogènes, l'antibiorésistance et les méthodes de contrôle et enfin les mesures préventives et une partie expérimentale, partagée en deux parties pratiques divisées en plusieurs chapitres.

Ainsi, l'objectif de cette étude consiste à déterminer les facteurs de risque potentiels favorisant la contamination de la chaîne alimentaire par les entérobactéries pathogènes, à déterminer la sensibilité des entérobactéries pathogènes isolés, aux antibiotiques et à identifier les gènes de résistance.

REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I
ÉLEVAGES ET PRODUCTIONS ANIMALES

I.1. Élevages

I.1.1. Élevage dans le monde

Aujourd'hui, l'élevage représente 40 % de la production agricole mondiale et assure ainsi les moyens d'existence et la sécurité alimentaire de 45 millions d'éleveurs dans les pays développés et de 1,3 milliard dans les pays en voie de développement. Aussi, afin de répondre à la forte demande mondiale en viandes et en lait et de s'adapter à une mutation des modes de production telle que la commercialisation, l'élevage fait face à un défi majeur qui consiste à augmenter ses volumes de production tout en préservant les ressources naturelles, les multiples formes d'agriculture et les paysans qui en dépendent (FAO, 2018).

En effet, selon la FAO (2018), 1,7 milliard de bovins, 1,9 milliard de moutons et de chèvres, 980 millions de porcs et 19,60 milliards de poulets sont élevés sur notre planète.

La carte ci-dessous (Figure 1), indique la répartition mondiale des bovins et les principaux bassins d'élevage à relier au climat de chaque grande région. Ainsi, l'Inde est de loin le premier pays par sa population bovine (330 millions de bovins et buffles), suivi par le Brésil (219 millions), la Chine 137 (millions) et enfin les États-Unis (89 millions).

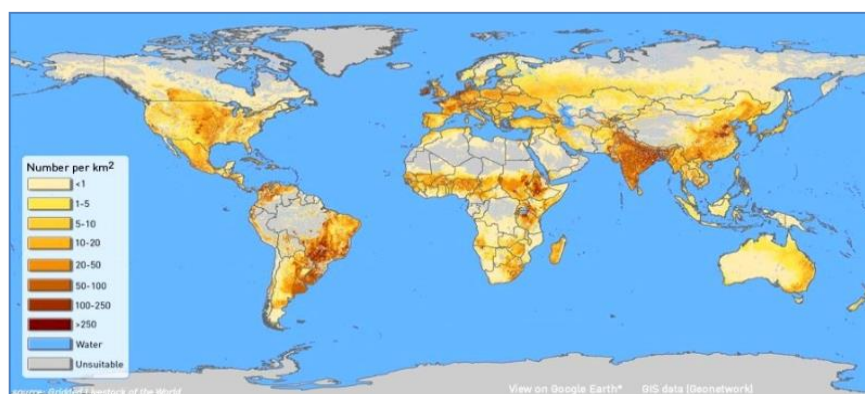


Figure 1 : Répartition mondiale des bovins (FAO, 2018)

En 2019, le cheptel ovin a été estimé à 1,23 milliards de têtes ovines dans le monde. Ainsi, l'Asie, concentre une forte population ovine avec plus de 527 millions d'ovins, suivie de près par l'Afrique qui rassemble plus de 407 millions d'ovins, tandis qu'en Europe, le nombre de ces animaux est estimé à plus de 127 millions de têtes (FAO, 2019). De ce fait, la Chine occupe la première place et compte à elle seule plus de 163 millions de têtes ovines en 2019, suivie par l'Inde avec 74,2 millions d'ovins. De plus, d'après la FAO (2019), l'Australie est considérée comme le troisième pays dans l'élevage ovin dans le monde avec 65 millions de

têtes. Par ailleurs, l'Algérie occupe la 16^{ème} place et, est classée entre le Royaume-Uni et le Sud du Soudan avec un effectif de 32 millions de têtes ovines et caprines.

En outre, la viande de volaille représentait environ 37 % de la production mondiale de viandes en 2017 et continue à se développer et à s'industrialiser dans de nombreuses régions du monde. En effet, la croissance de la population, l'urbanisation et un plus grand pouvoir d'achat ont été de puissants moteurs favorisant cette croissance.

Les États-Unis d'Amérique ont les plus grands producteurs de viandes de volailles à l'échelle de la planète et produisent 18 % de la production mondiale, viennent ensuite la Chine, le Brésil et enfin la Russie (FAO, 2018).

I.1.2. Élevage en Algérie

I.1.2.1. Élevage bovin

L'élevage bovin en Algérie est reparti en trois catégories dont le bovin local qui est représenté essentiellement par la petite Brune de l'Atlas, le bovin importé, représenté particulièrement par, la Holstein, la Montbéliarde, la Brune des Alpes, la Limousine, et la Tarentaise et le bovin issu du croisement entre le bovin local et l'importé (Filiachi, 2003).

* Races bovines

• Bovins laitiers locaux (BLL)

Tous les types de bovins autochtones de l'Afrique du Nord sont appelés race brune de l'Atlas dont l'ancêtre principale est « *Bos Taurus Primigineus Mauritanicus* », découvert par Thomas dans le quaternaire de l'Afrique du nord. Par ailleurs, d'autres pensent qu'elle a appartenu à deux races dont l'une Ibérique et l'autre Asiatique (Guerissi, 2009).

En outre, le cheptel bovin local est réparti exclusivement sur la partie nord de l'Algérie et sa concentration se localise à l'est du pays où l'on trouve plus de la moitié de l'effectif avec une prédominance des femelles (Filiachi, 2003).

• Bovins laitiers améliorés (BLA)

Ce sont des races issues de multiples croisements entre la race locale et les différentes races importées pour l'amélioration de la production, avec un potentiel génétique élevé, mais, leurs performances sont diminuées par rapport à leurs pays d'origine (Nedjraoui, 2001). Ainsi, les effectifs estimés à 555000 têtes, représentent 42 à 43% du cheptel national et assurent 40% de la production laitière (Bencharif, 2001).

- **Bovins laitiers modernes (BLM)**

Ces animaux sont constitués de races importées principalement de pays d'Europe, dont l'introduction avait débuté avec la colonisation du pays et comprennent essentiellement les races, Montbéliarde, Frisonne pie noire, Holstein et Brune des Alpes (**MADR, 2019**).

- * **Évolution des effectifs du cheptel bovin**

Selon le ministère de l'agriculture, les bovins sont localisés dans le Tell et les hautes plaines. La population locale représente environ 78% du cheptel, tandis que les races importées et celles issues de croisements avec le bovin local sont évaluées à environ 22%, dont 59% sont localisés au Nord-est (**MADR, 2019**).

En 2017, le cheptel bovin total était en baisse et a été évalué à 1895126 têtes contre 2080936 têtes en 2016 soit une diminution de (-9%). Par contre, il a été estimé à 1816280 têtes en 2018 et, est constitué de 52% de vaches laitières, 12% de génisses et près de 23% de veaux et de velles. Ainsi, comparativement à 2017, la race bovine a reculé de 4%, soit une réduction de 78 846 têtes en 2018.

En outre, l'effectif des vaches laitières a connu une augmentation entre 2006 et 2014 et, est passé de 847640 têtes en 2006 à 1072512 têtes en 2014, cependant, il a chuté en 2015 pour atteindre les 915400 têtes.

Ces variations seraient probablement dues aux disponibilités fourragères qui varient selon les années et dépendent en grande partie de la pluviométrie, puisque la majorité des cultures fourragères sont conduites à sec (le fourrage peut être frais et conservé à sec). Une autre cause de ces variations d'effectifs serait l'apparition durant cette période, de certaines maladies réputées dangereuses et contagieuses, en dépit du programme de prévention et de lutte mis en place par les pouvoirs publics et dont les maladies sont principalement, la fièvre aphteuse et la brucellose (**Figure 2**) (**ITELV, 2017**).

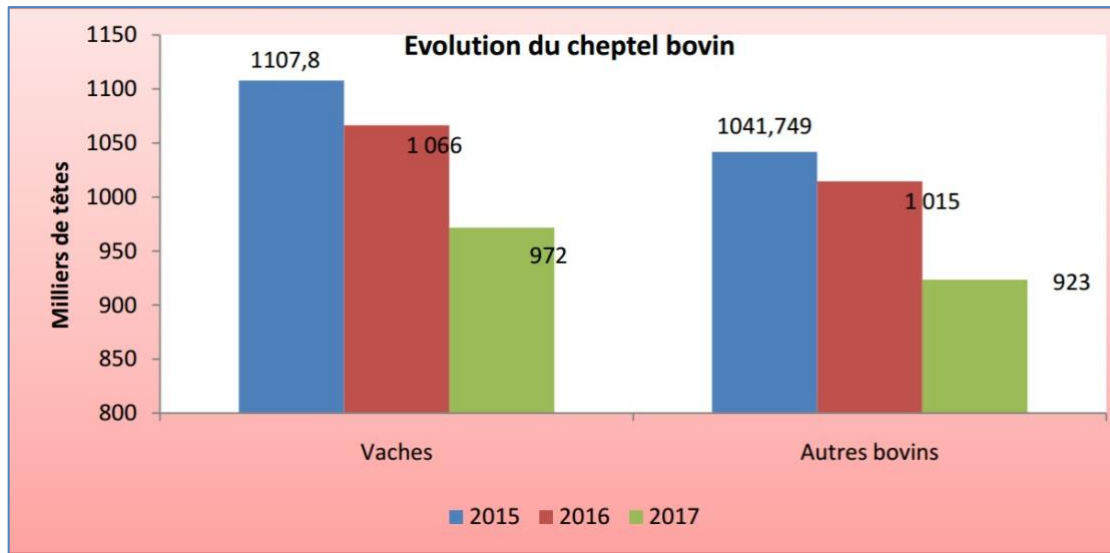


Figure 2 : Évolution du cheptel bovin en Algérie (MADR, 2019)

* Systèmes d'élevage

On peut distinguer trois grands systèmes de productions bovines en Algérie :

- **Système dit "extensif"**

L'élevage extensif ou pâturage extensif est une méthode d'élevage caractérisée par une faible densité par hectare d'animaux. Ce type d'élevage est essentiellement fondé sur l'utilisation des ressources naturelles disponibles telles que l'eau et le pâturage (**LegiFrance, 2019**).

Ainsi, le bovin conduit par ce système est localisé dans les régions montagneuses et son alimentation est basée sur le pâturage (**Adamou et al., 2005**). Cet élevage s'appuie sur un système traditionnel de transhumance entre les parcours d'altitude et les zones de plaines. Il concerne les races locales et les races croisées et correspond à la majorité du cheptel national (**Filiachi, 2003**).

- **Système intensif**

Sur une exploitation intensive, les animaux sont confinés dans des étables aux dimensions souvent réduites. L'alimentation et le nettoyage sont généralement automatisés afin de réduire la main d'œuvre (**LegiFrance, 2019**). La plupart des élevages bovins sont hors sol et le système intensif se localise dans les zones à fort potentiel d'irrigation et autour des grandes villes (**Yakhlef, 1989**).

- **Système dit "semi intensif"**

Ce système est localisé dans l'Est et le Centre du pays, et concerne le bovin croisé ou le bovin laitier amélioré (BLA), issu de croisement entre le bovin importé et le local (**Adamou et al., 2005**).

Ce système est à tendance viande mais fournit une production laitière non négligeable destinée à l'autoconsommation et parfois, un surplus est dégagé pour la vente aux riverains. De plus, ces élevages sont familiaux, avec des troupeaux de petites tailles. Par contre, le recours aux soins et aux produits vétérinaires est assez rare (**Filiachi, 2003**).

I.1.2.2. Élevage ovin

En Algérie, l'élevage ovin constitue une véritable richesse nationale pouvant être appréciée à travers son effectif élevé par rapport aux autres productions animales et particulièrement par la multitude de races présentes, ce qui constitue un avantage et une garantie sûre pour le pays (**Dekhili & Aggoun, 2013**).

* Races ovines

La diversité pédoclimatique offre à l'Algérie une extraordinaire diversité de races ovines, avec neuf races caractérisées par une rusticité remarquable, adaptées à leurs milieux respectifs (**Angr, 2003**). Les principales races sont présentées dans la **Figure 3**.

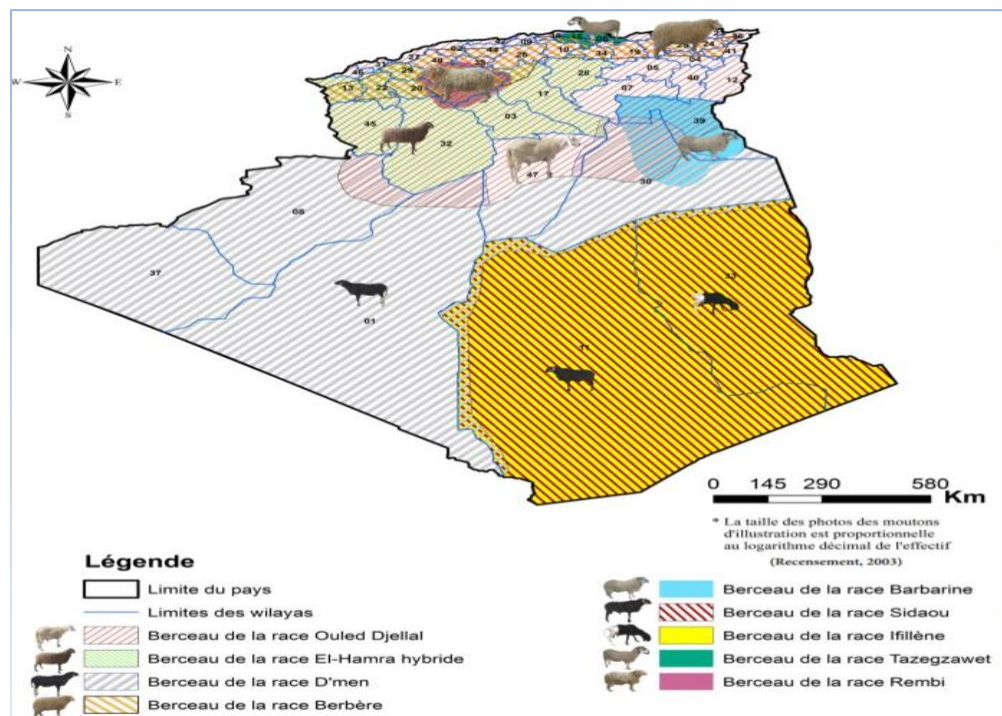


Figure 3 : Répartition des principales races ovines en Algérie (ITELV, 2017)

* Évolution des effectifs ovins

En 2018, l'élevage ovin est dominant avec un effectif de 28 393602 têtes. Ainsi, les ovins sont répartis sur toute la partie nord du pays, avec toutefois une plus forte concentration dans les hautes plaines céréalières et les parcours steppiques (MADR, 2019).

Aussi, les races locales ovines ont depuis toujours évolué dans un système de nomadisme sous un climat de type aride à semi-aride, caractérisé par une sécheresse quasi permanente. Les performances de production restent variables et semblent suivre les productions primaires des parcours. Cette forme d'adaptation est le fruit d'un processus d'accommodement progressif. Celui-ci aurait permis l'acquisition de certains caractères d'adaptation remarquables. En outre, le rôle des variables environnementales et génétiques est déterminant et la forme la plus remarquable consiste en l'acquisition des caractères morphologiques, qui les distinguent des autres races (Figure 4) (ITELV, 2017).

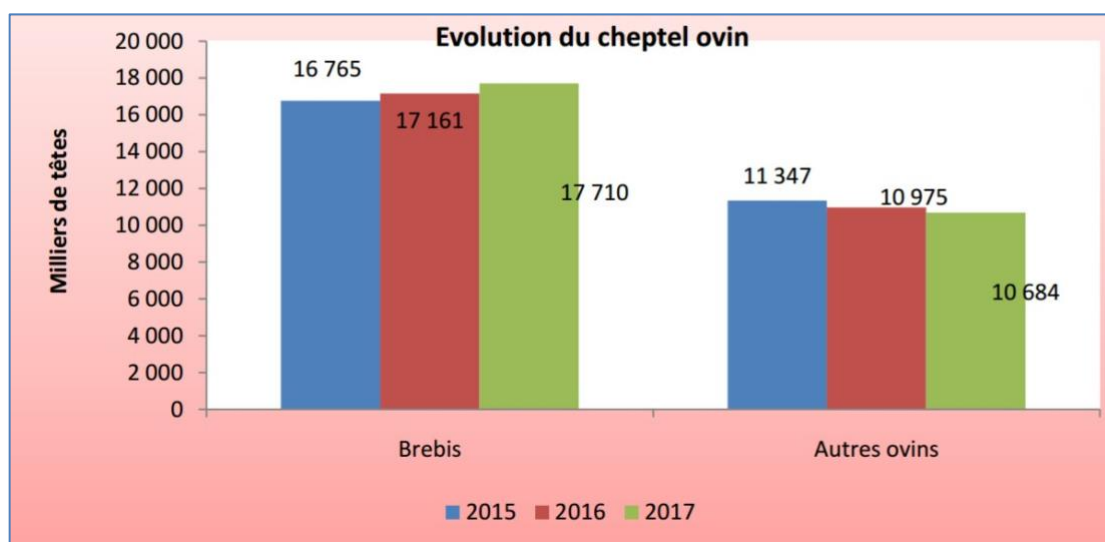


Figure 4 : Évolution du cheptel ovin en Algérie (MADR, 2019)

* Systèmes d'élevages

Les systèmes d'élevages ovins restent largement dominés par les races locales et se distinguent essentiellement par leur mode de conduite alimentaire (Rondia, 2006).

On y retrouve :

- **Système extensif**

Il se caractérise par une reproduction naturelle, non contrôlée que ce soit pour la charge bélier/brebis, la sélection, l'âge de la mise à la reproduction ou bien pour l'âge à la réforme. De plus, sa forte dépendance vis-à-vis de la végétation naturelle demeure très influencée par les conditions climatiques (**Harket, 2007**).

- **Système semi-extensif**

Il concerne les troupeaux qui sont sur les hauts plateaux à céréales, où ce système constitue un élément clé du système agraire de cette zone et qui se caractérise par la complémentarité céréaliculture et l'élevage ovin (**Angr, 2003 ; Chellig, 1992**).

- **Système intensif**

Il est représenté par les élevages en bergerie ou dans des enclos d'engraissement des agneaux prélevés des systèmes extensifs ou semi-extensifs de la steppe et des hautes plaines céréalières (**Adamou et al., 2005**).

I.1.2.3. Élevage avicole

- * **Place de la filière avicole en Algérie**

L'Algérie est classée parmi les premiers dans la production avicole des pays de la région du grand Maghreb réunissant l'Algérie, le Maroc, la Tunisie, la Mauritanie et la Lybie. En termes de nombre de têtes, elle constitue 20 à 35% du cheptel de la région selon les espèces. Ainsi, selon la **FAO (2018)**, elle a une production de 574 000 tonnes par an et, est juste derrière le Maroc, qui représente le premier pays producteur avec 33,27% de la production et 34,09% de la consommation de viandes de la région du Maghreb. De plus, avec un cheptel de poulets estimé à 124 000 000 sujets en 2017, l'Algérie est classée en 2^{ème} place dans la région du Grand Maghreb, après le Maroc qui compte 140 000 000 têtes et représente ainsi 34,71 % du cheptel de la région (**FAO, 2018**).

- * **Modes d'élevage du poulet**

Il existe deux types d'élevages du poulet dont l'élevage au sol et l'élevage aux batteries, qui sont soit intensifs ou extensifs.

*** Élevage intensif**

Il se fait pour les grands effectifs des poulets de chair et a pris sa naissance en Algérie avec l'apparition des couvoirs au sein des structures du Ministère de l'Agriculture et de la Révolution Agraire (M.A.R.A.), qui a créé l'O.N.A.B et l'O.R.AVI (**O.R.AVI.E., 2004**).

*** Élevage extensif**

Cet élevage se pratique pour les poules pondeuses. Il s'agit surtout des élevages familiaux de faibles effectifs qui s'opèrent en zone rurale. Les poules sont ainsi destinées à la consommation familiale ou élevées pour la production des œufs (**Belaid, 1993**).

D'autre part, l'élevage en batteries a récemment été introduit en Algérie et se fait pour les poules pondeuses, mais, il est beaucoup plus coûteux par rapport au premier. Ce type d'élevage, convient très bien au climat algérien (**Belaid, 1993**).

I.2.Productions animales**I.2.1. Viande rouge****I.2.1.1. Production dans le monde et en Algérie**

La production totale de la viande dans le monde en 2016 était estimée à 317 millions de tonnes et n'a globalement augmentée que de 1% en 2017. En outre, la hausse a été de près de 20 % au cours de la décennie écoulée (**FAO, 2018**).

Par ailleurs, en 2026, elle devrait augmenter de 13 % par rapport à la période de référence (2014-2016). D'autre part, cette production est toujours dominée par le Brésil, la Chine, l'Union européenne et les États-Unis (**Figure 5**) (**FAO, 2018**).

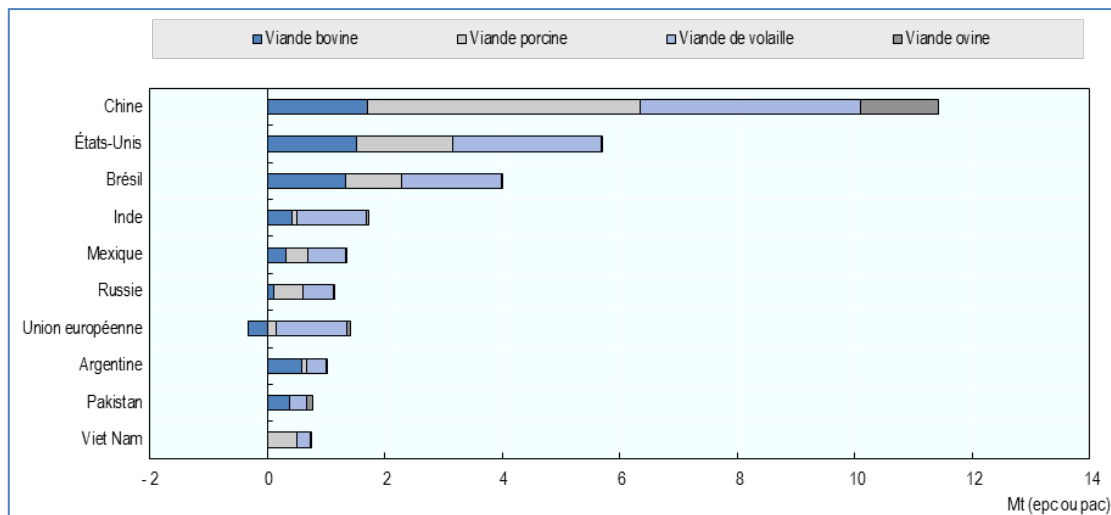


Figure 5 : Pays contribuant le plus à l'augmentation de la production par type de viandes, évolution entre 2014-2016 et 2026 (FAO, 2018)

En Algérie l'offre en viandes rouges étant fournie essentiellement par la production des espèces ovines (60%), bovines (30%) et les autres viandes (caprines, camelines) (10%), qui restent marginalisées et dont les niveaux de production sont modestes et localisés principalement dans le sud du pays (ITELV, 2021). En effet, les viandes rouges proviennent essentiellement des élevages extensifs ovins, bovins et caprins, qui représentent 98 % du total de la viande rouge. Par ailleurs, la participation des autres espèces comme les camélidés et les équidés est très marginale (2 %) (MADR, 2019).

Selon les chiffres officiels de l'office nationale des statistiques 2020, la production des viandes rouges au cours de l'année 2020 a atteint près de 529012 tonnes, soit une diminution de 2,7% par rapport à 2019 (MADR, 2021).

De plus, la production des viandes rouges a été évaluée à 4,7millions de quintaux (qx) en moyenne durant la période 2010-2017, soit une progression de 55% par rapport à la décennie précédente (3 millions de quintaux) (Figure 6).

Assurément, le cheptel ovin a fourni en moyenne durant la période (2010-2017), 334 970 qx de laine, soit une évolution de 54% par rapport à la décennie précédente (MADR, 2019).

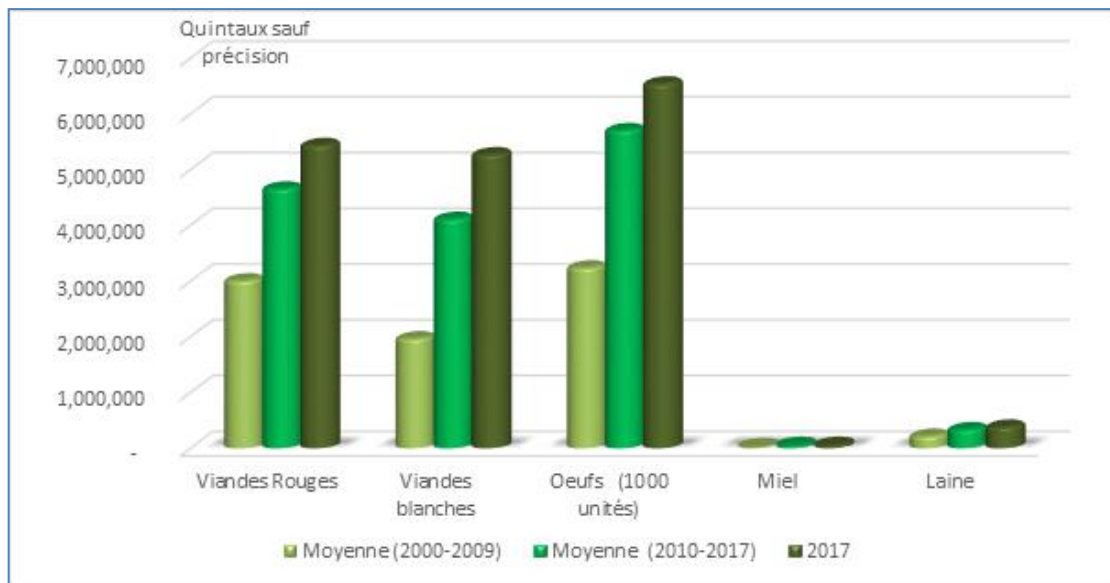


Figure 6 : Productions animales en Algérie (MADR, 2019)

I.2.1.2. Consommation dans le monde et en Algérie

La consommation mondiale de la viande a connu une augmentation remarquable au cours des dernières décennies, ce qui fait que sa progression a été supérieure à la croissance démographique (FAO, 2018).

À l'échelle mondiale, les flambées épizootiques et les politiques commerciales restent deux des principaux facteurs qui déterminent l'évolution et la dynamique du marché de la viande. Les autres facteurs pouvant avoir une incidence sur les perspectives sont notamment les préférences et les attitudes des consommateurs à l'égard de produits provenant d'animaux élevés en liberté et sans antibiotiques (Figure 7) (FAO, 2018).

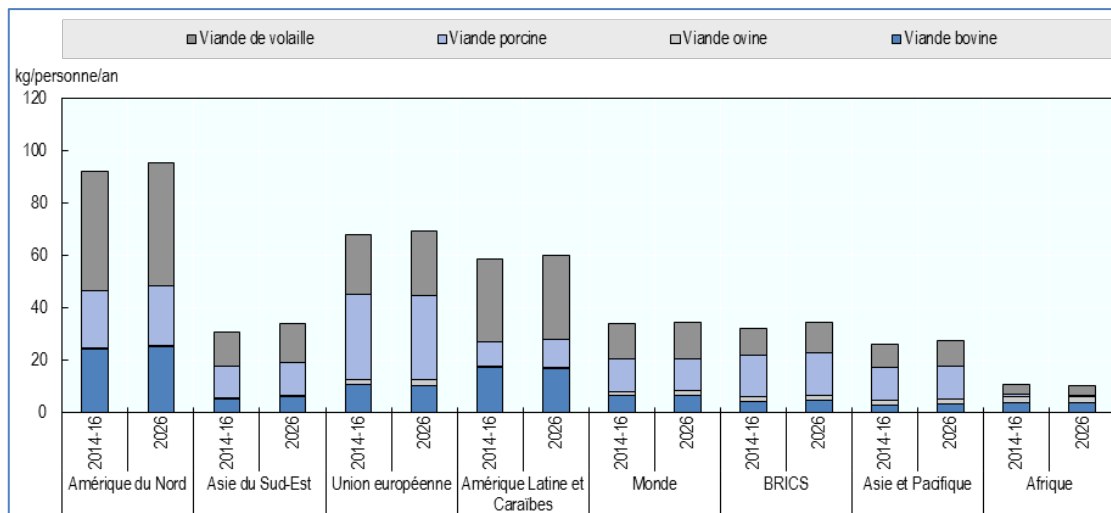


Figure 7 : Graphique de consommation des viandes par habitants et par pays ou région (FAO, 2018)

En Algérie, les besoins de consommation de la viande rouge sont estimés à plus de 370 000 tonnes par an, avec plus de 330 000 bovins produits localement et un solde de 50 000 tonnes provenant de sources externes (MADR, 2019).

Ainsi, ce pays est encore loin de la moyenne mondiale préconisée par la FAO et l'OMS en matière de consommation des viandes, en raison du problème de l'offre et de la demande. Avec un faible pouvoir d'achat, un kilo de viande à 1 200 dinars en moyenne reste hors de portée des bourses moyennes. Ce qui fait que le besoin de l'Algérie en viandes, tous types confondus, est d'un million de tonnes par an (MADR, 2019).

I.2.2. Viande blanche

I.2.2.1. Production dans le monde et en Algérie

La production mondiale de volailles (production avicole) en 2017 était estimée à 83,4 millions de tonnes. Elle constitue la 2^{ème} viande la plus consommée au monde avec 91,6 millions de tonnes en 2009 et 101 Mt en 2011. De plus, la production mondiale de volailles est restée en croissance durant les dernières années malgré un petit ralentissement lié à l'épizootie de l'influenza aviaire.

En outre, bien que la viande de volaille fait l'objet d'une demande accrue parce qu'elle est plus abordable que les viandes rouges, elle demeure le principal moteur de progression de la production totale des viandes. Aussi, ses faibles coûts de production et ses prix de vente peu élevés contribuent à en faire une viande de choix pour les producteurs et les consommateurs des pays en développement (FAO, 2018).

D'autre part, l'aviculture algérienne a produit 5.298.067 qx en 2017 contre 5.154.350 qx en 2016 et 4.634.522 qx en 2014.

Le taux de croissance pour la période allant de 2014 à 2017 a été de 8,7%, avec plus de 3 milliards d'œufs de consommation par an. L'élevage avicole est constitué de 20 000 éleveurs en employant environ 500 000 personnes et fait vivre environ 2 millions de personnes (**MADR, 2019**). En outre, en 2020, la production des viandes blanches, s'établit à près de 540369 tonnes, soit une augmentation de 2% par rapport à l'année écoulée (**MADR, 2021**).

I.2.2.2. Consommation dans le monde et en Algérie

Sur les 50 dernières années, quelle que soit la décennie considérée, le taux de croissance de la consommation de viandes de volailles a toujours dépassé 2 % par an. Ainsi, au cours des 10 dernières années, dans la plupart des pays de la planète, la consommation de la viande de volailles a progressé notamment dans les zones à fort pouvoir d'achat comme le Proche et le Moyen Orient (Koweït, Arabie Saoudite, Brunei), les îles des Caraïbes et dans certaines zones ayant un développement touristique important (**FAO, 2018**).

Par ailleurs, la consommation de la volaille en Algérie a enregistré une augmentation permanente au cours des vingt dernières années, estimée à 10 % chaque année, contre 2 à 3% au niveau mondial (**Hamiche, 2019**). Elle a ainsi doublé par rapport aux années 2000 et cela est dû probablement à la hausse du nombre d'habitants. De plus, la filière avicole a joué un rôle important pour assurer la sécurité alimentaire pour les citoyens et satisfaire la demande nationale en protéines animales, étant donné que les surfaces agricoles et les ressources en eau sont limitées (**Hamiche, 2019**).

CHAPITRE II

ÉPIDEMIOLOGIE DES PRINCIPALES ENTÉROBACTÉRIES PATHOGÈNES

II.1. *Enterobacteriaceae*

II.1.1. Généralités

Les *Enterobacteriaceae* constituent un grand groupe de bactéries ayant une forte similitude et dont la création a été proposée par Rahn en 1937. Par ailleurs, si le nom de famille est toujours maintenu, le classement des bactéries dans la famille a beaucoup évolué (**Joly & Reynaud, 2004**).

Selon **Adeolu *et al.* (2016)** l'ordre des Enterobacterales, est divisé en sept familles dont *Enterobacteriaceae*, *Erwiniaceae*, *Pectobacteriaceae*, *Yersiniaceae*, *Hafniaceae*, *Morganellaceae* et *Budviciaceae*. En effet, la famille des *Enterobacteriaceae* est le groupe le plus important et comprend 22 genres qui sont classés dans le **Tableau 1**.

Tableau 1 : Nouvelle classification de la famille des *Enterobacteriaceae* (**Jan-Roblero *et al.*, 2020**)

Famille	Genre	
<i>Enterobacteriaceae</i>	<ul style="list-style-type: none"> - <i>Atlantibacter</i>, - <i>Buttiauxella</i>, - <i>Cedecea</i>, - <i>Citrobacter</i>, - <i>Cronobacter</i>, - <i>Enterobacter</i>, - <i>Escherichia</i>, - <i>Franconibacter</i>, - <i>Klebsiella</i>, - <i>Kluyvera</i>, - <i>Kosakonia</i>, 	<ul style="list-style-type: none"> - <i>Leclercia</i>, - <i>Lelliottia</i>, - <i>Mangrovibacter</i>, - <i>Pluralibacter</i>, - <i>Raoultella</i>, - <i>Salmonella</i>, - <i>Shigella</i>, - <i>Shimwellia</i>, - <i>Siccibacter</i>, - <i>Trabulsiella</i>, - <i>Yokenella</i>

D'autre part, les *Enterobacteriaceae* sont largement retrouvées sur les plantes, dans le sol, dans l'eau et dans le tube digestif de l'homme et des animaux d'où leur nom. De plus, elles constituent une part prépondérante de la flore intestinale de l'homme, mais sont relativement rencontrées dans d'autres sites du corps (**Hamidechi & Meziani, 2011**). En outre, elles possèdent plusieurs types d'antigènes différents dont :

- L'antigène O : antigène de paroi constitué de lipopolysaccharides (LPS) thermostable, perdu chez les souches R (colonies rugueuses) qui deviennent auto-agglutinables en eau distillée.
- L'antigène H : antigène flagellaire (bactéries mobiles), constitué de flagelline thermolabile.
- L'antigène K : antigène capsulaire (*Klebsiella* et certaines souches *E.coli*, *Shigella*, *Citrobacter* et *Salmonella* « antigène Vi »), constitué de couches externes de polysaccharides qui peuvent masquer l'antigène O (une ébullition de 2 heures permet de démasquer l'antigène O chez ces souches).
- L'antigène de Kunin ou *Enterobacteriaceae* common antigen (ECA) constitué d'un glycophospholipide spécifique des entérobactéries ;
- L'antigène d'adhésine (pili , fimbriae) (**Figure 8**) (**Cohen, 2006**).

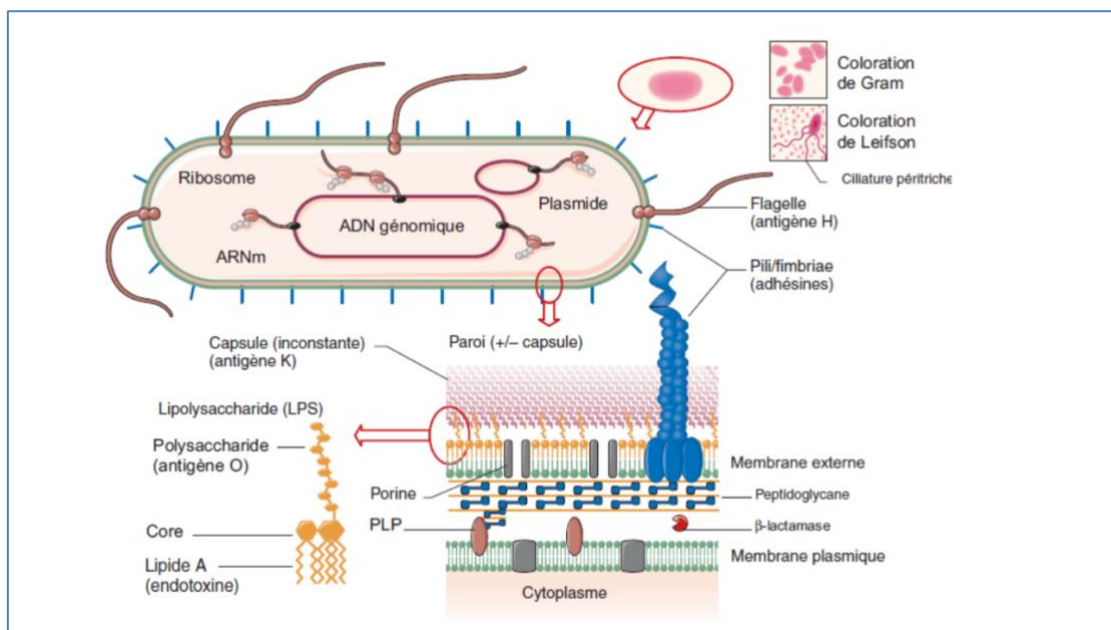


Figure 8 : Structure et aspect microscopique des *Enterobacteriaceae* (**François, 2019**)

En outre, les *Enterobacteriaceae* d'origine intestinale peuvent à différents degrés devenir agressives pour l'homme. La fréquence de leurs manifestations pathologiques est en augmentation et, est souvent due à l'existence chez ces espèces, de plasmides de résistance aux antibiotiques permettant leur sélection (**Frenay, 2006**). De plus, les pathogènes vrais, produisent des facteurs de virulence qui peuvent générer des infections très graves. Parmi ces derniers, *Salmonella typhi* responsable de la typhoïde, *Shigella dysenteriae* responsable de la dysenterie, *Escherichia coli* entérohémorragique (EHEC) responsable de syndrome hémolytique et urémique et *Yersinia pestis* agent de la peste. Ainsi, leur mise en évidence dans un prélèvement clinique devra toujours être prise en considération (**Frenay, 2006**).

II.1.2. Principales entérobactéries pathogènes

II.1.2.1. *Salmonella* spp.

Le genre *Salmonella* est un membre de la famille des *Enterobacteriaceae* communément classés en 2579 sérotypes selon le schéma de Kauffman-White, en considérant les différences dans les antigènes flagellaires (H), capsulaires (k) et somatiques (O) (**Lamas et al., 2018**).

Il existe 2 espèces principales de *Salmonella* : *Salmonella enterica* et *Salmonella bongori*. Cette dernière comprend 22 sérotypes qui sont principalement associés aux animaux à sang froid, mais les infections humaines à cette espèce sont rares. Quant à *S. enterica*, elle est divisée en 6 sous-espèces (*enterica*, *salamae*, *arizonae*, *diarizonae*, *houtenae* et *indica*), en raison des différences de caractéristiques biochimiques (**Grimont & Weill, 2007**). La sous-espèce *enterica* est responsable de plus de 99% des salmonelloses humaines et elle comprend 1 531 sérotypes parmi lesquels *Salmonella typhimurium* et *Salmonella enteritidis* (**Lamas et al., 2018**).

S. typhimurium est le sérovar le plus dominant dans le monde, il est associé à des épidémies d'origine alimentaires dans les pays en développement et à revenu élevé (**M. Mohammed, 2017**). *Salmonella newport* est principalement isolé dans les pays d'Amérique latine, d'Amérique du Nord et d'Europe; *Salmonella infantis* est présent dans le monde entier; *Salmonellavirchow* est présent plus fréquemment dans les pays d'Asie, d'Europe et d'Océanie; *Salmonella hadar* est présent dans les pays européens et *Salmonella agona* est présent dans les pays d'Amérique latine, d'Amérique du Nord et d'Europe (**Hendriksen et al., 2011**). Bien qu'il existe des différences dans les sérovars les plus fréquemment isolés entre les régions, les différences ne sont pas significatives entre les pays d'une même région (**Hendriksen et al., 2011**).

II.1.2.2. *Escherichia coli*

Le genre *Escherichia* fait partie de la famille des *Enterobacteriaceae*, appartenant à la classe des protéobactéries. C'est une bactérie versatile qui comprend, à la fois, des bactéries commensales du tube digestif, des bactéries pathogènes et des bactéries adaptées à l'environnement (**Tenaillon et al., 2010**).

Les souches *E.coli* pathogènes sont capables de se multiplier et de persister dans le tractus digestif de l'hôte en contournant les défenses immunitaires et en induisant des dommages cellulaires. L'étude des différents modes d'interactions entre l'hôte et la bactérie lors des infections permet de classer les souches *E.coli* pathogènes en deux principaux pathotypes

regroupant les pathogènes extra-intestinaux (ExPEC), responsables d'infections urinaires, de méningites chez les nouveau-nés ou de septicémies et les pathogènes intestinaux (InPEC) responsables de maladies entériques (**Dobrindt et al., 2010; Kern-Benaibout, 2006**).

Au sein de ces pathotypes, il existe une classification basée sur le phénotype de virulence de chaque souche, en prenant en considération les facteurs de virulence, l'environnement colonisé, les caractéristiques d'invasion et les pathologies induites (**Croxen et al., 2013; Müller et al., 2007**). Cette classification permet de classer les *E.coli* intestinaux en plusieurs variants pathogènes appelés «pathovars» à savoir les *E.coli* entéro-pathogènes (EPEC), les *E.coli* entéro-invasifs (EIEC), les *E.coli* entéro-agrégatifs (EAEC), les *E.coli* entéro-toxinogènes (ETEC), les *E.coli* à adhésion diffuse (DAEC) et les *E.coli* entéro-hémorragiques (EHEC) (**Croxen et al., 2013**).

En outre, il existe 174 antigènes O d'*E.coli* et 53 antigènes H d'*E.coli* qui ont été identifiés (**Croxen et al., 2013**).

Les *Escherichia coli* entéro-hémorragiques (EHEC) sont à l'origine d'infections potentiellement mortelles, susceptibles d'entraîner un syndrome hémolytique et urémique (SHU) chez l'homme, en particulier chez l'enfant. La pathogénicité des EHEC est principalement due à la production de toxines de Shiga (*Stx*) (**Kaper et al., 2004**). De nombreux sérotypes d'EHEC ont été associés à des cas de SHU, mais EHEC O157:H7 est l'un des principaux sérotypes responsables des cas de SHU en Europe et dans le monde (**Health & Welfare, 2012; Tack et al., 2019**). De plus, le principal réservoir des EHEC est le tube digestif des ruminants. Différentes voies de transmission des EHEC O157:H7 ont été décrites, mais la principale est la consommation d'eau et d'aliments contaminés. Les sérotypes O26, O45, O103, O111, O121 et O145 (également connus sous le nom de Big 6) sont les souches de STEC non O157 les plus couramment rencontrées (**Heredia & García, 2018**).

En outre, les épidémies de O157:H7 ont souvent été associées à du bœuf insuffisamment cuit (**JD Greig & Ravel, 2009**). La dose infectieuse d'EHEC O157:H7 est très faible puisque 10 à 100 unités formatrices de colonies (UFC) peuvent induire des symptômes (**Teunis et al., 2004**).

II.1.2.3. Autres bactéries pathogènes

Ainsi, le genre *Enterobacter* a pris une importance croissante du fait de son implication dans les infections nosocomiales. C'est un pathogène opportuniste responsable des infections tels que les infections urinaires, la bactériémie, les infections respiratoires, les suppurations diverses (**Hart, 2006**).

De plus, les espèces du genre *Klebsiella* sont d'importants pathogènes communs, à l'origine de pneumonies nosocomiales, de septicémies, d'infections urinaires, d'infections de plaies, et de septicémies néonatales (**Janda & Abbott, 2006**).

II.2. Sources de contamination

Les réservoirs des microorganismes pathogènes pouvant contaminer les aliments sont multiples. Ainsi, beaucoup de pathogènes alimentaires trouvent leur origine dans les réservoirs d'animaux et contaminent les aliments parce qu'ils sont présents chez l'animal vivant, le lait et les œufs, ou bien parce qu'ils sont présents dans les matières fécales d'animaux infectés qui contaminent à leur tour les aliments (**Behraves et al., 2012**).

II.2.1. Au niveau des exploitations

Les souches des entérobactéries potentiellement pathogènes pour l'homme peuvent survivre et rester infectieux dans les fumiers, les lisiers et les sols sur lesquels les déjections animales sont répandues (**Loukiadis, 2007**). De plus, la fertilisation des pâtures et des sols pourrait être à l'origine de ces contaminations, par ruissellement et lessivage des sols, ou par contamination des rivières, des lacs et des eaux profondes. Ainsi, le réservoir environnemental, que ce soit dans le sol, les végétaux, le fumier et le lisier, l'eau, les locaux d'élevages, ou bien les aliments pour bétail, constitue un réservoir important des entérobactéries, car il participe à la recontamination des animaux et élargit les modalités de contamination de l'homme (**Berry & Wells, 2010; C. S. Mohammed, 2013**).

De plus, par leur caractère ubiquiste, les entérobactéries sont susceptibles de contaminer un élevage lors des différents mouvements d'animaux, du matériel ou des personnes, liés à l'activité de l'élevage. En revanche, les différentes études menées jusqu'à présent n'ont pas permis de déterminer réellement ces voies. Assurément, la diversité des sérovars isolés dans un même élevage montre que plusieurs voies de contamination peuvent coexister dans un même élevage (**Corrégé, 2009**).

En outre, la contamination se transmet entre animaux, de différentes bandes et/ ou stades physiologiques. Les entérobactéries pathogènes peuvent également se propager et persister d'une façon directe grâce à des vecteurs animés tels que l'homme, les animaux, les rongeurs ou les insectes ou bien d'une manière indirecte et inanimée par le matériel, le lisier, les bâtiments, les poussières et l'environnement.

Aussi, un certain nombre de facteurs de risque peut agir sur le niveau de prévalence et les variations de prévalence dans un élevage. Les principales conditions d'élevages associées à la

prévalence d'entérobactéries pathogènes, en élevage de bovins sont résumées dans la **Figure 9**, (Corrégé, 2009).

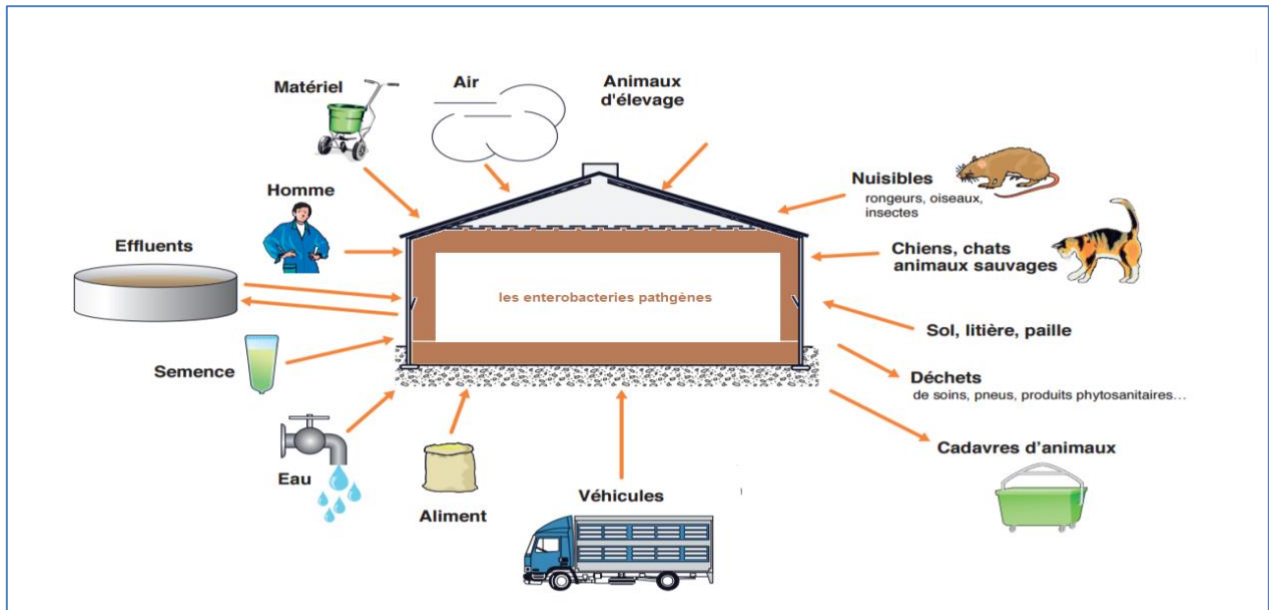


Figure 9 :Sources de contaminations par les entérobactéries au niveau de l'élevage (Corrégé, 2009)

II.2.1.1. Animaux

* Porteurs sains

Les entérobactéries pathogènes peuvent provoquer des maladies cliniques ou des infections subcliniques chez des animaux d'élevage qui sont asymptomatiques et sont appelés "porteurs". Une étude antérieure a montré que l'infection subclinique chez les poules peut persister pendant plus de 22 semaines. Tandis qu'une autre étude a montré que les porcs porteurs sont une source importante de contamination de l'environnement, ainsi que d'autres animaux dans les fermes et pour les carcasses au stade de la récolte (Andres & Davies, 2015; Poppe, 1992).

Aussi, ces porteurs sont très importants pour la perpétuation de la transmission des entérobactéries dans les exploitations et l'environnement, car ils peuvent excréter des bactéries dans leurs fèces d'une manière continue et intermittente sans manifester de signes cliniques. De la même manière, il a été démontré que les animaux de compagnie tels que les chiens et les chats hébergent des bactéries dans leur organisme d'une manière asymptomatique et peuvent donc contaminer l'environnement et d'autres animaux producteurs d'aliments (Gow *et al.*, 2009).

*** Ruminants**

Les ruminants domestiques, notamment les bovins, semblent être les principaux réservoirs des souches STEC pathogènes pour l'homme, en particulier des souches EHEC O157. En effet, chez ces animaux, le portage digestif et l'excrétion de souches EHEC sont le plus souvent asymptomatiques et le contact direct ou indirect avec leurs fèces notamment les souillures fécales d'aliments, constitue la principale voie de contamination de l'homme (**Gyles, 2007**).

*** Volaille**

Les volailles ou ce qu'on appelle les porteurs, constituent le plus gros risque et peuvent provoquer une contamination croisée à l'abattoir. D'autre part, il est évident que l'hygiène joue un rôle important tant au niveau de la production primaire, dans les exploitations avicoles, qu'au niveau de la transformation dans les abattoirs. De plus, les consommateurs doivent eux-mêmes respecter les règles d'hygiène dans leur cuisine, car les principales causes d'infections dans ces dernières et en particulier en cas de barbecue, sont les produits crus ou insuffisamment cuits contaminés par les entérobactéries pathogènes (**Eva, 2013**).

*** Animaux sauvages**

Une part non négligeable de maladies d'origine alimentaires causées par *E.coli* pathogènes, *Campylobacter* ou encore *Salmonella* spp. a eu pour origine des espèces sauvages telles que les rongeurs, les cervidés, les sangliers et les oiseaux (**Jane Greig et al., 2014**).

*** Nuisibles**

Les nuisibles tels que les rongeurs (souris et rats), les mouches et les oiseaux sauvages jouent un rôle important dans la transmission des entérobactéries pathogènes d'un bâtiment et d'une installation agricole à d'autres (**Zamora-Sanabria & Alvarado, 2017**).

Ainsi, les rongeurs sont d'importants vecteurs et réservoirs des entérobactéries pathogènes, ils peuvent transporter les bactéries dans leur tractus intestinal d'une manière asymptomatique, sans aucune maladie clinique. Ils ont été associés à une contamination fréquente des aliments, de l'eau et des céréales stockées dans les fermes et peuvent acquérir les bactéries principalement à partir des excréments d'animaux malades ou sauvages dans la ferme (**Andrés-Barranco et al., 2014**).

De plus, les mouches agissent comme des vecteurs mécaniques qui facilitent la transmission des bactéries d'une ferme à une autre. Aussi, la transmission du bétail à l'homme a également été documentée (**Y. Xu *et al.*, 2018**). En outre, les animaux de la ferme sont infectés suite l'ingestion de mouches infectées par les entérobactéries pathogènes. Ces dernières ont ainsi été isolées à partir des mouches autour des élevages de volaille et dans l'environnement (**Ommi *et al.*, 2017**).

II.2.1.2. Environnement

L'environnement peut également être une source de contamination des aliments. Il peut servir de réservoir à certains agents pathogènes qui peuvent survivre pendant de longues périodes dans le sol et dans l'eau, avant d'infecter de nouveaux hôtes et/ou de contaminer des produits alimentaires par des voies très diverses reflétant la variété des écosystèmes qui sont en lien avec notre chaîne de production alimentaire (**Fremaux *et al.*, 2008**). En outre, la survie dans l'environnement est notamment favorisée pour les formes sporulées ou par les bactéries organisées en biofilm. De plus, le changement climatique pourrait à moyen terme bouleverser la persistance et la dynamique des agents pathogènes dans l'environnement (**Hellberg & Chu, 2016**). Parmi les sources potentielles de contamination des plantes avant la récolte, l'eau d'irrigation, l'épandage du fumier non traité, l'eau de ruissellement provenant des exploitations d'élevage, ou encore l'intrusion de la faune sauvage dans les champs (**Beuchat *et al.*, 2006**).

II.2.1.3. Alimentation

Le rôle de l'alimentation dans la contamination des bovins et des ovins par modification de l'écosystème du tube digestif est démontré. Ainsi, la composition de l'aliment (matières premières et additifs nutritionnels), sa présentation (granulation et mouture) et son mode de distribution (sèche, humide, liquide), interviennent sur le portage digestif des entérobactéries (**Beloil *et al.*, 2007**). En effet, les aliments jouent un rôle important comme véhicules des entérobactéries pathogènes, notamment ceux contenant des farines d'os, de viande ou de poisson, des tourteaux de soja et des tourteaux de tournesol (**Van Asten & Van Dijk, 2005**).

II.2.1.4. Plantes

Dans le passé, l'ingestion de produits d'origine animales crus ou insuffisamment cuits tels que le lait, le fromage et la viande était considérée comme la principale voie de transmission des entérobactéries pathogènes (**Rangel *et al.*, 2005**). Plus récemment, les plantes qui sont consommées crues, telles que la laitue, ont également été identifiées comme source de contamination.

II.2.1.5. Litière

La litière contaminée permet la diffusion rapide d'une souche d'entérobactérie pathogène introduite dans un élevage et le plus grand danger viendrait d'une litière sèche car les entérobactéries pathogènes résistent longtemps dans des environnements secs (**ICMSF, 1998**).

II.2.1.6. Matériel d'élevage

Les bâtiments, leurs abords, les camions de transport et les tracteurs, les cages, le sol, les murs, les systèmes d'aération, les ustensiles, les mangeoires, les abreuvoirs, les incubateurs et les vêtements sont des sources de contamination et de transmission de l'infection due aux entérobactéries pathogènes (**Gradel & Rattenborg, 2003**).

II.2.1.7. Homme

L'homme peut être l'hôte de pathogènes qui contaminent les aliments via les personnes infectées. De ce fait, il existe plusieurs types de réservoirs humains dont, les personnes malades présentant des signes ou des symptômes de maladies et les porteurs asymptomatiques ou porteurs sains, dont les individus sont infectés mais ne présentent aucun signe ni symptômes. Ainsi, l'homme peut transmettre l'ensemble des microorganismes d'origine entériques (**Dubois-Brissonnet & Guillier, 2020**).

II.2.2. Au niveau des ateliers d'abattage

Les ateliers de production des viandes peuvent être une source de contamination lors de leur transformation (milieu, main d'œuvre, matériel et méthode). Cette contamination secondaire est généralement distinguée des contaminations primaires dues aux matières premières lors de l'analyse globale des causes de contaminations des aliments (**Dubois-Brissonnet & Guillier, 2020**).

II.2.2.1. Transport

Dès la sortie de leur bâtiment d'engraissement, les animaux porteurs sains sont susceptibles d'excréter des entérobactéries pathogènes et de contaminer leur environnement et leurs congénères (**Beloeil *et al.*, 2007**). Ainsi, le nombre d'animaux positifs et de sérotypes d'entérobactéries pathogènes retrouvés, augmente pendant l'attente dans l'élevage avant le chargement, le transport ou bien lors de l'attente à l'abattoir et cela est dû à la durée de contact entre les animaux et/ou l'environnement contaminé (**Fravalo *et al.*, 1999**).

II.2.2.2. Abattoir

A l'abattoir, des contaminations de surface peuvent se produire lors de la préparation externe des carcasses, par contact direct des matières fécales ou de la peau des animaux, ou indirectement via des surfaces contaminées. À l'inverse, l'échaudage et le flambage peuvent diminuer la contamination bactérienne de surface des carcasses et donc des entérobactéries pathogènes (**B. Berends *et al.*, 1997**).

II.2.3. Au niveau de la découpe et de la transformation

Lors de l'habillage des carcasses jusqu'à leur réfrigération, les opérations touchant à l'intégrité du tractus gastro-intestinal sont susceptibles de générer une contamination directe de la carcasse, soit par les matières fécales suite à des contaminations croisées ou bien, par le matériel et les opérateurs. Ainsi, la maîtrise de l'étape d'éviscération est considérée comme essentielle, même si sa contribution qualitative et quantitative, à la contamination des carcasses reste à discuter. De plus, le retrait des abats rouges, la fente de la carcasse et les opérations d'inspection vétérinaire sont considérées comme des étapes à risque en particulier en raison des possibilités de contaminations croisées (**Chong *et al.*, 2017**).

Par ailleurs, concernant l'impact de la réfrigération, la majorité des études concluent à une inhibition des bactéries pathogènes après réfrigération, surtout avec un froid très négatif (<-12°C) (**Chong *et al.*, 2017**).

II.3. Modalités de transmission

II.3.1. Transmission verticale

Elle implique la transmission de la bactérie des parents à la progéniture. Cette transmission est très importante, en particulier dans le cas d'infections aux entérobactéries, liées à la volaille et qui a une affinité particulière pour le système reproducteur des poulets. La transmission à la progéniture se produit par infection trans-ovarienne lorsque les oiseaux parents ont une infection systémique entraînant une infection de l'ovaire et le développement des œufs dans les oviductes (**Hanson *et al.*, 2016**). Un autre moyen par lequel la bactérie accède aux œufs, est la migration du cloaque vers les organes reproducteurs. De plus, des études suggèrent que les entérobactéries pathogènes peuvent être transmises verticalement de la mère au fœtus chez les vaches laitières utérines (**Hanson *et al.*, 2016**).

II.3.2. Transmission horizontale

La transmission horizontale se fait soit par voie féco-orale, soit par voie aérogène. L'introduction des entérobactéries dans les troupeaux peut également se faire par les animaux nouvellement achetés et infectés (**Zamora-Sanabria & Alvarado, 2017**).

II.4. Maladies d'origine alimentaire

II.4.1. Définitions

Les maladies humaines infectieuses ou toxiques d'origine alimentaire sont pour la plupart, des anadémies, c'est-à-dire des maladies épidémiques non contagieuses, contractées à partir d'une source commune. Le nombre de cas par foyer est généralement faible et varie entre 3 à 30 (**InVS, 2016**).

Les toxi-infections alimentaires sont des infections causées par l'ingestion d'aliments contaminés par certains agents infectieux ou par leurs toxines. Ainsi, les problèmes liés aux bactéries responsables de toxi-infections alimentaires (TIA) se sont considérablement amplifiés par l'apparition de germes résistants à une série d'antimicrobiens (**Nedorostova *et al.*, 2009**).

Une toxi-infection alimentaire collective (TIAC) est définie par l'apparition d'au moins deux cas similaires d'une symptomatologie digestive ou neurologique chez des personnes ayant partagé le même repas. Une TIAC est généralement liée à la consommation de matières premières contaminées et /ou, à des manques dans l'application de mesures d'hygiène et du

respect des températures lors du stockage et de la préparation des repas, ou enfin à des contaminations liées à la manipulation des aliments (**Bacha, 2015**).

II.4.2. Mécanismes d'apparition des toxi-infections alimentaires

Les bactéries ingérées avec le bol alimentaire arrivent dans l'estomac qui constitue une barrière chimique très efficace. La réduction de la population est généralement importante à ce stade même si le bol alimentaire peut neutraliser en partie l'acidité de l'estomac (**Dubois-Brissonnet & Guillier, 2020**).

Ainsi, le contact de ces bactéries avec la muqueuse intestinale est essentiel pour le déclenchement de la maladie. Après leur passage dans l'estomac, les bactéries traversent le duodénum, première partie de l'intestin grêle peu propice à la vie bactérienne puis atteignent l'iléon (partie terminale de l'intestin grêle) dans lequel l'environnement est plus favorable (**Eisenstein, 2013**). Elles se frayent alors un chemin à travers la couche du mucus présent à la surface apicale des cellules épithéliales en se dirigeant par chimiotaxie, si elles sont mobiles ou par transport passif. D'autre part, l'interaction entre la bactérie et l'épithélium intestinal peut se produire au niveau des cellules absorbantes, des cellules M et/ou des cellules dendritiques, en fonction des espèces pathogènes (**Cossart & Sansonetti, 2004**). Les principales bactéries incriminées dans les toxi-infections alimentaires sont décrites succinctement ci-dessous (**Figure 10**).

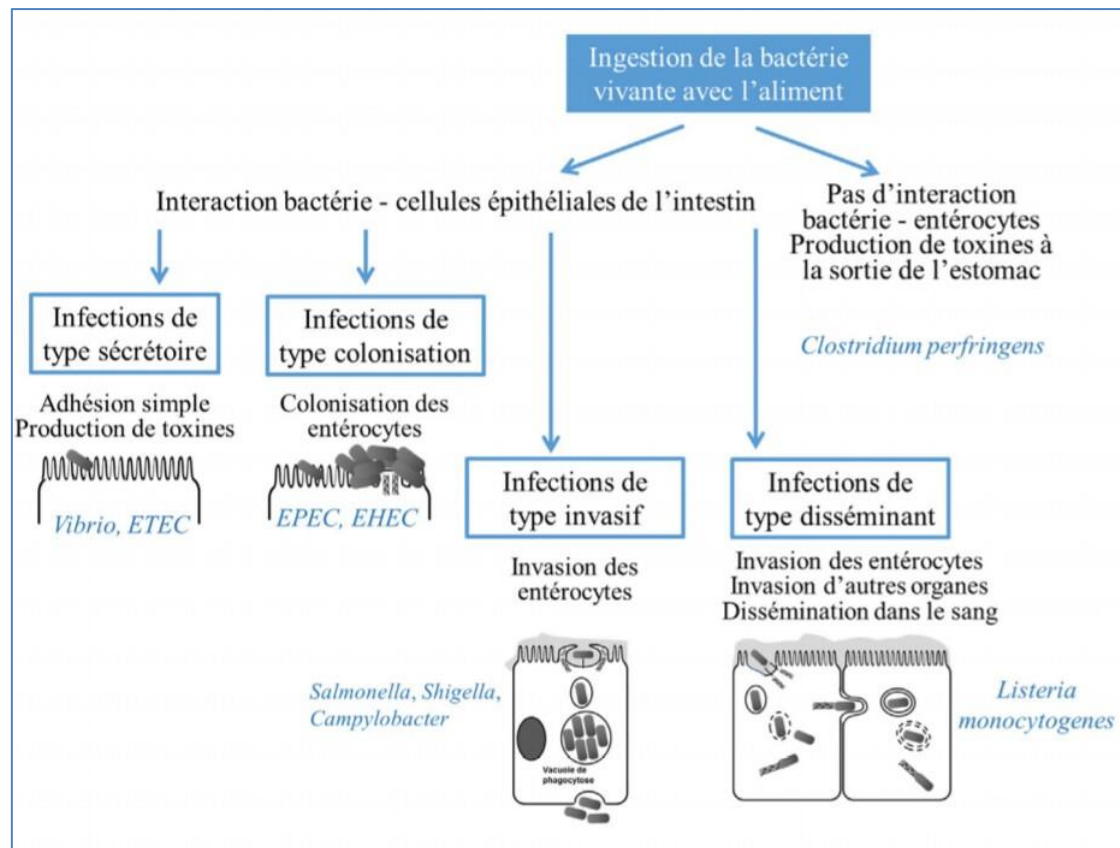


Figure 10 : Différents types d'infections bactériennes alimentaires (Dubois-Brissonnet & Guillier, 2020)

II.4.3. Épidémiologie des TIAC

Dans l'intérêt de la santé publique, il est important de comprendre l'épidémiologie des toxi-infections alimentaires, car elle dirige les efforts de contrôle et de prévention, allouant convenablement les ressources pour contrôler, surveiller la maladie et évaluer les mesures de sécurité alimentaire (Jahan, 2012).

II.4.3.1. Au niveau mondial

Selon l'OMS (2018b), 345 814 personnes de tout âge sont décédées en 2017 suite à des intoxications accidentelles dans l'ensemble du monde, soit 5,4 décès pour 100 000 habitants. Ainsi, on estime qu'environ 30% de la population souffre de maladies alimentaires tous les ans dans quelques pays industrialisés.

En effet, la campylobactériose a été la zoonose la plus signalée dans l'UE en 2020, avec 120 946 cas contre plus de 220 000 l'année précédente. Elle était suivie par la salmonellose, qui a touché 52 702 personnes, contre 88 000 en 2019. Viennent ensuite les yersiniose (5668 cas) et

les infections causées par des *E.coli* producteurs de Shigatoxine (4446 cas). Néanmoins, le nombre de foyers d'intoxications alimentaires signalées a diminué de 47 % en 2020 (ECDC, 2021; EFSA, 2021).

En outre, les épidémies d'origine alimentaires dans l'UE ont été signalées au total de 3 086 foyers en 2020. *Salmonella* est restée l'agent le plus fréquemment détecté, causant environ 23 % des foyers. Les sources les plus courantes de foyers de salmonellose étaient les œufs, les ovo produits et la viande de porc (Figure 11).

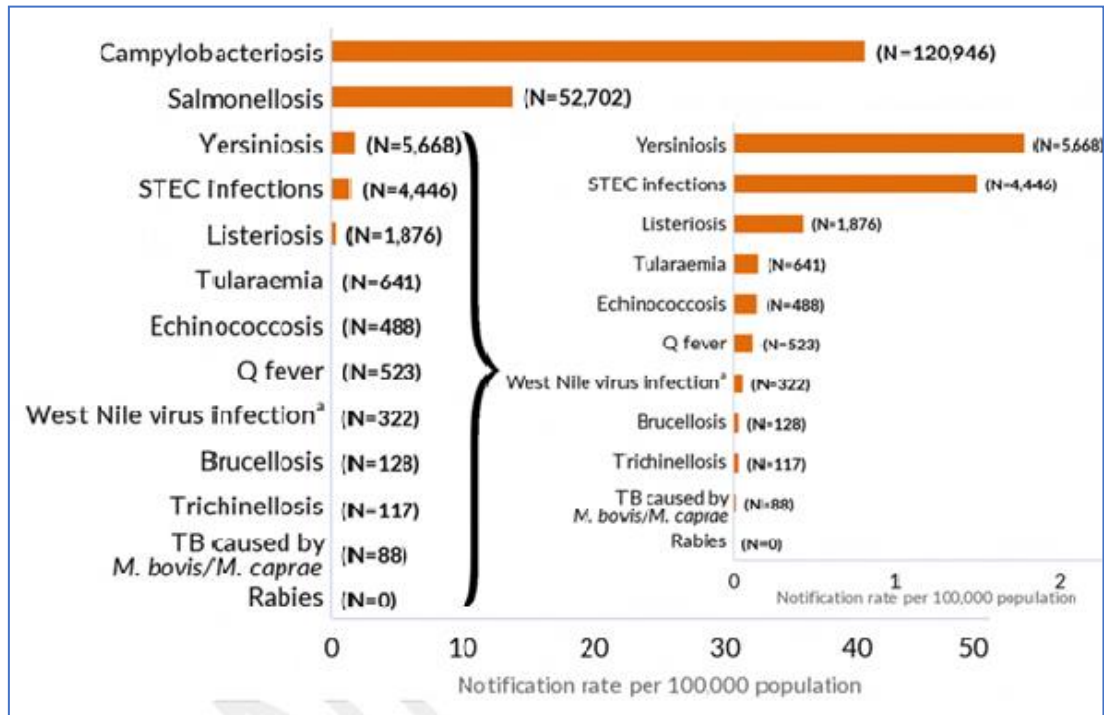


Figure 11 : Notification des zoonoses humaines confirmées dans l'UE en 2020 (EFSA, 2021)

D'autre part, les experts ont reconnu l'impact de la pandémie de COVID-19 en Europe dans la baisse remarquable des maladies zoonotiques signalées chez l'homme, allant de 7 à 53 % selon la maladie signalée en question et des épidémies d'origine alimentaires. Parmi les facteurs possibles de cette forte diminution des cas, figurent les changements de comportement en matière de santé, les restrictions sur les voyages et les événements, la fermeture des restaurants, la mise en quarantaine, le verrouillage et d'autres mesures d'atténuation telles que l'utilisation de masques, la distanciation physique et la désinfection des mains.

En 2020, le nombre de cas confirmés de salmonellose humaine était de 52 702, ce qui correspond à un taux de notification de l'UE de 13,7 pour 100 000 habitants. Il s'agit d'une diminution de 29,7 % et de 32,8 % par rapport au taux de 2019 (19,5 et 20,4 pour 100 000 habitants), avec et en absence des données de 2019 du Royaume-Uni, respectivement (ECDC,

2021). Néanmoins, la tendance générale de la salmonellose entre 2016 et 2020 n'a pas montré d'augmentation ou de diminution statistiquement significative. La proportion de cas hospitalisés était de 29,9 %, ce qui était inférieur à 2019, avec un taux de létalité de 0,19 % dans l'UE. En effet, les cinq principaux serovars impliqués dans les infections humaines se répartissent comme suit : *S. enteritidis* (48,7 %), *S. typhimurium* (12,4 %), *S. typhimurium* monophasique (11,1 %), *S. infantis* (2,5 %) et *S. berby* (1,2 %). Les trois sources alimentaires fréquemment impliquées dans les foyers de salmonellose d'origine alimentaires étaient les "œufs et les ovoproduits", suivis par la viande de porc et produits dérivés" et des "produits de boulangerie" (ECDC, 2021).

En revanche, en 2020, le nombre de cas confirmés d'infections humaines à STEC était de 4 446. Cela fait des STEC la quatrième infection gastro-intestinale d'origine alimentaire la plus fréquemment signalée chez l'homme dans l'UE (EFSA, 2021).

Par ailleurs, une diminution des cas en 2020 a été observée, probablement due également à la pandémie de COVID-19. Cependant, la prévalence des infections à STEC n'a pas montré d'augmentation ou de diminution statistiquement significative entre 2016 et 2020. Le taux de notification dans l'UE était de 1,5 pour 100 000 habitants. Il s'agit d'une diminution de 22,4 % et de 18,2 % par rapport aux taux de 2019 (1,9 et 1,8 pour 100 000 habitants) avec et sans les données de 2019 du Royaume-Uni, respectivement. Les taux de notifications les plus élevés par pays, ont été observés en Irlande et au Danemark (14,8 et 7,6 cas pour 100 000 habitants, respectivement). Sept pays dont la Lettonie, la Hongrie, la Roumanie, le Portugal, la Grèce, la Slovaquie et la Pologne ont déclaré $\leq 0,1$ cas pour 100 000 habitants (EFSA, 2021). Les sources alimentaires impliquées dans les foyers d'origine alimentaires à STEC étaient "l'eau du robinet, y compris l'eau des puits", "la viande et les produits carnés", "les produits laitiers autres que le fromage" et "les fromages à base de lait de vache ». De plus, 17,7% des sérotypes identifiés appartenaient aux sérogroupes dits " topfive " (O157, O26, O103, O111 et O145) (ECDC, 2021).

Cependant, d'après les estimations du rapport de morbidités et de mortalités dues aux maladies infectieuses d'origine alimentaires en France publié en 2014 par l'InVS et l'Afssa, les chiffres correspondant aux maladies déclarées seraient largement sous-évalués et le nombre réel des maladies bactériennes d'origine alimentaires en France se situerait plus probablement entre 52 000 et 82 000 cas/an, auxquels on peut rajouter environ 70 000 cas liés à des virus et 117 000 cas liés aux parasites, ce qui donne un total d'environ 250 000 cas (InVS, 2016). D'après les données annuelles de surveillance des toxi-infections alimentaires collectives publiées par

Santé publique France, une nette diminution de 43% de TIAC déclarées en 2020 par rapport à 2019 est remarquée (SPF, 2021).

Aux États-Unis, chaque année, on estime qu'un Américain sur six (soit 48 millions de personnes) tombe malade, que 128 000 sont hospitalisés et que 3 000 meurent de maladies d'origine alimentaires (CDC, 2022).

Au Maroc, les intoxications alimentaires touchent des milliers de Marocains. En termes de chiffres, 2.655 cas, dont 43,7% sont des cas d'intoxications collectives, enregistrées en 2017. Les éléments les plus incriminés sont la viande et les produits carnés (25,8%), les produits laitiers et dérivés (17,1%), les aliments composés (13,4%), ensuite le poisson et les produits de la pêche (10,6%) (SM, 2019).

Quant à la Tunisie, le ministre de la Santé a indiqué qu'en 2018, 1855 cas d'intoxications alimentaires collectives ont été enregistrés, contre 1015 en 2017. Les 1855 cas enregistrés sont répartis sur 89 foyers d'intoxications (Abdelkafi, 2019).

II.4.3.2. En Algérie

En Algérie, la déclaration obligatoire des maladies est régie par l'arrêté N° 179/MS/CAB du 17/11/90 fixant la liste des maladies à déclaration obligatoire et les modifications de notification et la circulaire N° 1126/MS/DP/SDPG du 17/11/90 relative au système de surveillance des maladies transmissibles (INSP, 2019).

Ainsi, le taux d'incidence des toxi-infections alimentaires collectives a nettement augmenté, passant de 14,92 à 23,03 cas pour 100.000 habitants en 2017. La wilaya d'Illizi a enregistré le taux d'incidence régional le plus élevé avec 128,84 cas pour 100.000 habitants. Le pic épidémique a été notifié durant le mois de janvier avec une incidence de 80,22 cas pour 100.000 habitants. Aussi, les TIAC ont été principalement enregistrées dans la commune d'In Aménas (62,3% des cas) au niveau des bases de vies. Le taux d'incidence de la wilaya de Bouira a nettement augmenté, passant de 20,37 à 122,97 cas pour 100.000 habitants en 2018. D'autre part, une TIAC importante a été enregistrée durant le mois de janvier avec une incidence de 110,28 cas pour 100.000 habitants et a touché la commune de Chorfa (INSP, 2019).

A Jijel, le taux d'incidence est de 74,63 cas pour 100.000 habitants. Soixante-deux virgule neuf pour cent (62,9%) des cas ont été notifiés durant le mois de juillet, soit une incidence de 46,91 cas pour 100.000 habitants. A Béchar, le taux d'incidence est de 73,43 cas pour 100.000 habitants en 2018. Ainsi, le pic épidémique a été observé en juillet (43,40). Les deux communes touchées sont Béchar avec 41% des cas et BeniAbbès avec 59% des cas. A Mascara, le taux

d'incidence est de 65,95 cas pour 100.000 habitants. Le plus grand nombre de cas (77,6%) a été notifié dans la commune de Mascara (INSP, 2019).

En outre, à Oum El Bouaghi, l'incidence est passée de 18,09 à 56,77 cas pour 100.000 habitants en 2018. Durant le mois de Mai 2018, un pic d'incidence de 27,70 cas pour 100.000 habitants a été enregistré (INSP, 2019).

De plus, le ministère de commerce révèle que le nombre de cas de TIAC enregistrés au cours des six premiers mois de l'année 2021 s'est élevé à 259, contre 126 cas enregistrés au cours de la même période de l'année précédente, soit une hausse de 105%, tandis que le nombre de personnes touchées par l'intoxication a atteint 3.160 en 2021, contre 1.512 personnes, connaissant la même courbe ascendante de 109%. L'augmentation des cas au cours des six premiers de 2021 par rapport à la même période de l'année dernière s'explique, selon le bilan, par le fait que l'année 2020 a été marquée par l'application stricte des mesures de prévention pour endiguer la propagation du Coronavirus, ainsi que celles du confinement sanitaire qui ont conduit à la fermeture de nombreuses activités commerciales, à l'origine des intoxications alimentaires. Il s'agit, notamment, des activités de fastfood, des restaurants et des glaces (APS, 2021).

Quant aux intoxications alimentaires, le même bilan a montré que 259 cas des TIAC enregistrées au cours du premier semestre de cette année, avaient touché 3.160 personnes sur l'ensemble du territoire national, dont 1.045 intoxications du fait de l'acquisition de produits proposés à la vente soit 33% dont 598 personnes au niveau des restaurants et des fastfood (18,9 %) et 505 lors d'événements familiaux (16%), ainsi que 476 autres en raison des repas familiaux (15%), en sus de 326 dans les cantines universitaires (10,3%), 51 dans les cantines scolaires (1,3%) et 159 autres dont la source d'intoxication n'est pas déterminée, représentant un pourcentage de 5% (APS, 2021).

CHAPITRE III

L'ANTIBIOTHÉRAPIE & L'ANTIBIORÉSISTANCE

III.1. Généralités sur les antibiotiques

Un antibiotique se définit comme une substance d'origine naturelle ou synthétique, utilisée contre les infections causées par les bactéries. Ces derniers présentent deux grands modes de fonctionnement. Certains attaquent le peptidoglycane de la paroi bactérienne ce qui cause une déstabilisation de la bactérie et entraîne sa mort, il s'agit alors de l'action bactéricide, qui permet de tuer les bactéries. Tandis que d'autres agissent sur le système protéique de la bactérie, en se fixant sur la sous unité 50S du ribosome bactérien et en entraînant une inhibition de la synthèse protéique. La bactérie ne meurt pas mais ne peut plus se développer ni se multiplier, on parle alors de bactériostatisme. L'antibiotique est donc capable d'inhiber la multiplication des bactéries sans les tuer (**Jacquier *et al.*, 2012**).

III.2. Classification des antibiotiques

La classification des antibiotiques peut se faire selon :

- L'origine : élaboré par un organisme (naturel) ou produit par synthèse (synthétique ou semi synthétique) ;
- Le mode d'action : paroi, membrane cytoplasmique, synthèse des protéines, synthèse des acides nucléiques ;
- Spectre d'activité : liste des espèces sur lesquelles les antibiotiques sont actifs (spectre étroit ou large) ;
- La nature chimique : très variable, elle est basée souvent sur une structure de base (ex : cycle β -lactame), sur laquelle il y a hémi-synthèse.

Ainsi, cette dernière classification nous permet de classer les antibiotiques en familles (Bêta-lactamines, aminosides, tétracyclines)et, est établie selon le mode d'action (**Figure 12**) (**Mehamdia Naima, 2014**).

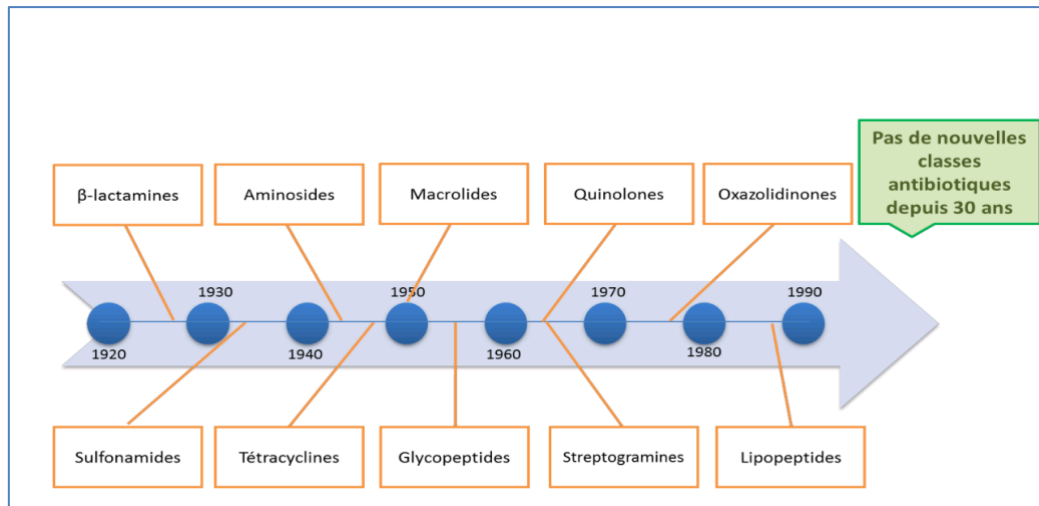


Figure 12 :Chronologie de la découverte des principales classes d'antibiotiques (**Koulikoff, 2018**)

III.2.1. Bêta-lactamines

Les β-lactamines constituent une famille d'antibiotiques très homogène sur les plans structural, pharmacologique et thérapeutique. Elles se caractérisent toutes par un élément structural commun, le noyau bêta lactame, d'où leur nom. Ce sont aujourd'hui des antibiotiques incontournables et souvent prescrits. Par contre, le risque principal de leur utilisation est la survenue possible d'allergies (**Jacques, 2016**).

Cette famille d'antibiotiques demeure la plus utilisée dans la pratique clinique courante et cette large utilisation est principalement liée à leurs, faible toxicité et pouvoir bactéricide et aussi à la diversité des molécules (**Robin et al., 2012**). En effet, depuis l'introduction de la pénicilline G en thérapeutique dans les années 1940, un grand nombre de molécules incluant les pénicillines, les céphalosporines, les monobactames et les carbapénèmes a été développé (**Robin et al., 2012**).

III.2.2. Aminocyclitolides ou aminoglycosides

Les aminoglycosides sont des antibiotiques bactéricides qui agissent principalement comme inhibiteurs de la synthèse des protéines en interférant avec le processus de correction au niveau de la sous-unité ribosomique 30S. Ils peuvent également perturber l'intégrité de la membrane des cellules bactériennes (**Baietto et al., 2014**). De plus, lorsqu'ils sont administrés par voie parentérale, ils pénètrent facilement dans le parenchyme pulmonaire et les sécrétions bronchiques.

Ils sont donc indiqués dans le traitement des infections à *M. hyopneumoniae* (**Goldstein et al., 2002**). Les principaux Aminoglycosides sont l'apramycine, la gentamicine, la néomycine et la streptomycine.

III.2.3. Phénicolés

Le chloramphénicol et le thiamphénicol sont les deux seuls représentants de cette classe thérapeutique (**Kassah-Laouar, 2020**). Le florfenicol est un dérivé fluoré du thiamphénicol dont l'utilisation est exclusivement approuvée chez les animaux (**Stefan Schwarz et al., 2016**). Cet antimicrobien bactériostatique se lie à la sous-unité ribosomique 50S, inhibant ainsi la réaction de peptidation et la traduction de l'ARNm bactérien et peut être administré par voie parentérale ou orale (**Ciprián et al., 2012**).

Les fluoroquinolones ne sont indiquées que, comme traitement de dernier choix des infections respiratoires (**Collignon & McEwen, 2019**). De ce fait, elles sont répertoriées comme des antibiotiques d'importance critique pour l'homme et les animaux, de sorte qu'une utilisation prudente de ces antimicrobiens est essentielle pour empêcher la sélection de bactéries résistantes chez les animaux producteurs d'aliments (**Scott et al., 2019**).

III.2.4. Tétracyclines

Les tétracyclines sont un grand groupe d'antibiotiques bactériostatiques, qui inhibent la synthèse des protéines, en se liant d'une manière réversible à la sous-unité 30S des ribosomes, en bloquant ainsi leur synthèse protéique et en entrant en compétition avec l'ARN de transfert pour le même site de liaison (**Baietto et al., 2014**).

Aussi, les tétracyclines sont largement utilisées pour le traitement des infections respiratoires chez les animaux, en raison de leur activité à large spectre contre les bactéries à Gram négatif et à Gram positif, tant aérobies qu'anaérobies et également contre les espèces de *Mycoplasma* et même plusieurs protozoaires (**del Pozo Sacristán, 2014**). Les principales tétracyclines sont la tétracycline, la chlorotétracycline, la doxycycline et l'oxytétracycline.

III.2.5. Macrolides et apparentés

Les macrolides sont des antibiotiques bactériostatiques qui inhibent la synthèse des protéines en se liant d'une manière réversible à la composante peptidyl transférase de la sous-unité 50S des ribosomes et en bloquant ainsi la production de la chaîne peptidique naissante (**Stefan Schwarz et al., 2016**). De même, ils peuvent être classés en macrolides à 14, 15 ou 16 chaînons du cycle lactonique (**Gautier-Bouchardon, 2018**).

Cette famille d'antibiotiques peut également être classées comme produits dérivés de la fermentation (tylosine, tilmicosine, tylvalosine) ou semi-synthétiques (gamithromycine, tildipirosine, tulathromycine) (**Fischer *et al.*, 2014**). Toutefois, différentes études ont montré que les macrolides (la tulathromycine et la tylvalosine) peuvent avoir des effets anti-inflammatoires et immuno- modulateurs (**Moges *et al.*, 2018**). Ces derniers sont utilisés chez les animaux pour traiter les infections à *Mycoplasma hyopneumoniae*, ainsi que les pneumonies et les infections respiratoires causées par d'autres bactéries (**del Pozo Sacristán, 2014**).

Dans la catégorie des apparentés, on retrouve des molécules de structures chimiques différentes, mais dont l'activité antibactérienne est proche, telles que les lincosamides qui possèdent des caractéristiques similaires aux macrolides. Ils sont bactériostatiques et inhibent la synthèse des protéines en se liant d'une manière réversible à la composante peptidyl transférase du 50S des ribosomes (**Stefan Schwarz *et al.*, 2016**). Ce sont des composés alcalins à forte teneur en liposolubilité, qui favorise l'absorption par le tube digestif et la diffusion à travers les barrières biologiques, ce qui conduit à une forte concentration tissulaire. De plus, les lincosamides ont un spectre d'activité plus limité que les macrolides et sont principalement actifs contre les bactéries à Gram positif, les mycoplasmes et certaines bactéries anaérobies à Gram négatif (**Gautier-Bouchardon, 2018**).

III.2.6. Sulfamides et triméthoprimes

Les sulfamides sont des substances bactériostatiques dont le spectre comprend les bactéries à gram positif et à gram négatif aérobies et anaérobies, les chlamydie, les toxoplasmes et les coccidies. Ils sont surtout utilisés dans le traitement des coccidioses (volaille, ruminants) ou des infections urinaires et digestives chez les carnivores (**Gustin & Houvenaghel, 2001**).

III.2.7. Quinolones

Les quinolones constituent la classe des antimicrobiens synthétiques les plus souvent prescrits dans le monde. Ainsi, le développement des quinolones a commencé avec la découverte accidentelle de l'acide nalidixique comme sous-produit de la synthèse de la chloroquine (un antipaludique) (**Aldred *et al.*, 2014**). Ils ont été introduits dans l'usage clinique plus tôt dans les années 60, pour traiter les infections urinaires non compliquées dues à des bactéries à Gram négatif (**Aldred *et al.*, 2014**). Par la suite, de nouvelles générations de quinolones ont été développées avec l'amélioration des propriétés pharmacocinétiques et

pharmacodynamiques contre les bactéries à Gram positif et à Gram négatif (Correia *et al.*, 2017).

III.2.8. Polymyxines

Les polymyxines sont des antibiotiques naturellement produits par différentes espèces de *Paenibacilluspolymyxa* (Bacillus). Cinq classes chimiques (A, B, C, D et E) sont décrites, mais seuls deux composés sont utilisés enthérapeutique dont la polymyxine B et la polymyxine E (ou colistine) (Dortet *et al.*, 2016).

III.3. Mécanismes d'action des antibiotiques

Les antibiotiques peuvent agir à différents niveaux de la structure bactérienne, leur lieu et leur mode d'action, peuvent être à la base d'une classification. En effet, les antibiotiques agissant sur la division cellulaire des bactéries sont dits bactériostatiques, tandis que ceux agissant sur la structure de la membrane cytoplasmique sont à la fois bactériostatiques et bactéricides selon leur concentration (Kassah-Laouar, 2020).

Concernant les antibiotiques actuels, trois grands mécanismes d'actions sont recensés (Figure 13).

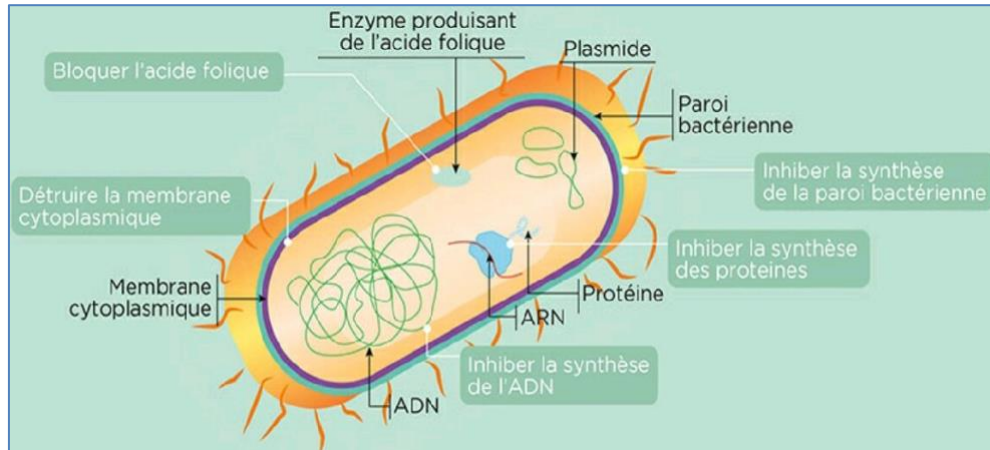


Figure 13 : Différents modes d'actions des antibiotiques (Koulikoff, 2018)

III.3.1. Action au niveau de la paroi bactérienne

Ce sont des antibiotiques qui agissent en inhibant la synthèse de la paroi bactérienne. Les β -lactamines et la bacitracine inhibent la dernière étape de la synthèse du peptidoglycane, en bloquant la formation des ponts inter peptidiques via une interaction avec les protéines liant les pénicillines (PLP). Ces PLPs sont majoritairement des transpeptidases et des

carboxypeptidases bactériennes dont le rôle est d'assurer la réticulation du peptidoglycane (**Baron, 1996; Kassah-Laouar, 2020**). Leur effet bactéricide s'exerce uniquement sur les germes en croissance chez lesquels la synthèse des peptidoglycanes est la plus intense (**Gustin & Houvenaghel, 2001**).

III.3.2. Action au niveau de la membrane cytoplasmique

Les polymyxines (la colistine), pourraient agir selon trois modes distincts et concomitants aboutissant à la mort de la bactérie et à la lyse des membranes bactériennes (voie principale), puis au contact vésicule-vésicule et enfin à la formation de radicaux libres (**Dortet et al., 2016**).

III.3.3. Action au niveau du cytoplasme

III.3.3.1. Inhibition de la synthèse des protéines

L'antibiotique se fixe sur l'une des sous unités des ribosomes bactériens. Ces dernières ont un rôle essentiel dans la transcription des protéines et vont ainsi encoder des protéines anormales et non fonctionnelles, étant défectueuses, elles seront par la suite intégrées à la membrane cytoplasmique engendrant des anomalies de structure qui seront délétères à la bactérie. Selon les différentes familles d'antibiotiques existantes, certains antibiotiques vont se fixer sur la sous unité 30S, tandis que d'autres vont cibler la sous unité 50S des ribosomes (**Claire, 2013**).

D'autre part, les aminosides ou aminoglycosides sont des antibiotiques à effet bactéricide et les tétracyclines sont à effet bactériostatique qui, après pénétration à travers la paroi bactérienne, interfèrent avec la sous unité 30S des ribosomes pour inhiber la synthèse protéique. Par ailleurs, le florfénicol, les macrolides et le lincosamide, se lient d'une manière irréversible à la sous-unité 50S des ribosomes (**Gustin & Houvenaghel, 2001**).

III.3.3.2. Inhibition de la synthèse des acides nucléiques

Pour atteindre leur cible, les quinolones doivent traverser la paroi bactérienne et la membrane cytoplasmique des bactéries à Gram positif. Cependant, chez les bactéries à Gram négatif, elles doivent aussi traverser la membrane externe, mais cette étape est facilitée par une diffusion passive à travers les porines, en fonction de leur degré d'hydrophobicité, de leur poids moléculaire et éventuellement de leur passage direct à travers la double couche phospholipidique (**Claire, 2013**).

Les quinolones vont alors inhiber la synthèse de l'ADN en convertissant leurs cibles, la gyrase et la topoisomérase IV, en enzymes toxiques qui fragmentent le chromosome bactérien (**Aldred *et al.*, 2014**).

III.3.3.3. Inhibition de la synthèse des folates

Le sulfaméthoxazole est un sulfamide antibactérien dont la cible est une enzyme nommée la dihydroptéroate synthétase. Le triméthoprimé quant à lui, il se lie à une autre enzyme importante pour la synthèse des folates, dont la dihydrofolate réductase qui va ainsi bloquer son action de réduction de l'acide DHF en acide THF, car il a une très forte affinité pour cette enzyme (**Achari *et al.*, 1997**).

De plus, les sulfamides agissent par inhibition compétitive dans l'incorporation de l'acide para-amino benzoïque (PABA) dans la chaîne de synthèse d'acide folique par l'enzyme dihydroptéroate synthétase (**Gustin & Houvenaghel, 2001**).

III.4. Antibiorésistance

L'antibiorésistance est l'une des principales menaces pour la santé mondiale, tant chez l'homme que chez l'animal. En santé humaine, elle restreint non seulement les possibilités de traitement des infections bactériennes communautaires, mais peut aussi faire régresser les progrès de la médecine moderne (réanimation néonatale, chirurgie prothétique, transplantation d'organes, traitement des cancers), rendus possibles par la prévention (antibioprophylaxie) et le traitement des infections associées aux soins (**Coignard, 2019**).

De nos jours, les agriculteurs utilisent largement les antibiotiques, soit comme additifs alimentaires, ou bien comme facteurs de croissance pour améliorer le développement des animaux destinés à l'alimentation. Par ailleurs, l'utilisation intensive ou abusive des agents antimicrobiens non seulement dans le traitement des infections humaines et animales, mais aussi comme agents de croissance dans la production animale, a conduit à l'émergence évolutive d'une résistance à un ou plusieurs agents antimicrobiens utilisés contre les infections bactériennes (**X.-Z. Li & Nikaido, 2016**).

Ainsi, la multi-résistance aux antibiotiques (MDR) est la capacité des microorganismes et plus particulièrement des bactéries, à résister à un ou plusieurs groupes d'agents antimicrobiens et à empêcher les agents par différents mécanismes, d'agir contre eux. En effet, au fil des années, la MDR a fait peser une grave menace sur la santé publique, car les antibiotiques n'étaient plus efficaces contre les agents bactériens, ce qui a entraîné des échecs thérapeutiques, un taux de mortalité élevé et une augmentation de la durée d'hospitalisation entre autres (**Founou *et al.*, 2016**). De ce fait, dans un effort pour réduire la prévalence des bactéries résistantes aux

antimicrobiens, l'Union européenne (UE), a introduit récemment plusieurs mesures, dont l'une consiste à éliminer des agents antimicrobiens utilisés comme facteurs de croissance dans l'ensemble du secteur de l'élevage (**García-Feliz *et al.*, 2008**). En outre, tous les pays de l'UE ont lancé et adopté un nouveau programme législatif pour la surveillance et le suivi de la MDR de certains animaux et agents pathogènes zoonotiques (**García-Feliz *et al.*, 2008**).

III.4.1. Mécanismes de résistance

Une souche bactérienne peut avoir une résistance naturelle ou acquise. Il s'agit de résistance naturelle lorsque toutes les souches d'une même espèce bactérienne sont résistantes à un antibiotique donné. Ces dernières peuvent très bien n'avoir jamais été en contact avec l'antibiotique en question. La résistance est donc liée aux propriétés naturelles des bactéries (**Vittecoq *et al.*, 2016**).

On parle également de résistance acquise lorsque les bactéries peuvent acquérir des résistances via des mutations génétiques ou par l'insertion d'éléments génétiques mobiles comme des intégrons portés par des plasmides (**Buard, 2013**).

Quatre principaux mécanismes sont décrits dans la **figure 14**.

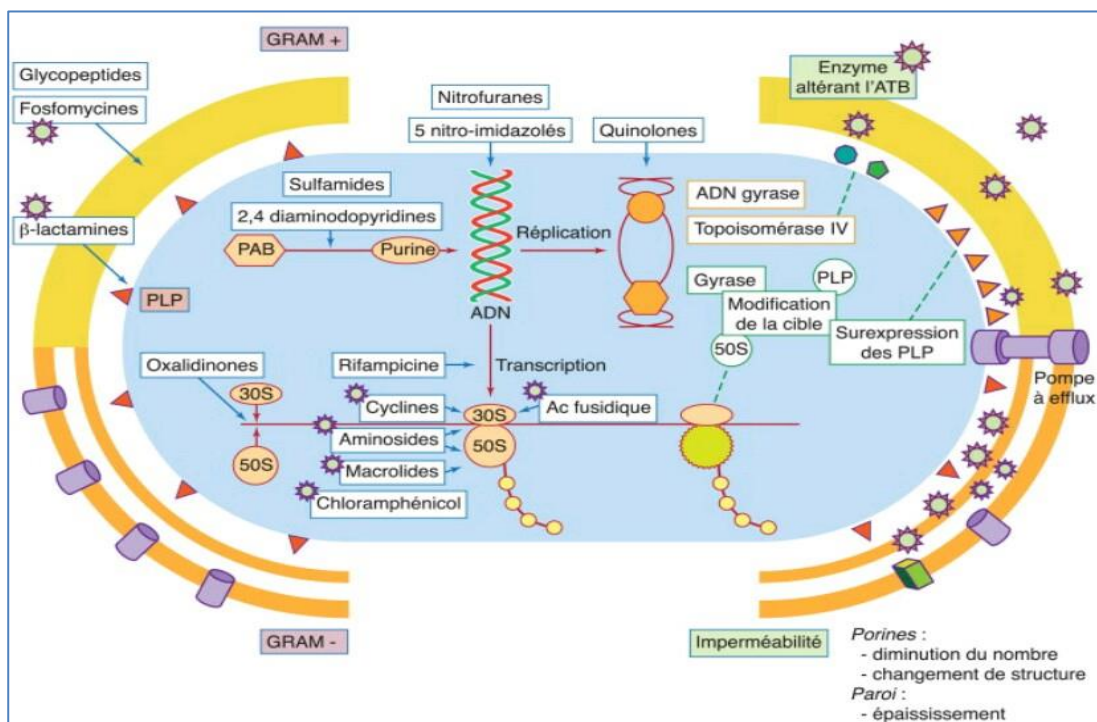


Figure 14: Action des antibiotiques et des résistances (**Koulikoff, 2018**)

III.4.1.1. Modification de la cible

Plusieurs processus peuvent modifier la cible de l'antibiotique. Ces formes de résistances concernent toutes les molécules d'une même famille d'antibiotiques, il s'agit d'une résistance croisée pour toutes les molécules de la famille comme pour :

- La mutation du gène codant pour cette cible, c'est le cas de la résistance des entérobactéries aux quinolones (**Minarini & Darini, 2012**).
- La modification de la cible via une enzyme synthétisée par la bactérie, c'est le cas de la résistance aux macrolides et aux lincosamides (**Fyfe et al., 2016**).
- La surexpression de la cible, c'est le cas de la résistance aux sulfamides et aux triméthoprimes (**Palmer & Kishony, 2014**).

III.4.1.2. Mécanismes enzymatiques : production d'enzymes inactivatrices

Dans ce cas, les bactéries synthétisent des enzymes, qui inactivent l'antibiotique ou modifient la structure ce qui l'empêchera de se fixer sur la cible. C'est le principal mécanisme de résistance des Gram – et des Gram +, aux bêta-lactamines et aux aminosides, il concerne une bactérie principalement, *Staphylococcus aureus* et les entérobactéries. En outre, les β -lactamases sont les enzymes d'inactivation les plus fréquemment rencontrées (**K Bush & Jacoby, 1997**). Cette résistance est semi-croisée du fait de la variation d'affinité de chaque enzyme pour les différentes molécules (**Smet et al., 2010**). En effet, les bactéries produisent des enzymes de manière naturelle ou après l'acquisition des gènes de résistance, et celles-ci peuvent être soutenues par un support génétique chromosomique ou plasmidique. De plus, leur expression peut être inductible ou constitutive (**Robin et al., 2012**).

Il existe différentes classifications des β -lactamases :

- * La classification structurale d'Ambler : les enzymes des classes A, C et D sont dites à sérine active (type sérine), et la classe B regroupe les métallob β lactamases (type métallob-enzymes), qui ont besoin d'ions Zn^{2+} .
- * La classification fonctionnelle de Bush : reposant sur l'activité hydrolytique et la sensibilité des β - lactamases aux inhibiteurs (**Robin et al., 2012**).

III.4.1.3. Imperméabilité par modification des porines

La modification des porines entraîne un défaut de passage et donc une absence de concentration intracellulaire. Cette résistance peut concerner plusieurs familles simultanément comme les b-lactamines, les tétracyclines et les quinolones (**Fernández & Hancock, 2012**).

III.4.1.4. Efflux actif via des pompes

Les bactéries activent ou acquièrent un système de pompe permettant de refouler les antibiotiques vers l'extérieur de la cellule bactérienne, empêchant ainsi son action. Ce mécanisme est retrouvé fréquemment chez *P.aeruginosa* (**Westbrock-Wadman et al., 1999**).

III.4.2. Émergence et transmission des résistances

III.4.2.1. Transfert du matériel génétique

Il existe trois types de transferts de gènes de résistance via le transfert de matériel génétique mobile (**Figure 15**) :

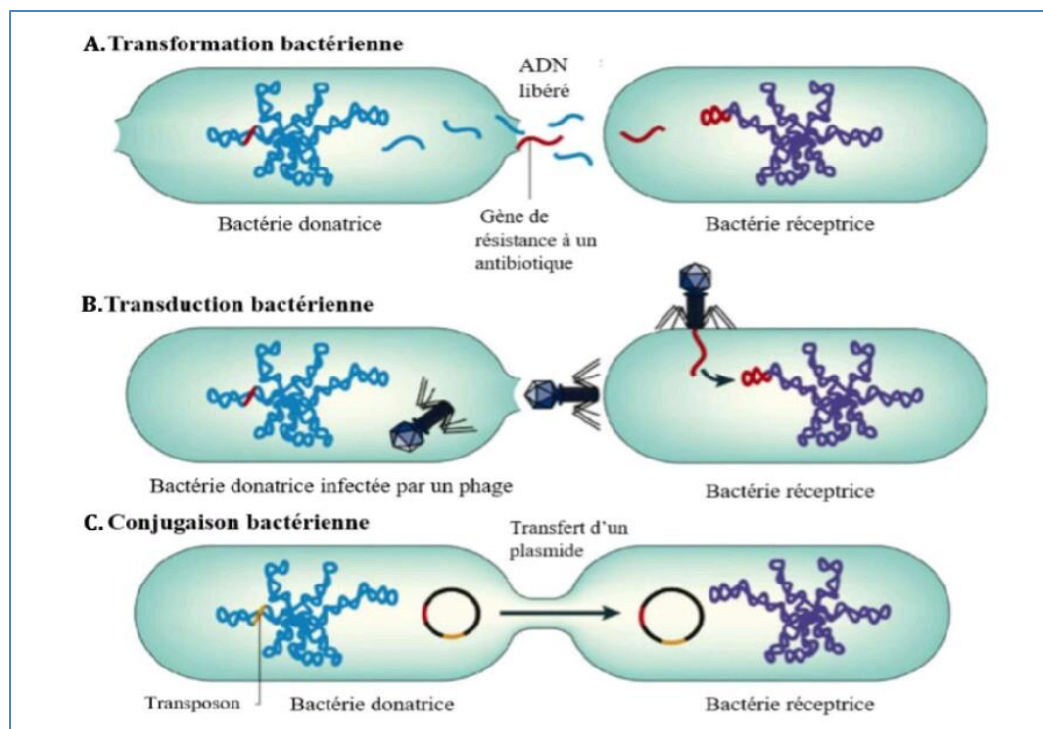


Figure 15 : Différents mécanismes d'acquisition des résistances chez les bactéries (**Furuya & Lowy, 2006**)

* Transformation

Elle correspond au transfert passif de l'ADN d'une bactérie à une autre. Ce type de transfert est partiel (moins de 1% du génome bactérien) et, est donc limité. Ainsi, il est nécessaire qu'une bactérie receveuse dite « en état de compétence » et seules les espèces proches de la bactérie donneuse en soient capables. De plus, la fréquence d'apparition de ce transfert dans la population bactérienne est de l'ordre de 10^{-4} à 10^{-6} . Toutefois, s'il y a transfert, la bactérie receveuse acquiert de nouveaux caractères génétiques stables et transmissibles (**Scott et al., 2019**).

* Transduction

La transduction correspond au transfert du matériel génétique d'un virus bactériophage à une bactérie receveuse. Cette dernière peut intégrer le matériel et acquérir des gènes nouveaux. D'autre part, si ce dernier est recombinant (capacité de s'insérer dans le génome) et qu'il provient d'une autre bactérie, elle peut acquérir des gènes de résistance aux antibiotiques (**Buard, 2013**). Le transfert du matériel génétique peut se faire directement d'un virus à une bactérie, il s'agit alors de la conversion. Cela peut également donner de nouveaux caractères pour la bactérie comme le cas de la sécrétion de la toxine diphtérique ou la sécrétion de la toxine érythrogyne du streptocoque A. Aussi, l'efficacité de ce mécanisme est légèrement meilleure que celle de la transmission mais moindre que la conjugaison. La fréquence d'apparition de ce phénomène dans la population bactérienne approche les 10^{-6} et représente un échange avoisinant à peu près les 1 à 2 % du génome bactérien (**Maurin, 2013**).

* Conjugaison

C'est un mécanisme extra-chromosomique qui permet de transférer un plasmide (élément génétique mobile et autonome présent ou absent dans le cytoplasme des bactéries), sur lequel se trouve un gène appelé facteur F, et qui a la capacité de coder la biosynthèse d'un pilus sexuel, permettant l'accolement des deux bactéries (donneuse et receveuse) et de mobiliser un fragment d'ADN entre les deux. Par contre, si le plasmide transféré est recombinant, il s'intègre au chromosome de la bactérie receveuse grâce à des transposons. Sinon, il reste libre dans le cytoplasme et, est susceptible d'être à son tour transmis à d'autres bactéries (**Maurin, 2013**).

III.5. Antibiorésistance des entérobactéries pathogènes

L'évolution rapide de la résistance bactérienne aux antibiotiques est un phénomène actuellement préoccupant dans les pays en voie de développement, où les pathogènes résistants aux antibiotiques peuvent avoir une plus forte prévalence surtout dans certains pays africains (**Bradford, 2001**). En Algérie, les récentes données de résistance aux antibiotiques indiquent une situation inquiétante. En effet, ces dix dernières années ont été marquées par l'émergence et la dissémination de nouveaux gènes de résistance notamment dans le nord du pays. Ainsi, les défis majeurs de cette résistance ont été rencontrés principalement chez différentes espèces d'entérobactéries pathogènes (**Figure 16**) (**Arlet, 2014**).

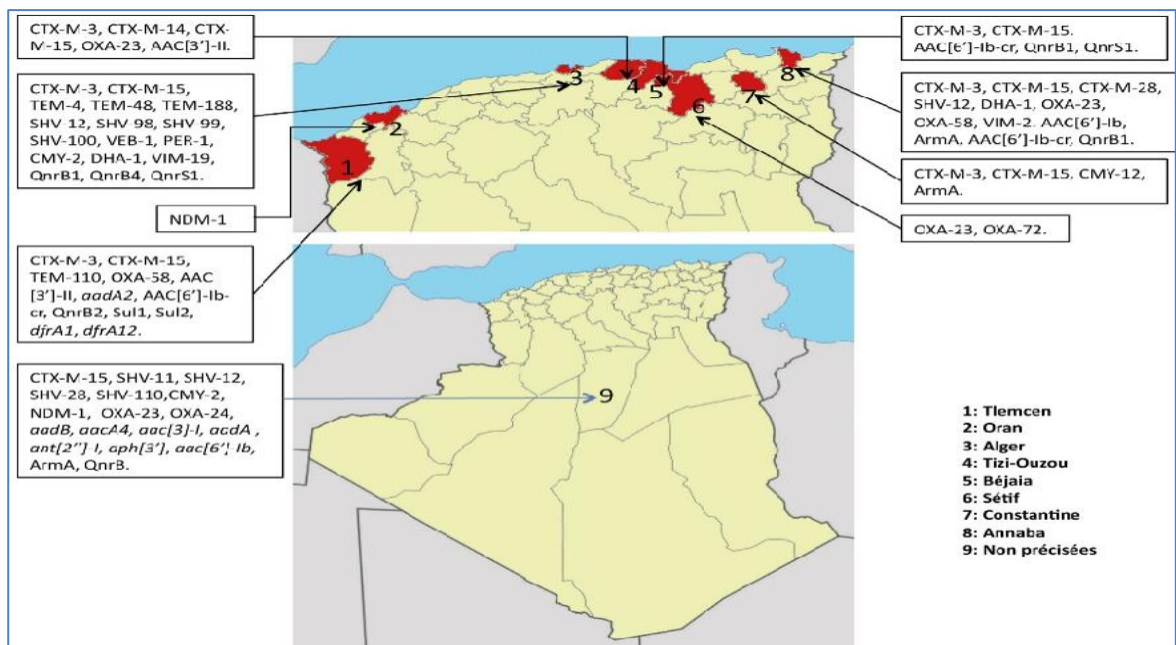


Figure 16 : Répartition des différents mécanismes de résistance aux antibiotiques sur le territoire algérien (Arlet, 2014)

III.5.1. Résistance aux bêta-lactamines

Les germes produisant des bêta-lactamases à spectre élargi (BLSE), des bêta-lactamases de type AmpC et des carbapénémases sont particulièrement problématiques, car ces enzymes confèrent une résistance à de nombreux antibiotiques utilisés en pratique courante et même à des antibiotiques de deuxième ligne. En effet, les gènes codant pour ces bêta-lactamases se trouvent souvent sur des structures génétiques mobiles, telles que des plasmides et sont donc facilement transférés d'une bactérie à une autre. De plus, ces gènes de résistance sont souvent transmis avec des résistances à d'autres antibiotiques comme la ciprofloxacine (31-57 %), le

co-trimoxazole (49-86 %) et les amino-glycosides (gentamicine 17-50 %) (**Hassing *et al.*, 2015**).

En outre, la résistance croissante des entérobactéries aux antibiotiques, principalement celle des entérobactéries productrices de carbapénémases (EPC) est devenue une préoccupation importante pour laquelle une prise en charge préventive immédiate et organisée, est nécessaire (**Carmeli *et al.*, 2010**).

En plus, la plupart des EPC portent des gènes de résistance aux autres classes d'antibiotiques, qui leur confèrent une multi-résistance aux antibiotiques et non seulement aux carbapénèmes et qui sont facilement transmises entre les entérobactéries (en raison de leur localisation plasmidique) (**Nordmann & Poirel, 2014**).

Ainsi, les carbapénémases les plus importantes du point de vue clinique et épidémiologique sont les, KPC (*Klebsiella pneumoniae* carbapenemase), NDM-1 (New Delhi metallo-bétalactamase) et OXA-48 (Oxacillinase). Assurément, la première KPC a été identifiée en 1996 aux États-Unis. Ce pays connaît désormais une endémicité de KPC, tout comme Israël, l'Italie, la Grèce, la Roumanie, la Colombie, le Brésil, l'Argentine, la Chine et Taiwan. Néanmoins, les KPCse sont également propagées dans d'autres pays (**Figure 17a**).

Concernant les EPC de type NDM-1, elles ont été isolées pour la première fois en Suède chez une patiente en provenance d'Inde et ont ensuite été reconnues comme endémiques. D'un autre côté, une forte prévalence de NDM-1 est maintenant retrouvée dans la région des Balkans, le nord de l'Afrique et la Péninsule Arabique (**Figure 17b**). Quant aux EPC de type OXA-48, elles ont été découvertes en Turquie en 2003. Par ailleurs, elles ne causent qu'une légère diminution de la sensibilité aux carbapénèmes, à moins qu'elles soient associées à d'autres mécanismes de résistance (BLSE, AmpC, perte de porines ou de pompes à efflux). C'est pour cette raison, que la détection d'OXA-48 au niveau microbiologique est difficile. Actuellement, les pays endémiques pour les OXA-48 sont la Turquie, les pays du Nord de l'Afrique et de l'Inde (**Figure 17c**) (**C.-R. Lee *et al.*, 2016**).

D'autre part, bien qu'il y ait des pays identifiés comme endémiques pour les carbapénémases, l'épidémiologie peut changer rapidement vu l'important flux de personnes liées à la migration, au tourisme médical et au commerce mondial. Cependant, plusieurs pays considérés comme non endémiques ont connu des épidémies récurrentes d'EPC, qui peuvent être exportées dans les pays voisins (**Albiger *et al.*, 2015**).

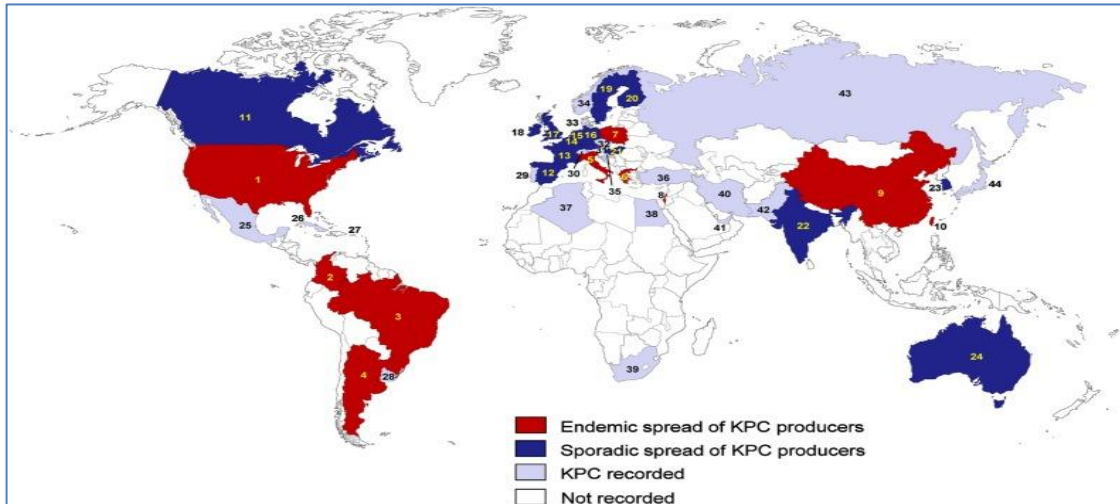


Figure 17a : Distribution mondiale des entérobactéries productrices de carbapénémase de type KPC, NDM et OXA-48 (C.-R. Lee *et al.*, 2016)

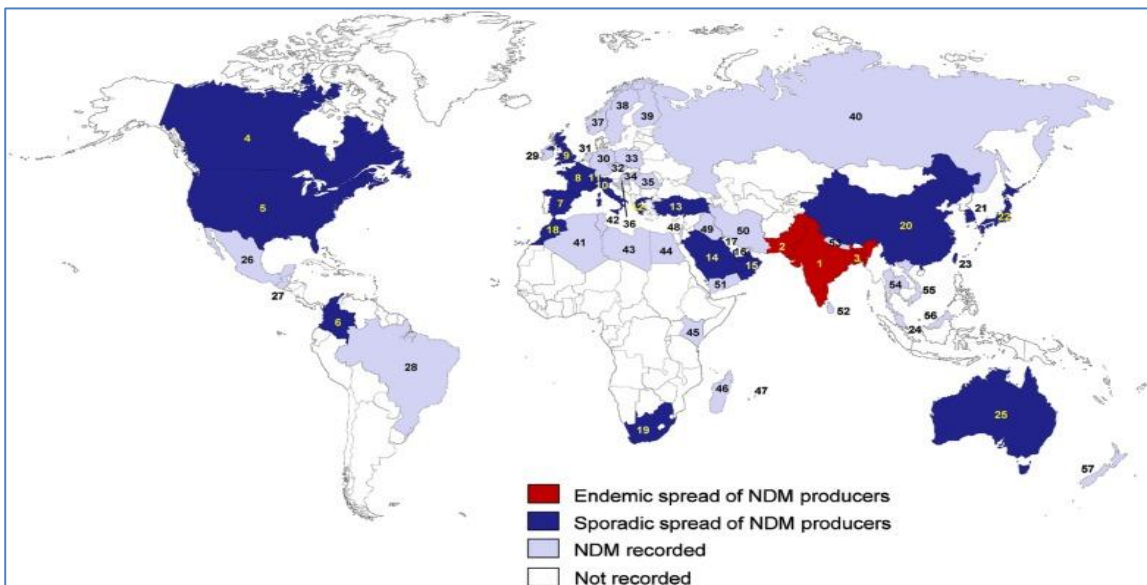


Figure 17b : Distribution mondiale des entérobactéries productrices de carbapénémase de type NDM (C.-R. Lee *et al.*, 2016)

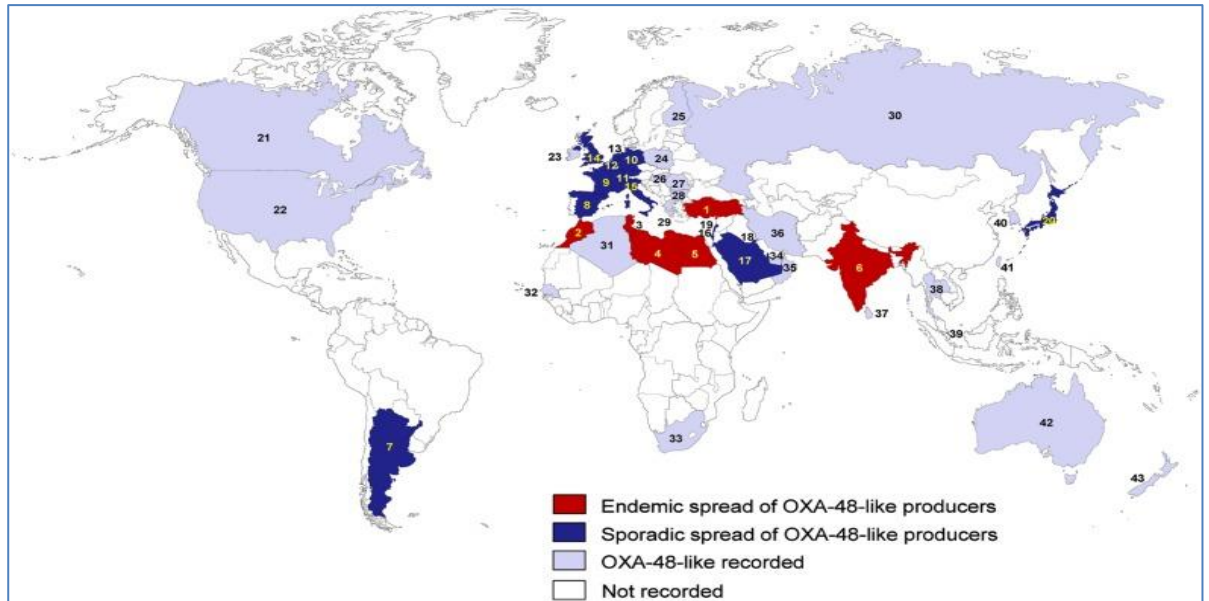


Figure 17c : Distribution mondiale des entérobactéries productrices de carbapénémase de type OXA-48 (C.-R. Lee *et al.*, 2016)

N.B : La couleur Blanche représente les pays où la distribution des bactéries productrices de la carbapénémase en question n'est pas connue, la couleur Lilas, les pays où des bactéries productrices de la carbapénémase ont été reportées, la couleur Bleue les pays avec dissémination sporadique des bactéries productrices de carbapénémase; la couleur Rouge ; les pays avec endémicité de bactéries productrices de la carbapénémase.

III.5.2. Résistance aux aminosides et aux quinolones

La résistance aux aminosides et aux quinolones est marquée par l'émergence et la dissémination des nouveaux déterminants de résistance tels que les méthylases de l'ARN 16S [16S-RMTase], dont les ArmA, RmtB et RmtC et les déterminants de résistance plasmidique aux quinolones (plasmid-mediated quinolones resistance [PMQR]), comme les gènes *qnr* ou encore l'enzyme bi-fonctionnelle AAC [6]-Ib-cr (Magnet & Blanchard, 2005).

III.5.3. Résistance aux sulfamides

La résistance aux sulfamides est parfois liée à la présence des intégrons de classe 1 (*sul1*), qui portent souvent des cassettes de résistance à la streptomycine et au triméthoprime (Bean *et al.*, 2005). La fréquence avec laquelle ces nouvelles enzymes ont été décrites dans la littérature, reflète non seulement le rythme des découvertes et la capacité de différencier les enzymes, mais également leur apparition et leur rapide évolution sous la pression sélective de l'utilisation des antibiotiques (Paterson & Bonomo, 2005).

III.5.4. Résistance à la colistine

La récente découverte d'une résistance transmissible à la colistine en Chine vers la fin 2015, a donné lieu à de nombreux rapports sur le gène *mcr-1* transmis par les plasmides chez les animaux producteurs d'aliments, ainsi qu'à des échantillons cliniques dans le monde entier (**Al-Tawfiq *et al.*, 2017**).

En revanche, une étude rétrospective menée par **Zurfluh *et al.* (2016)** a indiqué que le gène *mcr-1* a été détecté dans trois isolats d'*E.coli* de poulet, lorsque la colistine a commencé à être utilisée pour la première fois chez des animaux producteurs d'aliments en Chine et suggère que l'émergence du gène *mcr-1*, s'est produite beaucoup plus tôt que prévu. Ce gène *mcr-1* a jusqu'à présent été associé à des types non apparentés de réplicons plasmidiques tels que IncI2, IncHI2, IncP, IncFIB et IncX4 et n'a été que rarement trouvé porté sur le chromosome (**Grami *et al.*, 2016**).

De plus, des souches *E.coli* hébergeant les gènes *mcr-1* et *blaCTX-M-1*, co-localisés sur le même plasmide de type IncHI2, ont été précédemment décrites en Tunisie (**Grami *et al.*, 2016**).

CHAPITRE IV

LES MÉTHODES DE SURVEILLANCE DES ENTÉROBACTÉRIES PATHOGÈNES ET LEURS MESURES PRÉVENTIVES

IV.1. Méthodes de contrôles microbiologiques

Le monde animal est un vaste réservoir d'entérobactéries pathogènes pouvant contaminer l'homme par contact direct ou indirect, soit en polluant l'environnement ou en contaminant l'alimentation. Ainsi, les entérobactéries pathogènes représentent la première cause identifiée de toxi-infections alimentaires collectives dans le monde, ce qui justifie l'organisation de systèmes permanents de surveillance chez l'homme et dans diverses niches écologiques (Sauget *et al.*, 2017).

IV.1.1. Marqueurs épidémiologiques

Les marqueurs épidémiologiques sont des caractères discriminants qui permettent de distinguer au sein d'une espèce bactérienne les souches de plusieurs origines. Ainsi, un marqueur épidémiologique est évalué suivant plusieurs critères à savoir les critères de performances et de pratiques (Hunter, 1990; Talon *et al.*, 1996).

IV.1.1.1. Méthodes phénotypiques

Les marqueurs historiques étaient des caractères bactériens aisément observables. Ces marqueurs phénotypiques (biotype, anti-biotype, sérotype, lysotype), ont peu à peu été abandonnés en raison d'un manque de reproductibilité, mais aussi à cause de leur faible pouvoir discriminant et quelquefois suite à leur faible typabilité (Joly-Guillou *et al.*, 1990). Ainsi, les méthodes moléculaires ont augmenté significativement la sensibilité de la détection des bactéries entéropathogènes par rapport à la coproculture (Buchan *et al.*, 2013; Liu *et al.*, 2014).

IV.1.1.2. Méthodes génotypiques

Face aux performances limitées des marqueurs phénotypiques, de multiples marqueurs génotypiques ont été développés reposant soit sur des techniques de restriction de l'ADN ou bien sur l'amplification des gènes. En effet, les méthodes d'amplifications géniques de première génération sont très nombreuses et reposent sur l'identification de séquences connues ou sur le polymorphisme génomique de séquences déterminées. En outre, même si de nombreuses techniques de typage moléculaire sont actuellement disponibles, en pratique, uniquement deux techniques sont considérées comme des méthodes de référence dont l'électrophorèse en champ pulsé PFGE (Pulsed-Field Gel Electrophoresis) et la technique de MLST (Multi locus Sequence Typing) (Sauget *et al.*, 2017).

* Electrophorèse

Le terme électrophorèse décrit la migration de particules chargées sous l'influence d'un champ électrique. Il s'agit d'une méthode d'analyse (identification et dosage) qualitative, quantitative et de séparation basée sur la migration différentielle de particules chargées électriquement sous l'influence d'un champ électrique (**Bouchkrit, 2020**).

* Analyse de plasmides

L'analyse du plasmide est basée sur la mise en évidence du nombre et du poids moléculaire de ce dernier. L'ADN plasmidique est extrait grâce à l'électrophorèse en gel d'agarose. Les souches fréquemment liées contiennent le même nombre de plasmides avec le même poids moléculaire et le même phénotype (**Lee et al., 2008**). Ces techniques ont été utilisées pour isoler des bactéries pathogènes dans des enquêtes épidémiologiques et pour déterminer le lien entre la présence de plasmides et la résistance aux antibiotiques (**Akiyama & Khan, 2012**).

* Ribotypage

La technique de ribotypage est basée sur l'existence chez les bactéries de plusieurs opérons de l'ARN ribosomal. Ceux-ci codent les gènes 16S-23S-5S. En effet, les gènes 16S et 23S sont séparés par une région inter génique (non-codante) de taille variable. En outre, la technique du ribotypage consiste à amplifier par PCR ces régions intergéniques qui varient donc en nombre et en longueur. Les amorces choisies permettent une amplification depuis un segment du gène du 16S jusqu'à un autre du 23S. Ainsi, les amplicons obtenus sont analysés par électrophorèse capillaire sur un séquenceur (**Klamer, 2020**).

* Réaction de polymérisation en chaîne (PCR)

La quantité d'ADN récupérée lors de l'extraction est trop faible pour être considérée comme un échantillonnage représentatif. Afin de comparer ou d'étudier l'ADN extrait, celui-ci doit être amplifié par la réaction de polymérisation en chaîne (PCR) (**Huybens et al., 2009; Velusamy et al., 2010**). Cette technique permet d'obtenir un nombre important (jusqu'à un million) de copies d'une séquence choisie d'ADN (**Lalam, 2006**). Il s'agit d'une méthode d'amplification enzymatique in vitro, par opposition à la méthode in vivo qui implique le clonage du fragment et l'amplification dans une bactérie. Elle implique qu'une partie de la séquence d'ADN soit connue. De plus, il est nécessaire d'avoir des informations concernant les séquences codant l'ADN cible. A partir de ces informations, deux oligonucléotides d'environ 15 à 25 paires de bases sont élaborées. Ils doivent s'hybrider spécifiquement aux deux

extrémités de la séquence à amplifier, chaque oligonucléotide se fixant à l'un des deux brins. Ces deux oligonucléotides servent d'amorces à une ADN polymérase (**Kumar *et al.*, 2008; Lee *et al.*, 2008**).

* Spectrométrie de masse de type MALDI-TOF

Les méthodes d'identification des entérobactéries pathogènes telles que les caractéristiques phénotypiques et les propriétés biochimiques sont longues et coûteuses et ont été progressivement remplacées au cours de la dernière décennie par la méthode MALDI-TOF-MS (**Randell, 2014**). Ainsi, la méthode MALDI-TOF a été largement introduite comme technique de diagnostic dans les laboratoires de microbiologie, de première ligne en raison de sa grande précision de résultats, sa robustesse, sa fiabilité et son délai d'exécution rapide (**Figure 18**) (**Clark *et al.*, 2013**).

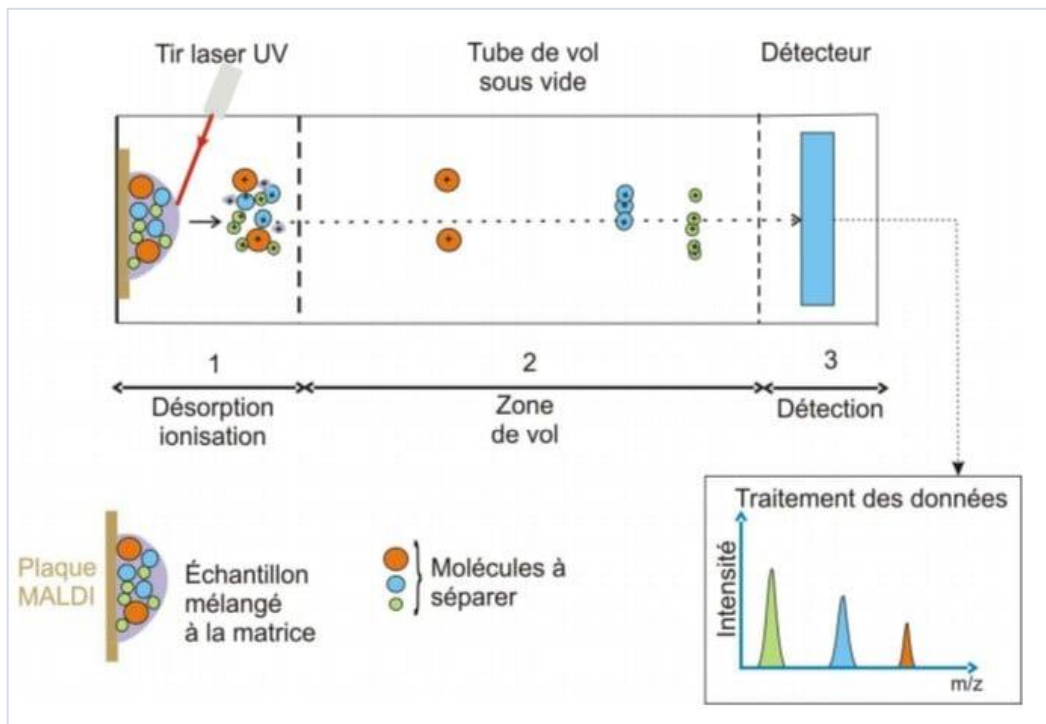


Figure 18 : Principe de la spectrométrie de masse de type MALDI-TOF (**Anonyme, 2020**)

La MALDI-TOF MS a plusieurs avantages si on la compare à d'autres outils de diagnostic, tels que les tests d'amplification en chaîne par polymérase (PCR). Une fois que le spectromètre de masse et les bases de données correspondantes sont disponibles dans un laboratoire, l'identification des agents pathogènes individuels est peu coûteuse et la procédure de préparation des échantillons ne nécessite ni techniciens hautement qualifiés, ni infrastructure de laboratoire supplémentaire complexe (**Chabriere *et al.*, 2018**). Il est à noter que la MALDI-

TOF MS est beaucoup moins sujette à la contamination et que les résultats sont disponibles en quelques minutes (**Chabriere *et al.*, 2018**).

IV.1.1.3. Méthodes immunologiques

*** Enzyme LinkedImmunoSorbentAssey (ELISA)**

Le dosage immuno-enzymatique ELISA (Enzyme-LinkedImmunosorbentAssay) est une technique biochimique qui combine un dosage immunologique avec un essai enzymatique. Un anticorps lié à une matrice solide est utilisé pour capturer l'antigène à partir de cultures d'enrichissement et un second anticorps conjugué à une enzyme est utilisé pour la détection. L'enzyme est capable d'émettre un signal qui peut être détecté par un changement de couleur par un substrat chromogène ou fluorogène, qui permet de mesurer indirectement en utilisant un spectrophotomètre, l'antigène d'un micro-organisme ou d'une toxine, présent dans l'échantillon (**Jasson *et al.*, 2010**).

IV.2. Mesures préventives

IV.2.1. Prescriptions applicables aux exploitations

L'aliment et l'eau constituent les intrants les plus importants dans un élevage intensif. Cependant, le maintien de la qualité de ces deux éléments durant toute la période de l'élevage est fondamental. Ainsi, afin de diminuer voire éradiquer les agents pathogènes quelques mesures sont à appliquer et sont constituées :

- Du nettoyage, de la désinfection et de la purge des systèmes d'eau ;
- De l'analyse régulière de la qualité de l'eau ;
- Du nettoyage des abreuvoirs (**GIPAC, 2017**).

Quant à la qualité de l'aliment fini, elle dépend en grande partie de la qualité des matières premières et du respect des règles d'hygiène au cours du processus de fabrication (application du système HACCP, thermisation).

-La litière doit être entretenue pour rester sèche et friable et ne doit jamais être poussiéreuse, agglomérée ou humide (**GIPAC, 2017**).

- Les locaux d'entreposage devraient être visés par un programme de lutte antiparasitaire (**ITAVI, 2019**).
- La lutte contre les nuisibles se fait en continue, elle vise les oiseaux, les moustiques, les mouches et les rongeurs, car, la présence de ces nuisibles dans le bâtiment gêne les

volailles (stress, nervosité, picage) et présente un risque sanitaire par l'intermédiaire de diffusion des agents pathogènes d'une unité d'élevage à une autre **(ITAVI, 2019)**.

IV.2.2. Prescriptions applicables au niveau des abattoirs

Les établissements doivent être conçus et aménagés d'une manière à permettre la mise en œuvre des bonnes pratiques d'hygiène et de prévenir la contamination des denrées alimentaires **(JO, 2021)**:

- Dans les locaux où l'on procède à l'abattage des animaux, au traitement et à l'entreposage des viandes, les sols doivent être lisses, résistants, antidérapants, imperméables, imputrescibles et étanches et la surface des murs doit être enduite d'un revêtement lisse, clair, imperméable et résistant de façon à réduire les dépôts de poussière et de saleté **(Bensid, 2018)**.
- Le nettoyage et la désinfection constituent l'un des moyens les plus efficaces dont disposent les industries de la viande, pour prévenir le risque de toxi-infections alimentaires, prolonger la durée de conservation des viandes et assurer la sécurité des employés et du personnel d'entretien **(Bensid, 2018)**.
- L'eau utilisée pour les procédures de nettoyage et de transformation de la viande dans les abattoirs doit répondre aux normes en matière d'eau potable. Un approvisionnement adéquat en eau potable doit être disponible pour répondre aux besoins opérationnels de nettoyage et doit être analysée fréquemment pour confirmer sa qualité **(Adebowale et al., 2010)**.
- Les personnes manipulant les viandes fraîches doivent notamment porter des coiffes et des chaussures propres et faciles à nettoyer. Elles devraient consciencieusement laver leurs vêtements de protection, les changer et/ou les aseptiser au besoin pour minimiser autant que possible les risques de contamination croisée **(Haileselassie et al., 2013)**.
- Le matériel ou le moyen destiné au transport des denrées alimentaires doit être exclusivement affecté à cet usage. Les véhicules et les conteneurs utilisés pour le transport de la viande réfrigérée non protégée doivent être frigorifiés et munis de joints empêchant l'accès de toute source de contamination et équipés de railles aériennes correctement espacées et conçues pour empêcher que la viande entre en contact avec le sol. Ils doivent être équipés de manière à permettre la surveillance des conditions de température et d'humidité **(JO, 2017)**.

IV.2.3. Lutte contre l'antibiorésistance

Depuis plus de deux décennies, l'OMS reconnaît la résistance aux antibiotiques comme une menace mondiale croissante pour la santé, incitant la communauté internationale à prendre des mesures pour réduire l'émergence et la propagation des résistances (**Sengupta et al., 2013**). Ces dernières années, si l'antibiorésistance s'est hissée au rang des priorités parmi les menaces sanitaires au niveau mondial, elle demeure cependant un danger encore sous-évalué par le grand public, voire les professionnels eux-mêmes.

Dans la lutte contre l'antibiorésistance en santé animale et humaine, quatre grandes stratégies sont prônées (**Badau, 2021; J. Li et al., 2017**) :

- **La prévention**: l'usage raisonné des antibiotiques (aux bonnes doses, voies et durée d'administration pour la bactérie réellement à l'origine de l'infection et au moment approprié (**OMS, 2018a**), voire leur limitation pour diminuer la pression de sélection sur les bactéries (**Davies & Davies, 2010**), le développement et l'usage de la vaccination et la maîtrise de la transmission des bactéries ;
- **La surveillance** : des résistances des bactéries (pathogènes, zoonotiques ou commensales) et de la consommation d'antibiotiques ;
- **La recherche** : en matière d'antibiorésistance (dynamique et mécanisme) et de la mise au point de nouvelles solutions thérapeutiques (antibiotiques ou alternatives) ;
- **La sensibilisation** de tous les acteurs concernés (professionnels comme grand public) (**Boireau, 2019**).

PARTIE PRATIQUE

Objectif

Cette étude a pour principal objectif de :

- Déterminer les facteurs de risque potentiels favorisant la contamination de la chaîne alimentaire par les entérobactéries pathogènes, d'évaluer la sensibilité des entérobactéries isolées, vis-à-vis de différentes familles d'antibiotiques et de caractériser les gènes de résistance à ces antibiotiques.

Ainsi, la partie pratique comporte deux grandes parties expérimentales divisées en plusieurs chapitres.

La partie I est partagée en 3 chapitres et a permis de :

- Déterminer le taux de contamination de la chaîne alimentaire, par les entérobactéries pathogènes au niveau de la région d'Oum El Bouaghi située à l'Est Algérien ;
- Définir les facteurs de risque potentiels favorisant la contamination par les entérobactéries pathogènes.

Cette partie a été réalisée à l'Institut des Sciences Vétérinaires El-Khroub, Constantine, au niveau du laboratoire de recherche Gestion de la Santé et Productions Animales et également au sein du laboratoire du département d'hygiène et de technologie alimentaire de la Faculté de Médecine Vétérinaire, de l'Université Mustafa Kemal à Hatay, Turquie.

La partie II est scindée en 3 chapitres et a permis :

- D'étudier la sensibilité des entérobactéries isolées dans la partie 1 et déterminer les profils de résistance vis-à-vis des différentes familles d'antibiotiques ;
- D'identifier les gènes de résistance aux antibiotiques testés.

Cette partie a été réalisée au niveau du laboratoire du département d'hygiène et de technologie alimentaire, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université Mustafa Kemal à Hatay, Turquie.

L'organigramme ci-dessous, résume l'organisation des chapitres dans les deux parties pratiques.

Partie pratique

Partie I :

Etude des facteurs de risque potentiels favorisant la contamination de la chaîne alimentaire par les entérobactéries pathogènes

Chapitre 1 : Enquête épidémiologique

Chapitre 2 : Dénombrement et identification des bactéries

Chapitre 3 : Evaluation des facteurs de risque potentiels

Partie II :

Etude de la sensibilité des entérobactéries pathogènes aux antibiotiques

Chapitre 1 : Enquête sur l'utilisation des antibiotiques

Chapitre 2 : Evaluation de la sensibilité des bactéries isolées

Chapitre 3 : Identification des gènes de résistance

PARTIE I

**ÉTUDE DES FACTEURS DE RISQUE POTENTIELS
FAVORISANT LA CONTAMINATION DE LA CHAÎNE
ALIMENTAIRE PAR LES ENTÉROBACTÉRIES
PATHOGÈNES**

MATERIEL & METHODES

I.1. Matériel & Méthodes

I.1.1. Matériel

I.1.1.1. Présentation de la région d'étude

Notre étude s'est déroulée dans la wilaya d'Oum El-Bouaghi, située au Nord-est de l'Algérie. Le chef-lieu de la wilaya est situé à 500 km à l'est de la capitale, Alger. Elle compte 782 188 habitants (Estimée en 2019) avec une densité de 99,3 habitants par km² et, est divisée en 12 daïras et 29 communes. Elle est limitée :

- Au Nord par la wilaya de Constantine ;
- Au Nord-est par les wilayas de Guelma et Souk Ahras ;
- Au Nord-ouest par la wilaya de Mila ;
- Au Sud-ouest par la wilaya de Batna ;
- Au Sud par la wilaya de Khenchela ;
- Au Sud-est par la wilaya de Tébessa (**DPSB, 2019**).

Elle s'étend sur une superficie de 6187,96 km² et s'étale sur deux zones : les hautes plaines constantinoises au Nord et les hauts plateaux au Sud. L'ensemble du territoire de la wilaya se situe entre 35°24' et 35°14' Nord pour la latitude et 5°59' et 7°56' Est pour la longitude. Au centre, la haute plaine, l'altitude varie de 750 mètres à 900 mètres (**Tolba et al., 2018**).

Le climat est plutôt continental froid et pluvieux en hiver, chaud et sec en été. Oum El-Bouaghi est une wilaya à vocation agro-pastorale et dispose d'une économie basée sur la pratique de la céréaliculture et de l'élevage. Les précipitations annuelles moyennes variant de 300 à 400mm sont plutôt favorables à la céréaliculture selon la direction de la programmation et du suivi budgétaire (**DPSB, 2019**).

I.1.1.2. Période d'étude

Notre étude s'est étalée sur une période allant de décembre 2017 à février 2020.

I.1.1.3. Population cible

Une étude transversale a été réalisée en utilisant un échantillonnage aléatoire simple. Vingt exploitations constituées de 5 fermes bovines, 5 ovines, 10 élevages avicoles et 10 abattoirs possédant une capacité d'abattage allant de 10 à 80 pour les bovins, 45 à 1200 pour les ovins et 500 à 6000 pour les poulets par jour, ainsi que 5 boucheries privées, ayant accepté

de participer volontairement au travail et localisées dans la province d'Oum El Bouaghi (Est de l'Algérie), ont fait l'objet de cette étude (**Figure 19**).

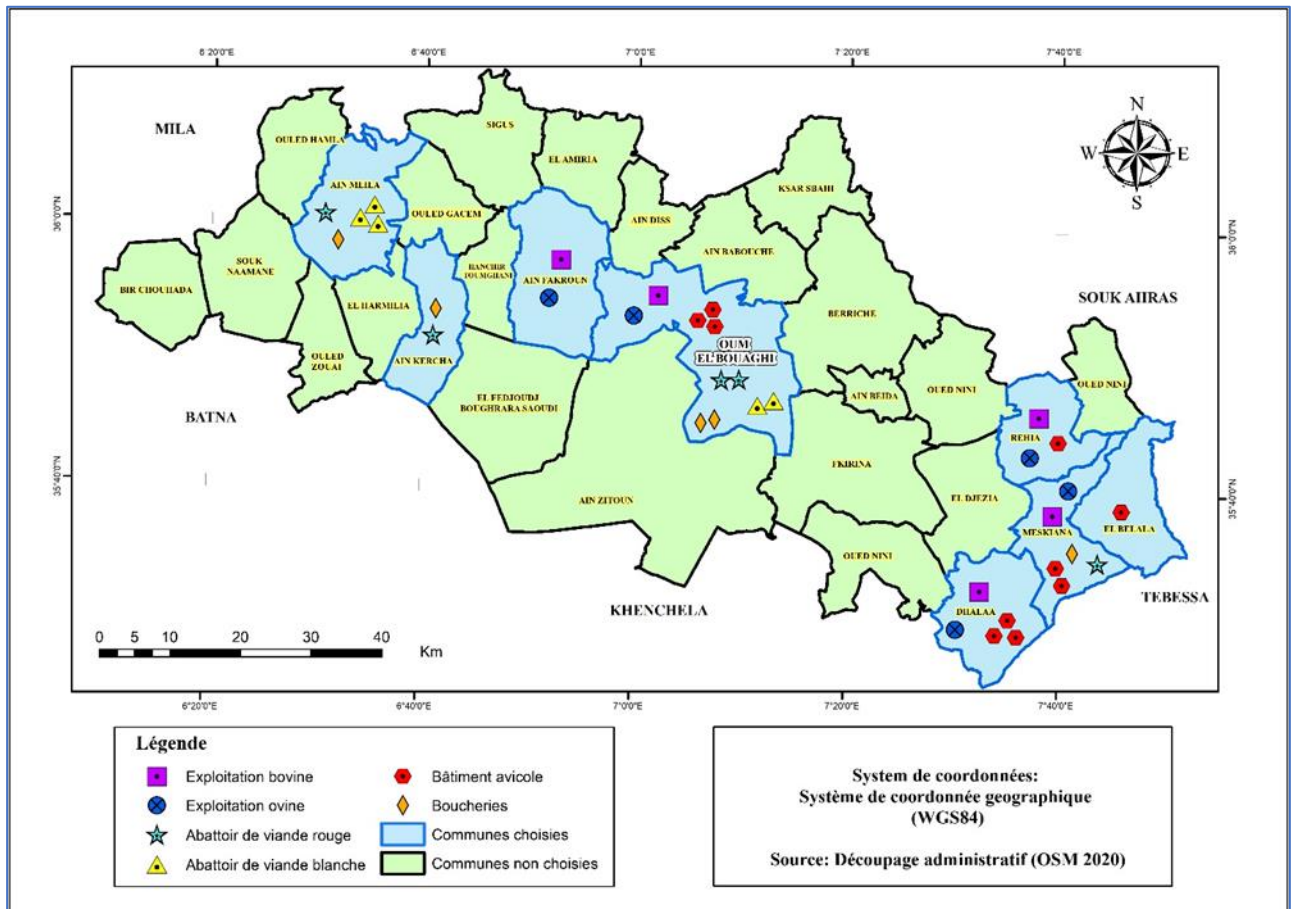


Figure 19 : Emplacement des fermes, des abattoirs et des boucheries étudiés dans la province d'Oum El Bouaghi, en Algérie.

I.1.1.4. Échantillonnage

Deux cents soixante-cinq (265) échantillons constitués de viandes, de peau du cou, de foie, d'aliments, de litière, d'eau, d'écouvillons de murs et de sols ont été prélevés. Les échantillons de viandes rouge et blanche ont été prélevés aseptiquement dans des sacs Stomachers stériles et entreposés dans des glacières, puis transportés au laboratoire. Le pool d'aliments était constitué de 5 prélèvements de 5g d'aliments, prélevés aléatoirement de 5 mangeoires différentes et mélangés dans un seul sac stérile. Le pool de la litière était constitué de 5 prélèvements de 5g de litière, prélevés aléatoirement de 5 coins différents et entreposés dans un seul sac stérile. Les pools de la peau du cou et du foie étaient constitués de 15 prélèvements, regroupés en 5 échantillons constitué chacun de 5 g, prélevés de 5 poulets différents et mis dans des sacs stériles (**Elgroud et al., 2008**).

Par ailleurs, les écouvillons des murs et des sols ont été recueillis d'une façon aseptique dans des tubes stériles contenant 9 ml d'eau peptonée tamponnée, puis transportés au laboratoire dans des glacières. Le numéro d'identification et la date du prélèvement ont été reportés sur chaque sac et sur chaque flacon et notés sur un registre.

Le tableau 2, représente la nature, le type, le mode de prélèvements, les quantités et le nombre d'échantillons prélevés dans chaque exploitation.

Tableau 2 : Répartition des prélèvements dans les exploitations, abattoirs et boucheries

Nombre et sites d'échantillonnage	Nature de prélèvements	Type d'échantillonnage	Lieu et quantité des prélèvements	Nombre de prélèvements
5 Fermes bovines	Mur, sol	Écouvillonnage	Surface de mur et sol	10
	Litière avec fèces	Sac de litière	1 pool de 5g x5	05
	Aliment	Sac d'aliment	1 pool de 5g x5	05
	Eau	Flacon d'eau	250mL d'eau	05
5 Fermes ovines	Mur, sol	Écouvillonnage	Surface de mur et sol	10
	Litière avec fèces	Sac de litière	1 pool de 5g x5	05
	Aliment	Sac d'aliment	1 pool de 5g x5	05
	Eau	Flacon d'eau	250 mL d'eau	05
10 Fermes avicoles	Mur, sol	Écouvillonnage	Surface de mur et sol	20
	Litière avec fèces	Sac de litière	1 pool de 5g x5	10
	Aliment	Sac d'aliment	1 pool de 5g x5	10
	Eau	Flacon d'eau	250mL d'eau	10
5 Abattoirs de viandes rouges	Mur, sol	Écouvillonnage	Surface de mur et sol	10
	Eau	Flacon d'eau	250 mL d'eau	05
	viande	Morceaux	30g de la carcasse	50
5 Abattoirs de viandes blanches	Mur, sol	Ecouvillonnage	Surface de mur et sol	10
	Eau	Flacon d'eau	250 mL d'eau	05
	Peau du cou	Morceaux	3 pools de 5x5g	15
	foie	Morceaux	3 pools de 5x5 g	15
5 Boucheries (Viandes blanches et rouges)	Viande rouge	Morceaux	30g de la carcasse	30
	Viande blanche	Morceaux	30g de la carcasse	25
Total				265

I.1.2. Méthodes

I.1.2.1. Enquête épidémiologique

* **Questionnaires**

Avant de formuler les questionnaires de l'enquête, des entretiens ont été réalisés pour faire l'état des lieux sur le terrain et pour cerner les éléments à traiter.

Un premier questionnaire est réalisé pour étudier les conditions d'élevage. Celui-ci comporte des volets ayant trait aux structures des exploitations, aux installations, aux équipements et aux pratiques d'hygiène dans les fermes.

Au préalable, une pré-enquête a été effectuée, pour tester le questionnaire sur 2 exploitations et nous a permis de corriger le questionnaire final (**Annexe 1**).

Ainsi, le questionnaire utilisé lors de notre enquête comprend des questions qui, d'une part nous ont permis de caractériser les exploitations bovines, ovines et avicoles, enquêtées sur la base de différents aspects relatifs à leur fonctionnement et d'autre part, ont servi à la typologie de ces dernières.

Par ailleurs, un questionnaire structurel a été préparé et conçu pour les abattoirs et contient vingt questions de type fermé. Il est principalement axé sur les conditions d'abattage des animaux, les mesures de biosécurité, le personnel et les méthodes de nettoyage et de désinfection (**Annexe 2**).

Un autre questionnaire conçu pour les boucheries comprend des questions qui permettent de recueillir un maximum d'informations sur l'hygiène du personnel et de la manipulation ainsi que les conditions de conservation de la viande (**Annexe 3**).

La collecte des données est réalisée sur la base de nos observations et des réponses des éleveurs et des propriétaires des abattoirs et des boucheries.

* **Critères d'inclusion**

Les élevages et les abattoirs ont été choisis selon la coopération des services vétérinaires et des éleveurs, afin d'accéder facilement aux élevages et de réaliser les prélèvements nécessaires.

* **Évaluation de l'hygiène**

L'hygiène a été évaluée selon le guide des bonnes pratiques d'élevage pour la sécurité alimentaire en production animale (**OIE, 2006**).

I.1.2.2. Dénombrement et identification des bactéries

Les analyses microbiologiques ont été effectuées dans des conditions aseptiques avec un matériel stérile conforme à la norme ISO 7218 :2007 de microbiologie alimentaire. La prise d'essai des échantillons est conforme à ce qui est préconisé dans la norme ISO 6887 :1999, pour la préparation des échantillons, de la suspension mère et des dilutions décimales en vue de l'examen microbiologique.

Des pesées de 10 g et 25 g de viandes rouge et blanche, auxquelles 90 mL et 225 mL d'eau peptonée tamponnée à 0,1% (pH $7,0 \pm 0,2$) ont été ajoutées respectivement et homogénéisées au Stomacher blender, pendant 2 minutes à 150 tours. Les écouvillons provenant des fermes et des abattoirs ont été ensemencés directement en surface (stries) et en profondeur (dénombrement) sur une gélose sélective. La recherche de ces micro-organismes est basée sur les normes de standardisation internationales :

- * **Dénombrement et isolement des bactéries**

- **Dénombrement de la flore aérobie mésophile**

Le dénombrement de la flore aérobie mésophile est effectué selon la norme ISO 4833-2:2013. Des dilutions (10^{-3}) sont préparées à partir des 10g homogénéisés, 1 mL de chaque dilution est ensuite ensemencé sur la gélose Plate Count Agar (PCA) et incubé à 30°C pendant 48 h.

- **Dénombrement des Entérobactéries**

Le dénombrement des *Enterobacteriaceae* est effectué selon la méthode de référence NF EN ISO 21528-2 : 2017. À partir de la pesée des 10 g dilués avec les 90 mL d'eau peptonée tamponnée, des dilutions (10^{-3}) sont préparées. L'ensemencement en profondeur est réalisé sur la gélose agar Violet Red Bile Glucose (VRBG) et l'incubation est faite à 37°C. Cinq colonies caractéristiques roses à rouges ou violettes, avec ou sans halo de précipitation ont été sélectionnées et purifiées pour identification.

- **Dénombrement des coliformes fécaux**

Le dénombrement des coliformes thermotolérants (coliformes fécaux) par comptage des colonies obtenues à 44°C, est effectué selon la norme française version 08-050, de 2009 relative au dénombrement des coliformes fécaux. Les prélèvements sont dilués jusqu'à 10^{-3} . Un (1) ml des dilutions décimales est déposé dans des boîtes de Pétri vides préparées et numérotées à cet usage. Quinze (15) mL de gélose VRBL (Violet Red Bile lacose) fondue sont versées dans la boîte. Le contenu est homogénéisé en effectuant des mouvements circulaires et des «va-et-

vient » en forme de «8 » sur une surface fraîche et horizontale pour permettre à l'inoculum de se mélanger à la gélose. Cinq colonies caractéristiques roses à rouges ou violettes, avec ou sans halo de précipitation ont été sélectionnées et purifiées pour identification.

- **Lecture et interprétation**

Il s'agit de dénombrer toutes les colonies rouges ayant poussé en masse dans les boîtes en tenant compte des facteurs de dilutions. Seules les boîtes, contenant entre 15 et 300 colonies sont prises en compte. La moyenne arithmétique des colonies entre les différentes dilutions est ensuite calculée.

Le nombre **N** de microorganismes dénombrés est calculé à l'aide de l'équation suivante :

$$N = \frac{\sum C}{1,1 \times d}$$

Où :

N : nombre d'UFC par mL de produit initial.

$\sum C$: est la somme des colonies comptées sur les boîtes retenues.

d : est le taux de dilution correspondant à la première dilution.

- * **Identification des Salmonelles**

Pour l'identification de *Salmonella*, la méthode standard ISO 6579-1 :2017 a été utilisée. Un pré-enrichissement est préparé à partir de 25 g d'échantillons pesés et dilués avec 225 ml d'eau peptonée tamponnée (Condalab, Espagne). Tous les échantillons ont été incubés à 37°C pendant 18 à 24 heures. L'étape suivante consiste en l'enrichissement ; 0,1 ml de la culture a été transféré dans 10 ml de bouillon de soja Vassiliadis de Rappaport (Condalab, Espagne) et incubé à 42°C pendant 18 à 24 heures et 1mL de culture à 10 ml de Muller-Kauffman, incubé à 37°C pendant 24 h. Ensuite, les échantillons enrichis ont été ensemencés sur une gélose au Xylose Lysine Désoxycholate (Condalab, Espagne) et incubés à 37°C pendant 18h-24h. Les colonies caractéristiques (rouges à centre noir) ont été ré-isolées pour purification sur une gélose nutritive (Condalab, Espagne).

* Identification des isolats par galeries biochimiques

Dans cette étape une identification des entérobactéries a été réalisée sur la base des caractères biochimiques étudiés par la galerie API 20E (Biomérieux, France). Après purification, une colonie pure caractéristique, à Gram négatif, mobile à l'état frais est transférée dans 5 ml d'eau distillée stérile. Cette suspension bactérienne est introduite dans chaque micro-tube à l'aide d'une pipette pasteur stérile, avec la pointe appuyée à l'intérieur et sur les côtés pour éviter la formation de bulles. Pour certains caractères, les micros tubes sont remplis d'huile de paraffine après inoculation de la suspension pour assurer l'anaérobiose. Après 24h d'incubation à 37°C, des additifs sont ajoutés à quelques microtubes afin de compléter la lecture, dont l'interprétation se fait grâce à une grille de référence.

* Identification des isolats par Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionisation, TOF : Time-Of Flight (MALDI-TOF)

La spectrométrie de masse douce MALDI-TOF MS (*Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionisation, TOF : Time-Of Flight*) a été réalisée en utilisant le spectromètre de type Microflex LT (*BrukerDaltonics, Brême, Allemagne*), au niveau du département d'hygiène et de technologie alimentaires, Faculté de médecine vétérinaire, Université Mustafa Kemal à Hatay, Turquie.

I.1.2.3. Évaluation des facteurs de risque

Pour identifier les facteurs de risque qui prédisent la contamination par les *Enterobacteriaceae* dans les fermes, les abattoirs et les boucheries, une analyse uni-variée a été appliquée pour évaluer les relations entre la variable des résultats et chaque variable explicative.

I.1.2.4. Analyse statistique

Les données ont été saisies dans un fichier de calcul Excel et exportées vers le programme Statistical Package for Social Sciences (SPSS), version 24 (IBM, USA), pour l'analyse statistique.

Des statistiques descriptives comme la moyenne, la fréquence et le pourcentage ont été réalisées sur les différentes variables.

Une analyse uni-variée et une régression logistique ont été réalisées pour identifier les facteurs associés à la contamination bactérienne.

Une fois les tableaux de données créés, des tests du Chi² sont réalisés. Sont considérées significativement associées à la contamination par les entérobactéries pathogènes, les modalités dont le p-value est inférieur à 0,05 au seuil 95%.

RÉSULTATS & DISCUSSION

PARTIE I

Partie I

```
graph TD; A[Partie I] --- B[Chapitre 1  
Enquête épidémiologique]; A --- C[Chapitre 2  
Dénombrement et  
identification des  
bactéries]; A --- D[Chapitre 3  
Evaluation des facteurs  
de risque];
```

Chapitre 1
Enquête
épidémiologique

Chapitre 2
Dénombrement et
identification des
bactéries

Chapitre 3
Evaluation des facteurs
de risque

PARTIE I : CHAPITRE 1
ENQUÊTE ÉPIDÉMIOLOGIQUE

Chapitre 1 : Enquête épidémiologique

I.1. Résultats & Discussion

I.1.1. Caractéristiques des exploitations

Les résultats obtenus à travers le questionnaire ont permis de connaître les différents élevages où les prélèvements ont été effectués.

I.1.1.1. Exploitations bovine et ovine

* Conduite d'élevage

Notre étude montre que 60 % des exploitations bovines étaient situées en milieu urbain ou périurbain, où il a été constaté que le bétail est gardé en stabulation entravée dans toutes les exploitations étudiées. Cette stabulation est plus à risque et constitue un mode de conduite où la vache laitière reste attachée et occupe une stalle à l'intérieur d'une étable. L'animal attaché, a peu de degré de liberté et les fonctions d'affouragement, de traite, de paillage, d'évacuation des déjections, de contrôle et de surveillance, sont toutes réalisées à l'intérieur de l'étable par un opérateur et sont donc considérées comme un facteur de risque favorisant la multiplication des entérobactéries pathogènes.

En effet, la stabulation entravée ne permet pas un bon nettoyage du fait que les animaux restent cloîtrés durant l'année et la litière est rarement renouvelée. Cela a pour conséquences, des animaux avec des membres en permanence sales.

En outre, les résultats montrent que 60 % des sols sont en béton, recouverts de paille, tandis que les autres sont en terre battue (**Annexe 4**).

Les sols durs et de mauvaise qualité peuvent favoriser les microtraumatismes sur les pieds et peuvent alors provoquer des infections chez les animaux sains. Nos résultats sont comparables à ceux de **Somers *et al.* (2003)**, qui ont montré un désavantage significatif du béton (rainuré ou non), par rapport aux caillebotis et à l'aire paillée.

L'orientation des bâtiments et des bergeries tient généralement compte des vents dominants. De plus, 65% des bâtiments et des bergeries sont de vieilles constructions, quant au reste, ils sont dans un état plus ou moins dégradé (fissurations, trous dans la toiture). L'hygiène des bâtiments et des bergeries est souvent mal contrôlée, avec seulement 35% en bon état d'hygiène. Par ailleurs, les autres varient entre un état d'hygiène passable à sale (**Annexe 5**).

Selon le décret exécutif algérien n°04-82 du 18 mars 2004 ayant pour objectif de fixer les conditions et les modalités d'agrément sanitaire des établissements dont l'activité est liée aux animaux, les établissements d'élevage d'animaux doivent être conçus et équipés d'une façon à assurer le bien-être des animaux et construits avec des matériaux lisses et étanches, faciles à nettoyer, rendant aisée l'application des mesures de désinfection (JO, 2004).

D'autre part, la qualité de la litière a été appréciée par son humidité, la présence de déjections et la fréquence de nettoyage. Nos résultats montrent que dans 55% des exploitations bovines et ovines, la litière est peu abondante et la paille généralement réservée à la litière, est utilisée pour l'alimentation des animaux. Néanmoins, lorsqu'elle existe, elle est mal entretenue (litière sale, humide), en raison de son chargement et de son renouvellement peu fréquent (réduction du raclage par jour).

En revanche, 70% des exploitations visitées regroupent plusieurs bâtiments d'élevage suffisamment éloignés (moins de 500 m les uns des autres) et 60% des exploitations étudiées, donnent accès aux chiens et aux chats. L'équipement est limité au strict minimum (mangeoires et abreuvoirs) et le système de ventilation est statique dans toutes les exploitations. Cependant, dans 70% des exploitations, le stockage du fumier et de la nourriture se fait à l'intérieur de l'exploitation.

D'après Mbarek *et al.* (2014), l'existence d'une litière réduit de 50 % les mammites fortement liées à la propreté de l'aire de couchage. Or dans notre enquête, les mauvaises conditions hygiéniques précitées, associées à l'absence d'une litière sont des facteurs prédisposant à plusieurs pathologies. Ces dernières sont d'autant plus importantes que les conditions d'hygiène sont détériorées par une mauvaise aération pouvant augmenter le risque d'apparition des affections mammaires, oculaires et digestives (Khelef *et al.*, 2007). D'ailleurs, les fissurations des murs sont favorables aux courants froids qui peuvent développer les affections respiratoires. Dans nos exploitations, la promiscuité des bovins laitiers avec les petits ruminants et les poulets d'élevages traditionnels, favorise la transmission des maladies interspécifiques (ex : la tuberculose entre l'espèce bovine et avicole) et rend les animaux plus sensibles aux pathologies intra spécifiques comme les mammites, les métrites et les affections podales.

* Conduite sanitaire

En général, 70% des exploitations utilisent l'eau des puits, qui ne sont pas strictement contrôlées ou surveillées. Nos résultats montrent également que la majorité des exploitations visitées sont mal désinfectées. En outre, seulement 75% des exploitations étudiées sont exemptes de rats.

En effet, l'eau de boisson distribuée aux animaux est de qualité médiocre, en raison de la présence de déjections et de concentrés alimentaires qui favorisent la multiplication de bactéries et l'apparition de parasites pathogènes. Selon **Meyer and Denis (1999)**, dans les élevages laitiers, l'eau d'abreuvement doit être potable et de bonne qualité microbiologique.

I.1.1.2. Exploitations avicoles

*** Conduite d'élevage**

Les poulets de chair élevés sont de races variées telle que : ISA, COB500, Arbor d'âge de 50-55 jours à l'abattage pesant 2 Kg en moyenne.

La totalité des bâtiments avicoles enquêtés est constituée de nouvelles constructions. Le sol du bâtiment est composé dans 40% des élevages de terre battue, les autres sont bétonnés. Les alentours des poulaillers sont cimentés et comportent des fossés de drainage dans près de la moitié des élevages avec une capacité de production de 2000 à 6000 sujets par poulailler. De plus, la majorité des bâtiments d'élevage produit 3-4 bandes /an, 08 poulaillers sur 10 avaient une densité d'animaux supérieure à 10 poulets /m² et le taux de mortalité variait entre 4-7%.

Selon **Chaiba and Filali (2016)**, les élevages de poulet de chair où la densité est en dessous de 25 sujets par mètre carré, ont un taux de contamination plus faible que celui des élevages de densité supérieure à 25 sujets par mètre carré. Ceci est en accord avec les résultats rapportés par **Heyndrickx et al. (2002)**, qui ont constaté que la forte densité dans un élevage de poulets est un facteur favorisant la contamination par les entérobactéries pathogènes.

Le nombre de bâtiments d'élevage était variable selon les exploitations et 60% des exploitations comprenaient au moins deux bâtiments (**Annexe 6**). Sept élevages parmi les 10 étudiés n'ont pas de clôture et donnent libre accès aux animaux (chiens et chats). Cela pourrait refléter directement ou indirectement la contamination des exploitations par ces animaux, reconnus par différents auteurs pour leur rôle de réservoir et de vecteur de transmission des entérobactéries pathogènes (**Rose et al., 1999; Van Immerseel et al., 2005**).

*** Conduite sanitaire**

L'absence d'hygromètre dans la totalité des élevages enquêtés pose des problèmes de maîtrise des conditions ambiantes, notamment en saison chaude. Nos résultats concordent avec ceux de **Elgroud et al. (2008)**, qui ont montré que sur 30 élevages de poulet de chair dans la région de Constantine, l'hygrométrie est complètement méconnue et que l'hygromètre est totalement absent dans les bâtiments.

Dans la totalité des élevages enquêtés il a été constaté que les éleveurs utilisent des antibiotiques pour traiter les différentes affections. Par ailleurs, seulement 20% des élevages ne présentent aucun symptôme lié aux entérobactéries pathogènes telles que la diarrhée. Néanmoins, l'utilisation des antibiotiques dès le premier jour est un moyen prophylactique de lutte contre la contamination par les entérobactéries pathogènes en élevage (**Chriél *et al.*, 1999**).

Les mesures d'hygiène sont peu appliquées dans la majorité des exploitations avicoles, avec l'absence de pédiluves (**Annexe 6**).

Nos résultats montrent que la plupart des éleveurs ne portent pas de tenues de travail spécifiques.

Selon **Cardinale *et al.* (2004)**, tout intrant dans l'élevage est susceptible de véhiculer les entérobactéries pathogènes d'une unité infectée à d'autres. Tel est le cas du personnel en l'absence de tenues spécifiques.

En effet, le non-port de ces dernières, mises à la disposition du personnel des exploitations, augmente le risque de transmission d'agents pathogènes par le biais des vêtements et des chaussures. Aussi, le non-respect des règles relatives à l'hygiène (douches, lavage des mains), du personnel tout en négligeant le principe de la marche en avant, le contact avec des employés opérant dans d'autres élevages et les visites rendues à ces derniers par le personnel, sont pour autant des éléments à très haut risque (**Sebai, 2012**).

L'absence des pédiluves et des rotoluves à l'entrée des exploitations, augmente le risque de contamination par les germes portés par les pneus, entraînés ensuite par les chaussures du personnel à l'intérieur des salles.

I.2.2. Caractéristiques des abattoirs

Tous les abattoirs sont situés en dehors de la ville, en raison des mauvaises odeurs qui peuvent s'en dégager.

*** Capacité et conception des locaux**

Pour les abattoirs à viande rouge, la capacité d'abattage est de 45-1200 têtes ovines et 10-80 têtes bovines par jour, alors que les abattoirs avicoles ont une capacité d'abattage variant de 500 à 6000 poulets /jour. Les volailles abattues proviennent de plusieurs provinces, à savoir Oum El Bouaghi, Constantine, Soughras, Tebessa et Batna. Le contrôle hygiénique est assuré par L'inspection vétérinaire de la wilaya, tandis que le contrôle sanitaire s'appuie sur l'examen ante et post-mortem des animaux.

Nos résultats sont en accord avec **Djeffal et al. (2018)**, qui ont montré dans une étude réalisée dans la wilaya de Skikda, que toutes les tueries ont une capacité d'abattage variant de 2000 à 4000 poulets /jour et que la majorité des bâtiments d'élevage produit 4 bandes /an. Aussi, **Mebkhout et al. (2018)** ont rapporté dans une étude réalisée dans différents établissements d'abattage situés dans la région d'Alger, que la capacité d'abattage varie entre 2000 et 5000 sujets/j.

Dans 70% des abattoirs à viande rouge de la wilaya d'Oum El Bouaghi, les infrastructures sont anciennes, en continuelle dégradation et sans rénovation. L'état de revêtement des murs des cloisons et des plafonds est insatisfaisant présentant ainsi des fissures pouvant offrir un gîte potentiel pour les microorganismes (**Annexe 7**).

La majorité des murs des abattoirs à viande rouge visités à la wilaya d'Oum El Bouaghi sont de nature préfabriqué (panos sandwich) et recouverts d'une peinture avec la présence de câbles électriques apparents dans certains endroits, ce qui gêne leur nettoyage car il y a risque d'électrocution.

Quatre-vingt pour cent (80%) des abattoirs à viande blanche de la wilaya d'Oum El Bouaghi ont des murs revêtus de faïence, avec un état de revêtement satisfaisant et un sol en béton correct et antidérapant (**Annexe 8**).

* Équipement

Dans Quatre-vingt pour cent (80%) des abattoirs de la wilaya d'Oum El Bouaghi visités, il a été constaté que les vestiaires et les sanitaires du personnel sont éloignés du poste de production. Ces derniers présentent des défauts tels que l'absence d'eau courante chaude, d'un système de ressuage des mains et d'un distributeur de savon.

Dans les abattoirs à viande rouge, seulement deux abattoirs disposent de chambres froides fonctionnelles et propres, tandis que tous les abattoirs à viande blanche sont pourvus d'une chaîne d'abattage moderne et d'une chambre froide fonctionnelle.

Nos résultats sont en accord avec ceux de **Mebkhout et al. (2018)**, qui ont signalé l'absence des lave-mains dans 85,71 % des établissements d'abattage enquêtés et l'absence des chambres de ressuage dans 92,86%. Ces auteurs ont également rapporté que seulement 71,43 % des chambres froides sont fonctionnelles.

* Fonctionnement

La marche en avant n'est pas respectée dans la majorité des abattoirs sauf à l'abattoir régional d'Ain mlila.

Dans la plupart des abattoirs visités, il a été constaté que le système automatique d'évacuation des eaux usées est détérioré, aboutissant à une stagnation de l'eau surtout au niveau de la salle d'abattage. Ceci peut représenter une source de contamination pour les carcasses (**Sebai, 2012**).

*** Personnel**

Dans la totalité des abattoirs, les certificats de bonne santé des personnels sont valides. En effet, toute personne en contact direct ou indirect avec les carcasses reçoit une visite médicale tous les six mois par le médecin de travail.

Les estimations subjectives de la propreté corporelle montrent que plus de la moitié du personnel qui travaille dans l'atelier d'abattage a les mains sales et ne porte pas de gants, leur propreté générale est moyenne (cheveux et barbes) et la moitié du personnel présente un comportement non adapté, comme le fait de tousser, d'éternuer, de se moucher et de fumer.

Nos résultats montrent que dans la totalité des abattoirs, les tenues de travail ne sont pas imposées et il a également été constaté que le personnel dispose de deux tenues de travail, soit une blouse blanche, soit une combinaison, en fonction du site de travail et change très rarement ses vêtements. Aussi, le nombre de gants est insuffisant avec une absence de masques bucco-nasaux dans les zones de préparation. Par ailleurs, les chaussures sont conformes aux exigences du milieu de travail (bottes blanches).

La plupart du personnel et surtout les personnes chargées de la production et du nettoyage et de désinfection, affirment qu'ils n'ont reçu aucune formation concernant les règles d'hygiène.

Toutefois, la sécurité alimentaire dépend en grande partie du niveau de maîtrise de l'hygiène du personnel dans l'abattoir. En effet, les dangers de contamination des carcasses par le personnel proviennent essentiellement des aléas de son état de santé, d'une hygiène corporelle ou vestimentaire insuffisantes et enfin d'un comportement professionnel non-satisfaisant soit par méconnaissance des règles élémentaires ou bien par négligence (**Sebai, 2012**).

* Opérations de nettoyage et de désinfection

Dans Quatre-vingt pour cent (80%) des abattoirs, la dératisation et la désinfection sont instaurées périodiquement. L'opération de nettoyage et de désinfection n'est pas quotidienne, elle est réalisée une à deux fois par semaine et s'effectue seulement par un prélavage à l'eau froide sous pression sur les surfaces. Les murs et le sol sont visiblement souillés, tandis que le plafond est construit d'une charpente métallique rendant difficile le nettoyage de la poussière déposée sur la hauteur de la charpente.

Ainsi, l'application de règles strictes de nettoyage et de désinfection du matériel apparaît comme un procédé fondamental nécessaire à la maîtrise du risque. Pour ce faire, il convient d'utiliser une procédure permettant une accessibilité totale aux différentes parties du bac d'échaudage et de la plumeuse, notamment aux doigts en caoutchouc, afin d'assurer un changement fréquent de ces derniers (Sebai, 2012).

* Transport

Les conditions de transport de la viande sont mauvaises (utilisation des véhicules non frigorifiques et non hygiéniques).

Néanmoins, le transport des viandes doit s'effectuer dans des véhicules fermés conçus et équipés de telle sorte que la température prescrite soit assurée pendant toute la durée du transport. De plus, les moyens de transport ne doivent pas servir pour transporter d'autres produits susceptibles d'altérer, de contaminer ou de transférer une odeur quelconque aux viandes et doivent être conformes aux conditions d'hygiène (DSV, 2022).

PARTIE I : CHAPITRE 2
DÉNOMBREMENT ET IDENTIFICATION DES
BACTÉRIES

Chapitre 2 : Dénombrement et identification des bactéries

II.1. Résultats & Discussion

II.1.1. Dénombrement et évaluation de l'hygiène

Cette étude bactériologique consiste à la détermination de la flore pathogène dominante et à l'évaluation de la charge bactérienne de chaque flore sur chacun des sites de prélèvements. Le tableau 8, résume les résultats des analyses des prélèvements effectués respectivement dans les fermes bovines, ovines et avicoles et au niveau des abattoirs. La moyenne des contaminations donne une indication sur la charge microbienne des flores dénombrées (Tableau 3).

Tableau 3 : Évaluation de la contamination globale selon les sites de prélèvements (moyenne \pm écart Type)

Flore microbienne	Exploitations (Fermes)				Abattoirs			
	Bovine et ovine		Avicoles		Viande rouge		Viande blanche	
	Mur	Sol	Mur	Sol	Mur	Sol	Mur	Sol
Flore aérobie mésophile (FAM)	4.68 \pm 1.08	4.74 \pm 1.4	4.62 \pm 0.8	4.74 \pm 1.4	4.71 \pm 1.2	4.74 \pm 1.4	4.74 \pm 1.4	4.69 \pm 1.09
Enterobacteriaceae	4.72 \pm 1.02	4.74 \pm 1.3	4.74 \pm 1.3	4.74 \pm 1.3	4.71 \pm 1.2	4.74 \pm 1.3	4.74 \pm 1.3	4.71 \pm 1.2
Coliforms fécaux	4.70 \pm 1.01	4.73 \pm 1.2	4.64 \pm 1.2	4.80 \pm 1.5	4.81 \pm 1.2	4.73 \pm 1.2	4.72 \pm 1.4	4.70 \pm 1.2
<i>Salmonella</i> spp.	Présence	Présence	Présence	Présence	Présence	Présence	Présence	Présence

II.1.1.1. Dans les exploitations

* Flore aérobie mésophile

La présente étude a montré que les valeurs de la flore aérobie mésophile (FAM) varient entre 4.68 \pm 1.08 et 4.74 \pm 1.4 log₁₀ ufc/cm². Le taux de la FAM le plus élevé est observé dans les échantillons des sols. Ces derniers sont souvent fortement contaminés par les bactéries des excréments et de l'urine, car les bovins et les ovins les répandent continuellement sur le sol. Nos résultats sont en accord avec ceux de **L. M. Mansour (2018)**, qui a rapporté que seulement 4,03% des exploitations se caractérisent par de bonnes conditions hygiéniques et sont inférieurs à ceux de **Rouissi et al. (2018)**, qui ont signalé des valeurs moyennes de FAM de 9,39 \pm 7,93 log₁₀ ufc/cm² dans le sol des exploitations bovines, en Tunisie. La forte teneur en FAM peut être expliquée par le contact direct des vaches avec le sol, les abreuvoirs et la

contamination des abreuvoirs par les particules de bouse et des poussières de litières (**Bouraoui et al., 2014**).

* ***Enterobacteriaceae*, coliformes fécaux et salmonelles**

Les résultats du dénombrement montrent un taux qui varie entre 4.72 ± 1.02 et $4,74 \pm 1,04 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$, pour les *Enterobacteriaceae*, et entre 4.64 ± 1.2 et $4.80 \pm 1.5 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$ pour les coliformes fécaux dans les différents sites prélevés. Ces derniers confirment une contamination d'origine fécale, due au non-respect des règles d'hygiène.

Aussi, notre étude a révélé la présence des salmonelles dans toutes les exploitations bovines, ovines et avicoles, ce qui peut être un indicateur d'un nettoyage insuffisant et inadéquat et témoigne des mauvaises conditions d'hygiène lors de la traite ou au cours du transport (**Labioui et al., 2009**).

II.1.1.2. Dans les abattoirs

* **Flore aérobie mésophile (FAM)**

Dans les abattoirs, nos résultats indiquent un taux de l'ordre de 4.69 à $4,74 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$ pour la flore aérobie mésophile dans le sol. Ces résultats montrent un niveau de contamination de loin supérieur à celui enregistré dans d'autres pays. Ainsi, **Khalifa (1986)** en France, **Fliss et al. (1991)** en Tunisie et **Karib et al. (1994)** au Maroc, ont enregistré à la fin de l'abattage des taux inférieurs, se situant entre $2,82 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$ et $3,8 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$ dans le sol. Aussi, **Dachy (1993)**, a rapporté une valeur entre $3,06 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$ et $3,77 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$, dans le sol d'un abattoir en France. Par contre, **Benaissa et al. (2014)** ont constaté que les conditions hygiéniques à l'abattoir de Ouargla sont défectueuses (supérieur à la norme) en raison, des taux élevés de la FMA ($3,30$; $3,82 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$), dénombrée respectivement à partir de prélèvements de murs et de sols.

De plus, nos résultats sont inférieurs à ceux rapportés par **Alloui et al. (2013)**, qui ont enregistré un taux de $5,01 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$, de la flore aérobie mésophile, dans les murs des abattoirs avicoles de la région de Biskra. En effet, la flore aérobie mésophile est un critère usuel d'hygiène des procédés au niveau des abattoirs (**Bohaychuk et al., 2009; Ghafir et al., 2008; Hutchison et al., 2006**). Cet indicateur, bien que directement corrélé aux dénombrements des *E.coli*, est davantage révélateur de l'hygiène générale des procédés, plutôt qu'un indicateur spécifique de la contamination d'origine fécale.

En outre, la charge élevée de la flore aérobie mésophile ($4,74 \pm 1,4 \log_{10} \text{ ufc/cm}^2$) observée dans les murs des abattoirs, indique selon **J.-F. Collobert et al. (2002)**, à la fois un manque général

d'hygiène et l'inefficacité des mesures hygiéniques, qui semblent insatisfaisantes dans ces infrastructures.

D'après Collobert *et al.* (2007), les fortes charges en flore aérobie mésophile et en entérobactéries sont dues à une défaillance du cycle de nettoyage et de désinfection du matériel de découpe.

* ***Enterobacteriaceae*, coliformes fécaux et salmonelles**

L'évaluation de la contamination globale des différents sites de prélèvements par les différents germes recherchés, montre que tous les sites sont contaminés avec un taux élevé d'*Enterobacteriaceae* et de coliformes fécaux dans les murs et les sols.

Conformément aux normes du règlement n° 882 /2004 de la commission européenne, les numérations des *Enterobacteriaceae* supérieures à $3,0 \log_{10} \text{ufc/cm}^2$, sont inacceptables. Ainsi, la présente étude montre des valeurs plus élevées que les limites prescrites (**Union Européenne, 2004**).

De plus, Benaïssa *et al.* (2014) ont rapporté des taux d'*Enterobacteriaceae*, de $2,72 \log_{10} \text{ufc/cm}^2$ dans le mur et de $3,18 \log_{10} \text{ufc/cm}^2$ dans le sol d'un abattoir à Ouargla.

Les *Enterobacteriaceae* sont utilisées comme critères d'hygiène des procédés (**Bohaychuk et al., 2009; Ghafir et al., 2008; Hutchison et al., 2006**) et leur présence dans un aliment indique une contamination d'origine fécale et donc un risque de présence concomitante de bactéries pathogènes ayant le même habitat naturel (**Cavalli, 2003**) et une contamination par l'environnement (**Mead & Scott, 1994**).

Les manipulations non hygiéniques pendant l'abattage et la préparation des carcasses conduisent à des contaminations superficielles très importantes qui peuvent affecter la santé du consommateur et la qualité de la viande.

En outre, le dénombrement des coliformes fécaux renseigne sur les conditions d'hygiène de l'abattoir et sur une possible contamination fécale lors des opérations d'abattage. Ainsi, la charge microbienne enregistrée dans les murs par **Nouichi and Hamdi (2009b)** à l'abattoir d'Alger ($2,92 \log_{10} \text{ufc/cm}^2$) est inférieure à celle de notre étude ($4,81 \log_{10} \text{ufc/cm}^2$). Cependant, dans une étude réalisée au Maroc par **Dennaï et al. (2001)**, sur les surfaces des abattoirs à viande rouge, les coliformes fécaux étaient au nombre de $3,85 \log_{10} \text{ufc/cm}^2$. Toutes ces valeurs élevées peuvent s'expliquer par de mauvaises conditions hygiéniques, particulièrement indicatrices de contaminations fécales et par conséquent, des défauts survenus lors de l'éviscération ou dues aux comportements non hygiéniques des manipulateurs.

D'autre part, notre étude a révélé la présence des salmonelles dans les échantillons prélevés dans les abattoirs à viandes rouge et blanche. De plus, *Salmonella* spp., est le critère d'hygiène des procédés imposé par le règlement communautaire n°882/2004 de l'Union Européenne (2004). C'est un indicateur de contamination d'origine fécale par les animaux et peut également persister sur les équipements après les opérations d'hygiène et entraîner la contamination des élevages (Rasschaert *et al.*, 2008).

II.1.2. Identification des bactéries isolées

D'après l'analyse bactériologique des prélèvements isolés dans les exploitations, les abattoirs et les boucheries, 68,68% (182) des isolats ont pu être identifiés (Tableau 4). L'identification des entérobactéries par galeries API 20E a montré que les isolats identifiés à partir de 265 prélèvements sont répartis comme suit : 105 *E.coli*, 35 *Salmonella* spp., 34 *Enterobacter* spp., 6 *Klebsiella* spp., 1 *C. freundii* et 1 *P. mirabilis* (Figure 20).

Tableau 4 : Prévalence des entérobactéries dans les différents prélèvements

Nombre et site de prélèvement	Nature et nombre de prélèvements	<i>E. coli</i> %	<i>Salmonella</i> spp. %	<i>Enterobacter</i> spp. %	<i>Klebsiella</i> spp. %	<i>C. freundii</i> %	<i>P. mirabilis</i> %	Total %
5 Fermes bovines	Mur (05)	60 (3)	20 (1)	20 (1)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	13,19 (24)
	Sol (05)	60 (3)	20 (1)	20 (1)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Litière (05)	100 (5)	20 (1)	20 (1)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Aliment (05)	100 (5)	20 (1)	00 (0)	20 (1)	00 (0)	00 (0)	
	Eau (05)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
5 Fermes ovines	Mur (05)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	7,69 (14)
	Sol (5)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Litière (05)	80 (4)	20 (1)	(1) 20	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Aliment (05)	100 (5)	40 (2)	(1) 20	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Eau (05)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
10 Fermes avicoles	Mur (10)	50 (5)	40 (4)	20 (2)	20 (01)	00 (0)	00 (0)	30,77 (56)
	Sol (10)	100 (10)	10 (1)	10 (1)	(0) 00	00 (0)	00 (0)	
	Litière (10)	80 (8)	20 (2)	10 (1)	20 (2)	00 (0)	00 (0)	
	Aliment (10)	100 (10)	30 (3)	20 (2)	00 (0)	20 (1)	00 (0)	
	Eau (10)	20 (2)	10 (1)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
5 Abattoirs de viandes rouges	Mur (10)	50 (5)	00 (0)	00 (0)	10 (01)	00 (0)	00 (0)	18,13 (33)
	Sol (10)	30 (3)	00 (0)	10 (1)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Eau(05)	80 (4)	40 (2)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	viande (50)	08 (4)	20 (1)	24 (12)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
5 Abattoir de viandes blanches	Mur (10)	30 (3)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	15,38 (28)
	Sol (10)	50 (5)	20 (2)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Eau (05)	60 (3)	40 (2)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Peau du cou (15)	13,33 (2)	13,33 (2)	20 (3)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
	Foie (15)	13,33 (2)	20 (3)	6,66 (1)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	
5 Boucheries	Viande rouge (30)	52 (13)	00 (0)	13,33 (4)	00 (0)	00 (0)	(1) 3,33	14,84 (27)
	Viande blanche (25)	3,33 (1)	16,66 (5)	08 (2)	04 (01)	00 (0)	00 (0)	
Total		57,69 (105)	19,23 (35)	18,68 (34)	3,30 (6)	0,55 (1)	0,55 (1)	68,68 (182)

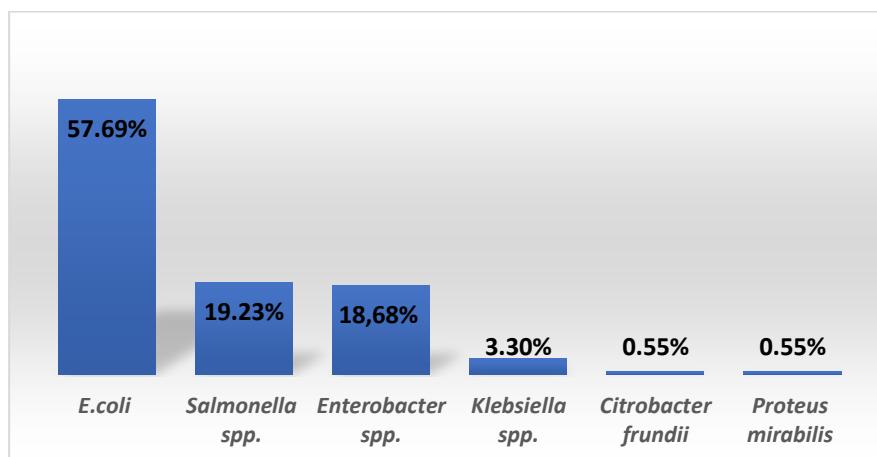


Figure 20 : Pourcentage des entérobactéries identifiées par galeries biochimiques dans l'ensemble des prélèvements

A cause des conditions de la pandémie du Covid19, seulement quatre-vingt-deux (82) isolats ont fait l'objet d'une confirmation par la technique de spectrométrie de masse douce MALDI-TOF, qui a confirmé la présence de 37 *Escherichia coli*, 34 *Enterobacter cloacae*, 5 *Klebsiella variicola*, 4 *Enterobacter xiangfangensis*, 2 *Enterobacter ludwigii*, 1 *Klebsiella aerogenes*, 1 *Citrobacter freundii*, 1 *Proteus mirabilis*.

Quant aux 35 isolats de *Salmonella* spp., ils n'ont pas pu être confirmés par MALDI-TOF. Les pourcentages des entérobactéries identifiées dans l'ensemble des prélèvements sont présentés dans la **Figure 21**.

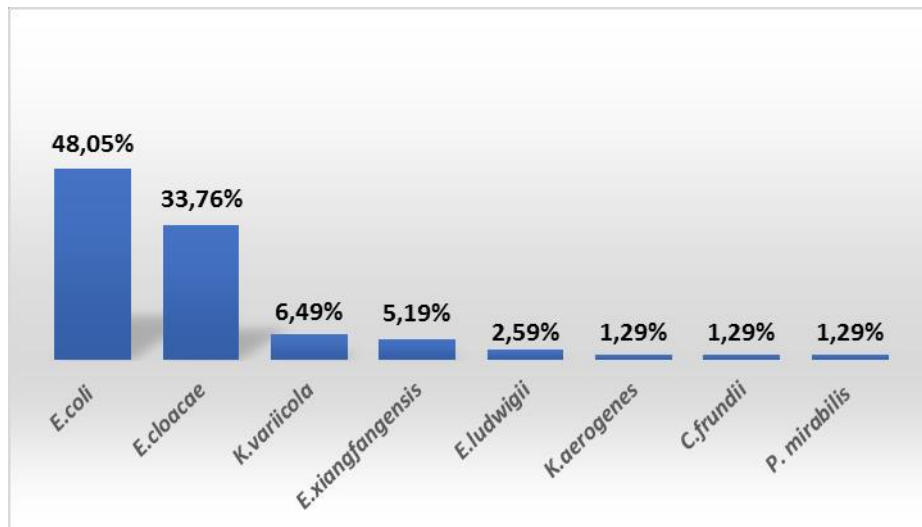


Figure 21 : Pourcentage des entérobactéries identifiées par spectrométrie de masse de type MALDI-TOF dans l'ensemble des prélèvements

II.1.2.1. Répartition des isolats dans les fermes

Les entérobactéries ont été isolées dans 30,77% des fermes avicoles, 13,19% des fermes bovines et dans 7,69% des fermes ovines.

Les isolats identifiés dans les fermes avicoles sont *E. coli* (57,69 %), *Salmonella* spp. (19,23 %), *E. cloacae* (18,68 %), *Klebsiella* spp. (3,30 %) et *C. freundii* (0,55 %) (**Figure 22**).

Selon le **Tableau 9**, le taux de contamination le plus élevé par *E. coli* a été observé au niveau des élevages avicoles, dans 100% des sols et de l'aliment, 80% des litières, 50% des murs et 20% de l'eau. D'autre part, un pourcentage de contamination de 40% ; 10% ; 20% et 30% par *Salmonella* spp., a été identifié respectivement au niveau des murs, des sols, de la litière et des aliments et un pourcentage de contamination par *E. cloacae* a été isolé dans 20% des murs et de l'aliment et dans 10% des sols et de la litière. Par contre, *Klebsiella* spp., a été identifiée dans 20% des murs et de la litière.

A l'échelle des fermes bovines, les isolats identifiés sont *E. coli* (8,79%), *Salmonella* spp. (2,20%), *E. cloacae* (1,64%) et *Klebsiella* spp. (0,55%) (**Figure 23**). Tandis que les isolats identifiés à l'échelle des fermes ovines sont *E. coli* (4,95%), *Salmonella* spp. (1,65%) et *E. cloacae* (1,10%) (**Figure 24**).

Dans les fermes bovines, le taux de contamination par *E. coli* au niveau des sols et des murs est de 60% et, est de 100% dans la litière et les aliments. Tandis qu'à l'échelle des fermes ovines seulement la litière et les aliments étaient contaminés et aucun échantillon positif n'a été détecté à partir des prélèvements des murs et des sols.

De même, le taux de contamination par *Salmonella* spp., est de 20% à l'échelle des fermes bovines, au niveau des murs, de la litière et des aliments. Par ailleurs, aucun échantillon positif n'a été observé au niveau des fermes ovines sur les prélèvements de l'eau, des murs et des sols. Seulement, 40% des aliments et 20% de la litière étaient contaminés. Le taux de contamination par *E. cloacae* est de 20% dans les murs, le sol et l'aliment à l'échelle des fermes bovines et de 20% dans la litière et l'aliment à l'échelle des fermes ovines.

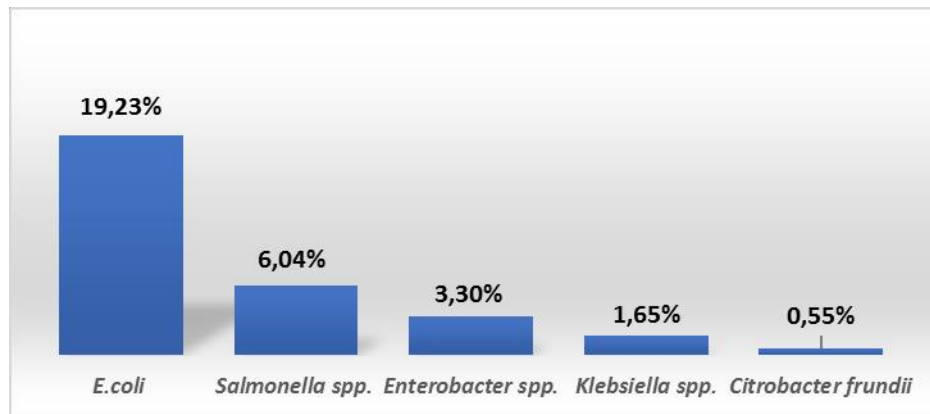


Figure 22 : Répartition des entérobactéries dans les fermes avicoles

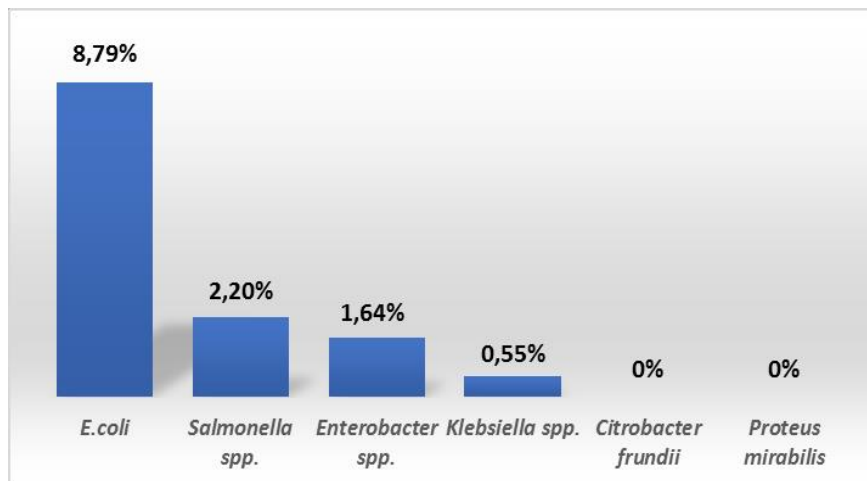


Figure 23 : Répartition des entérobactéries dans les fermes bovines

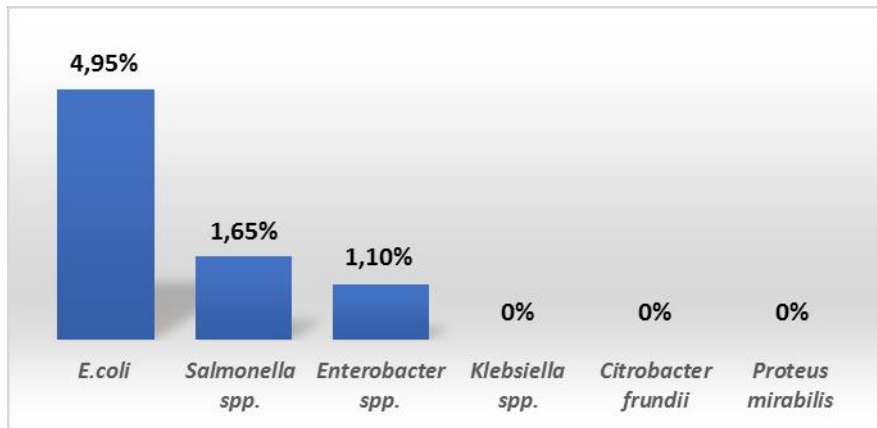


Figure 24 : Répartition des entérobactéries dans les fermes ovines

Dans une étude réalisée par **Sobur *et al.* (2019)**, sur des échantillons de sols, d'eau, de fèces et d'eau issue de lavage des mains et prélevés à partir de 4 fermes bovines situées au Bangladesh, *E. coli* et *Salmonella spp.*, ont été isolées respectivement dans 75% (180 sur 240) et 56.67% (136 sur 240) des échantillons et la contamination la plus élevée était celle des sols avec un taux de 92.5% pour *E. coli* et de 72.5% pour *Salmonella spp.*

Ainsi, selon les résultats rapportés par **Ibrahim *et al.* (2019)**, sur 84 élevages de volaille dans le nord de la Jordanie; gouvernorats d'Irbid, Jerash, Ajlune, et Mafrq, comprenant 896 élevages de poulets de chair avec une capacité annuelle de 12 064 600 oiseaux, *E.coli* était l'espèce la plus dominante, identifiée dans 53,4% des élevages de volaille.

En outre, **Barlow *et al.* (2015)**; **Rodriguez-Rivera *et al.* (2016)** et **Sobur *et al.* (2019)** ont également signalé la présence d'*E.coli* et de *Salmonella spp.*, dans les échantillons d'élevages de bovins. La présence de ces deux espèces dans les exploitations peut être due à une mauvaise gestion des excréments des animaux, qui entraîne la transmission d'entérobactéries pathogènes dans l'environnement de l'exploitation (**Pangloli *et al.*, 2003**).

D'autre part, les résultats de notre étude montrent que la prévalence des salmonelles dans les abattoirs à viande rouge est de 4,61%. Ainsi, des études similaires menées dans les abattoirs à viande rouge en Afrique du Sud, en Turquie, au Danemark et en Égypte, ont montré que la prévalence de *Salmonella spp.*, était respectivement de 3 %, 5 %, 10 % et 33 % (**Jaja *et al.*, 2019**).

De plus, une étude réalisée en Algérie par **Nouichi and Hamdi (2009a)**, sur 9 sujets ovins et 70 sujets bovins a montré une contamination superficielle des carcasses ovines et bovines par *Salmonella* spp., avec des taux respectifs de 1.11% (1/90) et de 10% (7/70).

De même, **Chong et al. (2017)**, ont signalé un taux de contamination de 55 % par *E.coli* et de 10 % par *Salmonella* spp., à partir de 40 échantillons de viandes de bœufs prélevés dans deux abattoirs en Malaisie. Aussi, une étude réalisée en Australie par **Duffy et al. (2010)**, sur des ovins a montré une contamination de 0.6% des carcasses par *E. coli* et de 1.3 % par *Salmonella* spp.

Nos résultats montrent que la prévalence des salmonelles dans les abattoirs à viande blanche est de 31,11 %. Ces résultats sont supérieurs à ceux de **Salifou et al. (2013)**, qui ont signalé un taux de contamination de 6,67 % par *Salmonella* spp., dans les échantillons de carcasses prélevés dans les abattoirs de Cotonou-Porto-Novo au Bénin.

Aussi, **Phillips et al. (2001)** ont détecté des salmonelles dans 0,2% des carcasses échantillonnées et dans 0,1% des viandes de bœuf désossées en Australie.

Le taux de contamination de notre étude est inférieur à celui obtenu par **Djeffal et al. (2018)**, qui ont observé que *Salmonella* spp. a été isolée dans tous les abattoirs avec une contamination de différentes matrices à savoir le cæcum (12%, n=25), la peau du cou (8%, n=25), le foie (4%, n=25), les lingettes (40%, n=5), les couteaux (20%, n=5) et l'eau de rinçage des carcasses (20%, n=5).

Le taux de contamination par *E. cloacae*, dans les fermes bovines est de 20% au niveau des murs, des sols, de la litière et des aliments. Néanmoins, la contamination par *Klebsiella* spp., et *C. freundii* est moins importante dans les fermes bovines, ovines et avicoles.

Dans la présente étude, 34 isolats d'*E. cloacae* ont été identifiés dans 3 fermes bovines, 2 fermes ovines et 6 élevages avicoles. Les *Enterobacter* spp., sont des agents pathogènes opportunistes importants qui peuvent être à l'origine d'épidémies nosocomiales et d'infections invasives telles que les infections du sang (**Hidron et al., 2008**). De plus, trois souches d'*E.cloacae* ont été isolées dans une autre étude en Algérie, au niveau des élevages avicoles (**Mezhoud et al., 2016**).

Le taux enregistré dans notre étude est inférieur à celui obtenu dans l'étude de **Nandi et al. (2013)**, qui ont constaté que parmi les 106 isolats provenant de cinq différents élevages avicoles localisés à Savar, à Dhaka et au Bangladesh, 18 isolats sont des *Enterobacter* spp. Nos résultats sont supérieurs à ceux rapportés par **Amador et al. (2019)**, qui ont signalé un taux de 1,11 % (1/90) de l'espèce *E.cloacae* dans les élevages avicoles au Portugal. Par ailleurs, aucune souche n'a été détectée dans les fermes bovines.

Dans notre étude, seulement une seule souche de *C. freundii* a été identifiée dans les fermes avicoles. Par contre, aucune souche n'a été détectée dans les fermes bovines et ovines. D'autre part, **Amador et al. (2019)** ont signalé la présence de *C. freundii* respectivement dans 1,11 % (1 /90) et 4,22% (3/71) des fermes avicoles et bovines.

II.2.2.2. Répartition des isolats dans les abattoirs

Au niveau des abattoirs, le taux de contamination par les entérobactéries est de 18,13% dans les abattoirs à viande rouge et de 15,38% dans les abattoirs à viande blanche.

Les isolats identifiés dans les abattoirs à viande rouge sont *E. coli* (8,79 %), *E. cloacae* (7,14 %), *Salmonella* spp. (1,65 %) et *Klebsiella* spp. (0,55 %) (**Figure 25**). Par contre, dans les abattoirs à viande blanche, les isolats identifiés sont *E. coli* (8,24 %), *Salmonella* spp. (2,18 %) et *E. cloacae* (4,96 %) (**Figure 26**).

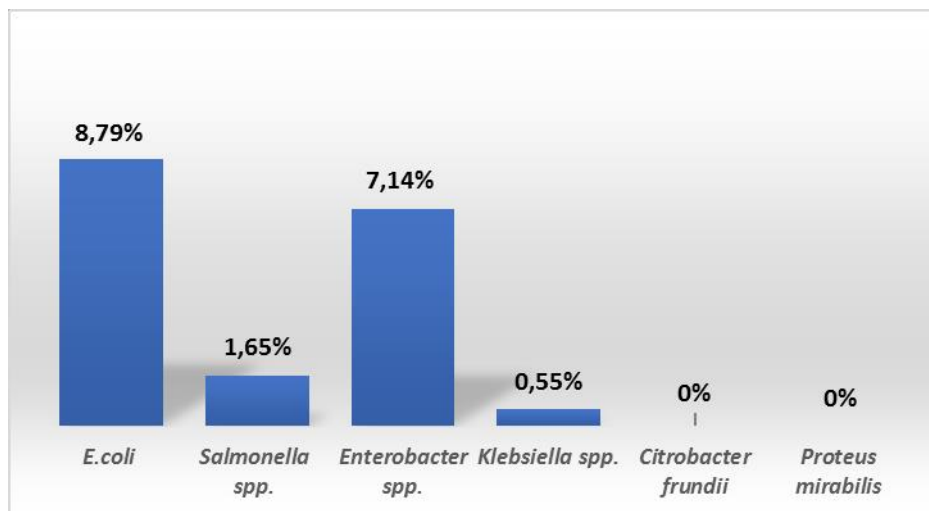


Figure 25 : Répartition des entérobactéries dans les abattoirs à viande rouge

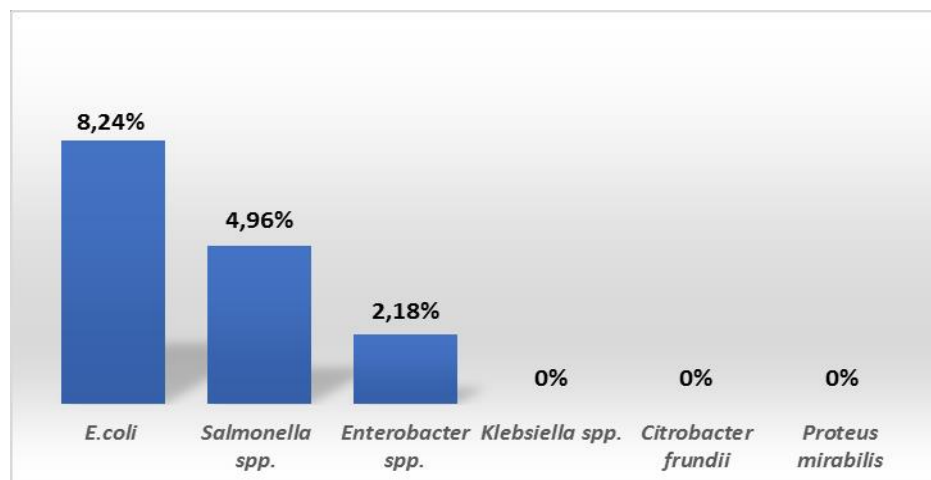


Figure 26 : Répartition des entérobactéries dans les abattoirs à viande blanche

Les résultats obtenus dans notre étude montrent que le taux de contamination par les entérobactéries isolées au niveau des abattoirs à viandes rouge est de 18,13%. Tandis que, la contamination des abattoirs à viande blanche est moins importante avec un taux de 15,38% (**Tableau 4**).

Le taux de contamination par *E. coli* au niveau des abattoirs à viande rouge est de 8,79 %. Il est observé au niveau des murs (50 % ; n= 5), du sol (30% ; n=3), et de l'eau (80% ; n=4). Par ailleurs, 8% d'*E. coli* est identifiée dans chacun des échantillons de viandes bovine et ovine.

D'autre part, le taux de contamination par *Salmonella* spp., dans les abattoirs à viande rouge est de 1,65 %. Cette contamination est observée dans 40 % des prélèvements d'eau (n=2) et dans 20% des échantillons de viandes bovine et ovine (n=1). Cependant, aucun échantillon positif n'a été observé dans les murs et les sols.

La contamination par *E. cloacae* est de 7,14 %, dans les abattoirs à viande rouge. Elle est observée surtout dans les échantillons de viandes avec un pourcentage de 24% (n= 12). Tandis que *Klebsiella* spp., est observée dans 10% des murs (n=1).

Par ailleurs, à l'échelle des abattoirs à viande blanche, le taux de contamination par *E. coli*, *Salmonella* spp., et *E. cloacae* est respectivement de 8,24%, 2,18% et 4,95%. Les échantillons contaminés par *E. coli* étaient l'eau (n= 3), les sols (n=5), les murs (n=3), le foie et la peau du cou (n=4) avec des pourcentages respectifs de 60%, 50%,30% et 13,33%. Tandis que les échantillons contaminés par *Salmonella* spp., et *E. cloacae* étaient le foie (20% ; 6,66%) et la peau du cou (13,33% ; 20%). Ces résultats sont en désaccord avec ceux de **Salifou et al. (2013)**, qui ont rapporté, que *Salmonella* spp., est courante dans les échantillons de carcasses prélevés à l'abattoir de Cotonou-Porto-Novo.

Par conséquent, les résultats obtenus dans notre étude peuvent être dus à l'abattage et au dépeçage manuel des animaux dans les abattoirs. En effet, l'origine de cette flore contaminante provient principalement des peaux des animaux, des carcasses manipulées et en contact direct avec la zone de travail sale pendant le processus d'abattage (**Jean-François Collobert et al., 2002; Collobert et al., 2007**).

De plus, il existe une relation étroite entre le portage asymptomatique des *Enterobacteriaceae* et la contamination des carcasses à la fin de la chaîne d'abattage. Selon **B. v. Berends et al. (1998)**, un animal vivant portant des *Enterobacteriaceae* dans son tube digestif serait 3 à 4 fois plus susceptible de produire une carcasse contaminée.

Il convient de mentionner que la qualité hygiénique de la viande dépend, d'une part, des germes présents dans les mains des opérateurs, des outils de travail et des plans de travail pendant les opérations d'abattage et de découpe et d'autre part, du développement et de la croissance des micro-organismes pendant le refroidissement, le stockage et la distribution. Les différentes étapes d'abattage, tels que le dépouillement et l'éviscération, présentent un risque élevé de transfert de germes aux carcasses (Nouichi & Hamdi, 2009a).

Dans les abattoirs à viande rouge, la contamination par *E. cloacae* est de 17,33% (13/75). Ce taux est supérieur à celui de Amador *et al.* (2019), qui ont enregistré un pourcentage de contamination de 1,12% (1/89) par cette espèce, dans des abattoirs au Portugal.

De même, d'autres microorganismes appartenant à la famille des *Enterobacteriaceae* tels que *K. aerogenes* et *P. vulgaris*, sont également des bactéries commensales des voies respiratoires et intestinales de l'homme et de l'animal et leur prévalence peut être attribuée à la manipulation humaine ou à un habillage inadéquat, notamment lors du processus d'éviscération. En outre, les infections causées par ces bactéries à Gram-négatif constituent un problème de santé publique mondial (Moehario *et al.*, 2009).

II.2.2.3. Répartition des isolats dans les boucheries

Les résultats des analyses microbiologiques des échantillons de la viande prélevés à partir des boucheries montrent que 14,84% sont contaminés par les entérobactéries.

Le taux d'échantillons contaminés respectivement par *E. coli*, *E. cloacae*, *Salmonella* spp., *Klebsiella* spp., et *P. mirabilis* est de 7,69 %, 3,30 %, 2,75 % et 0,55 % (Figure 27). Ainsi, le pourcentage des *E. coli* dans la viande rouge est de 52%, et de 3,33% dans la viande blanche. En outre, 16,66 % des échantillons de viandes blanches sont contaminés par *Salmonella* spp. Cependant, aucun échantillon positif n'a été observé à partir des échantillons de viandes rouges. *Klebsiella* spp., a été détectée dans 4 % de la viande blanche et *P. mirabilis* dans 3,33 % de la viande rouge (Tableau 4).

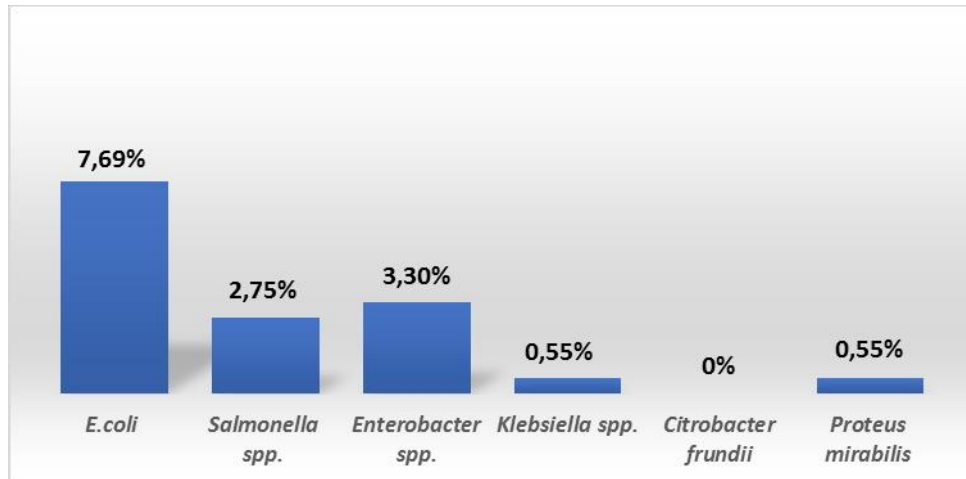


Figure 27 : Répartition des entérobactéries dans les boucheries

Pour *E. cloacae* et *Klebsiella spp.*, le taux de contamination des viandes blanches est respectivement de 8 % et 4 %. Alors qu'aucun échantillon positif de *C. freundii* n'a été détecté au niveau des boucheries.

Les résultats obtenus dans cette étude sont supérieurs à ceux rapportés par **Dib et al. (2019a)**, qui ont observé un taux de contamination de 50% dans 39 échantillons de viandes rouges prélevés à partir de différentes boucheries dans la région de Constantine, en Algérie et une contamination de 32,5 % des échantillons par *E. coli* et de 2,5 % par *Salmonella spp.*

Le taux de contamination dans notre étude est aussi supérieur à celui obtenu par **Jarallah et al. (2014)**, qui ont observé que 40% (n=10) des échantillons de viandes de boucheries de la ville de Kut, en Irak étaient contaminés par d'*E. coli*.

Aussi, les résultats de notre étude sont supérieurs à ceux rapportés par **Bantawa et al. (2018)**, qui ont isolé à partir de 50 échantillons analysés dans la ville de Dharan, Népal, *E. coli* dans 54% et *Salmonella spp.*, dans 34 %.

D'autre part, la viande rouge est contaminée à 36,67 % par les entérobactéries et *Salmonella spp.*, est présente dans 16,66 % des échantillons. Ces résultats sont différents de ceux obtenus par **Salifou et al. (2013)**, qui ont enregistré une prévalence de contamination de 11,50 % par les entérobactéries et de 16,67 % par les salmonelles, dans 180 échantillons à Cotonou et Porto-Novo, au Bénin.

En outre, 52% des échantillons de viandes rouges sont contaminés par *E. coli*. Ces résultats sont proches de ceux obtenus par **Albarri et al. (2017)**, qui ont détecté *E. coli* dans 56.25% des échantillons (n= 48) de viande bovine, au niveau des boucheries de la ville de Adana, Turquie.

Par ailleurs, la viande de volaille est contaminée respectivement par 16,66 % et 3,33 % de *Salmonella* spp., et *E. coli*. Nos résultats sont inférieurs à ceux obtenus par **Adeyanju and Ishola (2014)**, qui ont montré la présence de 33.3 % de *Salmonella* spp., et de 43.3 % d'*E. coli* dans 99 échantillons de viandes de volailles prélevés au niveau des boucheries à Ibadan, Oyo State, au Nigeria et sont inférieurs à ceux enregistrés par **Albarri et al. (2017)**, qui ont détecté une prévalence de 93.75 % d'*E. coli* dans 16 échantillons de viandes blanches prélevés dans des boucheries de la ville d'Adana, en Turquie.

Nos résultats sont différents de ceux observés par **Makwana et al. (2015)**, qui ont isolé 6.25 % de *Salmonella* spp., dans 112 échantillons en Inde et par **A. M. A. Mansour et al. (2019)**, qui ont enregistré la présence de 5.7 % de *Salmonella* spp., et de 34.3 % d'*E. coli*, dans 35 échantillons isolés dans une boucherie à Benghazi, en Lybie.

Une seule souche de *P. mirabilis* a été détectée au niveau des boucheries, sa présence peut être attribuée à un processus de transformation alimentaire non hygiénique. En effet, elle a été isolée et identifiée par des chercheurs à partir de viande crue et de ses produits dans plusieurs études en Egypte (**M. Ammar, 2005**).

De plus, d'après une étude réalisée dans la région de Djelfa, *P. mirabilis* a été isolée dans 24% des échantillons de poulets de chair (**Morad & Saad, 2018**).

Dans notre étude, *Klebsiella* spp., a été isolée dans une boucherie à partir d'un échantillon de poulet. En effet, une incidence élevée de *Klebsiella* spp., dans les produits carnés crus a été signalée précédemment par **Gibbons et al. (2006)**.

En outre, la majorité de la population algérienne achète de la viande crue auprès de petits bouchers locaux. Elle est généralement proposée à la vente dans des magasins en plein air sans refroidissement, ce qui donne des produits potentiellement contaminés. Nos données ont confirmé que la viande produite et vendue localement, est de mauvaise qualité bactériologique et présente un risque élevé pour la santé des consommateurs.

II.2.3. Interprétation du dendrogramme

La spectrométrie de masse MALDI-TOF-Microflex a confirmé l'identification des souches isolées et a donné de très bons scores allant de 2.00 à 3.00 (**Annexe 8**).

Les spectres du profil protéique représentant les scores des souches des entérobactéries sont rassemblés en clusters puis ces derniers sont réunis en clones dans un dendrogramme (**Figure 28, 29**). Un niveau de distance de 560 a été sélectionné pour l'évaluation du clustering des isolats.

Le dendrogramme MSP a révélé dix grappes distinctes selon un seuil arbitraire au niveau de la distance de 560 (Figure 28,29). Ces clusters démontrent que les souches se sont regroupées en un même clone ($m_{sp} < 560$) et appartiennent à la même séquence.

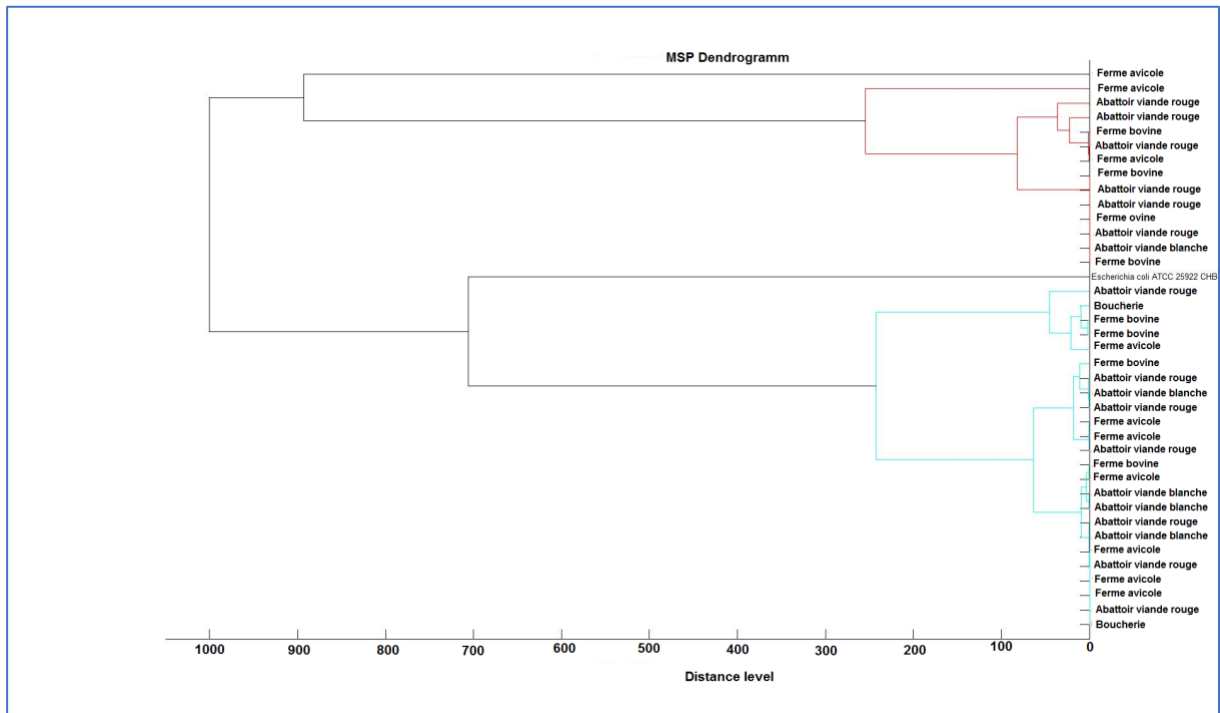


Figure 28 : Arbre phylogénique des clones des souches *E. coli*

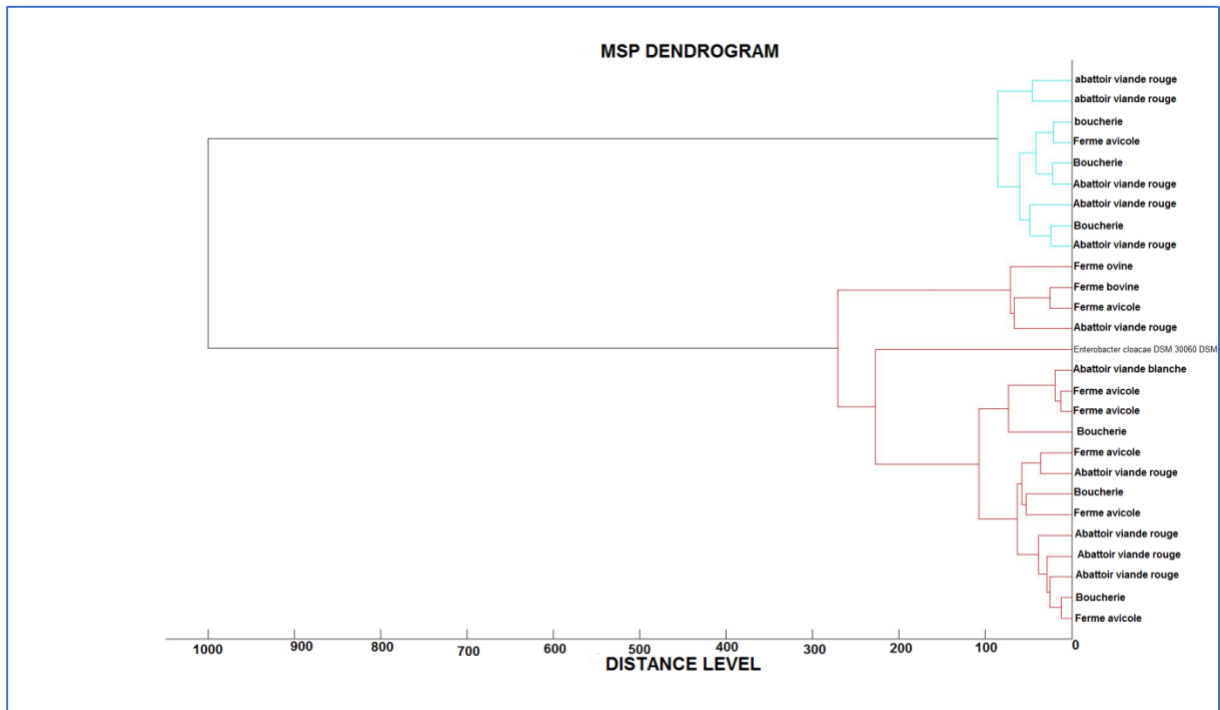


Figure 29 : Arbre phylogénique des clones des souches *E. cloacae*

En effet, les souches identifiées par MALDI-TOF MS ont des scores élevés. Ainsi, ce dernier a prouvé son efficacité d'identification des entérobactéries (**Abdallah *et al.*, 2015; Freire Martín *et al.*, 2014**).

L'identification des souches isolées a conduit à la mise en évidence d'une diversité de huit espèces, avec une prédominance notable des souches *E. coli* (57,69%). Ce taux élevé peut être expliquée par le fait qu'*E. coli* est la bactérie entérique la plus fréquente dans le tractus gastro-intestinal des animaux (**Shobrak & Abo-Amer, 2014**).

Les dendrogrammes de clustering construits sur la base des spectres en appliquant l'algorithme mathématique ont montré deux clusters majeurs par les deux analyses de clustering MALDI-TOF. Ces groupes comprenaient des clades ou sous-clades distincts, où les souches isolées dans les exploitations et les abattoirs étaient séparées de celles des boucheries.

De ce fait, la caractérisation phénotypique s'est montrée assez efficace pour soupçonner des liens de clonalité entre les souches isolées dans les exploitations et les abattoirs, surtout que ces dernières ont été regroupées ensemble dans le dendrogramme du MALDI-TOF. En effet, la ressemblance entre ces souches peut être expliquée par le contact des animaux ou de leurs déjections avec le matériel, l'eau ou le personnel, dans les exploitations ou à l'abattoir.

Les bovins reconnus comme étant le réservoir principal et excréteur d'*E. coli* dans leurs matières fécales, engendrent la contamination des effluents d'abattoirs. La propreté des animaux est un aspect important de la contamination des eaux d'abattoirs et de la dissémination des souches (**Mommeja, 2004**). Les contaminations directes peuvent alors survenir au cours de l'attente des animaux dans les locaux de stabulation. Pendant cette dernière, les animaux émettent des fèces et de l'urine. Le purin ainsi obtenu présente une contamination microbiologique comparable à celle relevée dans les élevages. De plus, les sujets souillés par leurs matières fécales peuvent être à l'origine de la contamination des carcasses lors de l'habillage et contribuent à augmenter la charge microbienne (**Mommeja, 2004**). Aussi, au cours du nettoyage des locaux, les germes résiduels peuvent être entraînés dans les eaux de lavage (**Bensid, 2018**).

Ainsi, le nombre d'entérobactéries pathogènes peut augmenter pendant l'attente dans l'élevage, avant le chargement, au moment du transport des animaux ou bien lors de l'attente à l'abattoir et cela est dû à la durée de contact entre les animaux et/ou l'environnement contaminé (**Fravalo *et al.*, 1999**).

Néanmoins, les souches identifiées au niveau des boucheries doivent être interprétées avec prudence, étant donné que ces dernières peuvent également provenir de sources autres que les fermes, et les animaux. Ainsi, la contamination de la viande de boucherie par des souches autres que celles isolées dans les exploitations et les abattoirs, montre la possibilité de nouvelles

contaminations des carcasses à leur sortie de l'abattoir d'une part et des contaminations liées au mode de transport, au mode de conservation (absence de froid) et aux manipulations (découpes) d'une autre part (**Salifou *et al.*, 2013**).

D'autre part, une relation clonale entre certaines souches, indépendamment de leur origine, peut être le résultat de la dissémination des souches au niveau des élevages, des abattoirs et des boucheries. De ce fait, la contamination des manipulateurs, des équipements, des containers et des camions de transport pourrait expliquer la propagation de certains clones particuliers.

En effet, les corrélations entre les souches peuvent être expliquées par l'accumulation des conditions favorables aux contaminations croisées par les entérobactéries pathogènes. Entre autres, l'eau, les instruments et les manipulations inhérentes au conditionnement que subissent les carcasses, les conditions d'humidité et de chaleur offertes au niveau des abattoirs et permettant la multiplication des entérobactéries, mais aussi, les conditions d'abattage et d'hygiène tout au long de la chaîne d'abattage (**Elgroud *et al.*, 2008**). Selon **Chong *et al.* (2017)**, les manipulateurs, le matériel, le retrait des abats rouges et la fente de la carcasse sont considérées comme des facteurs de risque en particulier en raison des possibilités de contaminations croisées.

PARTIE I : CHAPITRE 3

ANALYSE UNI-VARIÉE DES FACTEURS DE RISQUE

Chapitre 3 : Analyse uni-variée des facteurs de risque

III.1. Résultats & Discussion

III.1.1. Analyse uni-variée des facteurs de risque

A partir des résultats des 2 chapitres précédents et afin d'identifier les facteurs de risque qui prédisent la contamination par les entérobactéries dans les fermes, les abattoirs et les boucheries, une analyse uni-variée a été appliquée pour évaluer les relations entre la variable de résultats et chaque variable explicative. Les relations expriment le rapport de cotes (OR) et les valeurs p. Les résultats de l'analyse uni-variée de l'association entre les variables explicatives et la variable (statut des entérobactéries : absence/présence) sont résumés dans le **Tableau 5**.

Tableau 5 : Définition et distribution des variables explicatives retenues pour l'analyse de la contamination des exploitations, des abattoirs et des boucheries par les entérobactéries

Libellé de variable	Modalités	% de présence des entérobactéries	X ²	Pa	OR	95%CI (OR)	RR
Les exploitations							
Densité animale	Élevée	91,67	4,44	0,035	11	0,93 – 130,33	1,83
	Faible	50					
Hygiène générale	Pauvre	86,87	4,36	0,036	9,75	0,95 – 99,97	2,17
	Bonne	40					
Litière	Clairsemée	90,91	3,3	0,069	08	0,7 – 91,8	1,64
	Abondante	55,56					
Fréquence de raclage	Une fois	92,31	5,93	0,014	16	1,27 – 200,93	2,15
	Plus qu'une fois	42,86					
Type de sol	Béton	84,62	1,83	0,176	4,13	0,49 – 34,54	1,84
	Terre battue	57,14					
Stockage de fumier	À l'intérieur	92,31	5,93	0,014	16	1,27 – 200,93	2,15
	À l'extérieur	42,86					
Stockage d'aliments	À l'intérieur	90	2,4	0,121	06	0,53 – 67,65	1,5
	À l'extérieur	60					
Contrôle de l'eau	Non	92,31	5,93	0,014	16	1,27 – 200,93	2,15
	Oui	42,86					
Contact avec d'autres animaux	Oui	83,33	1,11	0,292	03	0,37 – 24,17	1,33
	Non	62,5					
Décontamination	Non	86,67	4,36	0,036	9,75	0,95 – 99,97	2,17
	Oui	40					
Déparasitage	Non	81,25	1,67	0,196	4,33	0,42 – 44,11	1,63
	Oui	50					
Diarrhée	Oui	86,67	4,36	0,036	9,75	0,95 – 99,97	2,17

	Non	40					
Pica	Oui	81,82	0,61	0,434	2,25	0,29 – 17,76	1,23
	Non	66,67					
Lutte contre les rongeurs	Non	86,67	4 ,36	0.036	9,75	0,95 – 99,97	2,17
	Oui	40					
Abattoirs							
Propreté des animaux	Mauvaise	83,33	3,4	0,065	15	0,66 – 339,57	3,33
	Bonne	20					
Etat des murs et des sols satisfisant	Oui	85,71	2,74	0,097	12	0,49 - 294.59	2,57
	Non	33,33					
Hygiène de manipulation	Non	83,33	3,4	0,065	15	0,66 – 339,57	3,33
	Oui	25					
Tenues de protection	Non	80	3,6	0,057	16	0,72 – 354,82	4
	Oui	20					
Contrôle de l'eau	Non	66,67	1,67	0,196	06	0,35 – 101,57	2,67
	Oui	25					
Boucheries							
Hygiène de manipulation	Oui	83,33	3,4	0,065	15	0,66 – 339,57	3,33
	Non	20					
Tenues de protection	Non	80	3.6	0,057	16	0,72 – 354,82	4
	Oui	20					
Séparation de la viande	Oui	20	3.6	0,057	16	0,72 – 354,82	4
	Non	80					

IC 95 % (OR) : Intervalle de confiance pour Odds Ratio à 95% selon la méthode de Woolf (méthode du logit). RR : Risque relatif. $P < 0,05$: Variable significativement associée à l'infection par les entérobactéries.

Cette étude a permis de déterminer les facteurs potentiels favorisant la contamination par les entérobactéries le long des fermes, des abattoirs et des boucheries de la province d'Oum El Bouaghi, à l'est de l'Algérie.

Dans les exploitations, huit facteurs significatifs étaient liés à la prévalence des entérobactéries. On peut constater que plus la densité des animaux est élevée, plus la contamination par les entérobactéries est fréquente (rapport de cotes : OR=11 ; $p=0,03$). L'hygiène générale (OR=9,75 ; $p=0,03$), la fréquence de raclage (OR=16, $p=0,01$), le stockage du fumier à l'intérieur du bâtiment (OR=16 ; $p=0,01$), sont également des facteurs favorisant la contamination par les entérobactéries. En outre, la contamination par les entérobactéries est beaucoup plus fréquente lorsque l'eau n'est pas bien contrôlée (OR=16, $p=0,01$), ce qui semble être lié aux pratiques de la santé animale (OR=9,75, $p=0,03$).

Dans les abattoirs, tous les facteurs étudiés semblent être pertinents et ont tendance à être potentiellement associés à la contamination par les entérobactéries, bien que sans aucune signification statistique ($p > 0,05$).

Il a été constaté que la densité animale était significativement associée à la contamination des fermes par les entérobactéries (OR =11). Les fermes à faible densité animale présentaient un taux de contamination moins important que celui des fermes à forte densité. Les résultats sont en accord avec d'autres études qui ont montré qu'une densité élevée favorise la contamination inter-individuelle par la voie féco-orale, qui est la principale voie de transmission des entérobactéries responsables de la diarrhée (**Andrés *et al.*, 2007**).

En outre, **Kudva *et al.* (1998)** ont attribué une partie de l'augmentation du nombre de cas d'agents pathogènes d'origine alimentaire à l'augmentation de la densité des animaux dans les exploitations agricoles et au développement des méthodes rapides d'élimination des déchets, notamment, l'utilisation du lisier par rapport aux méthodes traditionnelles utilisant la litière et le compostage. Ils ont remarqué que les effluents agricoles devraient être contenus dans des réservoirs de rétention avec une aération appropriée pendant une durée allant de 1 à 3 mois ou bien selon les besoins et cela avant d'être utilisés comme engrais. Le lisier mal incubé et/ou mal stocké peut servir de véhicule pour la propagation des entérobactéries dans l'environnement.

De plus, l'intensité des pratiques, en raison de la forte densité animale dans les exploitations est souvent associée au stress des animaux (**Daniel, 2012**).

Une relation étroite entre le stress et l'infection par les entérobactéries a montré qu'un animal stressé peut avoir des taux de cortisol plus élevés, ce qui compromet ses défenses immunitaires et le rend moins résistant aux agresseurs et enclin à la diarrhée causée par les entérobactéries. Cette immunodéficience induite par le stress peut également se produire lorsque les animaux subissent un changement soudain de comportement (**Daniel, 2012**).

Dans cette étude, la litière ne montre aucune association statistiquement significative avec la contamination par les entérobactéries ($p > 0,05$). Par ailleurs, plusieurs auteurs (**Andrés *et al.*, 2007**; **Daignault A, 2009**), expliquent que la mauvaise hygiène de la litière (humidité élevée, mauvais paillage et mauvaise désinfection) est un facteur de risque qui ne doit pas être négligé. Le non-respect de certaines pratiques d'hygiène telles que la réduction du raclage, augmente significativement le risque de contamination par les entérobactéries dans les exploitations (OR=16). En effet, le rôle principal de la litière est d'assurer le confort des animaux par

l'isolation thermique, l'absorption de l'humidité et la prévention des pathologies (ITAVI, 2019).

Il existe une association statistiquement significative (OR=16) entre la gestion du fumier et la contamination par les entérobactéries. Le fumier frais, en particulier pendant les mois d'été, a une forte probabilité d'être porteur d'entérobactéries. Des précautions particulières doivent donc être prises lors de la manipulation du fumier frais, comme le port de vêtements de protection, l'évitement du contact des mains avec la bouche, les yeux et le nez et le lavage après avoir manipulé du bétail et du fumier (Elder *et al.*, 2000).

Il existe plusieurs explications possibles à un tel résultat, le stockage doit se faire à l'extérieur dans une fosse positionnée d'une manière à éviter la propagation des contaminants aux autres unités de production sur le site ou aux sites voisins. L'emplacement de la fosse doit être éloigné des animaux, des aliments et de la litière. L'épandage du lisier sans assainissement préalable ou mise en décharge immédiate est interdit car il est potentiellement contaminé et peut présenter un risque de contamination des eaux de surface, de l'air et du sol (ITAVI, 2019). Il a été clairement démontré que l'eau potable pour le bétail est une source et peut-être le principal vecteur de transmission des entérobactéries d'un animal à un autre, et il semble que l'eau puisse être contaminée par un simple contact oral (Shere *et al.*, 1998).

Les aliments pour animaux et l'eau sont les principaux intrants de l'élevage intensif. Cependant, il est fondamental de maintenir la qualité de ces deux éléments tout au long de la période d'élevage (ITAVI, 2019).

Dans nos résultats, il a été observé que la prévalence des entérobactéries est faible dans les exploitations qui utilisent une eau contrôlée (OR = 16). Cette constatation est conforme aux résultats de Tablante *et al.* (2002), qui ont rapporté que le traitement de l'eau réduit le nombre de pathogènes présents dans l'eau de boisson et, est considéré comme un facteur de protection contre la contamination des animaux par les entérobactéries.

Il existe une association significative entre la lutte contre les parasites (OR = 9,75) et la contamination par les entérobactéries. En outre, plusieurs études montrent que tout intrant dans l'exploitation agricole est susceptible de transporter la bactérie d'une unité infectée à une autre. C'est le cas des rats et des animaux sauvages (Fris & Van Den Bos, 1995).

La présence de ces rongeurs dans la ferme dérange les animaux (stress, nervosité, picage) et présente un risque sanitaire par la propagation des agents pathogènes d'une unité agricole à une autre. Il est donc, recommandé d'installer des pièges et des appâts empoisonnés (raticides) dans

des endroits privilégiés autour des locaux (salle de stockage du bétail et des aliments pour animaux), aux fenêtres (**GIPAC, 2017**).

Les résultats de notre étude révèlent que seulement 25% des exploitations visitées, pratiquent la décontamination d'une manière correcte. Il existe une association significative entre la pratique de la décontamination et la présence d'entérobactéries (OR= 16).

Les bâtiments d'élevage représentent un environnement favorable à la survie et même à la multiplication des agents pathogènes. Effectivement, sans décontamination, les germes présents dans le bétail peuvent être transmis aux bandes suivantes (**ITAVI, 2019**). La décontamination du bâtiment constitue la principale procédure, qui devra être mise en œuvre selon une chronologie très précise constituée du nettoyage, de la désinfection et du vide sanitaire (**GIPAC, 2017**).

Les résultats de notre étude révèlent que seulement 20% des animaux abattus ne sont pas contaminés, ce qui peut constituer un facteur de risque de contamination par les entérobactéries (OR=15). Le contrôle des pratiques d'élevages devrait être la première étape d'un système de gestion ou d'évaluation de l'hygiène de la viande. En effet, les éleveurs peuvent contribuer à la sécurité de la viande en produisant des animaux sains prêts à l'abattage, propres et non stressés. De plus, les excréments des animaux sales peuvent contaminer la viande avec des entérobactéries qui provoquent des maladies d'origine alimentaire. Aussi, il existe un risque de contamination fécale créé par les employés, si les couteaux glissent pendant le dépouillement des carcasses (**Bensid, 2018**).

En outre, la contamination des surfaces des carcasses d'animaux, par les entérobactéries, pourrait être attribuée à la contamination par leurs intestins. Cependant, les peaux et les sabots contiennent un grand nombre de ces micro-organismes provenant du sol, du fumier et des aliments qui peuvent être transférés à la carcasse pendant l'habillage. Ces résultats confirment les observations précédemment rapportées par **Marriott and Robertson (1997)**.

Les sols sont une source importante de contamination, car ils transfèrent les germes aux chaussures des travailleurs. Ces derniers, à leur tour, circulent à l'intérieur de l'abattoir, disséminant ainsi ces bactéries. Malgré cela, les drains et les sols peuvent offrir un environnement favorable à la croissance microbienne et une source importante de propagation et de préservation des micro-organismes, surtout si le nettoyage est effectué avec de l'eau sous haute pression. Cette pratique peut propager la contamination en mettant les micro-organismes en suspension dans l'air sous forme de gouttelettes d'eau (**Eisel et al., 1997**).

Une mauvaise hygiène de manipulation peut être associée aux entérobactéries (OR= 15). Selon **Bensid (2018)**, la principale source de contamination par les entérobactéries a été identifiée dans les poils et la toison des animaux abattus. Le transfert de micro-organismes à la viande commence lors de l'écorchage au couteau et par les mains, les bras, les jambes et les vêtements du personnel. L'incision accidentelle de l'estomac et des intestins par les couteaux est une cause de contamination occasionnelle des viandes par le contenu gastro-intestinal.

De plus, une contamination ultérieure peut se produire à la surface de la viande pendant la préparation de la viande, la découpe de la carcasse ou de la viande, la fabrication des produits carnés transformés, l'emballage, le stockage et la distribution. Par conséquent, tout ce qui peut être en contact direct ou indirect avec la viande, peut être une source de contamination par les entérobactéries (**Bensid, 2018**).

En effet, la contamination de la viande par les entérobactéries peut commencer dès la première incision cutanée pratiquée pour retirer le sang, surtout si les outils et l'équipement utilisé par l'opérateur ne sont pas stériles. Selon **Childers et al. (1977)**, une éviscération et des pratiques d'hygiène déficientes ont été identifiées comme les facteurs de risque les plus importants, de la contamination bactérienne des carcasses. Cela peut entraîner une contamination croisée des couteaux, des cutters et d'autres outils/équipements et peut conduire à la propagation des entérobactéries à d'autres carcasses (**B. Berends et al., 1997**). Certains auteurs recommandent la décontamination des couteaux entre chaque carcasse afin de réduire la contamination croisée (**Childers et al., 1977**). Ces résultats soulignent l'importance d'une surveillance étroite et de l'élimination efficace des voies intestinales pour obtenir un meilleur contrôle de la contamination bactérienne pendant le processus d'éviscération des carcasses d'animaux. Lorsque les intestins sont retirés, il existe un risque de perforation intestinale qui peut entraîner la propagation du contenu fécal sur la carcasse (**Borch, E et al, 1996**).

L'étude montre que 75% des travailleurs des abattoirs ne portent pas de vêtements de protection pendant leur temps de travail. Cette observation est en accord avec **Haileselassie et al. (2013)** où 61,6% des travailleurs des abattoirs ne se couvraient pas les cheveux et le port de bijoux n'était pas du tout contrôlé. Les personnes manipulant la viande fraîche devraient porter des coiffures et des chaussures propres et faciles à nettoyer. Elles doivent consciencieusement laver leurs vêtements de protection, en les changeant et/ou en les désinfectant autant que possible pour minimiser le risque de contamination croisée (**Bensid, 2018**).

L'eau utilisée dans les abattoirs peut également contaminer la viande pendant le lavage (OR=06). En effet, l'eau utilisée pour les procédures de nettoyage et de transformation de la viande dans les abattoirs doit répondre aux normes en matière d'eau potable.

Un approvisionnement adéquat en eau potable doit être disponible pour répondre aux besoins opérationnels et de nettoyage et cette eau doit être analysée fréquemment pour confirmer sa qualité (**Adebowale *et al.*, 2010**).

Dans les boucheries enquêtées, la plupart ne portent pas des tenues spécifiques (OR=16), ce qui peut favoriser la contamination de la viande lors de la manipulation. Selon **Haileselassie *et al.* (2013)**, les travailleurs peuvent être une source probable de contamination par la maladie. Il a été recommandé que le personnel des boucheries soit examiné cliniquement et bactériologiquement avant d'être recruté et à intervalles réguliers après le recrutement.

L'étude montre que 80 % des bouchers ne séparent pas la viande des autres denrées alimentaires, ce qui constitue un facteur de risque de contamination par les entérobactéries pathogènes (OR=16). En effet, l'entreposage dans les chambres froides des denrées alimentaires autres que des denrées alimentaires d'origine animale doit être fait d'une façon à ce que la contamination ou la contamination croisée soient évitées.

I.5. Conclusion

Les résultats de cette étude ont montré un taux élevé de contamination par les entérobactéries dans la chaîne alimentaire dans la région d'Oum El Bouaghi. Quelques facteurs de risque liés à la contamination par certaines entérobactéries pathogènes dans les élevages, les abattoirs et les boucheries, ont été identifiés et justifiés par les conditions d'hygiène.

PARTIE II

ÉTUDE DE LA SENSIBILITÉ DES
ENTÉROBACTÉRIES AUX ANTIBIOTIQUES

MATERIEL & METHODES

PARTIE II

I.1. Matériel & Méthodes

I.1.1. Enquête descriptive

I.1.1.1. Région d'étude

Dans le but d'une investigation sur l'utilisation des antibiotiques dans les exploitations, une enquête prospective a été menée à travers un questionnaire dans plusieurs régions d'Algérie.

I.1.1.2. Choix de la population cible

Dans cette enquête, les vétérinaires ont été ciblés car ce sont les plus qualifiés pour répondre au questionnaire et représentent les principaux acteurs, qui assurent les services cliniques, notamment les traitements des maladies animales (surtout ceux à base d'antibiotiques), les antibiotiques fréquemment utilisés et qui peuvent aussi nous renseigner sur le respect des protocoles de l'antibiothérapie et de l'application des règles de prévention contre l'antibiorésistance. Les vétérinaires libéraux sont également les plus nombreux et les plus présents dans les zones rurales qui exigent beaucoup de déplacements.

I.1.1.3. Questionnaire

- **Élaboration du questionnaire**

En l'absence d'un questionnaire de référence permettant de répondre aux objectifs de notre l'étude, le questionnaire a été réalisé selon nos propres connaissances (**Annexe 9**). Il est constitué de questions à choix multiples et comporte 16 questions à modalités qualitative et quantitative, réparties en quatre rubriques pour faciliter les réponses aux vétérinaires et concerne à la fois, l'ancienneté dans la profession et la fréquence d'intervention du praticien en élevages bovin, ovin et avicole, les pathologies dominantes, la fréquence et le mode d'utilisation des antibiotiques et la lutte contre l'antibiorésistance. Ce dernier a été réalisé sur la plate-forme Google drive et distribué aux vétérinaires praticiens en ligne et en présentiel.

- **Collecte des données en ligne**

Grâce aux réseaux sociaux tels que LinkedIn, Researchgate et Facebook, le lien du questionnaire a été posté et diffusé dans différents groupes professionnels de médecins vétérinaires. Ce dernier a également été envoyé par e-mail à plusieurs vétérinaires afin d'augmenter le taux de réponses.

- **Collecte de données en présentiel**

Le questionnaire diffusé en ligne a également été imprimé en quarante exemplaires et distribué lors d'un déplacement personnel chez les vétérinaires praticiens de la région d'Oum El Bouaghi. De plus, pendant toutes les étapes de la collecte et de l'analyse des données, l'anonymat des informations recueillies a été maintenu.

- **Analyse des résultats du questionnaire**

Au total, 120 questionnaires ont été collectés dont 71 en ligne et 49 en présentiel. Lors du dépouillement, les questionnaires présentant des non-réponses ont été éliminés de la saisie, soit 3 vétérinaires en tout, qui n'ont pas répondu. L'analyse a donc porté sur 117 questionnaires. Les données ont été analysées à l'aide de la version 2016 de Microsoft Excel, afin d'obtenir des pourcentages sur chaque question. Dans le cas où plusieurs cases ont été cochées dans une question, toutes les réponses sont prises en compte dans le calcul des pourcentages.

I.1.2. Évaluation de la sensibilité aux antibiotiques

I.1.2.1. Antibiotiques

Les souches d'entérobactéries isolées dans la première partie pratique, ont été évaluées pour leur sensibilité vis-à-vis de quinze (15) molécules d'antibiotiques, utilisées aussi bien en médecine vétérinaire qu'en médecine humaine et connues pour être actives sur cette catégorie de bactéries. Les différentes molécules d'antibiotiques utilisées dans cette étude sont classées selon leurs familles et leurs doses respectives dans le **Tableau 6**. Le matériel utilisé est choisi conformément à la norme ISO 7218 :2007 de microbiologie alimentaire (**Annexe 10**).

Tableau 6 : Noms, abréviations et doses des antibiotiques utilisés (EUCAST, 2019)

Famille d'antibiotique	Antibiotiques	Abréviations	Doses	Diamètres critiques mm
β-lactamines	Ampicilline	AM	10	≤13
	Amoxicilline- acide clavulanique	AMC	30	≤13
	Céfoxitine	FOX	30	≤14
	Céfotaxime	CTX	30	≤22
	Ceftazidime	CAZ	30	≤17
	Imipénème	IPM	10	≤19
Aminosides	Gentamicine	CN	10	≤12
Quinolones	Ciprofloxacine	CIP	05	≤15
	Acide nalidixique	NA	30	≤13
Tétracyclines	Tétracyclines	TE	30	≤11
Autres	Trimethoprim-Sulfaméthoxazole	SXT	25	≤10
	Chloramphénicol	C	30	≤12
	Colistine	CT	10	00
	Fosfomycine	FOS	200	≤12
	Streptomycine	S	10	≤11

I.1.2.2. Souches bactériennes

Les soixante-dix-sept souches bactériennes isolées dont 37 *Escherichia coli*, 34 *Enterobacter cloacae*, 5 *Klebsiella variicola*, 4 *Enterobacter xiangfangensis*, 2 *Enterobacter ludwigii*, 1 *Klebsiella aerogenes*, 1 *Citrobacter freundii* et 1 *Proteus mirabilis*, ont été testées vis-à-vis des 15 antibiotiques cités ci-dessus.

I.1.2.3. Antibiogramme

L'antibiogramme est effectué selon la méthode classique de diffusion de l'antibiotique en milieu gélosé selon les recommandations du **EUCAST (2019)** (l'European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing).

*** Préparation de l'inoculum**

Une suspension bactérienne est préparée en solution salée pour atteindre une turbidité équivalente à celle de l'étalon 0,5 de la gamme de Mc Farland, ce qui correspond à un inoculum d'environ $1 \text{ à } 2 \times 10^8$ UFC/ml, pour les entérobactéries.

*** Ensemencement**

La technique utilisée est la méthode de diffusion en milieu gélosé Mueller-Hinton. L'ensemencement est effectué par écouvillonnage avec la suspension diluée au 1/10 (10^7

UFC/mL). Des disques pré-imprégnés d'antibiotiques à tester sont déposés à la surface du milieu gélosé. Les boîtes de Pétri sont ensuite incubées à 37°C pendant 18 à 24 heures.

* Lecture

Après incubation, l'estimation de la sensibilité et de la résistance des souches vis-à-vis des antibiotiques est basée sur la mesure avec précision des diamètres des zones d'inhibition au millimètre à l'aide d'un pied à coulisse, la boîte étant placée à 30 cm de l'œil. L'interprétation des souches se fait selon les diamètres critiques recommandés (EUCAST, 2019). Chaque disque a une concentration minimale inhibitrice, caractérisée par un diamètre d'inhibition. Il est ensuite comparé aux diamètres critiques définis par des comités spécialisés, ce qui permettra de détecter le phénotype sensible, intermédiaire et résistant.

Dans cette étude, les souches d'entérobactéries ont été considérées comme étant Multi-Résistantes aux antibiotiques (MDR), lorsqu'il existe une résistance à au moins un antibiotique de trois familles différentes.

I.1.3. Détection et identification des gènes de résistance aux antibiotiques

Cette partie a été consacrée à la caractérisation moléculaire des souches identifiées phénotypiquement résistantes aux antibiotiques, en respectant les étapes suivantes :

I.1.3.1. Extraction de l'ADN par choc thermique

L'ADN chromosomique a été extrait à l'aide d'un kit d'extraction d'ADN génomique (sang/bactéries/cellules cultivées) de Real Biotech Corporation (RBC) et un fragment de 884 pb du gène *uspA* a été amplifié comme décrit par **Chen and Griffiths (1998)**. Une suspension bactérienne en EPPI (eau pour préparation injectable) a été préparée à partir de colonies bactériennes sur milieu Mueller-Hinton, puis centrifugée à 14000 tours/min pendant 5 minutes à 4°C. Le culot repris dans 300 µl d'EPPI a été porté à ébullition pendant 10 min, puis refroidi 10 min dans la glace. Après une dernière centrifugation à 14000 tours/min pendant 5 minutes à 4°C, le surnageant, contenant l'ADN bactérien, a été recueilli et conservé à -20°C.

I.1.3.2. Amplification de l'ADN par PCR multiplex

Cette technique a été utilisée pour la recherche des gènes codant la résistance pour les bêta-lactamines (*CMY-2*), les sulfamides (*sul1*, *sul2*, *sul3*) et les quinolones (*Aac (6)*, *qnrA1*, *qnrS2*, *qnrB1*).

Les amorces utilisées pour la détection de l'ensemble de ces gènes sont listées dans le **Tableau 7**. Pour toutes les réactions de PCR, des témoins positifs et négatifs ont été utilisés.

Tableau 7 : Amorces utilisées pour les réactions de PCR

Gènes cibles	Amorces	Séquence nucléotidiques (5-3)	Taille de l'amplicon (pb)	Références
<i>blaCMY-2</i>	CMY-2-F CMY-2-R	GCACTTAGCCACCTATACGGCAG GCTTTTCAAGAATGCGCCAGG	758	(Hasman <i>et al.</i> , 2005)
<i>Sul1</i>	Sul1-F Sul1-R	GGCTGGTGGTTATGCACTCA CGAGACCAATAGCGGAAGC	263	(Kern <i>et al.</i> , 2002)
<i>Sul2</i>	Sul2-F Sul2-R	ACGCAAGCCTATGCCTTGTCG TTGCGTTTGATAACCGGCACCC	234	
<i>Sulf3</i>	Sul3-F Sul3-R	CGTAAATATAACCACCGAT CCAAGCCTGAATAAATCTCA	326	(Hammerum <i>et al.</i> , 2006)
<i>aac(6)-Ib</i>	aac(6)-Ib-F aac(6)-Ib-R	TTGCGATGCTCTATGAGTGGCTA CTCGAATGCCTGGCGTGTTT	482	(Cattoir, Poirel, Rotimi, <i>et al.</i> , 2007)
<i>qnrA1</i>	qnrA1-F qnrA1-R	AGAGGATTTCTCACGCCAGG TGCCAGGCACAGATCTTGAC	580	
<i>qnrB1</i>	qnrB1-F qnrB1-R	GGMATHGAAATTCGCCACTG TTTGCYGYCYGCCAGTCGAA	264	
<i>qnrS2</i>	qnrS2-F qnrS2-R	GCAAGTTCATTGAACAGGGT TCTAAACCGTCGAGTTCGGCG	428	

I.1.3.3. Préparation du mélange réactionnel

Le **Tableau 8**, présente la composition du mélange réactionnel (50µL) et la concentration finale (indiquée entre parenthèses).

Tableau 8 : Mélange réactionnel pour PCR multiplex

Réactifs	Volume
Eau MilliQ	17,3 ml
Tampon PCR106 (Bioline)	5 ml
dNTPs (2 mM) (Fisher Biotech)	1ml
MgCl ₂ (50 mM) (Bioline)	2 ml
Deux amorces (forward et reverse) [0,25µM chacune]	0,5µl
ADN polymérase Taq (Bioline)	0,2ml
Matrice d'ADN purifié	2ml
Volume final	50µl

* Conditions d'amplification

Les réactions d'amplification ont été réalisées dans un thermocycleur (*Biometra, Allemagne*), à différentes températures comme indiqué dans le tableau suivant.

Tableau 9 : Étapes de l'amplification de l'ADN

Étapes	Température	Temps	Nombre de cycles
Dénaturation initiale	95°C	5 min	1
Dénaturation	94°C	30 sec	30
Hybridation	56°C	30 sec	
Élongation	72°C	30 sec	
Élongation finale	72°C	05 min	1
Stockage	04°C	Variable	1

I.1.3.4. Électrophorèse et lecture

Après amplification, les produits de PCR obtenus ont été mélangés au tampon de charge (Bleu de Bromo-phénol) et soumis à une migration à 130 Volts pendant 30 à 40 min, dans un gel d'agarose à 1% en tampon TAE 1X (Tris-acétate- EDTA). Un marqueur de poids moléculaire 100 pb DNA Ladder (Biolabs, Angleterre) a été déposé dans le gel en même temps que les échantillons. Le gel d'électrophorèse a été coloré dans un bain de bromure d'éthidium avant révélation aux ultra-violets.

L'ADN a ensuite été conservé à -20°C dans un tampon d'éluion et les souches ont été conservées sur un bouillon de soja tryptone avec 15 % de glycérol à -80°C, pour une analyse ultérieure.

I.1.4. Analyse statistique

L'ensemble des données recueillies a été saisi et analysé avec Microsoft Excel-2016. Le traitement des données a été restreint à une analyse statistique descriptive pour déterminer la fréquence et le pourcentage des réponses et les résultats ont été présentés par des graphes comportant le pourcentage de réponses.

Une fois les tableaux de données créés, les tests du Chi² et de Fischer sont réalisés à l'aide d'un logiciel Spss 2016 version 24, dans le but de tester les liaisons entre les molécules d'antibiotiques testées et les souches d'entérobactéries isolées (sensible/résistante). Sont considérées significativement associées à la résistance des souches isolées, les modalités dont le p-value est inférieur à 0,05 au seuil 95%.

RÉSULTATS & DISCUSSION

PARTIE II

Partie II

```
graph TD; A[Partie II] --- B[Chapitre 1: Enquête réalisée auprès des vétérinaires praticiens]; A --- C[Chapitre 2: AntibioGramme]; A --- D[Chapitre 3: Détection et identification des gènes de résistance];
```

Chapitre 1:
Enquête réalisée
auprès des
vétérinaires
praticiens

Chapitre 2:
AntibioGramme

Chapitre 3:
Détection et
identification des
gènes de résistance

PARTIE II : CHAPITRE 1
UTILISATION DES ANTIBIOTIQUES DANS LES
ÉLEVAGES

Chapitre 1 : Utilisation des antibiotiques dans les élevages

II.1. Résultats & Discussion

II.1.1. Enquête descriptive

La résistance aux antibiotiques représente un réel problème de santé publique. En effet, ce dernier est devenu un sujet de préoccupation majeur au cours de ces dix dernières années et fait l'objet d'un intérêt scientifique accru.

En Algérie, très peu d'études ont été réalisées sur l'utilisation vétérinaire et humaine des antibiotiques. Ainsi, ce questionnaire repose sur les pratiques de l'antibiothérapie et la perception des risques liés à l'utilisation des antibiotiques dans les élevages bovins, ovins et avicoles. Ainsi, cette investigation a pour but de se rapprocher du terrain et d'avoir une idée sur l'utilisation des antibiotiques par les vétérinaires.

II.1.1.1. Caractéristiques générales

Au total, 117 vétérinaires ont répondu et participé à l'enquête via internet et par questionnaire sur papier. Les vétérinaires interrogés viennent de régions différentes d'Algérie. Les réponses obtenues pour chacun des paramètres ciblés sont rapportées et/ou présentées sous forme de tableaux ou de graphes.

Il a été constaté que l'expérience professionnelle des vétérinaires ayant répondu au questionnaire est entre 1 an et 39 ans. Ainsi, 52,1% d'entre eux ont une expérience inférieure à 5 ans, tandis que ceux avec une expérience entre 6 à 10 ans représentent 25,4%. De plus, 14,1% possèdent entre 10 à 15 ans d'expérience et 8,5%, exercent depuis plus de 15 ans (**Figure 30**). Nos résultats concordent avec ceux de **Said (2015)**, qui a rapporté que plus de la moitié des praticiens questionnés (57%) ont une expérience professionnelle de moins de huit ans, contre un peu plus du quart (29,2%), qui ont une expérience de plus de huit ans, dans la région de Mitidja en Algérie.

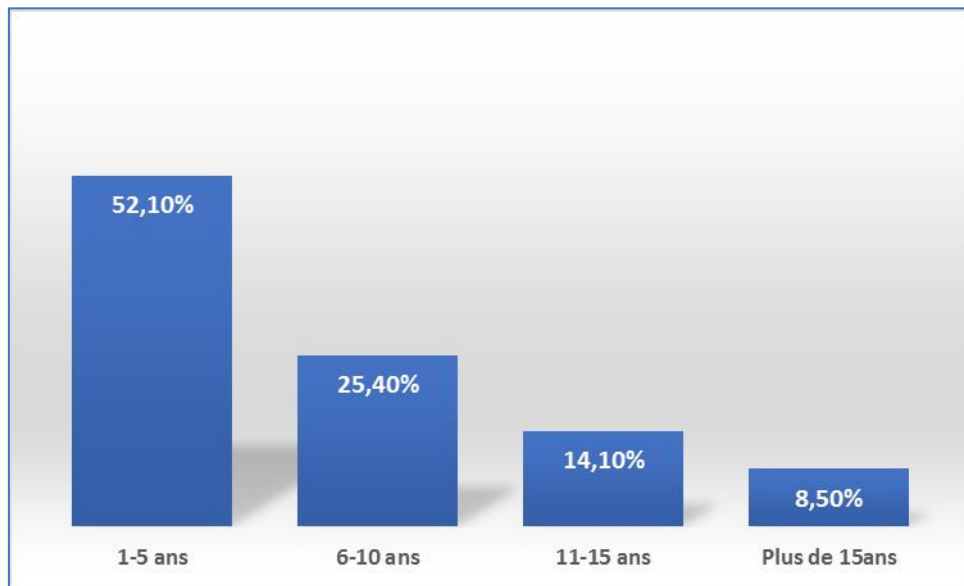


Figure 30 : Expérience professionnelle des vétérinaires

Les résultats obtenus dans notre étude ont montré que 42,3% des vétérinaires participants à l'enquête pratiquent l'élevage ovin, suivis par 26,8% qui pratiquent l'élevage bovin et 22,5% l'élevage avicole. Tandis que le suivi des animaux de compagnie et des équidés est moins important et représente seulement et respectivement, 7% et 1,4% (**Figure 31**).

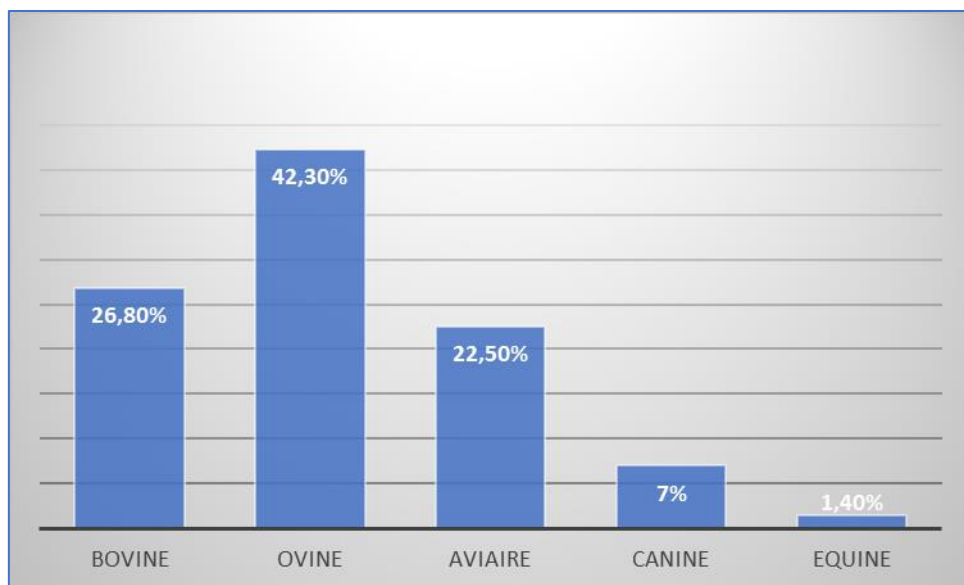


Figure 31 : Principales activités des vétérinaires

II.1.1.2. Pathologies dominantes

Les résultats de l'enquête réalisée auprès des vétérinaires signalent une multitude de pathologies bovine, ovine et avicole, présentes sur le terrain. Les maladies d'origine ou avec complications bactériennes sont prédominantes. Les troubles digestifs, les infections mammaires, les problèmes respiratoires représentent les pathologies les plus importantes.

Dans les élevages bovins et ovins, il a été observé que la maladie infectieuse la plus fréquemment rencontrée et traitée par les antibiotiques, est l'infection respiratoire (bronchopneumonie) avec un taux de 62%, suivie par l'infection mammaire avec 50%, puis par l'infection de l'appareil digestif (les entérites) avec un pourcentage de 38%. Les infections gynécologiques (métrites) et de l'appareil locomoteur présentent respectivement des taux de 40% et 20% (**Figure 32**).

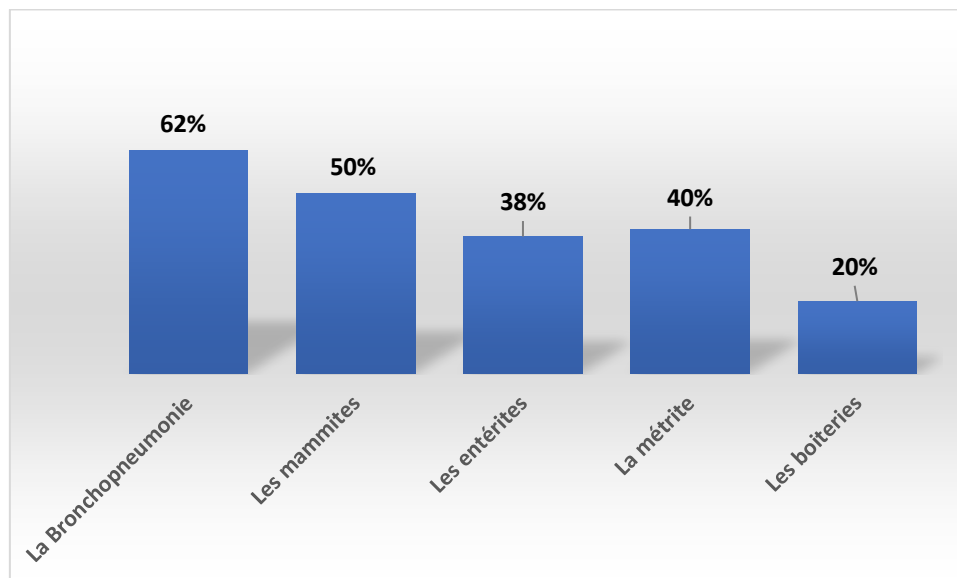


Figure 32 : Pathologies dominantes en élevages bovin et ovin

Dans les élevages avicoles, l'analyse des résultats de l'enquête réalisée a permis de mettre en exergue plusieurs pathologies, où les troubles digestifs (principalement la colibacillose et la coccidiose), demeurent l'entité pathologique la plus dominante avec un taux de 66,20%, suivis par les affections respiratoires dont la mycoplasmosse et la pasteurellose, avec des taux respectifs de 63,38% et 32,40%. Par ailleurs, pour la salmonellose, les vétérinaires déclarent un nombre de cas très restreint (25,35%) (**Figure 33**).

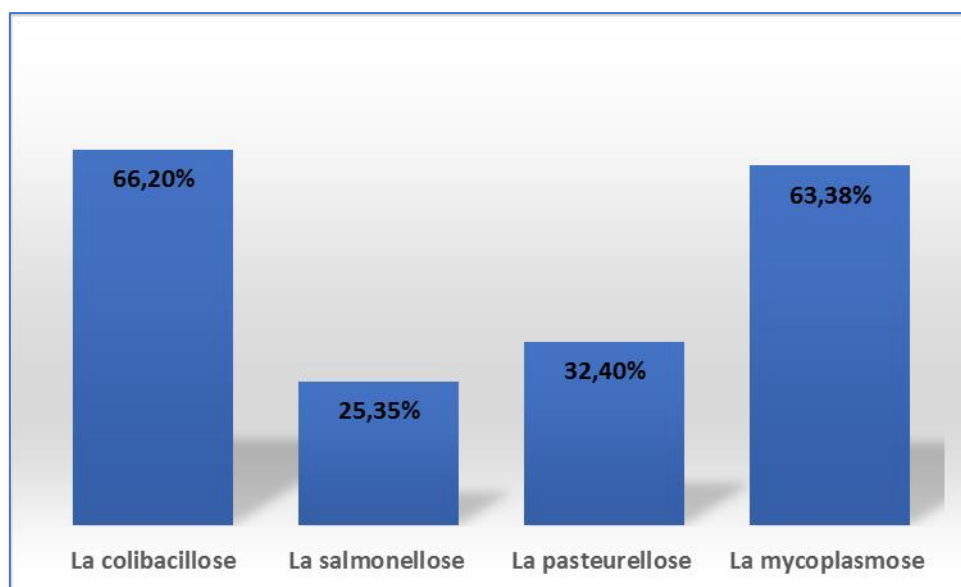


Figure 33 : Pathologies dominantes en élevage avicole

Ces résultats sont similaires à ceux obtenus par **Chatellet (2007)**, qui a rapporté qu'en France, le taux des mammites est de 80 % et, est de 33 % pour les maladies respiratoires, alors que dans le même pays, **Cazeau et al. (2010)** ont déclaré que les antibiotiques sont utilisés dans les élevages laitiers, principalement pour le traitement des mammites (37%) et des problèmes de locomotion (14%). D'autre part, l'enquête réalisée par **Bouزيد and Touati (2008)** dans le Nord-est algérien, montre que la pathologie la plus fréquente était la mammite, surtout en fin d'hiver et en début de printemps où la prévalence atteignait 45 % et dont les troubles de la reproduction liés à la mise bas étaient de l'ordre de 15%, tandis que l'apparition des troubles respiratoires était importante surtout en hiver avec un taux de 22%. Par contre, les troubles digestifs étaient évalués à 11% au printemps, alors que le parasitisme (particulièrement la piroplasmose) atteignait son maximum en été avec 22%.

II.1.1.3. Fréquence et mode d'utilisation des antibiotiques

Selon l'enquête, 90 % des vétérinaires utilisent fréquemment les antibiotiques dans leurs traitements, tandis que seulement 10 % d'entre eux ne les utilisent que rarement.

A travers les réponses collectées, il en ressort que les antibiotiques sont utilisés dans nos élevages pour le traitement des pathologies (antibiothérapie), dans les programmes de prophylaxie médicale (préventive dans l'eau de boisson) et aussi comme facteurs de croissance (additifs dans l'aliment).

Il a été constaté que 90,14% des vétérinaires utilisent souvent les antibiotiques à titre curatif, 22,54% à titre métaphylactique et 16,90% les utilisent souvent à titre préventif, tandis que, 12,67% d'entre eux les utilisent à titre zootechnique (**Figure 34**).

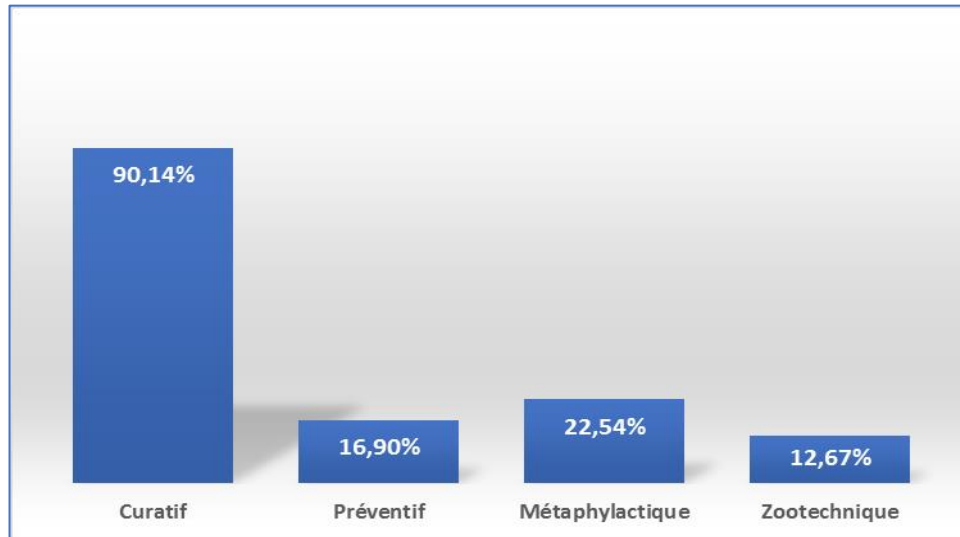


Figure 34 : Fréquence et mode d'utilisation des antibiotiques

Les principales familles d'antibiotiques, sont utilisées aussi bien dans les élevages qu'en médecine humaine. Dans certains élevages, les animaux malades ne sont pas soignés systématiquement et les antibiotiques sont ajoutés à la nourriture ou à l'eau et sont consommés aussi bien par les animaux malades que par les animaux sains. Cette utilisation massive d'antibiotiques en métaphylaxie associée à leur emploi comme facteurs de croissance ou en prophylaxie, ont sans doute largement contribué à la sélection de bactéries résistantes, qui peuvent alors se retrouver dans les produits consommés par l'homme (**S Schwarz et al., 2001**). En effet, de nombreux paramètres de la conduite d'élevage augmentent le risque d'apparition de l'antibiorésistance. Ainsi, l'usage des antimicrobiens dans un cadre préventif n'aura peut-être pas le même impact que lors d'une utilisation curative. De même, si l'antibiotique peut détruire un grand nombre de bactéries sensibles, le système immunitaire de l'animal malade joue également un rôle important dans la guérison (**Lacroute, 2016**).

Ainsi, l'ensemble des éléments influant sur la qualité du transfert de l'immunité passive, pourrait intervenir. Il convient donc de rester prudent quant aux conclusions à tirer de ces analyses. Cependant, il est essentiel d'adapter les pratiques en matière d'antibiothérapie, afin de limiter le développement des résistances aux molécules critiques (celles qui présentent un intérêt particulier en traitement dit de "dernier recours" et qui nécessitent une prescription et/ou

une dispensation contrôlée). Selon **Lacroute (2016)**, la diminution de l'utilisation préventive des antibiotiques s'accompagne d'une réduction de la fréquence des multi-résistances. Bien que cet effet ne soit pas durable et que d'autres facteurs interviennent, cette dernière constitue une première mesure indispensable.

En outre, dans de nombreux pays développés, l'administration d'agents antimicrobiens ne se limite pas à des fins thérapeutiques. Ces derniers peuvent également être utilisés pour améliorer la productivité des animaux, l'indice de conversion alimentaire et le taux de croissance dans les élevages (**Snary *et al.*, 2004**). Ce type de pratiques agricoles permet d'éliminer les souches bactériennes sensibles, ce qui crée des conditions favorables à la persistance et à la propagation des souches résistantes au niveau des exploitations (**Castanon, 2007**).

En effet, l'utilisation d'agents antimicrobiens comme promoteurs et l'administration d'antibiotiques sans consultation vétérinaire, sont des facteurs de risque potentiels liés à la résistance des antibiotiques. De nombreuses études soutiennent que l'utilisation inappropriée d'antibiotiques pour augmenter la productivité, renforce la pression de sélection des agents pathogènes résistants aux antimicrobiens (**Levy, 2014**).

De plus, l'utilisation d'agents antimicrobiens comme additifs alimentaires, administrés à de faibles concentrations (dose sous-thérapeutique), généralement sur de longues périodes, peut conduire au développement de la résistance (**Diarra & Malouin, 2014**).

Les préoccupations de la santé publique concernant les résidus antimicrobiens et les agents pathogènes résistants aux antimicrobiens dans les aliments et l'environnement, appuient la nécessité de poursuivre les recherches sur des alternatives aux antibiotiques, plus sûres comme les additifs alimentaires (**Diarra & Malouin, 2014**).

II.1.1.4. Antibiotiques les plus utilisés

Le traitement des différentes pathologies exige dans la plupart des cas l'utilisation d'un arsenal d'antibiotiques.

Dans les élevages bovin et ovin, les antibiotiques souvent utilisés sont les tétracyclines et les bêta-lactamines. Par contre, en élevage avicole, les tétracyclines, l'enrofloxacin, l'érythromycine et la colistine sont les antibiotiques les plus prescrits (**Tableau 10**).

Tableau 10 : Fréquence d'utilisation des antibiotiques en élevages

Famille	Molécules	Fréquence d'utilisation des antibiotiques en élevages		
		Bovin	Ovin	Avicole
Bêta- Lactamines	Amoxicilline	XXX	XXX	XX
	Ampicilline	XXX	XXX	XX
	Peni G	XX	XX	X
	Céphalosporine	XX	XX	X
Quinolones	Enrofloxacin	XX	X	XXX
	Marbofloxacin	XX	XX	X
	Fluméquine	X	X	XXX
	Acide oxolinique	X	X	X
Macrolides et apparentés	Érythromycine	XX	X	XXX
	Spiramycine	XX	X	X
	Tilmicosine	X	X	XXX
	Tylosine	X	X	XXX
	Lincomycine	XX	XX	XX
Tétracyclines	Oxytétracycline	XXX	XXX	XXX
	Doxycycline	X	X	XXX
Sulfamides	Sulfamides	XX	XX	X
Polypeptides	Colistine	X	X	XXX

X : Rarement ; XX : Parfois ; XXX : Souvent

Les bêta-lactamines et les tétracyclines représentent certainement les antibiotiques les plus actifs et les plus utilisés en clinique courante, ce qui explique leur présence inévitable dans la chaîne alimentaire par rapport aux autres molécules. Cela confirme les résultats de l'enquête menée par **S. Mensah *et al.* (2014)**, dans les exploitations bovines, qui ont signalé l'utilisation des tétracyclines et des bêta-lactamines avec respectivement des pourcentages de 89% et 34%. Ces deux familles d'antibiotiques sont d'ailleurs les plus utilisées en élevage bovin (**Dognon *et al.*, 2018; Goulette, 2007; Reybroeck *et al.*, 2010**).

En effet, cette large utilisation des bêta-lactamines est principalement liée à leur faible toxicité, à leur pouvoir bactéricide, à la diversité des molécules et à un spectre bactérien très vaste auquel échappent peu d'espèces (**Robin *et al.*, 2012**). La majorité de ces molécules est aussi utilisée en médecine humaine. En outre, leur présence dans les denrées alimentaires d'origine animale peut entraîner plusieurs risques pour les consommateurs à savoir, des modifications de la flore intestinale, des effets toxiques ou des allergies et la sélection de bactéries pathogènes résistantes aux antibiotiques (**Said, 2015**).

Assurément, nos résultats sont similaires à ceux d'une enquête menée par **Ameur *et al.* (2008)**, et qui ont révélé que les antibiotiques intra-mammaires, les plus utilisés par les vétérinaires de la région de la Kabylie, sont à base de tétracyclines, de pénicillines et plus rarement de macrolides. Dans d'autres travaux réalisés par **Tarzaali *et al.* (2008)**, sur la recherche de résidus d'antibiotiques dans les élevages bovins en Algérie, des taux de positivité de 65,46 % et de 89,09 % ont été rapportés respectivement pour les bêta-lactamines et les tétracyclines.

Les bêta-lactamines sont les antibiotiques les plus couramment utilisés pour le traitement des infections causées par les *Enterobacteriaceae*. La résistance à ces derniers se développe à la suite de mutations ou bien d'acquisition de matériaux génétiques tels que des plasmides, des transposons ou des intégrons provenant d'autres bactéries résistantes (**Soumia & Naima, 2021**).

Dans les élevages avicoles, la tétracycline est l'antibiotique le plus souvent utilisé. Ces résultats sont en accord avec ceux de **Caudell *et al.* (2020)**, qui ont également signalé dans une enquête menée dans les systèmes d'élevage de cinq pays d'Afrique, que la tétracycline était l'antibiotique le plus utilisé dans les élevages avicoles. Toutefois, des études réalisées en Chine par **J. Xu *et al.* (2020)**, ont montré que l'amoxicilline était l'antibiotique le plus utilisé dans les élevages avicoles avec un taux de 76,5%.

Quant à la tétracycline, son utilisation est principalement liée à son spectre large et à sa bonne diffusion tissulaire. En effet, elle a été utilisée depuis les années 70 à des fins thérapeutiques, préventives, voire zootechniques (facteurs de croissance et anti-stress). Cette molécule était administrée systématiquement après les vaccinations, fréquemment sous dosée, elle est souvent présentée en association avec les vitamines (**Rahmatallah *et al.*, 2017**).

Les résultats de notre enquête ont révélé que la colistine est souvent utilisée dans les élevages avicoles. Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par **Nguyen *et al.* (2016)**, qui ont signalé que cette molécule était largement utilisée dans les aliments destinés aux animaux, comme facteur de croissance et principalement en aviculture. Cependant, ces auteurs ont enregistré des niveaux appropriés de colistine chez le poulet de chair. Cette molécule de la famille des polymyxines est couramment utilisée en santé animale, principalement par voie orale pour le traitement des infections digestives à entérobactéries en filières porcine, avicole et bovine. Les polymyxines ont été largement utilisées jusqu'au milieu des années 1970, puis ont ensuite été abandonnées en raison de leurs néphrotoxicité et neurotoxicité, de leur faible diffusion tissulaire et suite au développement de nouveaux antibiotiques (**Hancock & Chapple, 1999**). Leur utilisation chez l'homme a été limitée au traitement des infections pulmonaires dues au Bacille à Gram négatif (BGN) multi-résistants. Cependant, l'émergence récente de

bactéries résistantes à toutes les classes d'antibiotiques et l'absence de commercialisation de nouvelles classes ont entraîné une utilisation renouvelée des polymyxines dans le traitement des infections à BGN (MR) chez l'homme, notamment ceux producteurs de carbapénémases (**Brink *et al.*, 2014**).

II.1.1.5. Voies d'administration

La voie souvent utilisée par les vétérinaires participants est la voie parentérale (intramusculaire et sous-cutanée), représentée par un taux de 54,94%, puis la voie orale et locale avec un taux de 36,62% (**Figure 35**).

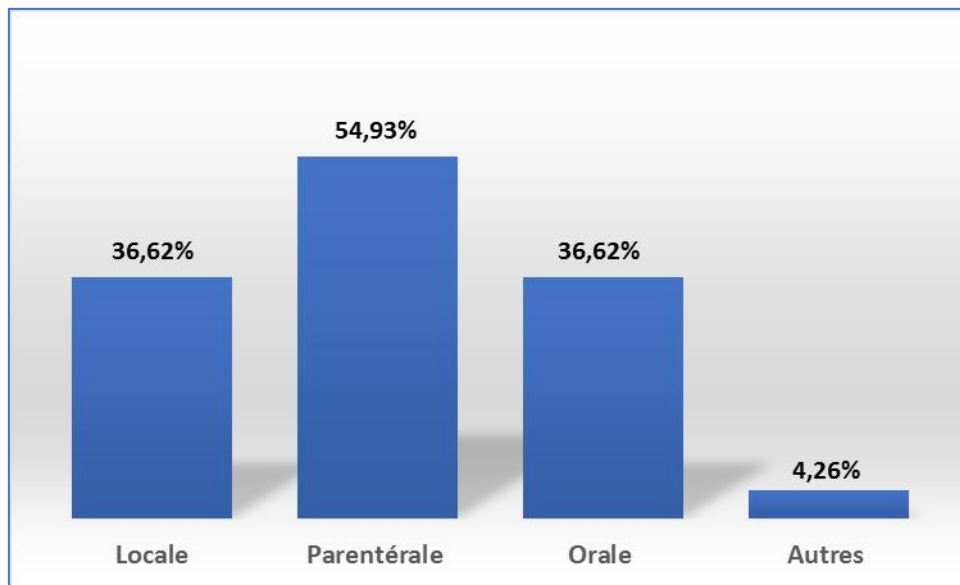


Figure 35 : Voies d'administration les plus fréquemment utilisées

Selon **Bousquet-melou (2010)**, la voie orale est la plus utilisée chez les animaux de rente. Elle présente ainsi un risque de sélection d'antibiorésistance plus élevé que les autres voies d'administration. En effet, plus la flore commensale du tractus digestif est exposée à des antibiotiques, plus le risque d'antibiorésistance est élevé (**Bousquet-melou, 2010**).

D'après les données de l'Anses en 2008, la voie orale représente 88% de la consommation totale d'antibiotiques, contre 11% pour la voie parentérale et moins de 2% pour les voies intramammaires et autres (**Bousquet-melou, 2010**). Aussi, **Chauvin *et al.* (2012)** ont signalé que cette dernière est la voie d'administration privilégiée compte-tenu de la taille fréquemment élevée des groupes d'animaux à traiter. La voie parentérale n'est que rarement rencontrée en élevages de volailles et, est principalement utilisée dans le cadre des traitements du cheptel reproducteur ou des traitements individuels.

II.1.1.6. Durée du traitement

Concernant la durée du traitement, les réponses ont été classées en cinq catégories: 1 jour, 2 jours, 3 jours, 4 jours et 4 jours et plus. Parmi les vétérinaires interrogés, 47,9% prescrivent les antibiotiques à 3 jours, 18,3% à plus de 4 jours, alors que les 7%, les prescrivent à un jour. La durée de traitement par les antibiotiques recommandés par les vétérinaires, est dans la plupart du temps entre 1 à 3 jours. Cette dernière peut se prolonger de 4 à 7 jours selon la gravité du cas traité, ou le manque d'efficacité de l'antibiotique utilisé, ou bien en cas d'antibiorésistance. Nos résultats sont en accord avec ceux de **Said (2015)**, qui a rapporté que la durée moyenne du traitement pendant quatre (04) jours est préconisée par le tiers des praticiens enquêtés, la durée de cinq (05) jours est retenue par un peu plus du tiers des praticiens et presque le quart des vétérinaires questionnés traitent seulement pendant trois jours. Selon **Wolff and Chastre (2006)**, une antibiothérapie trop courte expose à un risque de rechute et d'échec de traitement. A l'inverse une prolongation de la durée du traitement favorise l'apparition de bactéries multirésistantes.

II.1.1.7. Motifs du choix de l'antibiotique

D'après les réponses obtenues, les deux principaux motifs du choix de l'antibiotique souvent utilisé sont, son efficacité avec un pourcentage de 64% et les délais d'attente plus courts avec un taux de 47,50%. Les motifs sont répartis comme suit, dans la **Figure 36**.

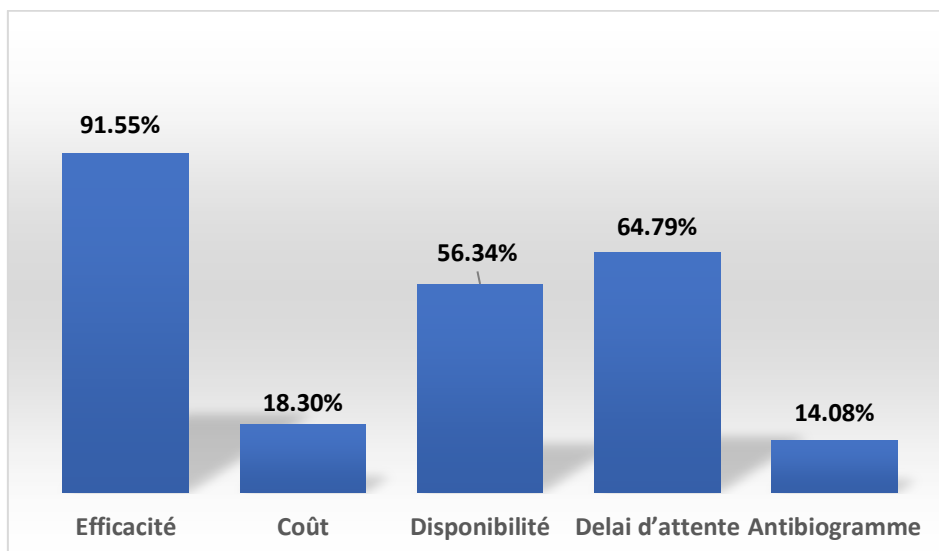


Figure 36 : Choix des antibiotiques selon les vétérinaires

Concernant le choix de ces molécules, nos résultats montrent que le premier critère pour le choix d'un antibiotique par les vétérinaires, est l'efficacité avec un taux de 91,55%. Selon

eux, un antibiotique efficace réduit la dose prescrite et donc le délai d'attente. Le deuxième critère pour le choix d'un antibiotique est le délai d'attente ; 64,79% des vétérinaires choisissent l'antibiotique pour son délai d'attente court, afin d'éviter les pertes financières des éleveurs et de satisfaire leurs clientèles. Le troisième critère important dans le choix fait par le vétérinaire est la disponibilité ; 56,34% des vétérinaires choisissent les antibiotiques selon leur disponibilité. Le quatrième critère pour le choix d'un antibiotique est son coût ; 18,30% des éleveurs optent pour l'antibiotique le moins cher et qui a le plus d'efficacité. Les résultats de notre étude sont en accord avec ceux de **Amairi (2021)**, qui a constaté que le choix de l'utilisation des antibiotiques est basé sur son efficacité, son délai d'attente et sa disponibilité. Le cinquième critère pour le choix des antibiotiques est le recours à l'antibiogramme avec un taux de 14,08%. Il est recommandé de prescrire des antibiotiques en fonction des résultats de l'antibiogramme pour s'assurer que le traitement prescrit est efficace contre l'infection. Cependant, dans les résultats de notre enquête, cette pratique n'est pas souvent suivie par les praticiens, même après l'échec du traitement initial. Cela peut s'expliquer en partie par le fait que la plupart des régions d'Algérie ne disposent d'aucune installation permettant de tester la sensibilité aux antimicrobiens, comme l'ont indiqué les vétérinaires. L'absence de données sur la sensibilité peut également favoriser une antibiothérapie combinée, car les vétérinaires peuvent vouloir prescrire plus d'un médicament pour maximiser les chances de succès thérapeutique, dans l'espoir que si l'un d'entre eux s'avère inefficace, les autres fonctionneraient. Nos résultats sont similaires à ceux de **Coyne *et al.* (2018)**, qui ont observé dans une étude portant sur 261 vétérinaires du Royaume-Uni, que les vétérinaires ne pratiquaient qu'occasionnellement des antibiogrammes. Les facteurs relatifs au délai d'obtention des résultats de ces diagnostics et le coût peuvent constituer un obstacle à leur adoption fréquente (**Coyne *et al.*, 2016; Speksnijder *et al.*, 2015**).

Aussi, des résultats similaires ont été observés par **Amairi (2021)**, qui a rapporté que tous les vétérinaires interrogés (n=46), n'ont pas recours à l'antibiogramme après un échec thérapeutique. Selon cet auteur, l'antibiogramme retarde la mise en place d'une antibiothérapie dans les premiers jours de déclaration de la maladie, c'est pourquoi il n'est généralement pas demandé en première intention.

En réalité la situation du terrain nous permet de constater, essentiellement, la non utilisation de l'antibiogramme par les vétérinaires praticiens, qui devrait les orienter vers l'antibiotique indiqué pour chaque situation. A ce propos, aucun vétérinaire interrogé ne possède de laboratoire pour la réalisation des examens complémentaires, notamment, le laboratoire de microbiologie, pour l'identification des bactéries. D'autre part, aucun d'entre eux n'envoie

d'échantillons vers des laboratoires spécialisés, comme par exemple l'envoi au laboratoire vétérinaire régional, pour faire un antibiogramme et de là adapter son traitement aux résultats transmis. Les raisons avancées par la grande majorité des vétérinaires objet de l'enquête, sont le manque de temps et parfois la lenteur dans l'obtention des résultats.

II.1.1.8. Respect de la dose prescrite dans la notice et le délai d'attente

Selon les résultats de l'enquête, 84,5% des vétérinaires respectent la dose prescrite dans la notice contre 15,5%, qui ne la respectent pas. La majorité des vétérinaires estiment systématiquement le poids des animaux avant d'administrer une dose d'antibiotique, mais d'une façon visuelle et aproximative et ce point se développe avec l'expérience du médecin. Quant au respect du délai d'attente, 36,6% des vétérinaires ont confirmé que souvent, les éleveurs suivent leurs recommandations par rapport au délai d'attente. Cependant, 8,5% ont confirmé le non-respect du délai d'attente par les éleveurs (**Figure 37**).

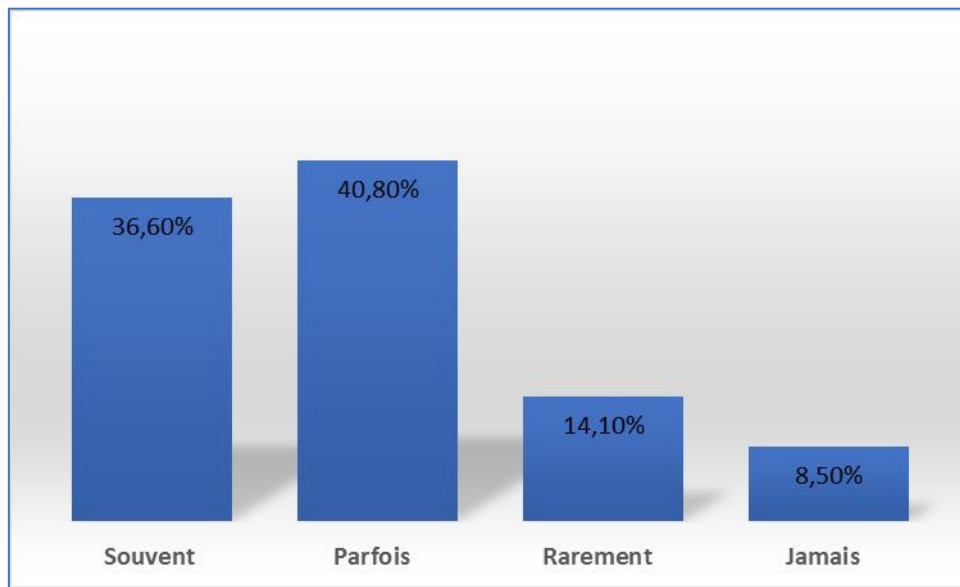


Figure 37 : Respect de la dose, de la durée de traitement et du délai d'attente par les vétérinaires et les éleveurs

En pratique avicole courante, l'éleveur ne respecte pas la durée du traitement car, d'une part les praticiens vétérinaires assurent le traitement dans les élevages avicoles et rares sont ceux qui font le suivi et d'autre part, l'éleveur peut changer de traitement sans prescription (**Said, 2015**). Le non-respect de ce délai de traitement s'explique aussi par un manque de responsabilité et de sensibilisation des éleveurs. Par ailleurs, ces derniers n'ont pratiquement

aucune notion sur le délai d'attente et sur les risques encourus en cas du non-respect de ce dernier.

Ainsi, le non-respect de la dose d'antibiotique prescrite sur la notice est dû à une mauvaise estimation du poids de l'animal par le vétérinaire praticien. L'un des premiers comportements à risque vis-à-vis des antibiotiques est de ne pas mesurer le poids des animaux, et par là de ne pas donner la dose suffisante, ou au contraire de surdoser. Même s'ils réalisent en règle générale de bonnes estimations, celles-ci ne sont néanmoins que des approximations et parfois un écart de quelques dizaines de kilogrammes, peut être à l'origine d'un sous-dosage, qui peut être par la suite responsable de la sélection d'une souche résistante chez l'espèce bactérienne, que le traitement devait combattre (**Chatellet, 2007**).

Certains auteurs estiment que la présence de résidus dans les aliments est liée aux mauvaises pratiques d'élevage et à la distribution anarchique de la part de l'éleveur qui ignore complètement les règles à respecter lors de l'administration d'un médicament. En effet, dans une enquête menée auprès des vétérinaires exerçant dans des élevages de l'Est algérien, il a été rapporté que seulement 15 % des praticiens estiment que les éleveurs respectent correctement le délai d'attente (**Boultif, 2015**).

Ces résultats sont en accord avec ceux de **S. E. P. Mensah *et al.* (2014)**, qui ont rapporté que le problème de l'antibiorésistance est en relation avec la méconnaissance des périodes des délais d'attente. D'après ces auteurs, 23% des cas étaient dus aux fautes occasionnées par les employés, 14% à la non identification des animaux traités et 12% au traitement des métrites. Selon **Gedilaghine (2005)**, le non-respect du délai d'attente peut être dû encore à un défaut de communication entre le médecin vétérinaire et l'éleveur ou à un acte volontaire de la part de l'éleveur par ignorance des risques réels de ce geste.

La durée du traitement est un critère fondamental à respecter. En effet, de nombreux éleveurs, pour des raisons économiques, se basent sur l'état général de leur animal plutôt que sur les critères bactériologiques pris en compte dans la prescription ou la notice de l'antibactérien utilisé et auront donc tendance à réduire le temps de traitement quand l'animal sera cliniquement guéri (**Seddiki, 2018**).

II.1.1.9. Automédication

Les résultats concernant l'avis des vétérinaires sur l'utilisation des antibiotiques par les éleveurs sans passer par les vétérinaires dans le traitement des maladies infectieuses sont présentés dans la figureci-dessous :

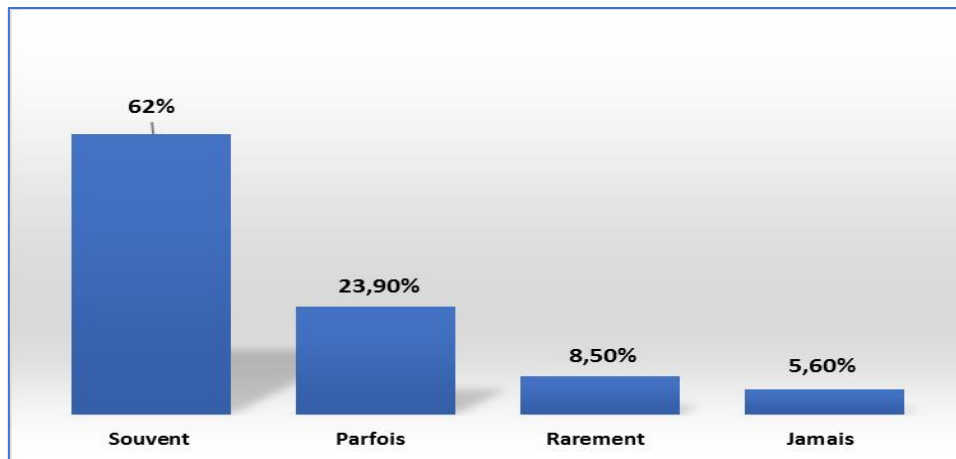


Figure 38: Avis des vétérinaires sur l'utilisation des antibiotiques par les éleveurs dans le traitement des maladies infectieuses

Pour l'automédication, si l'éleveur est confronté à des symptômes relevés sur son animal, il aura recours au même traitement que le vétérinaire avait précédemment mis en place et ne fera appel à ce dernier qu'en cas d'échec thérapeutique. Cette pratique, peut aboutir davantage à la sélection de bactéries résistantes. Nos résultats sont en accord avec ceux de **Amairi (2021)**, qui a signalé dans une étude menée, sur l'utilisation des antibiotiques en élevage avicole dans la wilaya de Tébessa, que la moitié des vétérinaires pratique la vente d'antibiotiques sans ordonnance.

Les Pays-Bas ont été classés en 2007, comme le plus gros pays consommateur d'antimicrobiens, avec environ 600 tonnes d'antimicrobiens thérapeutiques utilisés dans le secteur vétérinaire. Ce pays a donc mis en place un plan d'action visant à réduire l'utilisation d'antimicrobiens chez les animaux. La première mesure a été la création d'une autorité de médecine vétérinaire, dont l'objectif principal était d'enregistrer l'utilisation d'antimicrobiens et les prescriptions des agriculteurs et des vétérinaires et de définir les espèces à traiter. Ce plan d'action a permis de réduire de 56% l'utilisation des antimicrobiens entre 2007 et 2012 (**Speksnijder et al., 2015**).

II.1.1.10. Lutte contre l'antibiorésistance

Dans la présente étude, les participants ont fortement apprécié les bonnes pratiques de gestion et la vaccination comme approches alternatives pour réduire l'utilisation des antibiotiques. Ainsi, le plan d'action de l'OMS pour lutter contre les MDR a identifié la vaccination comme, une alternative à l'utilisation des antimicrobiens et une partie de la solution aux MDR (WHO, 2018). La suggestion des producteurs à promouvoir les vaccinations comme une alternative aux antimicrobiens est en accord avec le plan d'action de l'OMS pour combattre la multi-résistance (MR). De plus, l'utilisation de vaccins élimine la nécessité d'une thérapie antimicrobienne et combat indirectement la MR, en réduisant l'UAM (utilisation des antimicrobiens), grâce à la protection indirecte fournie par l'immunité de groupe (Lipsitch & Siber, 2016). Des pays, tel que le Danemark, ont déjà pris des mesures pour promouvoir l'utilisation des vaccins et pour décourager l'utilisation des antimicrobiens, en particulier les antimicrobiens d'importance critique (CIA).

Depuis 2013, le Danemark applique des taxes différenciées (0% sur les vaccins, 0,8% sur les pénicillines à spectre étroit et autres médicaments vétérinaires, 5,5% sur les autres antimicrobiens vétérinaires et 10,8% sur les CIA), sur les antimicrobiens afin de promouvoir l'utilisation des vaccins par les agriculteurs (Lhermie *et al.*, 2017). Les participants à cette étude ont suggéré que les vaccins soient conditionnés en plus petites quantités pour encourager les petits producteurs à utiliser les vaccins et que des incitations soient fournies aux agriculteurs pour encourager l'adoption d'alternatives aux antimicrobiens. Une évaluation plus approfondie des avantages potentiels de ces suggestions serait utile pour mieux justifier leur adoption (Lhermie *et al.*, 2017).

En Algérie, nous assistons à une absence de chiffres officiels émanant de l'autorité vétérinaire et les données relatives à la présence de résidus d'antibiotiques dans les denrées d'origine animale se limitent à certains travaux de recherches ou à des mémoires de fin d'études. Les résultats des recherches entreprises dans le cadre du programme PASCRA (Programme algérien de surveillance des contaminants et des résidus dans les aliments), sur les médicaments vétérinaires, les substances anabolisantes, les métaux lourds et les contaminants microbiologiques ne sont pas encore publiés. L'application d'un tel programme devrait garantir aux consommateurs algériens une sécurité alimentaire équivalente à celle des pays développés et permettre l'exportation de produits d'origine animale algériens dans les marchés internationaux.

PARTIE II : CHAPITRE 2

ÉVALUATION DE LA SENSIBILITÉ DES SOUCHES AUX ANTIBIOTIQUES

Chapitre 2 : Évaluation de la sensibilité des souches aux antibiotiques

II.2. Résultats & Discussion

II.2.1. Résistance des entérobactéries dans la chaîne alimentaire

II.2.1.1. Résistance aux antibiotiques

La prévalence de la résistance microbiologique et clinique des souches isolées est présentée dans le **Tableau 11**.

Les résultats de l'antibiogramme ont montré que le pourcentage global de résistance des souches d'entérobactéries isolées est de 71,43% (55/77).

Sur l'ensemble des souches étudiées, les taux de résistance enregistrés ont montré des niveaux élevés pour l'amoxicilline-acide clavulanique, l'oxytétracycline et l'association triméthoprim-sulfamides. Les faibles taux de résistance ont été enregistrés pour la fosfomycine, la colistine et la gentamicine (**Figure 39**).

De plus, 64,93% des bactéries à Gram négatif isolées sont résistantes à l'amoxicilline-clavulanique (AMC), 49,35% à l'ampicilline (AMP), 42,85% à la céfoxitine (FOX), tandis que l'acide nalidixique (NA) connaît un taux de résistance de 19,48% et la tétracycline (TE) un taux de 16,88%. Par ailleurs, les molécules connaissant de faibles taux de résistance sont la sulfaméthoxazole-triméthoprim (SXT) avec un taux de 15,58%, suivie par la ciprofloxacine (CIP) avec 12,98% et la streptomycine (S) avec 9,09%. De plus, la fosfomycine (FOS) et le chloramphénicol (C) ont respectivement des taux de résistance de 3,89% et de 1,29%.

Ce résultat est soutenu par d'autres études réalisées par **Ngai *et al.* (2021)**, dans les exploitations avicoles au Kenya, à partir d'échantillons d'aliments et par **Braykov *et al.* (2016)**, dans les exploitations avicoles en Equateur, à partir d'échantillons de surfaces, montrant un taux de résistance plus faible vis-à-vis de la ciprofloxacine, de la streptomycine, et du chloramphénicol. Cependant, des taux de résistance plus élevés ont été signalés dans des échantillons de fientes prélevés à partir d'exploitations avicoles, au Bangladesh par **Nahar *et al.* (2014)** et au Nigeria par **Ayandiran *et al.* (2018)**.

Toutes les souches isolées dans notre étude étaient sensibles à l'imipénème. Néanmoins, des études réalisées en Asie et en Afrique ont signalé des taux élevés d'entérobactéries résistantes aux carbapénèmes à partir d'échantillons de viandes blanches (**Chaudhry *et al.*, 2020; Eibach *et al.*, 2018**).

De plus, notre étude a montré des résistances modérées aux quinolones pour l'ensemble des entérobactéries, avec un taux de 19,48% à l'acide Nalidixique et de 12,98% à la ciprofloxacine. Au Maroc, les données de surveillance rendent plutôt compte d'une certaine stabilité des taux de résistance aux Fluoroquinolones à partir de 2008, bien qu'une augmentation progressive ait été enregistrée entre 1999 et 2007 (Salah *et al.*, 2021). En outre, une recrudescence du taux de résistance à la Ciprofloxacine a été rapportée au Cameroun (Ebongue *et al.*, 2015) et en Espagne (Djagadou *et al.*, 2019).

Tableau 11 : Fréquence de l'antibiorésistance dans la chaîne alimentaire

Antibiotiques	Modalités	Entérobactéries testées			Total n=77	Kh2	P
		Exploitations	Abattoirs	Boucheries			
AM	Résistante	16(50%)	18(51,42%)	06(60%)	40(51,95%)	0.3122	0.8555
	Sensible	16(50%)	17(48,58%)	04(40%)	37(48,05%)		
SXT	Résistante	08(25%)	04(11,42%)	00(0%)	12(15,58%)	4.4620	0.1074
	Sensible	24(75%)	31(88,57%)	10(100%)	65(84,41%)		
CT	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
FF	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
CIP	Résistante	08(25%)	02(5,71%)	00(0%)	10(12,99%)	7.2173	0.0270
	Sensible	24(75%)	33(94,3%)	10(100%)	67(87,01%)		
CN	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
C	Résistante	01(3,12%)	00(0%)	00(0%)	01(1,3%)	-	-
	Sensible	31(96,88%)	35(100%)	10(100%)	76(98,7%)		
FOX	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
TE	Résistante	09(28,1%)	04(11,4%)	00(0%)	13(16,88%)	5.6553	0.0591
	Sensible	23(71,9%)	31(88,6%)	10(100%)	64(83,11%)		
CAZ	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
IPM	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
AMC	Résistante	21(65,6%)	20(57,1%)	07(70%)	48(62,34%)	0.7997	0.6704
	Sensible	11(34,4%)	15(42,9%)	03(30%)	29(37,66%)		
NA	Résistante	11(34,38%)	04(11,43%)	00(0%)	15(19,48%)	8.3919	0.0150
	Sensible	21(65,62%)	31(88,57%)	10(100%)	62(80,52%)		
CTX	Résistante	00(0%)	00(0%)	00(0%)	00(0%)	-	-
	Sensible	32(100%)	35(100%)	10(100%)	77(100%)		
S	Résistante	04(12,5%)	03(8,57%)	00(0%)	07(9,09%)	1.4614	0.4815
	Sensible	28(87,5%)	32(91,43%)	10(100%)	70(90,91%)		

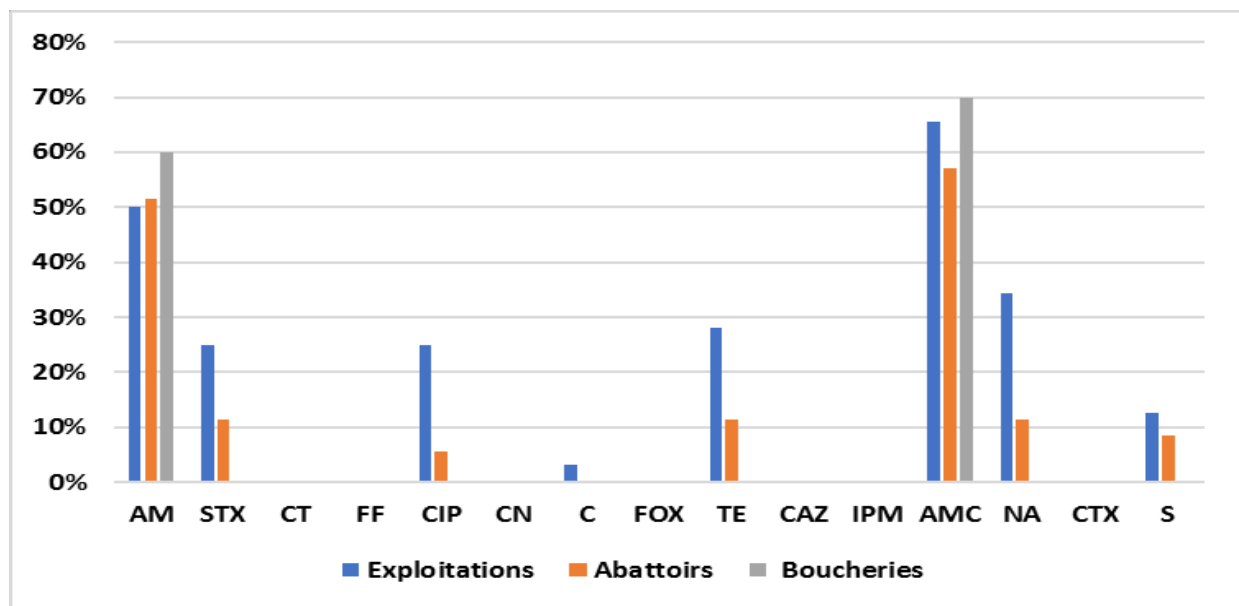


Figure 39: Taux de résistance des entérobactéries isolées dans la chaîne alimentaire, aux antibiotiques

II.2.1.2. Résistance aux antibiotiques dans les exploitations

Notre étude a montré que les pourcentages de résistance aux antibiotiques des entérobactéries, isolées dans les exploitations est de 49,10% (27 /55). Ils sont de 100% dans les fermes ovines (3/3), 90,91% dans les fermes avicoles (20/22) et 55,56% dans les fermes bovines (05/09) (**Figure 40**).

Ces taux sont variables d'une molécule à une autre. En effet, pour les souches isolées dans les exploitations avicoles, les taux de résistance les plus élevés ont été observés pour l'Amoxicilline-acide clavulanique (66,66%), suivis par l'ampicilline, l'acide nalidixique (47,61%), le triméthoprime/sulfaméthoxazole (28,57%) et la tétracycline (28,57%). En revanche, des résistances beaucoup plus faibles ont été observées pour la céfotaxime, la gentamicine et la ceftazidime. Pour les exploitations bovines, les bêta-lactamines ont montré une résistance modérée (50%), suivie par la tétracycline et le triméthoprime-sulfaméthoxazole (25%). Cependant, pour les souches isolées dans les exploitations ovines, des taux de résistance élevés pour l'AMC (100%) et pour l'AM (66,66%) ont été observés. Dans l'ensemble, il a été constaté que les entérobactéries isolées dans les exploitations avicoles étaient plus résistantes que les souches isolées dans les exploitations bovine et ovine (**Figure 41**).

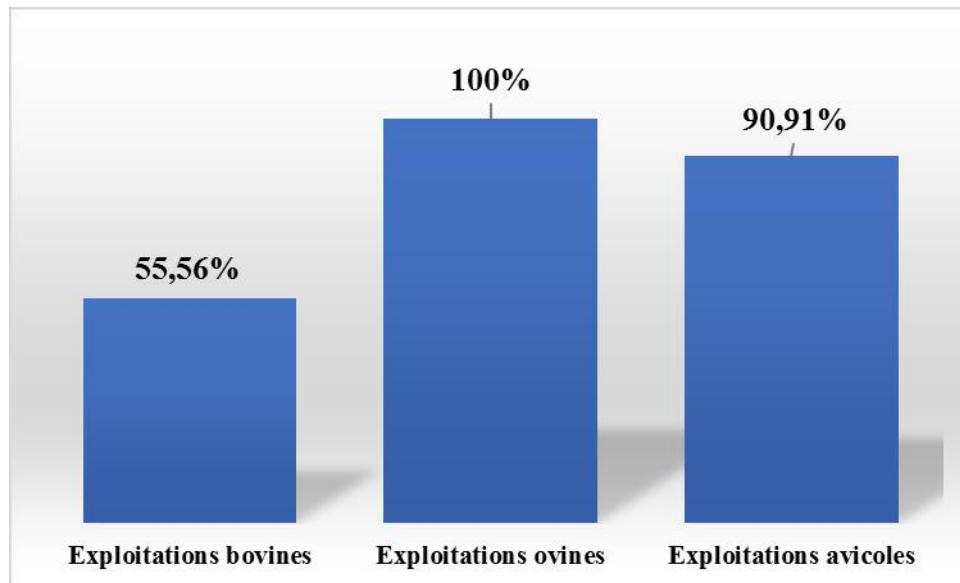


Figure 40: Pourcentage de résistance des entérobactéries isolées par type d'exploitations, aux antibiotiques

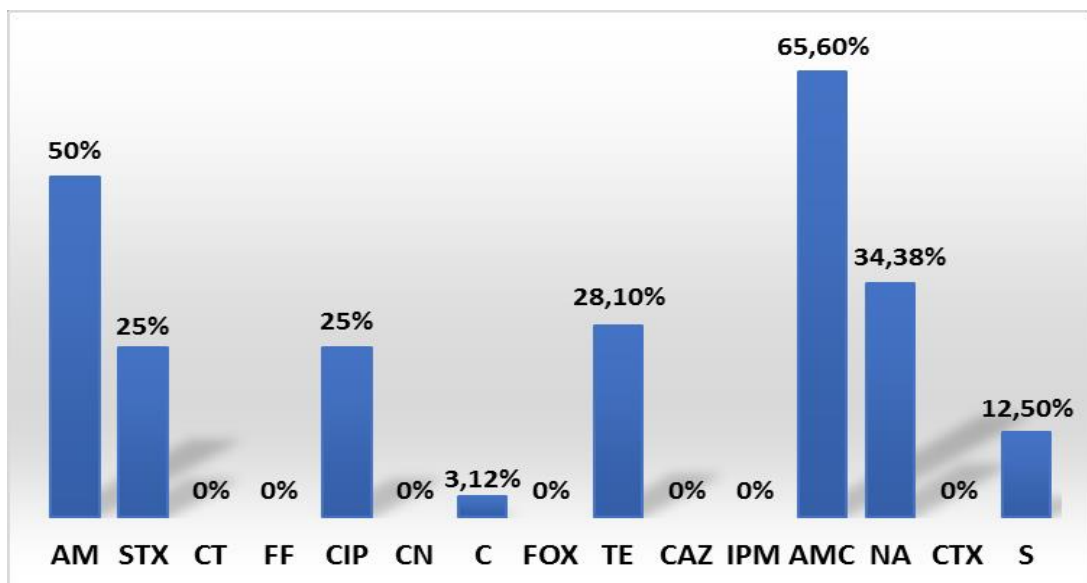


Figure 41: Taux de résistance des entérobactéries isolées dans les exploitations, par antibiotique testé

Les résultats obtenus dans notre étude sont inférieurs à ceux rapportés par **Abbassi *et al.* (2017)**, qui ont observé que les souches aviaires isolées à partir de fientes avaient les taux de résistance les plus élevés, à la tétracycline, à la triméthoprim/sulfaméthoxazole (74,7%) et à l'amoxicilline (57%). Tandis que les prévalences de résistance des souches dans les exploitations bovines isolées à partir de fèces, à ces mêmes antimicrobiens étaient

respectivement de 33,3%, 65%, 30% et 28,3%. Cependant, dans les exploitations ovines, les souches isolées à partir de fèces ont montré de faibles taux de résistance, seulement pour la tétracycline (40%) et l'amoxicilline (22,85%).

II.2.1.3. Résistance aux antibiotiques dans les abattoirs

Pour les souches isolées dans les abattoirs, le pourcentage de résistance est de 40% (22/55). Il est de 100% (7/7) dans les abattoirs à viande blanche et de 51,86% (5/9) dans les abattoirs à viande rouge (**Figure 42**).

Les taux les plus élevés ont été observés pour l'Amoxicilline-acide-clavulanique (57,1%), suivis par l'ampicilline (51,42%), l'acide nalidixique (11,43%), le triméthoprim/sulfaméthoxazole (11,42%) et la tétracycline (11,40%). En revanche, des résistances beaucoup plus faibles ont été observées pour la streptomycine (8,57%) et la ciprofloxacine (5,71%). Aucune souche n'a été résistante à la céfotaxime, la gentamicine et la ceftazidime (**Figure 43**). Nos résultats sont différents de ceux de **Gregova et al. (2012)**, qui ont rapporté que les souches d'entérobactéries isolées à partir d'écouvillons de surfaces des abattoirs avicoles sont résistantes à l'ampicilline (89%), à la streptomycine, à la gentamycine (43%), au chloramphénicol (33%) et à la tétracycline (13%). Aussi, dans l'étude réalisée par **Elabbasy et al. (2021)**, un taux de résistance de 60% pour l'ampicilline, 20% pour le chloramphénicol, 10% pour la ciprofloxacine et 5% pour la gentamycine, des souches d'entérobactéries isolées à partir d'écouvillons de surfaces et d'échantillons de viandes bovines, a été observé dans des abattoirs en Egypte.

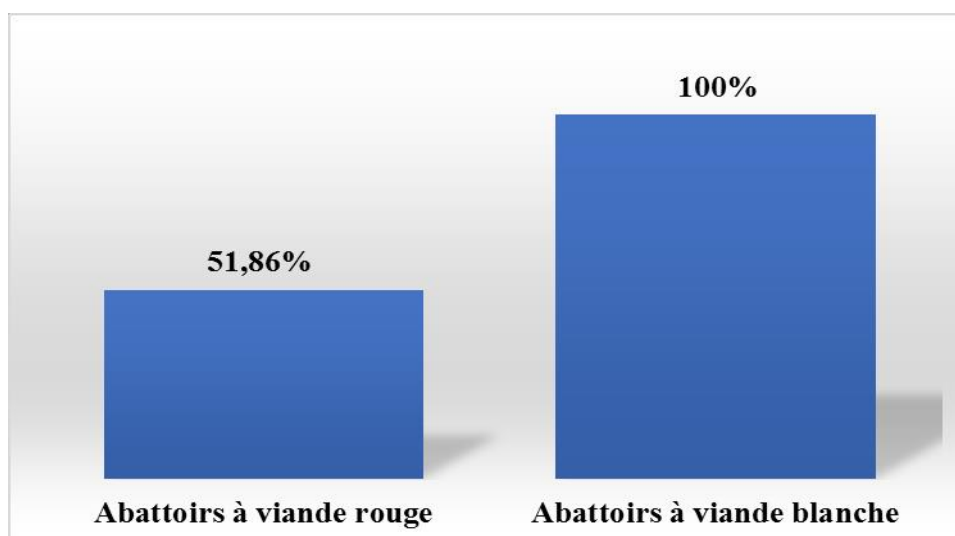


Figure 42: Pourcentage de résistance des entérobactéries isolées par type d'abattoirs, aux antibiotiques

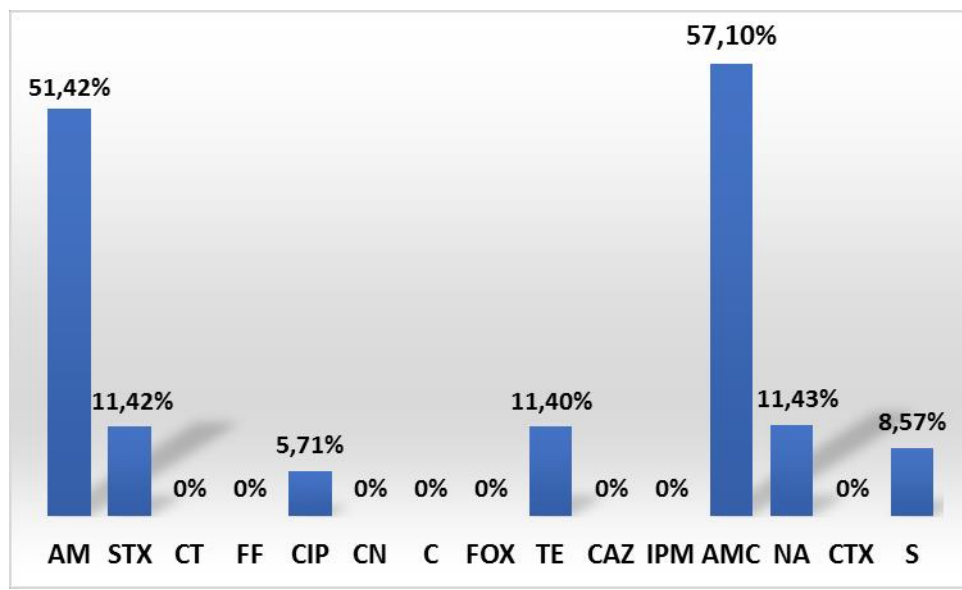


Figure 43: Taux de résistance des entérobactéries isolées dans les abattoirs, aux antibiotiques

II.2.1.4. Résistance aux antibiotiques dans les boucheries

Pour les boucheries, les résultats de l'antibiogramme ont montré que le pourcentage de résistance des souches d'entérobactéries isolées est de 10,90% (06/55).

Les bêta-lactamines ont montré une résistance élevée avec un taux de 70% à l'amoxicilline-clavulanique et 60% à l'ampicilline (**Figure 44**). Les résultats obtenus dans notre étude sont différents de ceux rapportés par **Dib et al. (2019b)**, qui ont observé que la résistance des entérobactéries isolées dans les boucheries à partir d'échantillons de viandes bovines est de 100% à l'ampicilline, 50% à l'amoxicilline-clavulanique et à la gentamicine; 45,45% à la Céfoxitine et à la Streptomycine; 27,57% à la Tétracycline; 13,63% au Chloramphénicol; 10,90% au Sulfaméthoxazole-triméthoprimine et 4,54% à la Fosfomycine (FOF). Aussi, nos résultats sont inférieurs à ceux rapportés par **Dsani et al. (2020)**, qui ont observé que les souches d'entérobactéries isolées à partir des viandes bovines prélevées dans les boucheries de la région d'Accra au Ghana, avaient les taux de résistance les plus élevés, à l'ampicilline (57%), à la tétracycline (45%) et à la triméthoprimine/sulfaméthoxazole (21%). Nos résultats sont aussi différents de ceux de **Ali et al. (2010)**, qui ont observé que les souches isolées au Pakistan, à partir de viandes crues (n=250), présentaient une résistance de 72% à l'Ampicilline, 75% à l'Amoxicilline, 70% au Céfaclor et 62% à la Novobiocine. Au total, 50% des souches étaient résistantes à la Roxithromycine, tandis que 33% seulement étaient résistantes à la Céphalexine.

Des taux de résistance plus élevés, à la céfoxitine, à la Gentamicine et à la Ciprofloxacine, ont été enregistrés dans des souches d'entérobactéries isolées à partir d'échantillons de viandes blanches, prélevés dans les boucheries de la région de Surabaya en Indonésie. Il s'agirait des molécules les plus prescrites, souvent abusivement, aussi bien en milieu hospitalier que communautaire (Yulistiani *et al.*, 2017). Ce niveau de résistance élevé est dû à l'acquisition de mécanismes de résistance aux antibiotiques. D'autre part des lacunes, en termes de capacité de diagnostic des laboratoires (entraînant des traitements présomptifs mal adaptés), d'accès aux soins de santé appropriés, favorisent l'émergence et la diffusion de la résistance (Ouedraogo *et al.*, 2017).

Il existe une association significative entre la résistance aux antibiotiques et l'origine des souches isolées. Ainsi, les souches isolées au niveau des exploitations sont plus résistantes à la ciprofloxacine ($p=0.0270$) et à l'acide nalidixique ($p=0.0150$), que les souches isolées au niveau des abattoirs et des boucheries. Cela peut être dû à l'utilisation régulière d'antibiotiques, dans les exploitations bovine, ovine et avicole, à des fins thérapeutiques ou préventives. Cette pratique courante conduit principalement à la sélection de clones résistants et, par la suite, à la dissémination de ces derniers par contamination fécale (Abbassi *et al.*, 2017).

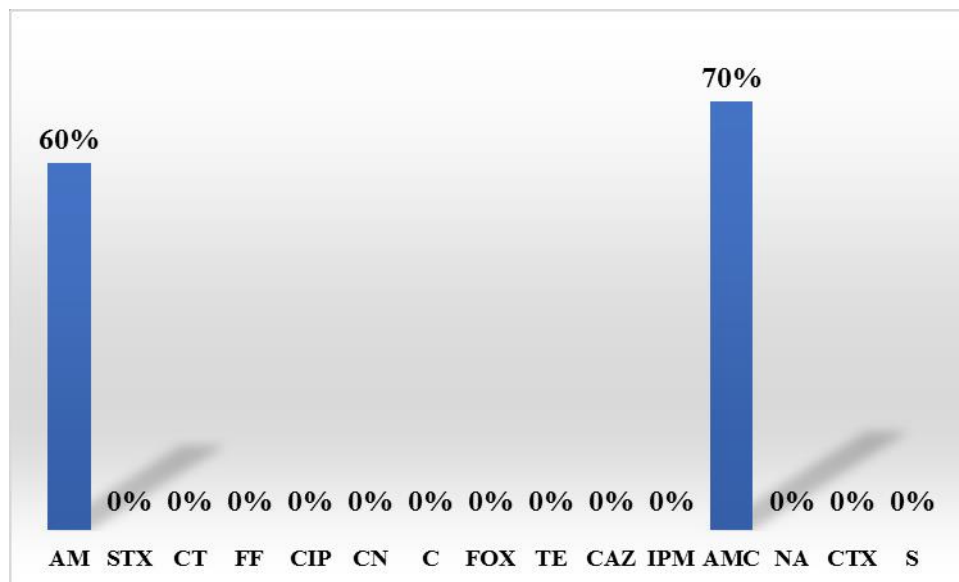


Figure 44: Taux de résistance aux antibiotiques des entérobactéries isolées, dans les boucheries

II.2.2. Résistance des différentes espèces isolées

Les résultats de l'antibiogramme des différentes souches isolées sont présentés dans le tableau ci-dessous.

Tableau 12 : Pourcentage de sensibilité et de résistance des espèces isolées

ATB	Modalité	<i>E. coli</i> (n=37) %	<i>Enterobacters</i> spp. (n=32) %	<i>Klebsiella</i> spp. (n=06) %	<i>C.freundi</i> (n=01) %	<i>P. mirabilis</i> (n=01) %	Total n=77 %
AM	Résistante	32,43 (12)	87,5 (28)	100 (06)	100 (01)	00 (0)	24,67 (19)
	Sensible	67,57(25)	12,5 (04)	00(0)	00(0)	100 (01)	75,33 (58)
SXT	Résistante	29,73(11)	00 (0)	16,67 (01)	00 (0)	00 (0)	15,58 (12)
	Sensible	70,27(26)	100 (32)	83,33 (05)	100 (01)	100 (01)	84,42 (65)
CT	Résistante	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	100 (37)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
FF	Résistante	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	100 (37)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
CIP	Résistante	27,02 (10)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	12,99 (10)
	Sensible	72,98 (27)	100 (32)	100 (06)	01 (100)	01 (100)	87,01 (67)
CN	Résistante	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	100 (37)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
C	Résistante	2,70 (01)	00(0)	00(0)	00(0)	00(0)	1,31 (1)
	Sensible	97,30 (36)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	98,69 (76)
FOX	Résistante	00 (0)	100 (32)	00 (0)	100 (01)	00 (0)	42,86 (33)
	Sensible	100 (37)	00 (0)	100 (06)	00 (0)	100 (01)	57,14 (44)
TE	Résistante	32,43 (12)	00 (0)	16,67 (01)	00 (0)	00 (0)	16,88 (13)
	Sensible	67,57 (25)	100 (32)	83,33 (05)	100 (01)	100 (01)	83,12 (64)
CAZ	Résistante	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	100 (37)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
IPM	Résistante	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	100 (37)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
AMC	Résistante	32,43 (12)	100 (32)	50 (03)	100 (01)	00 (0)	62,34 (48)
	Sensible	67,57 (25)	00 (0)	50 (03)	00(0)	100 (01)	37,66 (29)
NA	Résistante	37,84 (14)	00 (0)	16,67 (01)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	62,16 (23)	100 (32)	83,33 (05)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
CTX	Résistante	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	100 (37)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)
S	Résistante	18,92 (07)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)	00 (0)
	Sensible	81,08 (30)	100 (32)	100 (06)	100 (01)	100 (01)	100 (77)

II.2.2.1. Résistance des souches *E. coli*

Les trente-sept (37) souches *E. coli* isolées dans notre étude, montrent des taux de résistance modérés, à l'acide nalidixique (37,84%), à l'amoxicilline-acide clavulanique, à l'ampicilline, à la tétracycline (32,43%), à la Triméthoprine Sulfaméthoxazole (29,73%) et à la ciprofloxacine (27,02%). Des taux faibles de résistance ont été observés pour la streptomycine (18,92%) et le chloramphénicol (2,70%). Cependant, aucune résistance n'a été enregistrée pour la colistine, la fosfomycine, la gentamicine, la céfoxitine, la ceftazidime, le céfotaxime et l'imipénème (**Tableau 12**).

Une étude similaire menée par **Barour et al. (2019)**, dans les fermes bovines des wilayas de Souk Ahras, Tebessa et Oum el Bouaghi, a montré que parmi les 198 *E.coli* isolées par écouvillonnage rectal, des taux de résistance élevés ont été observés pour l'ampicilline (59,09 %) et la tétracycline (43,43%) et des taux de résistance modérés pour le triméthoprine/sulfaméthoxazole (15,15%) et l'amoxicilline-acide clavulanique (11,62%). Par contre, de faibles taux de résistance ont été observés pour l'acide nalidixique (8,08%), la ciprofloxacine (7,07%), la céfotaxime (4,54%), le chloramphénicol (4,04%), la céfoxitine (2,02%) et la gentamycine (1,01%). Mais aucune résistance à la colistine n'a été rapportée.

Ces résultats sont en accord avec **Atnafu Bushen and Abayneh (2021)**, qui ont observé un taux élevé de résistance à l'ampicilline (n=22 ;91,7%), à l'amoxicilline-acide clavulanique (n=16 ;66,7%), à l'ampicilline-sulbactam (n=16 ;66,7%), à la tétracycline (n=18 ;75,0%), au triméthoprine-sulfaméthoxazole (n=17 ; 70,8 %) et au chloramphénicol (n=13 ; 54,2%), à partir d'échantillons de fientes isolés dans des exploitations avicoles.

Parmi les β -lactamines, l'ampicilline est l'un des médicaments le plus anciennement utilisé chez les bovins. Il est indiqué pour le traitement des septicémies, des infections digestives, respiratoires et génito-urinaires (**Petit, 2007**). De plus, dans notre étude cet antimicrobien présente un taux de résistance de 32,43%, ce qui est proche de celui de **Sawant et al. (2007)**, qui ont rapporté un pourcentage de 34% et de celui de **Adenipekun et al. (2015)**, qui ont également enregistré un taux de 34.1%. Mais ce dernier est plus faible dans d'autres études comme celle de **Mainda et al. (2015)** qui ont noté un taux de 6.02 %.

Dans notre étude, toutes les souches *E. coli* sont sensibles à la céfotaxime. Ces résultats sont différents de ceux de **S. Li et al. (2016)**, qui ont signalé un pourcentage de résistance de 88,8% dans un élevage avicole en Chine. Par contre, différentes études ont montré un niveau de résistance beaucoup plus bas. En effet, 16% ont été signalés par **Alcalá et al. (2016)** dans

une étude en Espagne et 1% au Nigeria par **Ojo et al. (2016)**, à partir d'échantillons de fientes avicoles.

Nos résultats ont montré que toutes les souches sont sensibles à la céfoxitine. Ce résultat est inférieur à celui rapporté dans l'étude réalisée au Canada par **Parker et al. (2016)**, qui ont enregistré un taux de 2%. Aussi, au Maroc, le taux de résistance des souches *E.coli* aux C3G a progressivement augmenté, passant de 6,5% en 2007 à 9,2% en 2010 (**Salah et al., 2021**). Selon le rapport de la surveillance européenne de la résistance bactérienne aux antibiotiques, la proportion des souches *E.coli* résistantes aux C3G est restée stable (2%) de 2002 à 2005 (**Trystram et al., 2012**).

Bien que le taux de résistance enregistré pour la céfoxitine reste très faible, néanmoins des mesures devront être prises en considération afin de prévenir l'utilisation excessive de cet antibiotique et de ce fait, diminuer la pression de sélection exercée par un usage important.

Dans notre étude, aucune résistance n'a été enregistrée pour l'imipénème. Par contre, des taux de résistance plus élevés (14%), des souches *E. coli* à l'imipénème ont été enregistrés au Népal (**Madhup et al., 2021**).

Dans l'étude de **E. O. Ngbede et al. (2021)**, réalisée sur des échantillons de fèces et de fientes prélevés dans des exploitations bovine et avicole au Nigeria, un taux de résistance des souches *E.coli*, de 18.2% à l'imipénème, a été observé. L'absence de résistance à l'imipénème est encourageante car les carbapénèmes constituent généralement la dernière ligne de défense pour le traitement des infections causées par des bactéries à Gram négatif (**Paterson & Bonomo, 2005**).

Selon nos résultats, la résistance à la tétracycline était de 32,43%. Cela n'est pas surprenant, car la résistance à cette molécule chez les *E.coli*, a déjà été signalée dans une étude de **Yulistiani et al. (2017)**, en Indonésie, avec un taux de 79.24%. Des rapports récents provenant d'autres études de prévalence d'*E.coli* isolées à partir d'animaux destinés à l'alimentation, ont estimé que la résistance à la tétracycline est de 43.43%, en Algérie (**Barour et al., 2019**) et de 74.7%, en Tunisie (**Abbassi et al., 2017**).

Bien que la résistance bactérienne à l'oxytétracycline connaisse des taux élevés dans divers pays, la quasi-totalité de résistance des souches *E.coli* obtenues dans notre étude est très inquiétante dans la mesure où cet antibiotique ne serait d'aucune utilité thérapeutique contre les colibacillooses et fort probablement contre d'autres maladies aviaires. Étant donné son spectre large et sa bonne diffusion tissulaire, l'oxytétracycline a été utilisée depuis les années 70 à des fins thérapeutiques, préventives, même zootechniques (**Rahmatallah et al., 2017**).

La résistance à la tétracycline peut être attribuée à l'utilisation de cette molécule par les éleveurs pour traiter les animaux destinés à l'alimentation, ce qui est en accord avec les résultats de notre enquête auprès des vétérinaires privés, qui confirment que la tétracycline est le deuxième antibiotique le plus utilisé en clinique courante. Aussi, cela peut être probablement en relation avec le prix bon marché auquel elle est vendue, à la facilité d'accès aux médicaments, ainsi qu'à son utilisation à long terme chez les animaux et les humains (**Rahmatallah et al., 2017**).

L'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a publié une liste prioritaire de bactéries résistantes aux antibiotiques pour aider à hiérarchiser la recherche et le développement de nouveaux traitements antibactériens efficaces. Les entérobactéries, en particulier les souches résistantes aux fluoroquinolones, figuraient parmi les agents pathogènes les plus prioritaires. Aussi, l'OMS encourage les enquêtes de terrain sur le bétail et le partage des données entre les secteurs de la santé humaine et animale (**Tacconelli et al., 2018**).

Dans notre étude, 27,02% des souches *E. coli* sont résistantes à la ciprofloxacine. Cette dernière est beaucoup plus élevée comparée à celle observée en Algérie par **Hamoudi and Aggad (2008)**, qui ont rapporté un taux de 6% dans des souches isolées à partir de volailles d'exploitations avicoles et elles sont moins importantes comparées à celles enregistrées par **Aggad et al. (2010)**, qui ont rapporté un pourcentage de 45% dans des exploitations avicoles en Algérie et par **Agabou et al. (2016)**, qui ont constaté un taux de 51,4% dans des échantillons prélevés à partir d'exploitations avicoles, dans la région de Constantine. Le taux globalement élevé de résistance aux antibiotiques, observé dans notre étude est dû à l'ensemble de la gamme d'antibiotiques disponible en Algérie et à l'utilisation croissante et inappropriée des quinolones dans les élevages de volailles.

La présence d'*E. coli* résistantes à la ciprofloxacine a été signalée chez des animaux producteurs d'aliments (ruminants et volailles) et dans des aliments d'origine animale du monde entier. Par exemple, une étude récente de **Obaidat et al. (2018)**, a montré un taux de résistance de 3,8% à la ciprofloxacine pour des souches *E. coli* provenant d'échantillons fécaux de bovins sains, en Jordanie. Aussi, une étude réalisée par **Kürekci et al. (2021)** dans le but d'examiner l'occurrence et les caractéristiques des souches *E. coli* isolées à partir d'échantillons d'origine bovine et ovine prélevés en Turquie et résistantes à la ciprofloxacine, 91 échantillons (41,7%) sur 218 se sont révélés positifs. Il est possible d'attribuer la résistance aux quinolones dans notre étude à la sur- et mauvaise utilisation de la ciprofloxacine ou à d'autres agents

antimicrobiens dans les troupeaux. Cette constatation est en accord avec les résultats de notre enquête avec les praticiens privés qui confirment que les quinolones sont souvent utilisées en élevage avicole.

En effet, **Bhardwaj *et al.* (2020)** ont montré que la résistance aux quinolones est apparue chez les *E. coli* lors du traitement des petits ruminants par voie intramusculaire, pendant cinq jours consécutifs, avec de la marbofloxacin à une dose de 2 mg/kg de poids corporel. De plus, **Asai *et al.* (2007)** ont également déclaré que l'apparition de la résistance aux quinolones dans les troupeaux bovins était possible en raison de la pression sélective résultant de l'utilisation de la tétracycline. Cependant, une telle conclusion serait en contradiction avec d'autres rapports, qui ne pouvaient expliquer ce phénomène, que sur la base de l'utilisation d'antimicrobiens. **Durso *et al.* (2011)** ont détecté des déterminants de la résistance aux antimicrobiens, notamment des fluoroquinolones, des tétracyclines, des β -lactamines et d'autres classes d'antibiotiques chez des bovins qui n'avaient jamais reçu de traitement d'antibiotiques auparavant. Une observation similaire a été mentionnée dans une étude comparant l'occurrence de la résistance aux antibiotiques entre les fermes biologiques et les fermes conventionnelles, soutenant l'acquisition environnementale de bactéries résistantes aux antimicrobiens (**Roesch *et al.*, 2006**).

Dans cette étude, un niveau faible de résistance au chloramphénicol (2,70%) a été constaté. Ces résultats sont inférieurs aux observations d'études antérieures de **Phagoo and Neetoo (2015)**, qui ont rapporté un taux de résistance de 60%. De plus, **Tavakoli *et al.* (2015)** ont signalé un taux de résistance de 88% au chloramphénicol (une molécule sensée être interdite en médecine vétérinaire), dans des échantillons de volailles, en Iran. Cela pourrait être dû au fait qu'une exposition antérieure continue, à cet antibiotique peut entraîner le développement de souches résistantes, qui peuvent persister pendant des années dans l'écosystème, même après l'arrêt du traitement (**Sommer & Dantas, 2011**).

Ce taux même relativement faible ne peut pas être accepté, car ce médicament n'est plus sur le marché officiel algérien et, est interdit chez les animaux de rente selon la note ministérielle N° 1346/04/2018, relative à la liste des substances pharmacologiquement actives, interdites d'utilisation en médecine vétérinaire (**DSV, 2018**). Selon **Messai (2011)**, la persistance d'une résistance acquise antérieurement est peu plausible, il s'agirait donc d'une résistance croisée ou plus vraisemblablement d'une utilisation illégale.

Dans notre étude, aucune souche *E.coli* n'a été résistante à la fosfomycine. Ceci peut être dû au coût élevé de cette molécule et son utilisation difficile en pratique à cause de la présentation en poudre du produit, qui font qu'elle reste peu utilisée (**Rahmatallah et al., 2017**).

La colistine est parmi les antibiotiques qui n'ont pas présenté de résistance, ce qui est en accord avec les résultats de **de Jong et al. (2009)**, qui ont mené une étude dans cinq pays européens à partir d'échantillons de viandes d'origine bovine et avicole et, est en désaccord avec les résultats de **Emmanuel O Ngbede et al. (2021)**, qui ont signalé un taux de résistance de 9,1%, à la colistine dans des échantillons d'origine avicole et bovin. En effet, le faible taux de résistance vis-à-vis de la colistine peut être expliqué par l'utilisation modérée de cette molécule en élevages bovin et ovin, dans la région étudiée, suite à sa classification comme antibiotique d'importance critique à priorité majeure chez l'homme (**OMS, 2017**). Cependant, selon notre enquête, elle est fréquemment utilisée dans les élevages avicoles, mais comme elle ne franchit pas la barrière intestinale, elle reste inactive *per os* sur les colibacilles systématiques et, est donc utilisée en association avec les bêta-lactamines en dose réduite car cette association procure un effet synergétique et peut aider à la maîtrise des colibacilles pathogènes respiratoires et intestinaux (**Messai, 2011**).

La colistine a été utilisée en médecine vétérinaire au cours des dernières décennies dans l'UE, ce qui a entraîné une pression sélective et l'évolution de bactéries résistantes à cette molécule (**Anyanwu et al., 2020**). De plus, elle est principalement utilisée dans la production bovine pour contrôler les infections entériques causées par *E. coli* et *Salmonella* spp., ou pour un traitement métaphylactique (**Catry et al., 2015; Rhouma et al., 2016**), tandis que pour le secteur de la volaille, il n'y a pas d'indications pertinentes autres que la colibacillose (**Apostolakos & Piccirillo, 2018**).

En médecine humaine, la colistine a été exclue des protocoles thérapeutiques en raison de sa toxicité rénale particulière et, est devenue un antibiotique prescrit uniquement pour le traitement d'infections humaines graves causées par des bactéries résistantes à tout autre antibiotique (**Dortet et al., 2016**).

Dans notre étude, toutes les souches *E.coli* sont sensibles à la gentamycine. Un pourcentage de résistance semblable à celui de notre étude a été rapporté par **Salehi and Bonab (2006)** dans des échantillons prélevés dans des exploitations avicoles, en Iran. Tandis que **Yulistiani et al. (2017)** ont signalé un taux de résistance de 13.21%, à partir d'échantillons de viandes blanches prélevés dans des boucheries, en Indonésie. La sensibilité vis-à-vis de la gentamicine est due à la non utilisation de cet antibiotique dans les élevages (**Messai, 2011**).

De plus, selon les résultats du questionnaire réalisé auprès des vétérinaires praticiens, la gentamicine n'est jamais utilisée en clinique courante ce qui explique sa sensibilité. Surtout que ce médicament n'est plus sur le marché officiel algérien et, est interdit chez les animaux de rente selon la note ministérielle N° 1346/04/2018, relative à la liste des substances pharmacologiquement actives, interdites d'utilisation en médecine vétérinaire (DSV, 2018).

II.2.2.2 Résistance des *Enterobacter* spp.

Les bactéries du genre *Enterobacter* isolées dans notre étude, montrent des taux de résistance élevés à l'amoxicilline-clavulanique et la Céfoxitine (100%) et à l'ampicilline, (87,5%). Par contre, aucune souche n'est résistante à la Céfoxitine, à l'Imipénème, à la Ceftazidime, à la Gentamicine, à la Ciprofloxacine, à l'Acide nalidixique, à la Tétracyclines, à la Fosfomycine, à la Triméthoprime Sulfaméthoxazole, à la Colistine et à la Streptomycine (Tableau 12).

Nos résultats sont différents de ceux de **Benameur et al. (2018)**, qui ont rapporté que des souches *E. cloacae*, provenant d'élevages de poulets de chair situés à l'ouest de l'Algérie, montrent une résistance à l'amoxicilline (90,90%), suivie par l'acide nalidixique (83,63%), la tétracycline (74,54%), la ciprofloxacine (65,45%) et la sulfaméthoxazole-triméthoprime (52,72%).

La résistance de ces espèces a été rapportée par **Bouamama et al. (2006)**, qui ont constaté que le genre *Enterobacter* faisait partie des entérobactéries les plus résistantes aux antibiotiques. Selon le réseau Européen de surveillance de la résistance bactérienne aux antibiotiques, *Enterobacter* spp., et particulièrement *E. cloacae*, fait partie des bactéries qui doivent être surveillées dans les centres de santé car l'infection causée par ces micro-organismes est souvent associée à la diminution de l'immunité (**Raj, 2012**).

Nos résultats diffèrent de ceux rapportés par **Nandi et al. (2013)**, qui ont observé un pourcentage de résistance de 94,4% à l'ampicilline, 72,2% à la sulfaméthoxazole-triméthoprime, 66,6% à l'imipénème, 55,6% à la streptomycine, 33,3% à la tétracycline et 5,6% à la gentamicine, pour dix-huit souches d'*Enterobacter* spp., isolées dans des échantillons provenant de cinq fermes avicoles au Bangladesh et diffèrent aussi de ceux de **Benameur et al. (2018)**, qui ont observé une résistance de 90,90% à l'ampicilline (AMP), 83,63% à l'acide nalidixique (NA), 74,54% à la tétracycline (TE) et 65,45% à la ciprofloxacine (CIP), dans cinquante-cinq souches *E. cloacae* isolées à partir d'échantillons cloacaux provenant de fermes avicoles dans la région de Mostaganem, en Algérie.

Aucune souche *Enterobacter* spp., n'est résistante à l'imipénème. Nos résultats sont en désaccord avec ceux de **Ebomah and Okoh (2021)**, qui ont constaté que le pourcentage de résistance à l'imipénème, d'*Enterobacter cloacae* isolée à partir d'échantillons d'eau est de 72%.

Le genre *Enterobacter* spp., est signalé comme un agent bactérien opportuniste et pathogène pour l'être humain (**Davin-Regli & Pagès, 2015**). Cependant, il a une faible pathogénicité pour les espèces d'oiseaux (**Vaz et al., 2017**). Un phénotype particulier, *E. aerogenes* peut être attribué par l'acquisition horizontale de gènes supplémentaires à d'autres espèces d'Enterobacteriaceae (**Davin-Regli & Pagès, 2015**).

II.2.2.3. Résistance de *Klebsiella* spp.

Les souches du genre *Klebsiella* ont montré un taux de résistance élevé vis-à-vis de l'ampicilline (100%), l'amoxicilline-acid clavulanique (50%), le triméthoprime sulfaméthoxazole, la tétracycline et l'acide nalidixique (16,66%). Les autres souches sont sensibles à la fosfomycine, à la céfoxitine, à la céfotaxime, à l'imipénème, à la ceftazidime, à la gentamicine, à la ciprofloxacine, à la triméthoprime-sulfaméthoxazole, à la colistine et à la streptomycine (**Tableau 12**).

Nos résultats sont différents de ceux de **Atnafu Bushen and Abayneh (2021)**, qui ont rapporté que le genre *Klebsiella* isolé à partir d'échantillons de fientes avicoles a un taux de résistance élevé, allant de 50% à 85,7%, vis-à-vis de l'ampicilline, de l'amoxicilline-acide clavulanique, de la triméthoprime-sulfaméthoxazole, de la tétracycline, de la céfoxitine et du chloramphénicol. Cette hausse des taux de résistance de ces souches aux bêta-lactamines, pourrait être expliquée par leur large utilisation comme antibiotiques de premier recours en antibiothérapies probabilistes. A cela s'ajoute un accès non réglementé et l'automédication (**Djagadou et al., 2019**). Ce qui corrobore les résultats de notre enquête auprès des vétérinaires privés qui ont constaté que les bêta-lactamines sont les antibiotiques les plus utilisés en élevages bovin, ovin et avicole.

Notre étude a révélé que toutes les souches sont résistantes aux céphalosporines. Une étude réalisée au Cameroun a signalé une augmentation de la résistance de ces espèces bactériennes aux C3G avec 44% de phénotypes C3G-résistant et une augmentation de 30% à 50% entre 2005 et 2012, pour la Ceftazidime et la Céfotaxime (**Ebongue et al., 2015**). Dans la région de Banepa au Népal, le taux de résistance à la Ceftazidime et à la Ceftriaxone, des souches de *Klebsiella* spp., est de 92,3% (**Madhup et al., 2021**).

Selon le rapport de la surveillance européenne de la résistance bactérienne aux antibiotiques, la proportion des souches de *Klebsiella* résistantes aux C3G a augmenté de 4,9% à 19,3%, entre 2005 et 2010 (Trystram *et al.*, 2012). Dans l'étude de Benameur *et al.* (2018), réalisée sur des échantillons de fientes prélevés dans des fermes avicoles, en Algérie, un taux de résistance des souches de *Klebsiella* spp., a été observé pour l'Ampicilline (100%), l'acide nalidixique (92,85), la ciprofloxacine (90,47%), la tétracycline (85,71%) et la triméthoprime-sulfaméthoxazole (57,14%). En France, le taux de résistance à la Ciprofloxacine est passé de 7% à 21,9% pour *K. pneumoniae* entre 2005 et 2010 (Trystram *et al.*, 2012).

Dans notre étude, 16,66% des souches *Klebsiella* spp., sont résistantes à la tétracycline. Ces résultats sont proches de ceux de Phetburom *et al.* (2022), qui ont rapporté que des souches de *Klebsiella* spp., isolées à partir d'échantillons provenant d'abattoirs à viande rouge en Thaïlande, présentaient une résistance de 14,75%, à la tétracycline.

II.2.2.4. Résistance de *Proteus* et de *Citrobacter*

La souche *P. mirabilis* isolée dans notre étude est sensible à tous les antibiotiques testés, tandis que la souche *C. freundii* est résistante à l'ampicilline, à l'amoxicilline-acide clavulanique et à la céfoxitine (Tableau 12).

Dans une étude de Atnafu Bushen and Abayneh (2021), la souche *P. mirabilis* isolée à partir d'échantillons de fientes avicoles, a montré un taux de résistance élevé à l'ampicilline, à l'amoxicilline-acide clavulanique, à la céfoxitine, à la tétracycline, au triméthoprime-sulfaméthoxazole et au chloramphénicol avec des taux de résistance allant de 45,5% à 83,3%. En revanche, la souche a montré un taux de résistance plus faible avec une fourchette de 20,8% à 41,7%, aux céphalosporines de troisième génération (ceftazidime et ceftriaxone), à la ciprofloxacine et à la gentamicine.

L'étude de l'antibiorésistance des souches de *C. freundii*, réalisée par Bouaziz *et al.* (2018), à partir d'échantillons de fientes avicoles en Algérie, révèle des taux de résistance de 100% à l'amoxicilline, à l'amoxicilline/acide clavulanique, à la céfoxitine et au céfotaxime. Alors qu'un niveau de résistance modéré a été obtenu pour la ciprofloxacine et le triméthoprime/sulfaméthoxazole avec un taux de 50% et pour la céftazidime et la céfépime avec 33,33%. Un faible taux de résistance a été observé pour l'aztréonam avec 13% et aucune résistance n'a été observée pour l'imipénème, la gentamicine, la fosfomycine et la colistine.

Nos résultats s'accordent avec ceux signalés par Loncaric *et al.* (2013), lors d'une étude effectuée sur des volailles en Autriche et où des souches du genre *Citrobacter* ont présenté une résistance aux céfotaxime, céftazidime et ciprofloxacine.

Dans une autre étude réalisée en Arabie Saoudite par **Hasan and Järhult (2015)**, une souche de *C. freundii* a été isolée à partir de fientes de volailles et a montré une résistance à la pénicilline, à la céfotaxime, à la céftazidime ainsi qu'une résistance à l'aztréonam.

En effet, les espèces du genre *Citrobacter* sont des pathogènes environnementaux qui peuvent coloniser le tractus intestinal des humains et des animaux. Ils sont généralement considérés comme des agents pathogènes de faible intensité qui causent rarement des infections (**Yao et al., 2014**). Chez l'espèce aviaire et parmi les espèces de *Citrobacter*, *C. freundii* semble être le plus pathogène du groupe, mais les autres espèces sont moins fréquemment rencontrées et ne semblent pas avoir une grande importance pour la santé (**Vaz et al., 2017**).

II.2.3. Multi-résistance

Les phénotypes de résistance, par famille d'antibiotiques, sont résumés dans le **Tableau 13**, qui montre que 75,92% (n=41), des souches testées sont multi-résistantes. Ainsi, 16,66% sont seulement résistantes à deux antibiotiques et 7,40% à un seul antibiotique. Aucune souche pan-résistante n'a été identifiée (résistante à tous les antibiotiques conduisant à des impasses thérapeutiques).

Tableau 13 : Différents types de profils de résistance des souches isolées

Profil de résistance	Entérobactéries
Résistance à un seul ATB	04 (7,40%)
Résistance à deux ATB	09 (16,66%)
Multi-résistante (plus de trois antibiotiques)	41 (75,92%)

L'émergence des bactéries (MR), en particulier des *Enterobacteriaceae*, a augmenté ces dernières années. Dans notre étude, 41(75,92%) des souches ont présenté un phénotype de MR. Nos résultats sont inférieurs à ceux de **Benameur et al. (2018)**, qui ont signalé que toutes les souches provenant de poulets de chairs sains et malades étaient résistantes à au moins un antibiotique et parmi ces dernières, 92,09% étaient considérées comme MR. Des proportions plus élevées de BMR ont également été signalées au Bangladesh (**Nahar et al., 2014**), au Vietnam, (**Vounba et al., 2019**) et en Chine (**Yassin et al., 2017**) à partir d'échantillons de fientes avicoles.

Les familles des phénotypes de résistance aux antibiotiques sont différentes d'une espèce bactérienne à une autre et d'une souche à l'autre. Les espèces bactériennes étudiées présentent différents phénotypes de résistance aux bêta-lactames (pénicilline et céphalosporine).

Cette résistance peut être due soit à la diminution de la perméabilité membranaire, ou à la modification de la cible des bêta lactames, ou bien à l'inactivation enzymatique des bêta lactames (Nikaido, 2009).

Dans la littérature, il a été constaté que la production des bêta-lactamases est le mécanisme essentiel de la résistance aux bêta-lactames chez de nombreuses entérobactéries. En effet, la présence de bêta-lactamases, enzymes qui inactivent ce groupe d'antibiotiques, est toujours suspectée lorsque les bactéries à gram-négatif isolées, sont résistantes aux bêta-lactamines (Pournajafi & Mahmoudi, 2020). En effet, les pénicillines, les céphalosporines et les carbapénèmes sont parmi les traitements les plus utilisés et combinés dans de nombreuses maladies infectieuses et l'existence de ces enzymes joue un rôle important dans la sélection d'un traitement efficace (Karen Bush & Jacoby, 2010).

Cette MR, est plus fréquente que la résistance à un seul antibiotique et, est devenue l'un des plus grands défis de la thérapie clinique (Abdellatif *et al.*, 2018). Des études ont montré que les bactéries résistantes aux antibiotiques ne sont pas seulement présentes chez les animaux d'élevage, mais aussi dans l'environnement (Reinthalier *et al.*, 2010) et même dans l'air (Gandolfi *et al.*, 2011).

Selon Doyle (2015), la résistance aux antimicrobiens, y compris la MR, est un problème croissant dans le monde. Les bactéries résistantes aux antimicrobiens sont fréquemment détectées chez les humains et les animaux des pays développés et en voie de développement et posent un réel problème pour la santé humaine. En effet, les infections causées par des bactéries multirésistantes peuvent accroître la morbidité et la mortalité et nécessitent l'utilisation de médicaments coûteux et une hospitalisation prolongée (Doyle, 2015).

Dans notre étude, 18 antibiotypes différents sont isolés, dont les plus importants sont rapportés dans le Tableau 14.

Tableau 14 : Phénotypes de sensibilité et de résistance des espèces bactériennes

Souches bactériennes	Phénotypes de résistance	Phénotypes de sensibilité
<i>E.coli</i> (n=12)	01 NA	AMC, AM, FOX, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	02 SXT, S.	AMC, AM, FOX. NA, TE, CIP, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	03 CIP, NA.	AMC, AM, FOX, TE, SXT, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	04 CIP, NA, TE.	AMC, AM, FOX, SXT, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.

	05	AM, AMC, TE.	FOX, NA, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	06	AM, AMC, NA, TE.	FOX, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	07	AM, AMC, TE SXT, S.	FOX, NA, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	08	AM, AMC, CIP, NA, TE, SXT.	FOX, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	09	AM, AMC, CIP, NA SXT, C.	FOX, TE, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX.
	10	AM, AMC, NA, TE SXT, S.	FOX, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	11	AM, AMC, CIP, NA TE, SXT	FOX, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
	12	AM, AMC, CIP, NA, TE, SXT, S.	FOX, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	01	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	02	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. xiangfangensis</i>	03	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	04	AMC, FOX.	AM, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	05	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	06	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. xiangfangensis</i>	07	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. xiangfangensis</i>	08	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	09	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	10	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. ludwigii</i>	11	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	12	AMC, FOX.	AM, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	13	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. ludwigii</i>	14	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	15	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	16	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	17	AMC, FOX.	AM, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	18	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	19	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	20	AMC, FOX.	AM, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	21	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. xiangfangensis</i>	22	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	23	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.

<i>E. cloacae</i>	24	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	25	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	26	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	27	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	28	AM, AMC, FOX, FF.	NA, TE, SXT, CIP, S, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	29	AM, AMC, FOX, FF.	NA, TE, SXT, CIP, S, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	30	AM, AMC, FOX, FF.	NA, TE, SXT, CIP, S, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	31	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>E. cloacae</i>	32	AM, AMC, FOX.	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>K. variicola</i>	01	AMC	AM, FOX, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>K. variicola</i>	02	AMC	AM, FOX, NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>K. aerogenes</i>	03	AMC, STX, TE, NA	AM, FOX, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.
<i>C. freundii</i>	01	AM, AMC, FOX	NA, TE, SXT, CIP, S, FOS, CT, CN, CAZ, IPM, CTX, C.

Abbreviations: AMP, ampicilline; AMC, amoxicilline- acideclavulanique; CAZ, ceftazidime; SXT, sulfamethoxazole-trimethoprime; TE, tétracycline; CIP, ciprofloxacine; FOX, céfoxitine; C, chloramphenicol, NA: acidenalidixine, S, streptomycine.

Selon le **Tableau 14**, les phénotypes de résistance aux antibiotiques, des espèces bactériennes étudiées varient entre 1 à 7 antibiotiques. Le phénotype de résistance à 7 antibiotiques est observé dans deux souches *E.coli*. D'autre part, les phénotypes de résistance à 4 antibiotiques sont rencontrés dans des souches *Enterobacter* spp.

Nos résultats sont différents de ceux de **Messai (2011)**, qui a observé que 75,5% des souches *E.coli* testées sont résistantes à au moins 7 antibiotiques et 56,1% sont résistantes à au moins 8 antibiotiques.

Dans notre étude, 27(84,37%) *Enterobacter* spp., ont présenté une résistance à quatre antibiotiques. En outre, 6(50,0%) souches de *Klebsiella* spp., et une souche de *C. freundii* a présenté une résistance à trois antibiotiques.

Nos résultats sont supérieurs à ceux de **Atnafu Bushen and Abayneh (2021)**, qui ont observé que 13(54,2%) des souches *E. coli*, 8(57,1%) de *K. pneumoniae* et de *P. mirabilis*, isolées à partir de fientes de volailles en Ethiopie, ont présentées une résistance à trois antibiotiques ou plus.

En effet, l'apparition de BMR peut être liée à l'utilisation abusive et anarchique d'agents antimicrobiens tels que la mauvaise indication, la mauvaise durée et la mauvaise voie d'administration et aussi à l'arrêt inadéquat des antibiotiques sans avis du vétérinaire (**Reygaert, 2018**). De plus, ces pourcentages élevés de résistance dans notre étude, sont dus à la disponibilité de larges gammes de génériques sur le marché algérien, avec des prix abordables.

Ces constatations sont en accord avec les résultats de notre questionnaire qui montrent que seulement 40,8% des éleveurs respectent parfois la dose, la durée du traitement et le délai d'attente, et 62% achètent des antibiotiques sans recours aux vétérinaires.

D'après le **Tableau 15**, le phénotype de résistance dominant dans les échantillons analysés est le « AM, AMC, SXT, CIP, TE, NA », ce dernier a été identifié dans des souches *E.coli* et le phénotype «AM, AMC, FOX », identifié pour des souches *Enterobacter* spp. D'autres phénotypes ont été observés, mais ne se ressemblent pas et sont différents d'une espèce bactérienne à une autre, dont «AMC, NA, STX, TE » pour *Klebsiella* spp., et «AM, AMC, FOX » pour *C. freundii*.

Tableau 15 : Phénotypes de résistance des espèces bactériennes selon les différentes familles d'antibiotiques

Souches	Bêta-lactamines	quinolone	autres
<i>E. coli</i>	AM, AMC (n= 08)	NA (n= 03) CIP, NA (n= 06)	TXT, S (n= 01) TE (n= 03) TE, SXT, S (n= 03) TE, SXT (n= 02) SXT, C (n= 02)
<i>Enterobacter</i> <i>spp.</i>	AM, AMC, FOX (n= 25) AMC, FOX (n= 04)	-	FF (n= 03)
<i>Klebsiella</i> spp.	AMC (n= 03)	-	STX, TE, NA (n= 01)
<i>C.freundi</i>	AM, AMC, FOX (n= 01)	-	-

Aussi, pour l'espèce *E.coli*, nous mettons en évidence une corésistance vis-à-vis de l'ampicilline, de la sulfaméthoxazole-triméthoprimine, de la tétracycline et de l'acide nalidixique, existant dans les profils de multi-résistance les plus importants.

Il faut tenir compte du danger des souches *E. coli* exprimant les profils de résistance vis-à-vis des antibiotiques les plus actifs sur les colibacilles comme la gentamicine, la colistine et le nitrofurane. D'une part, ces souches peuvent transférer leur large phénotype d'antibiorésistance par transmission verticale à leur descendance et par transmission horizontale à des espèces différentes de bactéries via échange du matériel génétique, permettant la diffusion de ces profils et réalisant la transmission épidémique de cette multi-résistance. D'autre part, la contamination de l'homme par ces bactéries multirésistantes, lors des opérations d'abattage par exemple,

constituera l'une des causes majeures des difficultés de traitement chez l'homme (Messai, 2011).

Dans une étude réalisée par Van den Bogaard *et al.* (2001), sur des souches *E.coli* isolées chez les humains qui travaillent en promiscuité avec les oiseaux, il a été observé qu'elles avaient une expression du même anti biotype que les souches aviaires. Cette trouvaille indique que la transmission de la résistance des souches aviaires aux souches humaines est possible.

II.2.4. Fréquence des différents phénotypes de résistance aux bêta-lactamines

Les différents phénotypes de résistance observés sont regroupés dans le Tableau 16.

Deux phénotypes classiques de résistance aux bêta-lactamines sont retrouvés dans les souches isolées dans notre étude :

- Quatre-vingt-quatre virgule quarante-deux pour cent (84,42%), des phénotypes retrouvés sont du type sauvage et se répartissent entre phénotypes Céphalosporinase inductible, Phénotypes sensibles et Pénicillinases de bas niveau avec respectivement des pourcentages de 50,77% ; 40 % et 9,23%.

Quinze-virgule-cinquante-huit pour cent (15,58%), des souches testées sont de phénotypes acquis suspectés BLSL (Bêta-lactamases à Spectre Large).

Tableau 16 : Distribution des principaux phénotypes de résistance aux bêta-lactamines observés en pourcentage (%)

Entérobactéries testées : n=77 %					
Phénotypes sauvages %					Phénotypes de résistance acquise %
84,42 (65)					15,58 (12)
Phénotypes sensibles		Phénotypes Pénicillinase bas niveau	Phénotypes Céphalosporinase inductibles		Phénotypes bêta-lactamines à spectre large
40(26)		09,23 (06)	50,77 (33)		100 (12)
<i>E. coli</i>	<i>P. mirabilis</i>	<i>Klebsiella</i> spp.	<i>Enterobacter</i> spp.	<i>C. freundii</i>	<i>E. coli</i>
96,15 (25)	3,85 (01)	100 (06)	96,97 (32)	3,03 (01)	100 (12)

Dans notre étude, aucune méthode n'a été utilisée pour la recherche des bêta lactamases. Toutefois, selon Courvalin and Philippon (1989), le typage des bêta lactamases peut être établi selon les différents phénotypes de résistance aux bêta lactamines.

Conformément à la classification de **Karen Bush and Jacoby (2010)**, il existe plusieurs familles d'enzymes de bêta lactamases, qui diffèrent selon les phénotypes de résistance aux bêta-lactamines. En effet, sur la base du phénotype de résistance naturelle aux β -lactamines, *Enterobacter* spp., et *C. freundii* appartient au groupe 3, possédant une céphalosporinase de classe C, d'Amber (selon les 4 classes du schéma de Amber, A, B, C et D), résistante aux inhibiteurs et inductible par les β -lactamines (**Robin et al., 2012**). En outre, une hyperproduction de AmpC, peut conduire à une résistance à la céphamycine (céfoxitine et céfotétan) (**Reuland et al., 2015**).

D'après le phénotype de la résistance naturelle, le genre *Klebsiella* est inclus dans le groupe 2, possédant une pénicillinase chromosomique constitutive exprimée à bas niveau (**Robin et al., 2012**). Chez l'espèce *K. pneumoniae*, la résistance aux antibiotiques peut être attribuée aux différents mécanismes telles que la pompe d'efflux, la production de différentes enzymes, mais l'un de ses principaux mécanismes de résistance aux β -lactamines est la production de β -lactamases, notamment des BLSE (**Azimi et al., 2015**).

La production de bêta-lactamases de type BLSE peut être masquée par le phénotype céphalosporinase (naturellement résistant aux inhibiteurs). Ainsi par exemple, certaines souches de *Klebsiella* peuvent acquérir des plasmides codants pour les bêta-lactamases de type AmpC (**Livermore & Brown, 2001**). De même, les souches *E. coli* peuvent, en plus du phénotype BLSE, produire intensément le produit de leur gène AmpC (codant pour la céphalosporinase) et masquer ainsi le phénotype BLSE.

E. coli semble être l'espèce la plus touchée par les phénomènes de résistance dont 15,58% des phénotypes retrouvés sont du type acquis, avec la prédominance du phénotype BLSL. Nos résultats sont différents de ceux rapportés par **Touati et al. (2003)** qui ont mentionné que chez l'espèce *E. coli* isolées dans les élevages avicoles de la wilaya de Bejaïa, 90% des phénotypes retrouvés sont de type acquis, avec la prédominance du phénotype TRI et du phénotype pénicillinase plasmidique de type TEM.

Ainsi, **Gardien et al. (1997)** ont rapporté que 63% des phénotypes retrouvés chez le groupe I sont de type sauvage, contre 84,42% pour nos résultats. De même pour les groupes II et III, les phénotypes sauvages sont présents respectivement dans 9,23% et 50,77% des souches, contre 80% et 70% pour les groupes II et III, rapportés par les mêmes auteurs.

PARTIE II : CHAPITRE 3
DÉTECTION ET IDENTIFICATION DES GÈNES
DE RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

Chapitre 3 : Détection et identification des gènes de résistance aux antibiotiques

III.1. Résultats & Discussion

III.1.1. Identification des gènes de résistance aux antibiotiques

Sur l'ensemble des souches étudiées, 55 souches d'entérobactéries isolées à partir des exploitations (aliment, mur, sol et litière), des abattoirs (mur, sol, viande rouge, foie et peau du cou) et des boucheries (viandes rouge et blanche), ont été sélectionnées sur la base de leurs phénotypes de résistance aux antibiotiques et ce, pour la recherche des gènes de résistance aux β -lactamines, aux quinolones et aux sulfamides. Trente-trois souches résistantes sont testées pour le gène *CMY-2*, 15 souches pour *qnrA1*, *qnrB1*, *qnrS1* et *aac(6')-Ib*, et 12 souches pour *Sul1*, *Sul2* et *Sul3*.

Pour les bêta-lactamines, nos résultats montrent que 3,03% des entérobactéries résistantes testées portent le gène *CMY-2*. Tandis que pour les sulfamides, 50% des souches portent le gène *Sul1*, 75% portent le gène *Sul2*, et 25% portent le gène *Sul3*. Par ailleurs, pour les quinolones aucune souche n'a été positive (**Tableau 17**).

Tableau 17 : Répartition des gènes de résistance identifiés

Familles d'antibiotiques	Gènes de résistances aux antibiotiques	Nombre de souches résistantes testées	Origine	Prévalence des gènes isolés %
B-lactamines	<i>CMY-2</i>	33	01 ferme avicole	3,03% (01/33)
Quinolones	<i>QnrA1</i>	15		00% (00/15)
	<i>QnrB1</i>			00% (00/15)
	<i>Qnr-S1</i>			00% (00/15)
	<i>aac(6')-Ib</i>			00% (00/15)
Sulfamides	<i>Sul1</i>	12	02 fermes avicoles 01 ferme ovine 02 abattoirs à viande rouge	41,66% (05/12)
	<i>Sul2</i>		03 fermes avicoles 02 fermes bovines 01 ferme ovine 02 abattoirs à viande rouge	75% (09/12)
	<i>Sul3</i>		01 ferme avicole 01 ferme bovine 01 abattoir à viande rouge	25% (03/12)

III.1.1.1. Détection moléculaire des gènes codant pour les β -lactamases

La recherche des gènes codant pour les céphalosporinases plasmidiques *CMY-2*, a été réalisée pour les souches présentant les phénotypes CASE. Le gène *CMY-2* a été identifié seulement dans une seule souche de *C. freundii* isolée au niveau de l'abattoir à viande rouge (**Figure 45**). Cette dernière est une souche résistante à trois antibiotiques à savoir l'ampicilline, l'amoxicilline-acide clavulanique et la céfoxitine. Par contre, la PCR réalisée pour le gène *CMY-2* s'est avérée négative pour les autres souches testées. L'absence de ce dernier pourrait donc être due à la présence d'autres gènes de céphalosporinases plasmidiques non testés dans cette étude, ou à des mutations dans le gène *AmpC* codant pour la céphalosporinase chromosomique (Ayad, 2016).

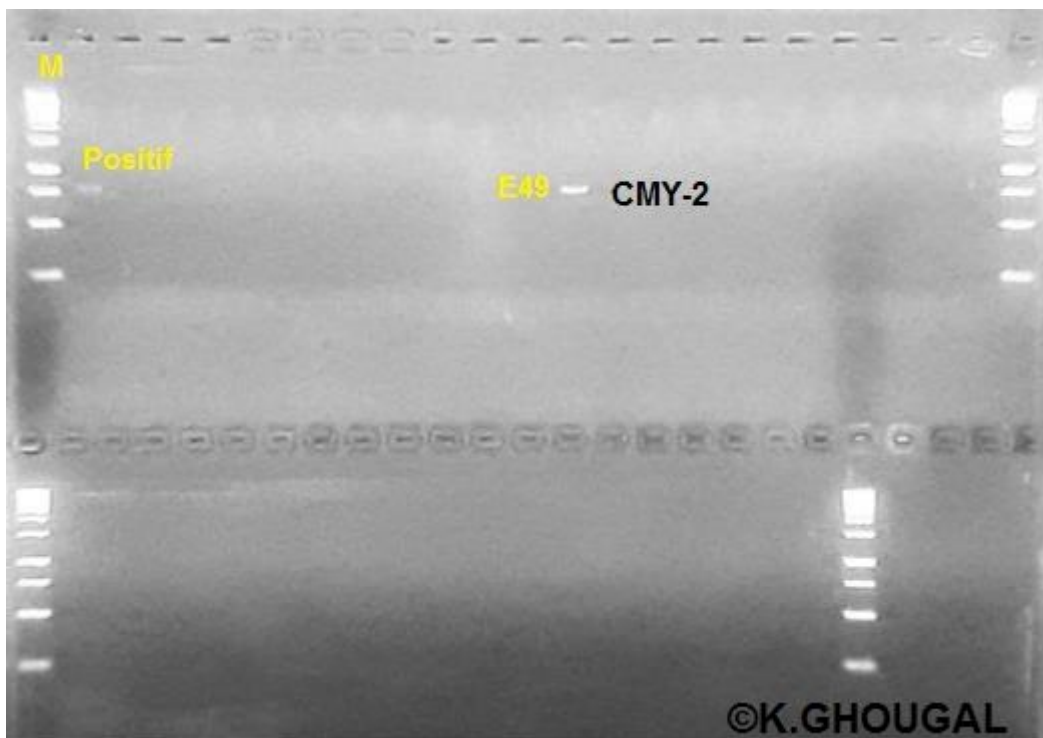


Figure 45 : Profil électrophorétique des produits de PCR du gène *bla_{cmy-2}*

Il existe plusieurs mécanismes de résistance aux bêta-lactamines, principalement la production de bêta-lactamases qui hydrolysent le cycle bêta-lactame et inhibent l'activité de ces agents antibactériens (Mascaretti, 2003). De nombreux gènes de BLSE ont été détectés dans des isolats d'*Enterobacteriaceae* isolés à partir de volailles (Akinbami *et al.*, 2018; Saliu *et*

al., 2017). D'autre part, dans notre étude le gène *CYM-2* n'a pas été détecté dans la totalité des souches résistantes. Ce résultat est différent de celui des études précédentes ayant signalé une prédominance de gènes de bêta-lactamases tels que *OXA*, *CMY-2* et *CTX-M* (**Chabou et al.**, 2018; **von Tippelskirch et al.**, 2018).

En outre, *CMY-2* est le type d'enzyme AmpC le plus répandu et présentant la plus large distribution géographique. Il a été signalé en Algérie par **Iabadene et al.** (2009), mais aussi en Espagne, en France, en Allemagne, en Grèce, en Inde, au Pakistan, à Taiwan, au Royaume-Uni et aux États-Unis (**Jacoby**, 2009; **Navarro et al.**, 2001).

Nos résultats sont en accord avec ceux de **Brinas et al.** (2003), qui ont détecté les gènes codant pour les bêta-lactamases *CMY-2*, dans trois des cinq souches d'entérobactéries provenant d'échantillons fécaux de poulets et présentant une résistance ou une sensibilité réduite aux céphalosporines à spectre étendu. Aussi, les gènes *CMY-2* ont été précédemment détectés dans des souches cliniques d'entérobactéries d'origines bovine et porcine (**Winokur et al.**, 2001).

Dans une étude réalisée au sud-ouest de l'Angleterre par **Findlay et al.** (2019), sur des échantillons collectés dans des fermes bovines, (6 /138) souches, soit 4,34% résistantes aux céphalosporines de 3^{ème} génération se sont révélées porteuses de gènes *CMY-2*.

Ainsi, selon les résultats rapportés par **Voets et al.** (2013), sur 98 échantillons de viande de volaille prélevés au Pays-Bas, 12 (12,25%), ont été détectés positifs pour les *CMY-2*.

En outre, **Päivärinta et al.** (2020) ont également signalé la présence de *CMY-2* dans 96% des souches d'entérobactéries isolées dans les abattoirs à viande blanche, en Finlande. Cela implique une exposition potentielle de la population à des souches porteuses des gènes *CMY-2*, lors de la manipulation ou de la consommation de viandes de volailles, ce qui pourrait contribuer à une résistance élevée aux céphalosporines de 3^{ème} génération chez l'homme (**Voets et al.**, 2013).

De plus, une étude réalisée par **S. Lee et al.** (2020), dans 17 fermes bovines aux États-Unis, a montré que 6/17 soit 35% des fermes contenaient des entérobactéries positives au *CMY-2*. En effet, l'utilisation excessive d'antibiotiques chez les animaux accélère l'apparition de bactéries résistantes (**Smith et al.**, 2002). Outre l'utilisation d'antibiotiques, la pression de sélection au cours du processus d'évolution des communautés microbiennes, pourrait être une autre raison de l'apparition naturelle de bactéries résistantes aux antibiotiques. Des études récentes ont suggéré que la composition génomique des races bovines était également associée à une structure différente du microbiote intestinal qui affecte la colonisation des bactéries résistantes aux antibiotiques (**Fan et al.**, 2020).

La plupart des gènes de bêta-lactamases *AmpC* sont transportés par l'ADN plasmidique, ce qui fait que les gènes peuvent être facilement acquis, supprimés et peuvent aussi évoluer entre les bactéries par transfert horizontal de gènes. Il a été signalé que le plasmide porte divers gènes de résistance aux aminoglycosides, aux quinolones et aux pompes d'efflux (Carattoli, 2009) et contient également des gènes de résistance à de nombreux antibiotiques, notamment les bêta-lactamines, les sulfamides, les aminoglycosides, les tétracyclines, le chloramphénicol et le triméthoprim (Rozwandowicz *et al.*, 2018). Cela suggère que les entérobactéries codant pour les gènes *CMY-2*, isolées d'animaux destinés à l'alimentation, pourraient présenter un risque pour les humains en cas de transmission zoonotique (Nikaido & Pagès, 2012; Wellington *et al.*, 2013)

III.1.1.2. Détection moléculaire des gènes codant pour les quinolones

La détection moléculaire des gènes codant pour les quinolones (*qnrA1*, *qnrB1*, *qnrS1*, et *Aac (6) -Ib*) a été effectuée pour toutes les souches *E.coli* présentant un phénotype de résistance à la ciprofloxacine et à l'acide nalidixique.

La PCR effectuée pour les gènes (*Aac (6) -Ib*, *qnrA1*, *qnrS2*, *qnrB1*) s'est avérée négative pour l'ensemble des souches testées (Figure 46).

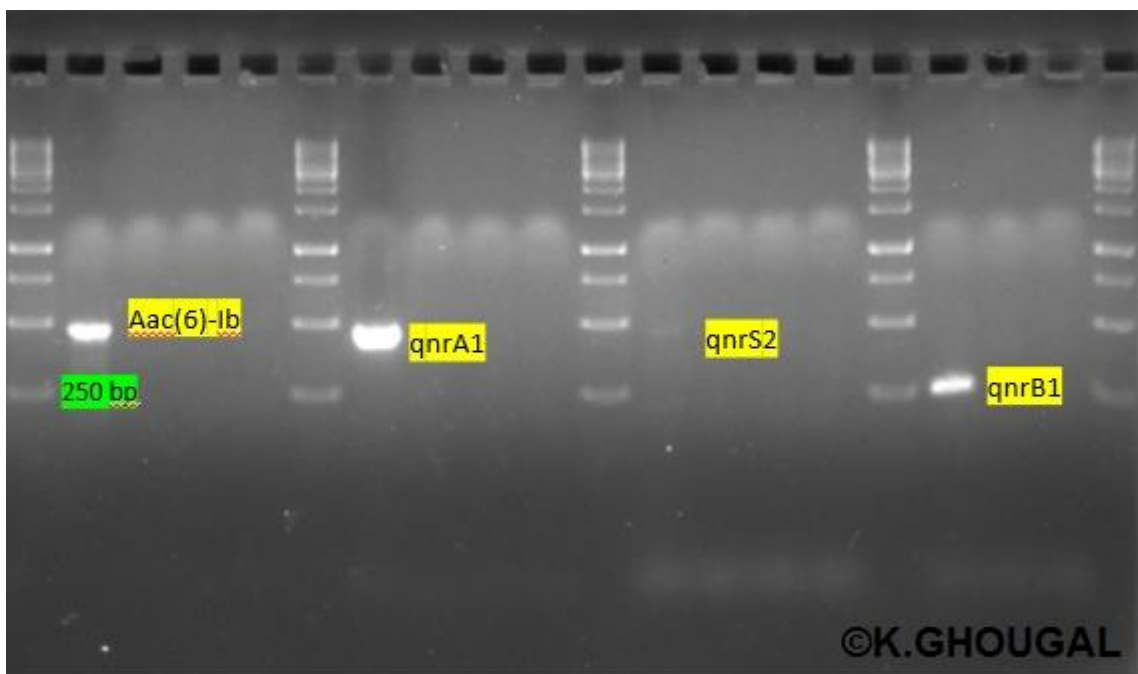


Figure 46 : Profil électrophorétique des produits de PCR du gène *Aac(6)-Ib*, *qnrA1*, *qnrS2* et *qnrB1*

Nos résultats concordent avec ceux de **Niero *et al.* (2018)**, qui ont rapporté qu'aucun gène *qnrA*, *oqxA*, *aac(6')-Ib-cr* et *qepA* n'a été détecté. Aussi, une étude chinoise réalisée par **Xie *et al.* (2014)**, a montré une fréquence plus élevée des gènes *qnrS1* et *qnrB19* pour des souches de volailles, mais aucun gène de *qnrC*, *qnrD*, *qepA* et *aac(6')-Ib-cr* n'a été détecté. Une autre étude chinoise réalisée par **Zhu *et al.* (2010)**, portant sur la résistance aux quinolones chez des *E. coli* isolées de poulets de chair, à savoir *qnrA*, *qnrB*, *qnrS* et *aac(6')-Ib-cr*, a permis d'enregistrer la prévalence la plus élevée du gène *aac(6')-Ib-cr* (36%), suivi par *qnrS* (8,1%), *qnrB* (0,9%) et *qnrA* (0%). Inversement, aucune souche contenant le gène *qnrS* n'a été enregistrée dans des échantillons fécaux de volailles nigérianes, le gène *oqxB* étant le plus répandu (**Akinbami *et al.*, 2018**).

Une autre étude portant sur des souches *E. coli* provenant d'élevages de poulets et d'abattoirs de la République tchèque, par criblage de plusieurs gènes, à savoir *qnrB1*, *qnrB4*, *qnrB8*, *qnrB10*, *qnrB19*, *qnrD*, *qnrS1*, *qnrS2*, *aac(6')-Ib-cr* et *oqxAB*, a montré une prévalence plus élevée de *qnrS1* suivie de *qnrB19* (**Röderova *et al.*, 2017**).

Les quinolones sont des antibiotiques bactéricides très utilisés en thérapeutique vétérinaire. Ce sont de puissants inhibiteurs de l'ADN gyrase et la topoisomérase IV bactériennes. Du fait de leur utilisation excessive, la résistance à ces antibactériens est en constante augmentation chez toutes les espèces bactériennes à travers le monde. La résistance aux quinolones est principalement chromosomique, généralement due à une diminution d'affinité de l'antibiotique pour sa cible. À noter que ce mécanisme est le seul responsable du phénotype de résistance de haut niveau aux fluoroquinolones. Les mutations apparaissent quasi exclusivement dans de courtes régions conservées, des deux protéines appelées « quinolone resistance-determining regions » (QRDR) (**Ruiz, 2003**). Plus récemment, des mécanismes de résistance plasmidique ont été décrits chez les bactéries à Gram négatif, généralement associées aux mécanismes chromosomiques (**Cattoir & Nordmann, 2009**). Il y a trois types de résistance plasmidique décrits à ce jour : la protection de la cible due aux protéines *Qnr*, décrite en 1998 (**Martínez-Martínez *et al.*, 1998**), l'inactivation enzymatique due à l'acétyltransférase *AAC(6')-Ib-cr*, identifiée en 2005 (**Ari Robicsek *et al.*, 2006**) et l'efflux actif médié par la pompe *QepA*, rapporté en 2007 (**Yamane *et al.*, 2007**).

La présente étude s'est concentrée sur les gènes *PMQR* (PlasmidMediationQuinoloneResistance). Le gène *qnrB* n'a pas été observé parmi les souches résistantes au ciprofloxacine. Cela suggère que d'autres mécanismes pourraient être impliqués dans la résistance aux fluoroquinolones, comme les mutations chromosomiques qui ciblent

l'ADN gyrase et la topoisomérase IV (Hooper & Jacoby, 2015). Généralement, le gène *qnrB* est considéré comme le gène *PMQR* le plus répandu dans les souches d'*Enterobacteriaceae* (Strahilevitz *et al.*, 2009).

Dans notre étude aucun gène *aac(6')-Ib* n'a été détecté. Ces résultats sont en désaccord avec l'étude réalisée par Agabou *et al.* (2016), qui ont rapporté que 22,2% des souches collectées à partir de fermes avicoles, étaient porteuses du gène *aac(6')-Ib*. Aussi, Abdelwahab *et al.* (2022), ont détecté le gène *aac(6')-Ib*, dans 37% des souches résistantes à partir d'échantillons de fientes avicoles et de fèces bovins. Cependant, ce pourcentage de gènes détectés est moins élevé que les données phénotypiques, ce qui suggère l'implication d'autres mécanismes puisque la résistance à ces médicaments provient de mutations de l'ADN gyrase plutôt que de gènes et d'enzymes de résistances spécifiques, ce qui nécessite des études supplémentaires.

En Algérie, plusieurs études ont permis de détecter les déterminants *qnr*, dans des souches cliniques humains (Cattoir, Poirel, & Nordmann, 2007; Iabadene *et al.*, 2008). Cependant, peu d'études ont rapporté leur présence dans des souches d'origine animale. *qnrA* a été récemment identifié dans des souches *E. coli* productrices de BLSE provenant de volailles (Belmahdi *et al.*, 2016), et *qnrS1* et *qnrB5*, dans des souches *E. coli* productrices de BLSE provenant d'animaux de compagnie (Yousfi *et al.*, 2016). Le gène *qnrS* a déjà été détecté dans plusieurs souches de *Salmonella* spp., isolées à partir d'échantillons de volailles au Danemark et aux Pays-Bas (Cavaco *et al.*, 2007; Veldman *et al.*, 2008) et a également été signalé dans des souches *E. coli* provenant d'animaux destinés à l'alimentation en Chine et au Nigeria (Fortini *et al.*, 2011; Ma *et al.*, 2009).

Dans notre étude, le gène *qnrS*, n'a pas été détecté dans les souches *E. coli*. La résistance à la quinolone a été décrite comme étant transmise par des plasmides portant des gènes *qnr* (A Robicsek *et al.*, 2006), ce qui entraîne une résistance de faible niveau à la quinolone et peut faciliter la sélection de mutants résistants à la quinolone avec une résistance de niveau plus élevé (Martinez-Martinez *et al.*, 2008). La transférabilité des déterminants de la résistance mobile d'*E. coli* résistante à la CIP, des poulets aux humains a été indiquée dans plusieurs études (Agabou *et al.*, 2016; Johnson *et al.*, 2006). Étant donné que le transfert zoonotique de bactéries résistantes aux fluoroquinolones est préoccupant du point de vue santé humaine, le scénario inverse, c'est à dire le transfert de bactéries résistantes aux fluoroquinolones de l'homme à l'animal, mérite une attention égale, car il peut être responsable d'échecs thérapeutiques chez les animaux.

II.1.1.3. Détection moléculaire des gènes codant pour les sulfamides

La détection moléculaire des gènes codant pour les sulfamides *sul1*, *sul2*, *sul3*, a été effectuée pour toutes les souches d'entérobactéries qui présentent un phénotype de résistance à la sulfaméthoxazole (11 souches *E. coli* isolées à partir du sol, du mur, de la litière, et des aliments dans les exploitations et de viandes rouges, peau du cou, dans les abattoirs et 1 souche *K. aerogenes* isolée à partir de la litière dans les fermes avicoles) (**Tableau 18**).

Les résultats de la PCR ont montré que 90,90% des souches *E. coli* (n=10) testées et une souche *K. aerogenes* présentant un phénotype de résistance à la sulfaméthoxazole-triméthoprimine sont porteurs des gènes codants pour les sulfamides recherchés (**Figure 47,48**).

Tableau 18 : Pourcentage des gènes de résistance aux sulfamides

Gènes de résistance	<i>E. coli</i> (n=11)	<i>K. aerogenes</i> (n=01)	Origine des souches présentant des gènes de résistance
Négatif	01 (9,09%)	00(0%)	01 ferme avicole
<i>Sul1</i>	05 (45,45%)	00(0%)	02 fermes avicoles 01 ferme ovine 02 abattoirs à viande rouge
<i>Sul2</i>	08 (72,73%)	00(0%)	03 fermes avicoles 02 fermes bovines 01 ferme ovine 02 abattoirs à viande rouge
<i>Sul3</i>	03 (27,27%)	00(0%)	01 ferme avicole 01 ferme bovine 01 abattoir à viande rouge
<i>Sul1+Sul2</i>	02 (18,18%)	01(100%)	01 ferme ovine 01 abattoir à viande rouge 01 ferme avicole (<i>K aerogenes</i>)
<i>Sul1+Sul3</i>	01 (9,09%)	00(0%)	01 ferme avicole
<i>Sul2+Sul3</i>	02 (18,18%)	00(0%)	01 ferme bovine 01 abattoir à viande rouge
<i>Sul1+Sul2+Sul3</i>	00 (0%)	00(0%)	-

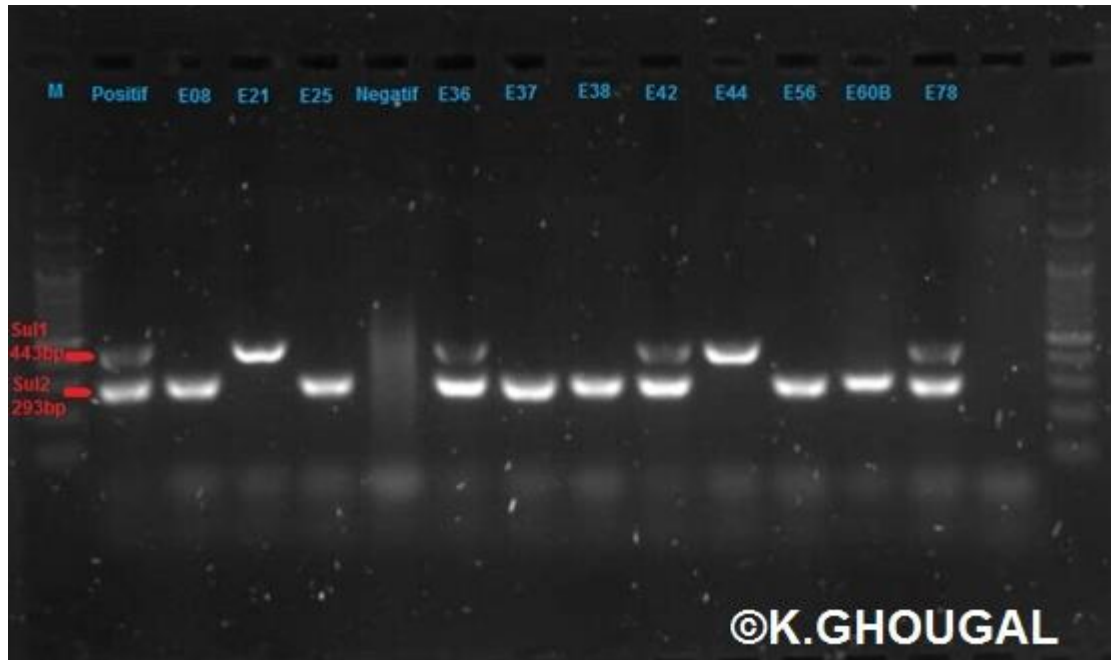


Figure 47 : Profil électrophorétique des produits de PCR du gène *sul1* et *sul2*

M : marqueur de poids moléculaire d'ADN

bp : pair de base

E.coli : E08,E21,E25,E36,E37,E38,E42,E44,E56,E60B ; *K.aerogenes* : E78.

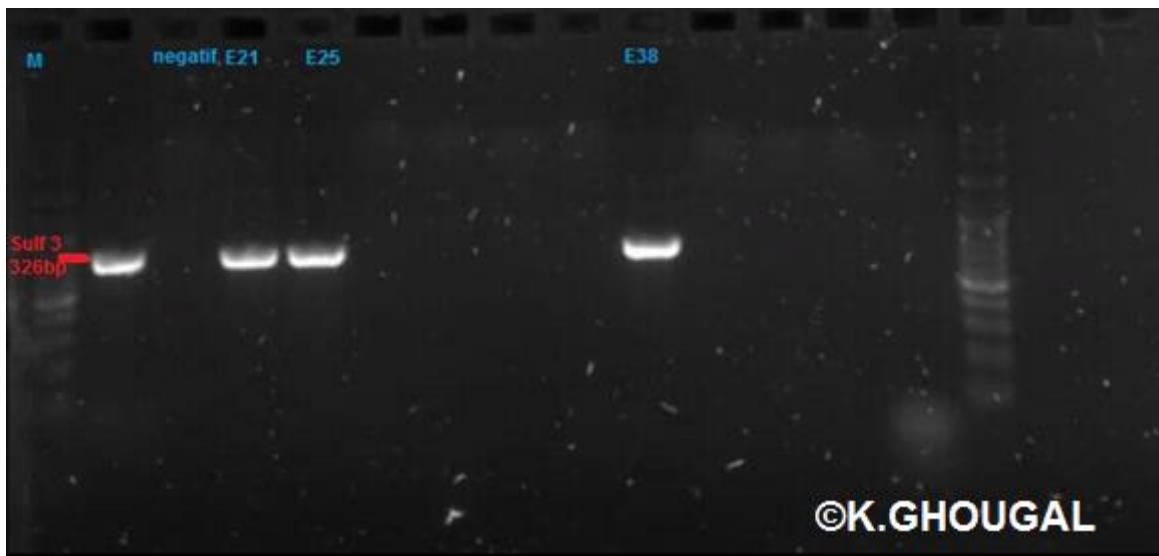


Figure 48 : Profil électrophorétique des produits de PCR du gène *sul3*

M : marqueur de poids moléculaire d'ADN ; bp : pair de base ; *E. coli* : E21, E25, E38.

La résistance aux sulfamides chez les bactéries à Gram-négatif résulte généralement de la présence des gènes *sul1*, *sul2* et/ou *sul3*, parmi lesquels le gène *sul2* est le plus répandu dans des souches *E. coli* porcine, avicole ou humaine et, est celui qui a un rôle important dans la résistance aux sulfamides (Blahna *et al.*, 2006).

Dans notre étude, le gène *Sul1* seul est présent dans 45,45% des souches *E.coli* résistantes au triméthoprim/sulfaméthoxazole, ce qui est en accord avec les résultats de notre questionnaire qui a montré que les sulfamides sont le 3^{ème} antibiotique le plus utilisé en pratique après les bêta-lactamines et les tétracyclines. De plus, selon les résultats de l'antibiogramme, ces souches se sont avérées multirésistantes, aux sulfamides, aux bêta-lactamines, aux quinolones et aux tétracyclines. Ce résultat est inférieur à celui d'autres études antérieures réalisées par **Younis et al. (2017)** et **A. Ammar et al. (2015)** sur des échantillons isolés à partir d'organes viscéraux (foie, poumons, cœur, rate) de poulets de chair provenant de différentes fermes avicoles en Egypte et qui ont rapporté que la distribution du gène *sul1* dans des souches résistantes aux sulfaméthoxazoles étaient respectivement de 100% et 87% et par **Ibrahim et al. (2019)** et **Ismail and Abutarbush (2020)**, sur des prélèvements isolés à partir de fèces bovins et de fientes avicoles en Jordanie et qui ont constaté que la distribution du gène *sul1* dans des souches résistantes aux sulfaméthoxazoles était respectivement de 78% et 72,4%. Cependant, des résultats moins élevés (24%) ont été enregistrés par **Guerra et al. (2003)** dans des échantillons isolés à partir de fèces et de fientes prélevés dans des exploitations bovine et avicole en Allemagne et par **Mendonça et al. (2016)**, qui ont noté un taux de 47%, à partir de fientes prélevés dans des exploitations avicoles, au Portugal.

La prévalence du gène *Sul2* seul, était de 72,73% dans les souches *E.coli*. Ce résultat est similaire à celui enregistré par **Ibrahim et al. (2019)**, qui ont rapporté que les gènes *Sul2* et les gènes de résistance au sulfaméthoxazole ont été identifiés dans 70,2% des souches isolées à partir de fientes avicoles.

De plus, dans notre étude, le gène *Sul3* a été détecté dans 27,27% des souches résistantes testées. Ce résultat est inférieur à celui de **Q. Li et al. (2022)**, qui ont observé que le gène *Sul3* a été identifié dans 32,4% de souches *E.coli* isolées à partir d'échantillons de fèces et de fientes dans des exploitations bovine et avicole, en Chine.

Dans notre étude, les résultats ont montré que 18,18% des souches isolées dans une ferme ovine et dans un abattoir à viande rouge, portent les gènes *sul1+sul2* et *sul2+sul3*, tandis que 9,09% d'entre elles isolées dans une ferme avicole portent les gènes *sul1+sul3*. Nos résultats sont inférieurs à ceux de **Abdelwahab et al. (2022)**, qui ont signalé que 64/164 (39%) des souches *E.coli* isolées à partir d'exploitations ovine et avicole et provenant de différentes régions de l'Émirat d'Abu Dhabi, étaient porteuses des deux gènes *sul2* et *sul3*.

Pour les *E.coli* résistantes au sulfaméthoxazole, elles sont généralement attribuées à la présence des gènes *sul1*, *sul2*, et/ou *sul3* (Hammerum *et al.*, 2006), qui sont connus pour être associés aux intégrons de classe 1 (Deekshit *et al.*, 2012). Dans notre étude, le gène *sul2* a été détecté dans 72,73% des souches, ce qui est attendu puisqu'il s'agit du mécanisme de résistance au sulfaméthoxazole le plus fréquent chez les souches *E. coli* (Enne *et al.*, 2001; Kernn *et al.*, 2002). En revanche, d'autres études réalisées en Chine, ont montré que *sul1*, *sul2* et *sul3* ont une importance égale dans la résistance au sulfaméthoxazole, des souches *E.coli* provenant d'animaux destinés à l'alimentation (Zhang *et al.*, 2012).

La résistance aux sulfamides est apparue très peu de temps après leur utilisation en clinique. Chez les bacilles à Gram négatif, elle peut être due, soit à des mutations dans le gène chromosomique de la DHPS (folP), qui résultent d'une diminution de l'affinité de la DHPS pour les sulfamides, ou bien à l'acquisition de gènes alternatifs (*Sul*), qui codent des DHPS avec une affinité réduite aux sulfamides (Eliopoulos & Huovinen, 2001). À l'inverse de plusieurs autres gènes de résistance aux autres classes d'antibiotiques, seulement 3 gènes de résistance acquis aux sulfamides ont été décrits. Le premier gène, *sul1*, a été observé uniquement comme faisant partie de la région conservée 30(30CS) des intégrons de classe 1, sur de larges plasmides conjugatifs tandis que *sul2* n'a jamais été identifié comme faisant partie d'un intégron (Grape *et al.*, 2005). Auparavant, considéré comme étant situé juste sur de petits plasmides non-conjugatifs, *sul2* a été récemment identifié dans un grand nombre de plasmides conjugatifs (Rådström *et al.*, 1991) et a été associé à la prévalence de la résistance à la streptomycine. Il est généralement plus répandu que *sul1* chez les bactéries à Gram négatif (Blahna *et al.*, 2006).

Cependant, dans une étude tunisienne, la distribution des gènes *Sul* montre la prévalence du gène *sul1* (Dahmen *et al.*, 2010). Tandis que le gène *sul3* a été identifié à l'origine chez des souches *E. coli* isolées chez le porc en 2003, en Suisse (Wu *et al.*, 2010), puis chez le bétail et les volailles, de même que chez les humains dans plusieurs pays (Antunes *et al.*, 2007). En Algérie, seuls les gènes *sul1* et *sul2* ont été identifiés dans des souches d'entérobactéries (Tani & Arlet, 2014).

II.3. Conclusion

Il ressort de cette étude que les antibiotiques sont de moins en moins efficaces contre les entérobactéries, à cause de leur utilisation anarchique par les éleveurs, sans avis du vétérinaire, une pratique qui devient de plus en plus courante et qui détermine la sélection de bactéries résistantes et l'augmentation de la multi-résistances.

DISCUSSION GENERALE

DISCUSSION GENERALE

A partir des résultats des deux parties pratiques de notre étude, il a été constaté que le taux de contamination par les entérobactéries pathogènes et le taux des souches présentant des multi-résistances aux antibiotiques dans la chaîne alimentaire est important. Il est essentiel de prendre très au sérieux ces deux problèmes tant pour leur impact sur la santé publique que pour les répercussions économiques non négligeables qu'ils peuvent engendrer, car toute la chaîne alimentaire est concernée.

Dans notre enquête, les mauvaises conditions d'hygiène sont des facteurs prédisposant à la multiplication des entérobactéries pathogènes, qui peuvent contaminer et affecter l'état de santé des animaux et qui à leur tour contaminent la chaîne alimentaire et l'homme. En effet, ce manque d'hygiène, affecte le bien-être animal et fait que ce dernier tombe souvent malade, ce qui conduit les éleveurs à l'automédication et à l'utilisation abusive des antibiotiques dans les exploitations bovine, ovine et avicole, à des fins thérapeutiques ou préventives, sans connaissance des durées du traitement, des délais d'attente et sans contrôle préalable du vétérinaire. Tous ces éléments participent à la forte propagation de l'antibiorésistance constatée dans notre étude et c'est ce qui conduit principalement à la sélection de clones résistants et font que les gènes de résistance soient transmis entre les bactéries, à partir des exploitations, aux abattoirs et des abattoirs aux boucheries et ensuite à l'homme.

De plus, l'homme et les animaux rejettent une partie des antibiotiques absorbés, dans leurs déjections, d'où la présence de taux élevés de bactéries pathogènes résistantes aux antibiotiques, dans toute la chaîne alimentaire.

En effet, des liens de clonalité entre les souches isolées dans les exploitations, les abattoirs et les boucheries, sont soupçonnés, surtout que ces dernières ont été regroupées ensemble dans le dendrogramme du MALDI-TOF. Cette ressemblance entre ces souches peut être expliquée par un contact direct des animaux ou de leurs déjections avec, le matériel, l'eau et le personnel au niveau des élevages, ou bien lors du transport et de la manipulation à l'abattoir ou dans les boucheries. Cela suggère que certains gènes de résistance isolés chez les entérobactéries comme les *CMY-2*, *Sul1*, *Sul2*, *Sul3* identifiés dans notre étude, pourraient présenter un risque pour l'homme en cas de transmission zoonotique. Ces derniers sont très souvent localisés sur des plasmides et transférés à d'autres souches et/ou espèces au cours d'un processus de conjugaison (Michel-Briand, 2007).

En outre, plusieurs chercheurs sont préoccupés par le rôle des animaux et en particulier celui des animaux producteurs de denrées alimentaires, dans la transmission à l'homme et la diffusion dans l'environnement des résistances aux antibiotiques. Dans une revue systématique récente, à large échelle réalisée par **Tang et al. (2017)** et qui a consisté à examiner l'association entre l'application des mesures restrictives d'utilisation des antibiotiques en élevage et la prévalence de l'antibiorésistance chez les animaux et l'homme, une relation étroite a été mise en évidence entre l'utilisation de ces antimicrobiens, le niveau de résistance chez les animaux d'élevage et les personnes en contact direct avec ces derniers. Il s'agirait d'un résultat très pertinent qui souligne l'importance du contact direct dans la transmission des bactéries résistantes avec un risque plus élevé pour certaines catégories de professionnelles (éleveurs, vétérinaires, employés des abattoirs). L'importance du contact direct dans la transmission de certaines formes de résistance souligne le rôle central des mesures préventives, tels que l'hygiène, le nettoyage et la désinfection. En revanche, sur la base de cette méta-analyse, l'occurrence des résistances dans la population doit être expliquée par d'autres facteurs que l'utilisation des antibiotiques chez les animaux producteurs de denrées alimentaires.

Ces souches résistantes peuvent également être transmises soit par, le rejet des déchets des industries pharmaceutiques et des hôpitaux dans l'environnement, les effluents d'élevages contenant des micro-organismes résistants, les animaux de compagnie, l'utilisation abusive des mêmes classes d'antibiotiques en médecine humaine et animale, l'alimentation humaine ou bien par l'exposition à d'autres individus porteurs de bactéries multi-résistantes (**Aminov, 2011**).

Selon l'AMCRA (Consommation d'antimicrobiens et résistance chez les animaux), des recherches supplémentaires sont nécessaires pour mieux identifier et quantifier les risques associés au contact direct et indirect entre l'homme et l'animal dans la propagation de la résistance aux antibiotiques. Le rôle des animaux et/ou des produits d'origine animale ne doit pas être négligé, mais il ne doit pas non plus être surestimé. Les risques associés au contact direct avec un animal domestique doivent également être pris en considération (**Dal Pozzo et al., 2018**). De plus, d'après **Alharbi et al. (2022)**, il serait nécessaire de mettre davantage l'accent sur la lutte contre la transmission d'agents infectieux à partir des animaux à l'homme et dans le cadre des infections d'origine alimentaire, des stratégies d'interventions innovantes doivent être conçues pour empêcher la contamination de la chaîne alimentaire par des micro-organismes pathogènes. En plus, pour un meilleur contrôle, les professionnels de la santé

publique, les épidémiologistes, ainsi que d'autres organismes responsables doivent être encouragés pour enquêter sur l'état des maladies et des profils de résistance aux antimicrobiens.

Par ailleurs, nous avons constaté dans notre étude, que la diminution de l'utilisation des antibiotiques s'accompagne d'une baisse dans la fréquence des multi-résistances. Cela est en accord avec les résultats de **Anger *et al.* (2021)**, qui ont rapporté que la diminution de la résistance observée pour certains antibiotiques sur la période 2014-2020 en France, ainsi que l'augmentation de la sensibilité totale des bactéries commensales sont des résultats encourageants, qui montrent que les mesures législatives ou réglementaires prises par les pouvoirs publics, comme l'encadrement de la prescription et de la délivrance des antibiotiques d'importance critique, ainsi que l'engagement des professionnels, ont eu un impact sur le développement de la résistance.

En effet, la réduction de l'utilisation des antibiotiques passe par la diminution du nombre de maladies dans l'élevage. Le bien-être animal, le logement, l'hygiène, la nutrition, le stress, la vaccination, la biosécurité et la sélection génétique, sont autant de paramètres qui participent au développement de l'immunité et à la baisse de la pression infectieuse de l'élevage (**David *et al.*, 2019; Kadzere *et al.*, 2002**). D'ailleurs, dans une étude réalisée en France par **Guillot *et al.* (2014)**, il a été rapporté qu'une amélioration de la zootechnie pouvait engendrer une réduction de la consommation d'antibiotiques sans pertes économiques dans l'élevage. De plus, les préoccupations de la santé publique concernant les résidus antimicrobiens et les agents pathogènes résistants aux antimicrobiens dans les aliments et l'environnement, appuie la nécessité de poursuivre les recherches sur des alternatives aux antibiotiques, plus sûres (**Ducrot *et al.*, 2017**). En effet, face à une restriction d'utilisation des antibiotiques, d'autres médecines complémentaires telles que la phytothérapie, l'aromathérapie, l'homéopathie sont des alternatives en médecine vétérinaire. En pratique, leur utilisation est appréciée par les éleveurs en raison de leur prix beaucoup plus accessible que certains antibiotiques et par l'absence de délais d'attente obligatoires ce qui évite les pertes (**Jeune, 2011; Use *et al.*, 2017**). En outre, certaines de ces perspectives consistent à développer de nouvelles molécules bactéricides tels que la phagothérapie et les inhibiteurs des enzymes plasmidiques, qui représentent des solutions prometteuses pour échapper aux mécanismes de résistance (**Ducrot *et al.*, 2017**). L'utilisation des probiotiques peut également être prometteuse pour réduire la prolifération de bactéries résistantes (**Sanders *et al.*, 2011**).

D'autre part, la recherche et l'innovation consacrée à une meilleure prévention et un meilleur contrôle des maladies animales contribuent massivement à un élevage durable et à la sécurité alimentaire. Ainsi, dans la lutte contre la résistance aux antibiotiques, une approche d'action mondiale « une seule santé » adoptée et élaborée par l'OMS, la FAO et l'OIE est la plus appropriée, afin que tous les secteurs soient responsabilisés et puissent participer à des initiatives concrètes **(Dal Pozzo et al., 2018)**.

Cette dernière renforcera le programme de recherche sur la RAM et permettra à différents pays de promouvoir activement une action mondiale et de jouer un rôle de premier plan dans la lutte contre la RAM **(CE, 2022)**. De plus, une meilleure compréhension des mécanismes de transmission permettra de prioriser les efforts et de mettre en place les actions les plus efficaces chez l'animal, l'homme et l'environnement **(Dal Pozzo et al., 2018)**. Par ailleurs, le fait de s'éloigner des antibiotiques est un défi qui doit s'accompagner de changements dans l'élevage des animaux et de nouvelles thérapies. En d'autres termes, un état d'esprit totalement nouveau doit être appliqué aux pratiques agricoles et à l'élevage d'animaux destinés à la consommation. Cela se traduira par un système agricole qui protégera la santé des animaux et des humains, qui offrira aux consommateurs des produits sains de haute qualité et proposera une approche plus durable de la production alimentaire **(CE, 2022)**. Il serait ainsi intéressant d'assurer la coordination entre les différents acteurs impliqués et de regrouper tous ces derniers au sein d'une organisation interprofessionnelle, destinée à l'amélioration technique de tous les maillons de la chaîne alimentaire, en adoptant un système de traçabilité des produits animaux « de la fourche à la fourchette », à commencer par l'application des bonnes pratiques d'élevage, des bonnes pratiques d'hygiène et de production et ainsi par l'application du système HACCP, et la norme ISO 22000.

CONCLUSION GENERALE

CONCLUSION GENERALE

Les résultats de notre étude sur la prévalence des entérobactéries pathogènes dans la chaîne alimentaire, montrent une contamination élevée de 68,68%. Elle est de 30,77% dans les fermes avicoles, de 13,19% dans les fermes bovines, de 7,69% dans les fermes ovines, de 18,13% dans les abattoirs à viande rouge, de 15,38% dans les abattoirs à viande blanche et de 14,84% dans les boucheries. Les résultats d'identification par MALDI-TOF ont indiqué que les 82 souches d'entérobactéries isolées sont réparties comme suit : 37 *Escherichia coli*, 34 *Enterobacter cloacae*, 5 *Klebsiella variicola*, 4 *Enterobacter xiangfangensis*, 2 *Enterobacter ludwigii*, 1 *Klebsiella aerogenes*, 1 *Citrobacter freundii* et 1 *Proteus mirabilis*.

Cette prévalence élevée peut être expliquée, par le faible niveau d'hygiène au niveau des exploitations, des abattoirs et des boucheries étudiés, par les mauvaises pratiques d'abattage, de nettoyage et de désinfection, ainsi que par l'absence des mesures de contrôle et de surveillance.

En effet, quelques facteurs de risque liés à la contamination par les entérobactéries pathogènes dans les élevages, les abattoirs et les boucheries ont été identifiés. Ces derniers sont justifiés par le manque des pratiques de gestion des élevages et les conditions d'hygiène.

Dans notre étude, l'enquête sur l'utilisation et l'évaluation de la sensibilité des souches isolées, aux antibiotiques, d'intérêt thérapeutique vétérinaire et humain a montré l'existence d'un niveau alarmant de multi-résistance (75,92%), contre les agents antimicrobiens fréquemment utilisés par les vétérinaires et les éleveurs dans les exploitations en Algérie, particulièrement les bêta-lactamines, les tétracyclines, les quinolones et les sulfamides. De ces constats découle donc le risque de présence de résidus d'antibiotiques dans les denrées alimentaires à large consommation, d'où l'impact direct sur le consommateur. Cette situation semble être le reflet d'une utilisation irrationnelle d'antibiotiques, à des fins thérapeutiques et préventives et l'absence d'une politique nationale bien définie d'où la nécessité de la mise en œuvre d'une stratégie pluridisciplinaire, qui permettra d'améliorer les pratiques de prescription des antibiotiques et de diminuer la résistance bactérienne. Ces résultats contribuent à soutenir que la résistance dans la chaîne alimentaire est un phénomène à considérer avec grande importance et nécessite une action urgente en limitant

l'utilisation des antibiotiques (les probiotiques comme alternative) et en privilégiant les mesures prophylactiques (la vaccination).

L'utilisation des outils de biologie moléculaire nous a permis de caractériser les gènes de résistance aux β -lactamines, aux quinolones et aux sulfamides. Des β -lactamases de type *CMY-2* et des *sul1*, *sul2*, *sul3* ont été détectés, avec des taux respectifs de 3,03% et de 41,66% ;75% et 25%. Ces derniers peuvent présenter un danger pour l'homme et participer à l'augmentation de la résistance aux antibiotiques.

Ainsi, la surveillance des profils de résistance doit être étroitement associée à une surveillance moléculaire en laboratoire, afin d'évaluer plus finement la portée des enjeux de santé publique lorsque des mécanismes de résistance ou des clones bactériens identiques sont retrouvés chez l'homme et l'animal. Cette caractérisation à partir des gènes fournit également des clés de compréhension sur l'épidémiologie de la résistance. Il est aussi impératif de songer à l'association de techniques phénotypiques et génotypiques efficaces et complémentaires, pour tracer avec précision la diffusion ou la persistance des entérobactéries pathogènes dans une région donnée et particulièrement celle des bactéries multirésistantes aux antibiotiques.

Enfin, les mesures de prévention en santé humaine ne doivent pas être dissociées de celles prises en santé animale et des actions prises pour préserver le bon état des écosystèmes, car les bactéries et les gènes de résistance se diffusent et se transmettent potentiellement via les animaux domestiques et sauvages et aussi les milieux naturels. Enfin, des mesures et des réglementations doivent être prises par les scientifiques, les vétérinaires, les autorités et les éleveurs pour le contrôle systématique des entérobactéries dans la chaîne alimentaire, afin de prendre des actions correctives en temps opportun et d'éviter les différents risques encourus.

RECOMMENDATION
&
PERSPECTIVES

Recommandations & Perspectives

Afin de diminuer les contaminations dans la chaîne alimentaire, des formations et des campagnes de sensibilisation du personnel, doivent être organisées et mises en place pour tous les acteurs de la chaîne alimentaire (éleveurs, employés des abattoirs et des boucheries et vétérinaires), sur l'application des bonnes pratiques d'hygiène et de production et du bon usage des antibiotiques et de l'antibiogramme, dans la prescription des antimicrobiens et de la réduction de leur utilisation et/ou consommation. Ceci leur permettra de mieux maîtriser les techniques d'élevage, d'abattage et de conservation. Ainsi, les opérateurs de la chaîne alimentaire doivent déployer et fournir des efforts durant toute la chaîne de production, en passant par l'élevage, l'abattage jusqu'à la vente afin d'offrir un produit fini sain et de qualité. De ce fait, la mise en place de systèmes de surveillance et de contrôle comme le HACCP et l'ISO 22000, pourrait aider à améliorer la qualité des produits destinés à la consommation humaine et préserver la santé publique.

Les résultats obtenus dans ce travail méritent d'être poursuivis en développant les actions suivantes :

- Poursuivre ces recherches sur d'autres denrées alimentaires d'origine animale et de différentes espèces (viandes, œufs et lait) ;
- Effectuer d'autres études plus approfondies, pour déterminer tous les facteurs de risque potentiels dans les élevages, les abattoirs et les boucheries et évaluer l'effet correctif de ces facteurs.
- Identifier et quantifier les risques associés au contact direct et indirect hommes-animaux dans la transmission des résistances aux antibiotiques ;
- Partager les résultats de notre recherche avec les acteurs de la chaîne alimentaire et les autorités responsables, afin de les sensibiliser et les aider à tracer des plans d'action qui aideront à minimiser les contaminations de la chaîne alimentaire par les entérobactéries pathogènes et à réduire les résistances aux antibiotiques ;
- Étendre l'étude sur d'autres régions et/ou wilayas de l'Algérie ;
- Explorer d'autres techniques génotypiques telle que l'électrophorèse en champ pulsé (PFGE), pour renforcer la démonstration des liens de clonalité entre les souches isolées ;
- Caractériser les gènes de virulence et les gènes responsables de la production des β -lactamases pour les souches de note étude.

Recommandations & Perspectives

- Étudier la transférabilité des gènes de résistance (plasmides) ;
- Utiliser le typage moléculaire par MLST, pour identifier les différentes séquences types ;
- Identifier des groupes clonaux par électrophorèse en champ pulsé et les comparer avec ceux isolés chez l'être humain.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

RAFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. Abbassi, M. S., Kilani, H., Zouari, M., Mansouri, R., El Fekih, O., Hammami, S., & Chehida, N. B. (2017). Antimicrobial resistance in Escherichia coli isolates from healthy poultry, bovine and ovine in Tunisia: a real animal and human health threat. *Journal of Clinical Microbiology and Biochemical Technology*, 3(2), 019-023.
2. Abdallah, H., Reuland, E., Wintermans, B., Al Naiemi, N., Koek, A., Abdelwahab, A., Vandenbroucke-Grauls, C. (2015). Extended-spectrum β -lactamases and/or carbapenemases-producing Enterobacteriaceae isolated from retail chicken meat in Zagazig, Egypt. *PloS one*, 10(8), e0136052.
3. Abdelkafi, Z. (2019). Ministre de la santé - 1855 cas d'intoxication alimentaire collective (tiac) en 2018. *Proalimentarius*.
4. Abdellatif, H. A., Khalil, S. A., & Hegazy, A. (2018). Molecular Study on Bacterial Resistance to Antibiotic with Special Reference to Plasmid Curing. *Alexandria Journal for Veterinary Sciences*, 58(1).
5. Abdelwahab, G. E., Ishag, H. Z. A., Al Hammadi, Z. M., Al Yammahi, S. M. S., Mohd Yusof, M. F. B., Al Yassi, M. S. Y., Hosani, M. A. A. A. (2022). Antibiotics Resistance in Escherichia coli Isolated from Livestock in the Emirate of Abu Dhabi, UAE, 2014–2019. *International Journal of Microbiology*, 2022.
6. Achari, A., Somers, D. O., Champness, J. N., Bryant, P. K., Rosemond, J., & Stammers, D. K. (1997). Crystal structure of the anti-bacterial sulfonamide drug target dihydropteroate synthase. *Nature structural biology*, 4(6), 490-497.
7. Adamou, S., Bourenane, N., Haddadi, F., Hamidouche, S., & Sadoud, S. (2005). Quel role pour les fermes-pilotes dans la preservation des ressources genetiques en Algerie? *WORKING DOCUMENT SERIES-INTERNATIONAL CENTRE FOR DEVELOPMENT ORIENTED RESEARCH IN AGRICULTURE*, 126.
8. Adebowale, O., Alonge, D., Agbede, S., & Adeyemo, O. (2010). Bacteriological assessment of quality of water used at the Bodija municipal abattoir, Ibadan, Nigeria. *Sahel J. Vet. Sci*, 9(2), 63-67.
9. Adenipekun, E. O., Jackson, C. R., Oluwadun, A., Iwalokun, B. A., Frye, J. G., Barrett, J. B., . . . Woodley, T. A. (2015). Prevalence and antimicrobial resistance in Escherichia coli from food animals in Lagos, Nigeria. *Microbial Drug Resistance*, 21(3), 358-365.
10. Adeolu, M., Alnajar, S., Naushad, S., & S. Gupta, R. (2016). Genome-based phylogeny and taxonomy of the 'Enterobacteriales': proposal for Enterobacterales ord. nov. divided into the families Enterobacteriaceae, Erwiniaceae fam. nov., Pectobacteriaceae fam. nov., Yersiniaceae fam. nov., Hafniaceae fam. nov., Morganellaceae fam. nov., and Budviciaceae fam. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 66(12), 5575-5599.
11. Adeyanju, G. T., & Ishola, O. (2014). Salmonella and Escherichia coli contamination of poultry meat from a processing plant and retail markets in Ibadan, Oyo State, Nigeria. *Springerplus*, 3(1), 139.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

12. Agabou, A., Lezzar, N., Ouchenane, Z., Khemissi, S., Satta, D., Sotto, A., Pantel, A. (2016). Clonal relationship between human and avian ciprofloxacin-resistant *Escherichia coli* isolates in North-Eastern Algeria. *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases*, 35(2), 227-234.
13. Aggad, H., Ammar, Y. A., Hammoudi, A., & Kihal, M. (2010). Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from chickens with colibacillosis. *Glob. Vet*, 4(3), 303-306.
14. Akinbami, O. R., Olofinsae, S., & Ayeni, F. A. (2018). Prevalence of extended spectrum beta lactamase and plasmid mediated quinolone resistant genes in strains of *Klebsiella pneumonia*, *Morganella morganii*, *Leclercia adecarboxylata* and *Citrobacter freundii* isolated from poultry in South Western Nigeria. *PeerJ*, 6, e5053.
15. Akiyama, T., & Khan, A. A. (2012). Molecular characterization of strains of fluoroquinolone-resistant *Salmonella enterica* serovar Schwarzengrund carrying multidrug resistance isolated from imported foods. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 67(1), 101-110.
16. Al-Tawfiq, J. A., Laxminarayan, R., & Mendelson, M. (2017). How should we respond to the emergence of plasmid-mediated colistin resistance in humans and animals? *International Journal of Infectious Diseases*, 54, 77-84.
17. Albarri, O., Var, I., Meral, M., Bedir, B., Heshmati, B., & Köksal, F. (2017). Prevalence of *Escherichia coli* isolated from meat, chicken and vegetable samples in Turkey. *Journal of Biotechnology Science Research*, 4(3), 214-2022.
18. Albiger, B., Glasner, C., Struelens, M. J., Grundmann, H., & Monnet, D. L. (2015). Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in Europe: assessment by national experts from 38 countries, May 2015. *Eurosurveillance*, 20(45), 30062.
19. Alcalá, L., Alonso, C. A., Simón, C., González-Esteban, C., Orós, J., Rezusta, A., . . . Torres, C. (2016). Wild birds, frequent carriers of extended-spectrum β -lactamase (ESBL) producing *Escherichia coli* of CTX-M and SHV-12 types. *Microbial ecology*, 72(4), 861-869.
20. Aldred, K. J., Kerns, R. J., & Osheroff, N. (2014). Mechanism of quinolone action and resistance. *Biochemistry*, 53(10), 1565-1574.
21. Alharbi, M. G., Al-Hindi, R. R., Esmael, A., Alotibi, I. A., Azhari, S. A., Alseghayer, M. S., & Teklemariam, A. D. (2022). The “Big Six”: Hidden Emerging Foodborne Bacterial Pathogens. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 7(11), 356.
22. Ali, N. H., Farooqui, A., Khan, A., Khan, A. Y., & Kazmi, S. U. (2010). Microbial contamination of raw meat and its environment in retail shops in Karachi, Pakistan. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 4(06), 382-388.
23. Alloui, N., Guergueb, N., & Ayachi, A. (2013). Relation entre les pratiques d'hygiène d'abattage et la contamination bactérienne des carcasses de poulets dans la région de Biskra (Algérie).
24. Amador, P., Fernandes, R., Prudêncio, C., & Duarte, I. (2019). Prevalence of Antibiotic Resistance Genes in Multidrug-Resistant Enterobacteriaceae on Portuguese Livestock Manure. *Antibiotics*, 8(1), 23.
25. Amairi, T. (2021). *Résistance aux antibiotiques des Escherichia coli isolés des abattoirs et élevages de poulet de chair au Nord-Est d’Algérie*. Université Mohamed Khider de Biskra.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

26. Ameer, A., Rahal, K., Guedioura, A., Bouyoucef, A., & Kaidi, R. (2008). Utilisation des antibiotiques intra-mammaires dans la région de Tizi Ouzou. *Premiers résultats. Sixièmes Journées des sciences vétérinaires, École nationale des services vétérinaires (ENSV)*. Avril, 19-20.
27. Aminov, R. I. (2011). Horizontal gene exchange in environmental microbiota. *Frontiers in microbiology*, 2, 158.
28. Ammar, A., Abd El-Hamid, M. I., Eid, S. E., & El Oksh, A. S. (2015). Insights into antimicrobial resistance and virulence genes of emergent multidrug resistant avian pathogenic *Escherichia coli* in Egypt: How closely related are they. *Rev. Med. Vet*, 166(9-10), 304-314.
29. Ammar, M. (2005). *Spoilage and pathogenic microorganisms in traditional meat products in Assuit*. M. Sc. Thesis, (Meat Hygiene), Faculty of Veterinary Medicine, Assiut
30. Andrés-Barranco, S., Vico, J. P., Garrido, V., Samper, S., Herrera-León, S., De Frutos, C., & Mainar-Jaime, R. C. (2014). Role of wild bird and rodents in the epidemiology of subclinical salmonellosis in finishing pigs. *Foodborne pathogens and disease*, 11(9), 689-697.
31. Andrés, S., Jiménez, A., Sánchez, J., Alonso, J., Gómez, L., López, F., & Rey, J. (2007). Evaluation of some etiological factors predisposing to diarrhoea in lambs in “La Serena”(Southwest Spain). *Small Ruminant Research*, 70(2-3), 272-275.
32. Andres, V. M., & Davies, R. H. (2015). Biosecurity measures to control *Salmonella* and other infectious agents in pig farms: a review. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 14(4), 317-335.
33. Anger, B., Bruneau, M., Chauvin, C., Houée, P., Gaugain, M., Granier, S., Perrin-Guyomard, A. (2021). Antibiorésistance des bactéries zoonotiques et commensales isolées chez les animaux producteurs d'aliments et leurs denrées. Bilan de surveillance 2014-2022.
34. Angr. (2003). Rapport national sur les ressources génétiques animales. Ministère de
35. l'agriculture et du développement rural (pp. 46p).
36. Antunes, P., Machado, J., & Peixe, L. (2007). Dissemination of sul3-containing elements linked to class 1 integrons with an unusual 3' conserved sequence region among *Salmonella* isolates. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 51(4), 1545-1548.
37. Anyanwu, M. U., Jaja, I. F., & Nwobi, O. C. (2020). Occurrence and characteristics of mobile colistin resistance (*mcr*) gene-containing isolates from the environment: a review. *International journal of environmental research and public health*, 17(3), 1028.
38. Apostolakos, I., & Piccirillo, A. (2018). A review on the current situation and challenges of colistin resistance in poultry production. *Avian pathology*, 47(6), 546-558.
39. APS (Producer). (2021, MAI 2022). ALGÉRIE PRESSE SERVICE : Intoxication alimentaire: augmentation de 105 cas durant le 1er semestre de 2021 Retrieved from <https://www.aps.dz/sante-science-technologie/125713-intoxication-alimentaire-augmentation-de-105-cas-durant-le-1er-semestre-de-2021>
40. Arlet, G. (2014). News of antibiotic resistance among Gram-negative bacilli in Algeria. *Pathologie-biologie*, 62(3), 169-178.
41. Asai, T., Harada, K., Ishihara, K., Kojima, A., Sameshima, T., Tamura, Y., & Takahashi, T. (2007). Association of antimicrobial resistance in *Campylobacter* isolated from food-

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- producing animals with antimicrobial use on farms. *Japanese Journal of Infectious Diseases*, 60(5), 290.
42. Atnafu Bushen, E. T., & Abayneh, M. (2021). Drug-and Multidrug-Resistance Pattern of Enterobacteriaceae Isolated from Droppings of Healthy Chickens on a Poultry Farm in Southwest Ethiopia. *Infection and drug resistance*, 14, 2051.
 43. Ayad, A. (2016). *Etude des mécanismes de résistance aux antibiotiques chez Escherichia coli au niveau des hôpitaux de l'Ouest algérien*. Thèse de doctorat. Université Tlemcen.
 44. Ayandiran, T. O., Falgenhauer, L., Schmiedel, J., Chakraborty, T., & Ayeni, F. A. (2018). High resistance to tetracycline and ciprofloxacin in bacteria isolated from poultry farms in Ibadan, Nigeria. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 12(06), 462-470.
 45. Azimi, L., Erajiiyan, G., Talebi, M., Owlia, P., Bina, M., Shojaie, A., & Lari, A. R. (2015). Phenotypic and molecular characterization of plasmid mediated AmpC among clinical isolates of Klebsiella pneumoniae isolated from different hospitals in Tehran. *Journal of Clinical and Diagnostic Research: JCDR*, 9(4), DC01.
 46. Bacha, P. D. (2015). Gestion d'une Toxi-infection Alimentaire Collective en Milieu Militaire.
 47. Badau, E. (2021). A One Health perspective on the issue of the antibiotic resistance. *Parasite*, 28.
 48. Baietto, L., Corcione, S., Pacini, G., Di Perri, G., D'Avolio, A., & Giuseppe De Rosa, F. (2014). A 30-years review on pharmacokinetics of antibiotics: is the right time for pharmacogenetics? *Current drug metabolism*, 15(6), 581-598.
 49. Bantawa, K., Rai, K., Limbu, D. S., & Khanal, H. (2018). Food-borne bacterial pathogens in marketed raw meat of Dharan, eastern Nepal. *BMC research notes*, 11(1), 1-5.
 50. Barlow, R. S., McMILLAN, K. E., Duffy, L. L., Fegan, N., Jordan, D., & Mellor, G. E. (2015). Prevalence and antimicrobial resistance of Salmonella and Escherichia coli from Australian cattle populations at slaughter. *Journal of Food Protection*, 78(5), 912-920.
 51. Baron, S. (1996). *Leptospira--Medical Microbiology*: University of Texas Medical Branch at Galveston.
 52. Barour, D., Berghiche, A., & Boulebda, N. (2019). Antimicrobial resistance of Escherichia coli isolates from cattle in Eastern Algeria. *Veterinary World*, 12(8), 1195.
 53. Bean, D. C., Livermore, D. M., Papa, I., & Hall, L. M. (2005). Resistance among Escherichia coli to sulphonamides and other antimicrobials now little used in man. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 56(5), 962-964.
 54. Behravesh, C. B., Williams, I. T., & Tauxe, R. V. (2012). *Emerging foodborne pathogens and problems: expanding prevention efforts before slaughter or harvest*. Paper presented at the Improving food safety through a one health approach: workshop summary.
 55. Belaid, B. (1993). *Notion de zootechnie générale*: Office des publications universitaires. Alger.
 56. Belmahdi, M., Bakour, S., Al Bayssari, C., Touati, A., & Rolain, J.-M. (2016). Molecular characterisation of extended-spectrum β -lactamase-and plasmid AmpC-producing Escherichia coli strains isolated from broilers in Béjaïa, Algeria. *Journal of global antimicrobial resistance*, 6, 108-112.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

57. Beloeil, P.-A., Chauvin, C., Proux, K., Fablet, C., Madec, F., & Alioum, A. (2007). Risk factors for Salmonella seroconversion of fattening pigs in farrow-to-finish herds. *Veterinary research*, 38(6), 835-848.
58. Benaïssa, A., Ould El Hadj Khellil, A., Babelhadj, B., Addamou, A., Hammoudi, M., & Riad, A. (2014). Appréciation du Degré d'Hygiène de l'Abattoir de Ouargla. Algérie. *Journal of Advanced Research in Science and Technology*, 1(2), 101-106.
59. Benameur, Q., Tali-Maamar, H., Assaous, F., Guettou, B., Benklaouz, M. B., Rahal, K., & Ben-Mahdi, M.-H. (2018). Characterization of quinolone-resistant Enterobacteriaceae strains isolated from poultry in Western Algeria: First report of qnrS in an Enterobacter cloacae. *Veterinary world*, 11(4), 469.
60. Bencharif, A. (2001). Stratégies des acteurs de la filière lait en Algérie: état des lieux et problématiques. *Options Méditerranéennes, Ser B*, 32, 44.
61. Bensid, A. (2018). *Hygiène et inspection des viandes rouges. Algérie : Djelfa.info*.
62. Berends, B., Van Knapen, F., Snijders, J., & Mossel, D. (1997). Identification and quantification of risk factors regarding Salmonella spp. on pork carcasses. *International journal of food microbiology*, 36(2-3), 199-206.
63. Berends, B. v., Van Knapen, F., Mossel, D., Burt, S., & Snijders, J. (1998). Salmonella spp. on pork at cutting plants and at the retail level and the influence of particular risk factors. *International Journal of Food Microbiology*, 44(3), 207-217.
64. Berry, E. D., & Wells, J. E. (2010). Escherichia coli O157: H7: recent advances in research on occurrence, transmission, and control in cattle and the production environment. *Advances in food and nutrition research*, 60, 67-117.
65. Beuchat, L. R., Ryu, J.-H., Adler, B. B., & Harrison, M. D. (2006). Death of Salmonella, Escherichia coli O157: H7, and Listeria monocytogenes in shelf-stable, dairy-based, pourable salad dressings. *Journal of food protection*, 69(4), 801-814.
66. Bhardwaj, P., Kaur, G., & Rampal, S. (2020). Impact of marbofloxacin administration on the emergence of marbofloxacin-resistant E. coli in faecal flora of goats and elucidation of molecular basis of resistance. *Journal of global antimicrobial resistance*, 21, 116-123.
67. Blahna, M. T., Zalewski, C. A., Reuer, J., Kahlmeter, G., Foxman, B., & Marrs, C. F. (2006). The role of horizontal gene transfer in the spread of trimethoprim–sulfamethoxazole resistance among uropathogenic Escherichia coli in Europe and Canada. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 57(4), 666-672.
68. Bohaychuk, V. M., Checkley, S. L., Gensler, G. E., & Barrios, P. R. (2009). Microbiological baseline study of poultry slaughtered in provincially inspected abattoirs in Alberta, Canada. *The Canadian Veterinary Journal*, 50(2), 173.
69. Boireau, C. m. (2019). *Antibiorésistance en santé animale en France: caractérisation à des fins d'évaluation et de lutte et mises en perspective dans un contexte One Health*. Université de Lyon.
70. Bouamama, K., El Bour, M., Mraouna, R., & El Abed, A. (2006). Etude de la résistance aux antibiotiques des bactéries isolées de Mytilus galloprovincialis: Study of the antibiotic resistance of bacteria isolated front Mytilus galloprovincialis.
71. Bouaziz, A., Loucif, L., Ayachi, A., Guehaz, K., Bendjama, E., & Rolain, J.-M. (2018). Migratory white stork (Ciconia ciconia): a potential vector of the OXA-48-producing Escherichia coli ST38 clone in Algeria. *Microbial Drug Resistance*, 24(4), 461-468.

72. Boultif, L. (2015). Detection et quantification des residus de terramycine Et de penicilline dans le lait de vache Par chromatographie liquide haute performance.
73. Bouraoui, R., Selmi, H., Mekni, A., Chebbi, I., & Rouissi, H. (2014). Impact des conditions de logement et des pratiques de traite sur la santé mammaire et la qualité du lait de la vache laitière en Tunisie. *Livestock Research for Rural Development*, 26(3).
74. Bousquet-melou, A. (2010). Quelle voie d'administration des antibiotiques choisir. *Bulletin des GTV*, 2010, 57: 49, 53.
75. Bouzid, R., & Touati, K. (2008). Pathologies dominantes des bovins laitiers au Nord-est Algérien. *Rencontres Recherches Ruminants*(15), 85.
76. Bradford, P. A. (2001). Extended-spectrum β -lactamases in the 21st century: characterization, epidemiology, and detection of this important resistance threat. *Clinical microbiology reviews*, 14(4), 933-951.
77. Braykov, N. P., Eisenberg, J. N., Grossman, M., Zhang, L., Vasco, K., Cevallos, W., Marrs, C. F. (2016). Antibiotic resistance in animal and environmental samples associated with small-scale poultry farming in northwestern Ecuador. *Msphere*, 1(1), e00021-00015.
78. Brinas, L., Moreno, M. A., Zarazaga, M., Porrero, C., Sáenz, Y., García, M., Torres, C. (2003). Detection of CMY-2, CTX-M-14, and SHV-12 β -lactamases in Escherichia coli fecal-sample isolates from healthy chickens. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 47(6), 2056-2058.
79. Brink, A. J., Richards, G. A., Colombo, G., Bortolotti, F., Colombo, P., & Jehl, F. (2014). Multicomponent antibiotic substances produced by fermentation: implications for regulatory authorities, critically ill patients and generics. *International journal of antimicrobial agents*, 43(1), 1-6.
80. Buard, É. (2013). *Dynamiques des interactions espèces-espace: mise en relation des pratiques de déplacement des populations d'herbivores et de l'évolution de l'occupation du sol dans le parc de Hwange (Zimbabwe)*. Université Panthéon-Sorbonne-Paris I.
81. Buchan, B. W., Olson, W. J., Pezewski, M., Marcon, M. J., Novicki, T., Uphoff, T. S., Ledebor, N. A. (2013). Clinical evaluation of a real-time PCR assay for identification of Salmonella, Shigella, Campylobacter (Campylobacter jejuni and C. coli), and Shiga toxin-producing Escherichia coli isolates in stool specimens. *Journal of clinical microbiology*, 51(12), 4001-4007.
82. Bush, K., & Jacoby, G. (1997). Nomenclature of TEM beta-lactamases. *The Journal of antimicrobial chemotherapy*, 39(1), 1-3.
83. Bush, K., & Jacoby, G. A. (2010). Updated functional classification of β -lactamases. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 54(3), 969-976.
84. Carattoli, A. (2009). Resistance plasmid families in Enterobacteriaceae. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 53(6), 2227-2238.
85. Cardinale, E., Tall, F., Gueye, E., Cisse, M., & Salvat, G. (2004). Risk factors for Salmonella enterica subsp. enterica infection in senegalese broiler-chicken flocks. *Preventive Veterinary Medicine*, 63(3-4), 151-161.
86. Carlier, V., & Lagrange, P. (2001). Salmonella, service d'information alimentaire. *HCS International. Paris*, 84.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

87. Carmeli, Y., Akova, M., Cornaglia, G., Daikos, G., Garau, J., Harbarth, S., Giamarellou, H. (2010). Controlling the spread of carbapenemase-producing Gram-negatives: therapeutic approach and infection control. *Clinical Microbiology and Infection*, 16(2), 102-111.
88. Castanon, J. (2007). History of the use of antibiotic as growth promoters in European poultry feeds. *Poultry science*, 86(11), 2466-2471.
89. Catry, B., Cavaleri, M., Baptiste, K., Grave, K., Grein, K., Holm, A., Mackay, D. (2015). Use of colistin-containing products within the European Union and European Economic Area (EU/EEA): development of resistance in animals and possible impact on human and animal health. *International journal of antimicrobial agents*, 46(3), 297-306.
90. Cattoir, V., & Nordmann, P. (2009). Plasmid-mediated quinolone resistance in gram-negative bacterial species: an update. *Current medicinal chemistry*, 16(8), 1028-1046.
91. Cattoir, V., Poirel, L., & Nordmann, P. (2007). Plasmid-mediated quinolone resistance determinant QnrB4 identified in France in an Enterobacter cloacae clinical isolate coexpressing a QnrS1 determinant. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 51(7), 2652-2653.
92. Cattoir, V., Poirel, L., Rotimi, V., Soussy, C.-J., & Nordmann, P. (2007). Multiplex PCR for detection of plasmid-mediated quinolone resistance qnr genes in ESBL-producing enterobacterial isolates. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 60(2), 394-397.
93. Caudell, M. A., Dorado-Garcia, A., Eckford, S., Creese, C., Byarugaba, D. K., Afakye, K., . . . Kiambi, S. (2020). Towards a bottom-up understanding of antimicrobial use and resistance on the farm: A knowledge, attitudes, and practices survey across livestock systems in five African countries. *PloS one*, 15(1), e0220274.
94. Cavaco, L., Hendriksen, R. S., & Aarestrup, F. M. (2007). Plasmid-mediated quinolone resistance determinant qnrS1 detected in Salmonella enterica serovar Corvallis strains isolated in Denmark and Thailand. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 60(3), 704-706.
95. Cavalli, S. (2003). *Application de la méthode HACCP en établissement d'abattage: modèles théoriques et essai de mise en place*.
96. Cazeau, G., Chazel, M., Jarrige, N., Sala, C., Calavas, D., & Gay, E. (2010). Utilisation des antibiotiques par les éleveurs en filière bovine en France. *17ème journées*, 3, 08-09.
97. CDC. (2022). Centers for Disease Control and Prevention National : Outbreak Reporting System (NORS). Retrieved MAI 2022 <https://wwwn.cdc.gov/norsdashboard/>
98. CE. (2022). Commission européenne, Des animaux sains pour des personnes saines, from <https://cordis.europa.eu/article/id/442384-healthy-animals-for-healthy-people/fr>
99. Chabou, S., Leulmi, H., Davoust, B., Aouadi, A., & Rolain, J.-M. (2018). Prevalence of extended-spectrum β -lactamase-and carbapenemase-encoding genes in poultry faeces from Algeria and Marseille, France. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 13, 28-32.
100. Chabriere, E., Bassène, H., Drancourt, M., & Sokhna, C. (2018). MALDI-TOF MS and point of care are disruptive diagnostic tools in Africa. *New microbes and new infections*, 26, S83-S88.
101. Chaiba, A., & Filali, F. R. (2016). Prévalence de la contamination par Salmonella des élevages de poulet de chair au Maroc. *Cahiers Agricultures*, 25(3), 35007.
102. Chatellet, M.-C. (2007). *Modalités d'utilisation des antibiotiques en élevage bovin, enquête en Anjou*.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

103. Chaudhry, T. H., Aslam, B., Arshad, M. I., Alvi, R. F., Muzammil, S., Yasmeen, N., . . . Baloch, Z. (2020). Emergence of bla_{NDM-1} harboring *Klebsiella pneumoniae* ST29 and ST11 in veterinary settings and waste of Pakistan. *Infection and Drug Resistance*, 13, 3033.
104. Chauvin, C., Le Bouquin, S., & Sanders, P. (2012). Usage des antibiotiques en filières porcine, avicole et cunicole en France. Résultats d'enquêtes. *Bulletin Epidémiologique*.
105. Cheghib, H. (2015). Contribution à l'analyse Bactériologique de la viande rouge et application d'une démarche qualité au niveau de l'abattoir de la ville de Guelma.
106. Chellig, r. (1992). Les races ovines algériennes (pp. . 80 p.): O.p.u. alger.
107. Chen, J., & Griffiths, M. W. (1998). PCR differentiation of *Escherichia coli* from other gram-negative bacteria using primers derived from the nucleotide sequences flanking the gene encoding the universal stress protein. *Lett Appl Microbiol*, 27(6), 369-371.
108. Childers, A., Keahey, E., & Kotula, A. (1977). Reduction of *Salmonella* and fecal contamination of pork during swine slaughter. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 171(11), 1161-1164.
109. Chong, E. S., Bidin, Z., Bakar, N., & Zulfakar, S. S. (2017). Bacterial contamination on beef carcass at selected abattoirs located in Selangor, Malaysia. *Malaysian Applied Biology*, 46(1), 37-43.
110. Chriél, M., Stryhn, H., & Dauphin, G. (1999). Generalised linear mixed models analysis of risk factors for contamination of Danish broiler flocks with *Salmonella typhimurium*. *Preventive veterinary medicine*, 40(1), 1-17.
111. Ciprián, A., Palacios, J., Quintanar, D., Batista, L., Colmenares, G., Cruz, T., . . . Mendoza, S. (2012). Florfenicol feed supplemented decrease the clinical effects of *Mycoplasma hyopneumoniae* experimental infection in swine in México. *Research in veterinary science*, 92(2), 191-196.
112. Claire, V., Fabien, C. (2013). *Médicaments. VG. 2013. (Pharma-Memo)*.
113. Clark, A. E., Kaleta, E. J., Arora, A., & Wolk, D. M. (2013). Matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry: a fundamental shift in the routine practice of clinical microbiology. *Clinical microbiology reviews*, 26(3), 547-603.
114. Cohen, N., Karib, H. (2006). Risque hygiénique lié à la présence des *Escherichia coli* dans les viandes et les produits carnés: Un réel problème de santé publique? *Les technologies de laboratoire*, 1(1).
115. Coignard, B. (2019). Antibiorésistance: la situation en France et dans le monde. *Bulletin de l'Académie Nationale de Médecine*, 203(3-4), 159-169.
116. Collignon, P. J., & McEwen, S. A. (2019). One health—its importance in helping to better control antimicrobial resistance. *Tropical medicine and infectious disease*, 4(1), 22.
117. Collobert, J.-F., Dorey, F., Dieuleveux, & V., Q., N. (2002). Qualité bactériologique de surface de carcasses de bovins. *Sciences des aliments*(22(3)), 327-334.
118. Collobert, J.-F., Dorey, F., Dieuleveux, V., & QUILLIEN, N. (2002). Qualité bactériologique de surface de carcasses de bovins. *Sciences des aliments*, 22(3), 327-334.
119. Collobert, J., Dieuleveux, V., Theze, S., & Dorey, F. (2007). Évaluation de l'efficacité du nettoyage et de la désinfection d'un atelier de découpe de viande bovine. *Sciences des aliments*, 27(1), 47-58.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

120. Corrége, I. H., Anne;Gouvars, Benoît. (2009). Conditions d'élevage associées à la séroprévalence salmonelles des porcs en fin d'engraissement. *Journées Rech. Porcine*, 41, 35-42.
121. Correia, S., Poeta, P., Hébraud, M., Capelo, J. L., & Igrejas, G. (2017). Mechanisms of quinolone action and resistance: where do we stand? *Journal of medical microbiology*, 66(5), 551-559.
122. Cossart, P., & Sansonetti, P. J. (2004). Bacterial invasion: the paradigms of enteroinvasive pathogens. *Science*, 304(5668), 242-248.
123. Courvalin, P., & Philippon, A. (1989). Mécanismes biochimiques de la résistance bactérienne aux agents antibactériens. *Bactériologie médicale. Paris: Flammarion*, 332-355.
124. Coyne, L., Latham, S., Dawson, S., Donald, I., Pearson, R., Smith, R., . . . Pinchbeck, G. (2018). Antimicrobial use practices, attitudes and responsibilities in UK farm animal veterinary surgeons. *Preventive veterinary medicine*, 161, 115-126.
125. Coyne, L., Latham, S., Williams, N., Dawson, S., Donald, I., Pearson, R., . . . Pinchbeck, G. (2016). Understanding the culture of antimicrobial prescribing in agriculture: a qualitative study of UK pig veterinary surgeons. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 71(11), 3300-3312.
126. Croxen, M. A., Law, R. J., Scholz, R., Keeney, K. M., Wlodarska, M., & Finlay, B. B. (2013). Recent advances in understanding enteric pathogenic Escherichia coli. *Clinical microbiology reviews*, 26(4), 822-880.
127. Dachy, A. (1993). *Contribution à l'étude de la contamination bactérienne superficielle des carcasses d'agneaux*.
128. Dahmen, S., Mansour, W., Boujaafar, N., Arlet, G., & Bouallegue, O. (2010). Distribution of cotrimoxazole resistance genes associated with class 1 integrons in clinical isolates of Enterobacteriaceae in a university hospital in Tunisia. *Microbial Drug Resistance*, 16(1), 43-47.
129. Daignault A, B. R., Moreau J. (2009). *La diarrhée chez l'agneau, un sujet à "éviter"*. Paper presented at the Symposium ovin, Centre de référence en agriculture et agroalimentaire.
130. Dal Pozzo, F., Callens, B., & Dewulf, J. (2018). La résistance aux antibiotiques et le risque de transmission à partir des animaux et des aliments d'origine animale. *noso info*, XXII.
131. Daniel, D. (2012). Le parasitisme printanier des agneaux à l'herbe. Réussir Pâtre Retrieved December 2020
132. David, V., Bleaugrand, F., Gay, E., Bastien, J., & Ducrot, C. (2019). Évolution de l'usage des antibiotiques en filières bovines: État d'avancement et perspectives. *INRAE Prod. Anim*, 32, 291-304.
133. Davies, J., & Davies, D. (2010). Resistance origins and evolution of antibiotic. *Microbiology and Molecular Biology reviews. Microbiol Mol Biol Rev*, 74(3), 417-433.
134. Davin-Regli, A., & Pagès, J.-M. (2015). Enterobacter aerogenes and Enterobacter cloacae; versatile bacterial pathogens confronting antibiotic treatment. *Frontiers in microbiology*, 6, 392.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

135. de Jong, A., Bywater, R., Butty, P., Deroover, E., Godinho, K., Klein, U., . . . Thomas, V. (2009). A pan-European survey of antimicrobial susceptibility towards human-use antimicrobial drugs among zoonotic and commensal enteric bacteria isolated from healthy food-producing animals. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 63(4), 733-744.
136. Deekshit, V., Kumar, B., Rai, P., Srikumar, S., & Karunasagar, I. (2012). Detection of class 1 integrons in *Salmonella* Weltevreden and silent antibiotic resistance genes in some seafood-associated nontyphoidal isolates of *Salmonella* in south-west coast of India. *Journal of applied microbiology*, 112(6), 1113-1122.
137. Dekhili, M., & Aggoun, A. (2013). Path coefficient analysis of body weight and biometric traits in Ouled-Djellal breed (Algeria). *Revue Agriculture*, 6, 41-46.
138. del Pozo Sacristán, R. (2014). *Treatment and control of Mycoplasma hyopneumoniae infections*. Ghent University.
139. Dennaï, N., Kharrati, B., & El Yachioui, M. (2001). Appréciation de la qualité microbiologique des carcasses de bovins fraîchement abattus. *Ann. Méd. Vét*, 145, 270-274.
140. Diarra, M. S., & Malouin, F. (2014). Antibiotics in Canadian poultry productions and anticipated alternatives. *Frontiers in microbiology*, 5, 282.
141. Dib, A. L., Chahed, A., Lakhdara, N., Agabou, A., Boussena, S., Ghougal, K., . . . Bouaziz, A. (2019a). Preliminary investigation of the antimicrobial and mechanisms of resistance of Enterobacteria isolated from minced meat in the Northeast of Algeria: The case of butchers from Constantine.
142. Dib, A. L., Chahed, A., Lakhdara, N., Agabou, A., Boussena, S., Ghougal, K., . . . Bouaziz, A. (2019b). Preliminary investigation of the antimicrobial and mechanisms of resistance of Enterobacteria isolated from minced meat in the Northeast of Algeria: The case of butchers from Constantine. *Integr Food Nutr Metab*, 6, 1-7.
143. Djagadou, K. A., Tchamdja, T., Némi, K. D., Djalogue, L., Balaka, A., & Djibril, M. A. (2019). Evaluation des prescriptions antibiotiques au service des urgences médicales du centre Hospitalier Sylvanus Olympio de Lomé. *Journal de la Recherche Scientifique de l'Université de Lomé*, 21(4-1), 283-287.
144. Djeflal, S., Mamache, B., Elgroud, R., Hireche, S., & Bouaziz, O. (2018). Prevalence and risk factors for *Salmonella* spp. contamination in broiler chicken farms and slaughterhouses in the northeast of Algeria. *Veterinary world*, 11(8), 1102.
145. Dobrindt, U., Chowdary, M. G., Krumbholz, G., & Hacker, J. (2010). Genome dynamics and its impact on evolution of *Escherichia coli*. *Medical microbiology and immunology*, 199(3), 145-154.
146. Dognon, S. R., Antoine-Moussiaux, N., Douny, C., Gustin, P., Moula, N., Scippo, M.-L., & Youssao, A. (2018). The use of antibiotics in cattle in North-East Benin: pharmaceutical inventory and risk practices of cattle breeders. *Tropical animal health and production*, 50(7), 1683-1699.
147. Dortet, L., Bonnin, R., Jousset, A., Gauthier, L., & Naas, T. (2016). Émergence de la résistance à la colistine chez les entérobactéries: une brèche dans le dernier rempart contre la pan-résistance! *Journal des Anti-infectieux*, 18(4), 139-159.
148. Doyle, M. E. (2015). Multidrug-resistant pathogens in the food supply. *Foodborne Pathogens and Disease*, 12(4), 261-279.

149. DPSB. (2019). Direction de la programmation et du suivi du budget : Les données de la wilaya d'Oum El Bouaghi.
150. Dsani, E., Afari, E. A., Danso-Appiah, A., Kenu, E., Kaburi, B. B., & Egyir, B. (2020). Antimicrobial resistance and molecular detection of extended spectrum β -lactamase producing *Escherichia coli* isolates from raw meat in Greater Accra region, Ghana. *BMC microbiology*, 20(1), 1-8.
151. DSV. (2018). la note ministérielle N° 1346/04/2018 A/S la liste des substances pharmacologiquement actives interdites d'utilisation en médecine vétérinaire
152. DSV. (2022). Note technique relative aux normes minimales des construction et equipements d'une tuerie.
153. Dubois-Brissonnet, F., & Guillier, L. (2020). Les maladies microbiennes d'origine alimentaire. *Cahiers de Nutrition et de Diététique*, 55(1), 30-38.
154. Ducrot, C., Fric, D., Lalmanach, A.-C., Monnet, V., Sanders, P., & Schouler, C. (2017). Perspectives d'alternatives thérapeutiques antimicrobiennes aux antibiotiques en élevage.
155. Duffy, L., Small, A., & Fegan, N. (2010). Concentration and prevalence of *Escherichia coli* O157 and *Salmonella* serotypes in sheep during slaughter at two Australian abattoirs. *Australian veterinary journal*, 88(10), 399-404.
156. Durso, L. M., Harhay, G. P., Bono, J. L., & Smith, T. P. (2011). Virulence-associated and antibiotic resistance genes of microbial populations in cattle feces analyzed using a metagenomic approach. *Journal of microbiological methods*, 84(2), 278-282.
157. Ebomah, K. E., & Okoh, A. I. (2021). Enterobacter cloacae harbouring blaNDM-1, blaKPC, and blaOXA-48-like carbapenem-resistant genes isolated from different environmental sources in South Africa. *International Journal of Environmental Studies*, 78(1), 151-164. doi: 10.1080/00207233.2020.1778274
158. Ebongue, C. O., Tsiatzok, M. D., Mefo'o, J. P. N., Ngaba, G. P., Beyiha, G., & Adio, D. (2015). Evolution de la résistance aux antibiotiques des entérobactéries isolées à l'Hôpital Général de Douala de 2005 à 2012. *The Pan African Medical Journal*, 20.
159. ECDC. (2021). (European Centre for Disease Prevention and Control),Multi-country outbreak of *Salmonella* Enteritidis sequence type (ST)11 infections linked to poultry products in the EU/EEA and the United Kingdom.
160. EFSA. (2021). The European Union One Health 2020 Zoonoses Report. *EFSA Journal*, 19(12). doi: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6971>
161. Eibach, D., Dekker, D., Boahen, K. G., Akenten, C. W., Sarpong, N., Campos, C. B., . . . Owusu-Dabo, E. (2018). Extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in local and imported poultry meat in Ghana. *Veterinary microbiology*, 217, 7-12.
162. Eisel, W., Linton, R., & Muriana, P. (1997). A survey of microbial levels for incoming raw beef, environmental sources, and ground beef in a red meat processing plant. *Food microbiology*, 14(3), 273-282.
163. Eisenstein, B., .Schaechter, M. (2013). *Establishment of infectious diseases*. In: Engleberg NC, DiRita V, Dermody TS, editors. *Mechanisms of microbial diseases*. Philadelphia: Wolters Kluwer/Lippincott Williams & Wilkins; 2013. p. 3–10.
164. Elabbasy, M. T., Hussein, M. A., Algahtani, F. D., Abd El-Rahman, G. I., Morshdy, A. E., Elkafrawy, I. A., & Adeboye, A. A. (2021). MALDI-TOF MS based typing for rapid

- screening of multiple antibiotic resistance E. coli and virulent non-O157 shiga toxin-producing E. coli isolated from the slaughterhouse settings and beef carcasses. *Foods*, 10(4), 820.
165. Elder, R. O., Keen, J. E., Siragusa, G. R., Barkocy-Gallagher, G. A., Koochmarai, M., & Laegreid, W. W. (2000). Correlation of enterohemorrhagic Escherichia coli O157 prevalence in feces, hides, and carcasses of beef cattle during processing. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(7), 2999-3003.
166. Elgroud, R. (2009). Contaminations du poulet de chair par les salmonelles non typhiques en élevages et abattoirs de la wilaya de Constantine: Caractérisations phénotypiques et génotypiques par ERIC-PCR, IS-PCR et PFGE. *Thèse de Doctorat en Sciences Vétérinaires, Option Biologie Animale. Université Mentouri Constantine, Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Département des Sciences Vétérinaires*, 149p.
167. Elgroud, R., Zerdoumi, F., Benazzouz, M., Bouzitouna, C., Granier, S., Brisabois, A., . . . Millemann, Y. (2008). Contaminations du poulet de chair par les salmonelles non typhiques dans les élevages et abattoirs de la wilaya de Constantine. *Sciences & Technologie. C, Biotechnologies*, 37-48.
168. Eliopoulos, G. M., & Huovinen, P. (2001). Resistance to trimethoprim-sulfamethoxazole. *Clinical infectious diseases*, 32(11), 1608-1614.
169. Enne, V. I., Livermore, D. M., Stephens, P., & Hall, L. M. (2001). Persistence of sulphonamide resistance in Escherichia coli in the UK despite national prescribing restriction. *The lancet*, 357(9265), 1325-1328.
170. Eva, P. (2013). *Plan d'Action Salmonelles(PAS)Lutte contre les salmonelles zoonotiques chez les volailles*.
171. Fan, P., Bian, B., Teng, L., Nelson, C. D., Driver, J., Elzo, M. A., & Jeong, K. C. (2020). Host genetic effects upon the early gut microbiota in a bovine model with graduated spectrum of genetic variation. *The ISME journal*, 14(1), 302-317.
172. FAO. (2018). Food Outlook BIENNIAL REPORT ON GLOBAL FOOD MARKETS of the Food and Agriculture organization of the United Nations. <http://www.fao.org/3/CA0239EN/ca0239en.pdf>
173. FAO. (2019). Food Outlook BIENNIAL REPORT ON GLOBAL FOOD MARKETS of the Food and Agriculture organization of the United Nations.
174. Fernández, L., & Hancock, R. E. (2012). Adaptive and mutational resistance: role of porins and efflux pumps in drug resistance. *Clinical microbiology reviews*, 25(4), 661-681.
175. Filiachi, k., Abdelfattah, M et Ouaki, K. . (2003). Rapport National sur les Ressources Génétiques : Algérie.
176. Findlay, J., Mounsey, O., Lee, W., Newbold, N., Morley, K., Schubert, H., . . . Avison, M. (2019). Molecular epidemiology of Escherichia coli producing CTX-M and plasmid AmpC-type β -lactamases from dairy farms identifies a dominant plasmid encoding CTX-M-32 but no evidence for transmission to humans in the same geographical region.
177. Fischer, C. D., Duquette, S. C., Renaux, B. S., Feener, T. D., Morck, D. W., Hollenberg, M. D., . . . Buret, A. G. (2014). Tulathromycin exerts proresolving effects in bovine neutrophils by inhibiting phospholipases and altering leukotriene B4, prostaglandin E2, and lipoxin A4 production. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 58(8), 4298-4307.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

178. Fliss, I., Simard, R., & Ettriki, A. (1991). Microbiological quality of different fresh meat species in Tunisian slaughterhouses and markets. *Journal of food protection*, 54(10), 773-777.
179. Fortini, D., Fashae, K., García-Fernández, A., Villa, L., & Carattoli, A. (2011). Plasmid-mediated quinolone resistance and β -lactamases in *Escherichia coli* from healthy animals from Nigeria. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 66(6), 1269-1272.
180. Founou, L. L., Founou, R. C., & Essack, S. Y. (2016). Antibiotic resistance in the food chain: a developing country-perspective. *Frontiers in microbiology*, 7, 1881.
181. Fravallo, P., Proux, K., Eveno, E., Rose, V., Humbert, F., Salvat, G., & Madec, F. (1999). Bacteriological assessment of the *Salmonella* status of market-aged pigs.
182. Freire Martín, I., AbuOun, M., Reichel, R., La Ragione, R. M., & Woodward, M. J. (2014). Sequence analysis of a CTX-M-1 IncII plasmid found in *Salmonella* 4, 5, 12: i- ϕ , *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* on a UK pig farm. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 69(8), 2098-2101.
183. Fremaux, B., Prigent-Combaret, C., & Vernozy-Rozand, C. (2008). Long-term survival of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in cattle effluents and environment: an updated review. *Veterinary microbiology*, 132(1-2), 1-18.
184. Freney, J., Girardo, P., Freydière, A. M., Renaud, F. N. R. (2006). Entérobactéries biologie
185. Clinique (pp. 1-2).
186. Fris, C., & Van Den Bos, J. (1995). A retrospective case-control study of risk factors associated with *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Enteritidis infections on Dutch broiler breeder farms. *Avian Pathology*, 24(2), 255-272.
187. Furuya, E. Y., & Lowy, F. D. (2006). Antimicrobial-resistant bacteria in the community setting. *Nature Reviews Microbiology*, 4(1), 36-45.
188. Fyfe, C., Grossman, T. H., Kerstein, K., & Sutcliffe, J. (2016). Resistance to macrolide antibiotics in public health pathogens. *Cold Spring Harbor perspectives in medicine*, 6(10), a025395.
189. Gandolfi, I., Franzetti, A., Bertolini, V., Gaspari, E., & Bestetti, G. (2011). Antibiotic resistance in bacteria associated with coarse atmospheric particulate matter in an urban area. *Journal of applied microbiology*, 110(6), 1612-1620.
190. García-Feliz, C., Collazos, J., Carvajal, A., Herrera, S., Echeita, M., & Rubio, P. (2008). Antimicrobial resistance of *Salmonella enterica* isolates from apparently healthy and clinically ill finishing pigs in Spain. *Zoonoses and public health*, 55(4), 195-205.
191. Gardien, E., Olive, C., Chout, R., Garcera, Y., & Jouannelle, J. (1997). Les entérobactéries hospitalières en Martinique en 1995: distribution des phénotypes de résistance aux β -lactamines de 4 511 souches, urinaires et non urinaires. *Médecine et maladies infectieuses*, 27(11), 888-892.
192. Gautier-Bouchardon, A. V. (2018). Antimicrobial resistance in *Mycoplasma* spp. *Antimicrobial Resistance in Bacteria from Livestock and Companion Animals*, 425-446.
193. Gedilaghine, V. (2005). *La rationalisation du traitement des mammites en exploitation laitière. Conception et réalisation d'une enquête d'évaluation de la mise en place de l'action GTV Partenaire dans le Département de la Manche.*

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

194. Ghafir, Y., China, B., Dierick, K., De Zutter, L., & Daube, G. (2008). Hygiene indicator microorganisms for selected pathogens on beef, pork, and poultry meats in Belgium. *Journal of food protection*, 71(1), 35-45.
195. Gibbons, I.-s., Adesiyun, A., Seepersadsingh, N., & Rahaman, S. (2006). Investigation for possible source (s) of contamination of ready-to-eat meat products with *Listeria* spp. and other pathogens in a meat processing plant in Trinidad. *Food Microbiology*, 23(4), 359-366.
196. GIPAC. (2017). Guide de Biosécurité dans les élevages avicoles au Moyen Orient et en Afrique du Nord. (pp. 36). Retrieved from <http://www.gipac.tn/index.php/9-uncategorised/358-note-circulaire-29-10-47>.
197. Goldstein, I., Wallet, F., Robert, J., Becquemin, M.-H., Marquette, C.-H., Rouby, J.-J., & Group, E. I. S. (2002). Lung tissue concentrations of nebulized amikacin during mechanical ventilation in piglets with healthy lungs. *American journal of respiratory and critical care medicine*, 165(2), 171-175.
198. Goulette, R. R. (2007). Investigation of Safe-Level Testing for Beta-lactam, Sulfonamide, and Tetracycline Residues in Commingled Bovine Milk.
199. Gow, A. G., Gow, D. J., Hall, E. J., Langton, D., Clarke, C., & Papasouliotis, K. (2009). Prevalence of potentially pathogenic enteric organisms in clinically healthy kittens in the UK. *Journal of Feline Medicine and Surgery*, 11(8), 655-662.
200. Gradel, K. O., & Rattenborg, E. (2003). A questionnaire-based, retrospective field study of persistence of *Salmonella* Enteritidis and *Salmonella* Typhimurium in Danish broiler houses. *Preventive veterinary medicine*, 56(4), 267-284.
201. Grami, R., Mansour, W., Mehri, W., Bouallègue, O., Boujaâfar, N., Madec, J.-Y., & Haenni, M. (2016). Impact of food animal trade on the spread of mcr-1-mediated colistin resistance, Tunisia, July 2015. *Eurosurveillance*, 21(8), 30144.
202. Grape, M., Farra, A., Kronvall, G., & Sundström, L. (2005). Integrons and gene cassettes in clinical isolates of co-trimoxazole-resistant Gram-negative bacteria. *Clinical microbiology and infection*, 11(3), 185-192.
203. Gregova, G., Kmetova, M., Kmet, V., Venglovsky, J., & Feher, A. (2012). Antibiotic resistance of *Escherichia coli* isolated from a poultry slaughterhouse. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine*, 19(1).
204. Greig, J., & Ravel, A. (2009). Analysis of foodborne outbreak data reported internationally for source attribution. *International journal of food microbiology*, 130(2), 77-87.
205. Greig, J., Thurtle, N., Cooney, L., Ariti, C., Ahmed, A. O., Ashagre, T., . . . Gómez-Restrepo, C. (2014). Association of blood lead level with neurological features in 972 children affected by an acute severe lead poisoning outbreak in Zamfara State, northern Nigeria. *PLoS One*, 9(4), e93716.
206. Grimont, P. A., & Weill, F.-X. (2007). Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. *WHO collaborating centre for reference and research on Salmonella*, 9, 1-166.
207. Guerissi, D. E. (2009). La population bovine locale : Typologie et caractéristiques structurelles. *Magazine vétérinaire libre Dzvet*, 1.
208. Guerra, B., Junker, E., Schroeter, A., Malorny, B., Lehmann, S., & Helmuth, R. (2003). Phenotypic and genotypic characterization of antimicrobial resistance in German

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Escherichia coli isolates from cattle, swine and poultry. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 52(3), 489-492.
209. Guillot, J.-F., Bastien, J., Bertin, J., Bousquet-Mélou, A., Bruneau, M., Chauvin, C., . . . Gidenne, T. (2014). *Evaluation des risques d'émergence d'antibiorésistances liés aux modes d'utilisation des antibiotiques dans le domaine de la santé animale*. Anses.
210. Gustin, P., & Houvenaghel, A. (2001). Répertoire commenté des médicaments à usage vétérinaire: Substances organotropes et immunologiques (Fascicule 3).
211. Gyles, C. (2007). Shiga toxin-producing Escherichia coli: an overview. *Journal of animal science*, 85(suppl_13), E45-E62.
212. Haileselassie, M., Taddele, H., Adhana, K., & Kalayou, S. (2013). Food safety knowledge and practices of abattoir and butchery shops and the microbial profile of meat in Mekelle City, Ethiopia. *Asian Pacific journal of tropical biomedicine*, 3(5), 407-412.
213. Hamiche, S. (2019). La consommation de volaille en hausse de 10 % par an en Algérie, *Tribune ouest* Retrieved from <https://www.ouestribune-dz.com/fr/la-consommation-de-volaille-en-hausse-de-10-par-an-en-algerie/>
214. Hamidechi, M., & Meziani, M. (2011). CONTRIBUTION DU DIAGNOSTIC BIOCHIMIQUE BACTERIEN DANS L'ETABLISSEMENT DES PARENTES PHYLOGENETIQUES: CAS DES Enterobacteriaceae ET Pseudomonas sp. *Sciences & Technologie. C, Biotechnologies*, 24-31.
215. Hammerum, A. M., Sandvang, D., Andersen, S. R., Seyfarth, A. M., Porsbo, L. J., Frimodt-Møller, N., & Heuer, O. E. (2006). Detection of sul1, sul2 and sul3 in sulphonamide resistant Escherichia coli isolates obtained from healthy humans, pork and pigs in Denmark. *International journal of food microbiology*, 106(2), 235-237.
216. Hamoudi, A., & Aggad, H. (2008). Antibioresistance of Escherichia coli strains isolated from chicken colibacillosis in Western Algeria. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 32(2), 123-126.
217. Hancock, R. E., & Chapple, D. S. (1999). Peptide antibiotics. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 43(6), 1317-1323.
218. Hanson, Loneragan, G., Brown, T., Nisbet, D., Hume, M., & Edrington, T. (2016). Evidence supporting vertical transmission of Salmonella in dairy cattle. *Epidemiology & Infection*, 144(5), 962-967.
219. Harbottle, H., Thakur, S., Zhao, S., & White, D. (2006). Genetics of antimicrobial resistance. *Animal biotechnology*, 17(2), 111-124.
220. Harket, S., . Lafri, M. (2007). Effet des traitements hormonaux sur les paramètres de reproduction chez des brebis «Ouled-Djellal». *Courrier du savoir*, 8, 125-132.
221. Harrag Masbah, & Youssef, B. (2019). La sécurité alimentaire en Algérie Une étude analytique sur les céréales. *Revue de l'économie financière et des affaires* 03(02), p 162-188.
222. Hart, C. A. (2006). Klebsiella, citrobacter, enterobacter and serratia spp. *Principles and practice of Clinical Bacteriology*, 377-386.
223. Hasan, B., & Järhult, J. D. (2015). Absence of vancomycin-resistant enterococci among highly ESBL-positive crows (Corvus splendens) foraging on hospital waste in Bangladesh. *Infection Ecology & Epidemiology*, 5(1), 29761.
224. Hasman, H., Mevius, D., Veldman, K., Olesen, I., & Aarestrup, F. M. (2005). β -Lactamases among extended-spectrum β -lactamase (ESBL)-resistant Salmonella from

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- poultry, poultry products and human patients in The Netherlands. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 56(1), 115-121.
225. Hassing, R. J., Alsmas, J., Arcilla, M. S., van Genderen, P. J., Stricker, B. H., & Verbon, A. (2015). International travel and acquisition of multidrug-resistant Enterobacteriaceae: a systematic review. *Eurosurveillance*, 20(47), 30074.
226. Health, E. P. o. A., & Welfare. (2012). Scientific Opinion on Review of the European Union Summary Report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2009 and 2010 specifically for the data related to bovine tuberculosis, Echinococcus, Q fever, brucellosis and non-food borne diseases. *EFSA Journal*, 10(6), 2765.
227. Hellberg, R. S., & Chu, E. (2016). Effects of climate change on the persistence and dispersal of foodborne bacterial pathogens in the outdoor environment: A review. *Critical reviews in microbiology*, 42(4), 548-572.
228. Hendriksen, R. S., Vieira, A. R., Karlsmose, S., Lo Fo Wong, D. M., Jensen, A. B., Wegener, H. C., & Aarestrup, F. M. (2011). Global monitoring of Salmonella serovar distribution from the World Health Organization Global Foodborne Infections Network Country Data Bank: results of quality assured laboratories from 2001 to 2007. *Foodborne pathogens and disease*, 8(8), 887-900.
229. Heredia, N., & García, S. (2018). Animals as sources of food-borne pathogens: A review. *Animal nutrition*, 4(3), 250-255.
230. Heyndrickx, M., Vandekerchove, D., Herman, L., Rollier, I., Grijspeerdt, K., & De Zutter, L. (2002). Routes for Salmonella contamination of poultry meat: epidemiological study from hatchery to slaughterhouse. *Epidemiology & Infection*, 129(2), 253-265.
231. Hidron, A. I., Edwards, J. R., Patel, J., Horan, T. C., Sievert, D. M., Pollock, D. A., & Fridkin, S. K. (2008). National Healthcare Safety Network Team; Participating National Healthcare Safety Network Facilities. NHSN annual update: antimicrobial-resistant pathogens associated with healthcare-associated infections: annual summary of data reported to the National Healthcare Safety Network at the Centers for Disease Control and Prevention, 2006-2007. *Infect Control Hosp Epidemiol*, 29(11), 996-1011.
232. Hooper, D. C., & Jacoby, G. A. (2015). Mechanisms of drug resistance: quinolone resistance. *Annals of the New York academy of sciences*, 1354(1), 12-31.
233. Hunter, P. R. (1990). Reproducibility and indices of discriminatory power of microbial typing methods. *Journal of clinical microbiology*, 28(9), 1903-1905.
234. Hutchison, M., Walters, L., Mead, G., Howell, M., & Allen, V. (2006). An assessment of sampling methods and microbiological hygiene indicators for process verification in poultry slaughterhouses. *Journal of food protection*, 69(1), 145-153.
235. Huybens, N., Mainil, J., & Marlier, D. (2009). *Biomolecular methods to assess complex bacterial populations*. Paper presented at the Annales de Médecine Vétérinaire.
236. Iabadene, H., Messai, Y., Ammari, H., Alouache, S., Verdet, C., Bakour, R., & Arlet, G. (2009). Prevalence of plasmid-mediated AmpC β -lactamases among Enterobacteriaceae in Algiers hospitals. *International journal of antimicrobial agents*, 34(4), 340-342.
237. Iabadene, H., Messai, Y., Ammari, H., Ramdani-Bouguessa, N., Lounes, S., Bakour, R., & Arlet, G. (2008). Dissemination of ESBL and Qnr determinants in Enterobacter cloacae in Algeria. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 62(1), 133-136.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

238. Ibrahim, R. A., Cryer, T. L., Lafi, S. Q., Basha, E.-A., Good, L., & Tarazi, Y. H. (2019). Identification of *Escherichia coli* from broiler chickens in Jordan, their antimicrobial resistance, gene characterization and the associated risk factors. *BMC veterinary research*, 15(1), 1-16.
239. ICMSF. (1998). International Commission on Microbiological Specifications for Foods Working Group on Microbial Risk Assessment: Potential application of risk assessment techniques to microbiological issues related to international trade in food and food products. *Journal of Food Protection*, 61(8), 1075-1086.
240. INSP. (2019). Info-santé. Bulletin d'information de santé publique, Algérie.
241. InVS. (2016). Surveillance des toxi-infections alimentaires collectives. Données de la déclaration obligatoire en 2016.
242. Ismail, Z. B., & Abutarbush, S. M. (2020). Molecular characterization of antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolates from bovine mastitis. *Veterinary World*, 13(8), 1588.
243. ITAVI. (2019). Fiche Technique n°7B : Je gère le lisier de volaille de chair (hors palmipèdes) du stockage à l'épandage. <https://www.itavi.asso.fr/content/je-gere-le-lisier-de-volaille-de-chair-hors-palmipedes-du-stockage-lepandage>
244. ITELV. (2017). Institut Technique de l'Élevage – Fiche technique conduite d'élevage du poulet de chair – DFRV, Alger 6 p
245. ITELV. (2021). Institut Technique de l'Élevage – La production animale en Algérie – DFRV, Alger 10 p.
246. Jacoby, G. A. (2009). AmpC β -lactamases. *Clinical microbiology reviews*, 22(1), 161-182.
247. Jacques, B., . Sébastien, F. (2016). actualiés pharmaceutiques.
248. Jacquier, H., Le Monnier, A., Carbonnelle, E., Corvec, S., Illiaquer, M., Bille, E., . . . Tankovic, J. (2012). In vitro antimicrobial activity of “last-resort” antibiotics against unusual nonfermenting Gram-negative bacilli clinical isolates. *Microbial drug resistance*, 18(4), 396-401.
249. Jahan, S. (2012). Epidemiology of foodborne illness. *Scientific, Health and Social Aspects of the Food Industry*, 1, 321-342.
250. Jaja, I. F., Bhembe, N. L., Green, E., Oguttu, J., & Muchenje, V. (2019). Molecular characterisation of antibiotic-resistant *Salmonella enterica* isolates recovered from meat in South Africa. *Acta tropica*, 190, 129-136.
251. Jan-Roblero, J., Cruz-Maya, J. A., & Barajas, C. G. (2020). *Kosakonia Beneficial Microbes in Agro-Ecology* (pp. 213-231): Elsevier.
252. Janda, J., & Abbott, S. (2006). The genera *Klebsiella* and *Raoultella*. *The enterobacteria*, 2, 115-129.
253. Jarallah, E. M., Sahib, S., & Yassen, K. (2014). Isolation and Identification of some pathogenic Bacterial Species Contaminated from Meats in Butchers Shops and Kebab Restaurants in AL-Kut city. *Euphrates Journal of Agriculture Science*, 6(437-30), ملحق.
254. Jasson, V., Jacxsens, L., Luning, P., Rajkovic, A., & Uyttendaele, M. (2010). Alternative microbial methods: An overview and selection criteria. *Food microbiology*, 27(6), 710-730.
255. Jeune, D. (2011). *Pratiques de médecines alternatives en élevage bovin français*.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

256. JO. (2004). Décret exécutif n°04-82 du 26 Moharram 1425 correspondant au 18 mars 2004 fixant les conditions et modalités d'agrément sanitaire des établissements dont l'activité est liée aux animaux, produits animaux et d'origine animale ainsi que de leur transport. *JOURNAL OFFICIEL DE LA REPUBLIQUE ALGERIENNE N°17*.
257. JO. (2017). JOURNAL OFFICIEL DE LA REPUBLIQUE ALGERIENNE N°24 D'Écret exÉcutif n°17-140 du 14 Rajab 1438 correspondant au 11 avril 2017 fixant les conditions d'hygiÈne et de salubritÈ lors du processus de mise à la consommation humaine des denrÈes alimentaires.
258. JO. (2021). Journal Officiel de la République Algérienne Démocratique et populaire N° 07: Arrêté interministériel du 15 Rabie Ethani 1442 correspondant au 1er décembre 2020 fixant les conditions et les modalités de mise en œuvre du système d'analyse des dangers et des points critiques pour leur maîtrise (HACCP).
259. Johnson, J. R., Kuskowski, M. A., Menard, M., Gajewski, A., Xercavins, M., & Garau, J. (2006). Similarity between human and chicken *Escherichia coli* isolates in relation to ciprofloxacin resistance status. *The Journal of infectious diseases*, 194(1), 71-78.
260. Joly-Guillou, M., Bergogne-Berezin, E., & Vieu, J. (1990). A study of the relationships between antibiotic resistance phenotypes, phage-typing and biotyping of 117 clinical isolates of *Acinetobacter* spp. *Journal of Hospital Infection*, 16(1), 49-58.
261. Joly, B., & Reynaud, A. (2004). Entérobactéries: systématique et méthodes de diagnostic. *FEUILLETS DE BIOLOGIE*, 69-69.
262. Kadzere, C. T., Murphy, M., Silanikove, N., & Maltz, E. (2002). Heat stress in lactating dairy cows: a review. *Livestock production science*, 77(1), 59-91.
263. Kaper, J., Nataro, J., & Mobley, H. (2004). Nature reviews. Microbiology. *Nat Rev Microbiol*, 2(2), 123-140.
264. Karib, H., Bazri, L., YANGÜELA, J., Blanco, D., & Herrera, A. (1994). Appréciation de l'hygiène des abattoirs par l'analyse bactériologique des carcasses bovines. *Viandes et produits carnés (Aubière)*, 15(3), 79-82.
265. Kassah-Laouar, A. (2020). De la définition princeps à la totorésistance. *Revue Aurassienne du laboratoire*, 29.
266. Kern-Benaibout, E. (2006). *Escherichia coli* potentiellement pathogènes pour l'homme: synthèse bibliographique sur le portage par les animaux domestiques et la transmission à l'homme par la contamination de l'environnement.
267. Kern, M., Klemmensen, T., Frimodt-Møller, N., & Espersen, F. (2002). Susceptibility of Danish *Escherichia coli* strains isolated from urinary tract infections and bacteraemia, and distribution of sul genes conferring sulphonamide resistance. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 50(4), 513-516.
268. Khalifa, A. (1986). *Origine des contaminations superficielles des carcasses de bovins à l'abattoir. Techniques de prélèvements*. Thèse de Maîtrise en sciences vétérinaires, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort.
269. Khelef, D., Saib, M., Akam, A., Kaidi, R., Chirila, V., Cozma, V., & Adjou, K. (2007). Épidémiologie de la cryptosporidiose chez les bovins en Algérie. *Revue de médecine vétérinaire*, 158(5), 260-264.
270. Koulikoff, F. s. d. (2018). Résistance aux antibiotiques.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

271. Kudva, I. T., Blanch, K., & Hovde, C. J. (1998). Analysis of *Escherichia coli* O157: H7 survival in ovine or bovine manure and manure slurry. *Applied and environmental microbiology*, 64(9), 3166-3174.
272. Kumar, R., Surendran, P., & Thampuran, N. (2008). Evaluation of culture, ELISA and PCR assays for the detection of *Salmonella* in seafood. *Letters in applied microbiology*, 46(2), 221-226.
273. Kürekci, C., Aydın, M., Tekeli, İ. O., Ambarcıoğlu, P., Şengül, S. A., & Sakin, F. (2021). Occurrence and characterization of ciprofloxacin-resistant *Escherichia coli* from bovine and ovine bulk tank milk samples in Turkey. *Journal of Food Safety*, 41(2), e12881.
274. Labioui, H., Elmoualdi, L., Benzakour, A., El Yachoui, M., Berny, E., & Ouhssine, M. (2009). Etude physicochimique et microbiologique de laits crus. *Bull. Soc. Pharm. Bordeaux*, 148(2009), 7-16.
275. Lacroute, H. (2016). Place de la colibacillose chez le jeune veau et antibiorésistance dans l'Allier (2011-2013). *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France*.
276. Lalam, N. (2006). Estimation of the reaction efficiency in polymerase chain reaction. *Journal of theoretical biology*, 242(4), 947-953.
277. Lamas, A., Miranda, J. M., Regal, P., Vázquez, B., Franco, C. M., & Cepeda, A. (2018). A comprehensive review of non-enterica subspecies of *Salmonella enterica*. *Microbiological research*, 206, 60-73.
278. Lee, Rangdale, R., Croci, L., Hervio Heath, D., & Lozach, S. (2008). Bacterial pathogens in seafood.
279. Lee, C.-R., Lee, J. H., Park, K. S., Kim, Y. B., Jeong, B. C., & Lee, S. H. (2016). Global dissemination of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae*: epidemiology, genetic context, treatment options, and detection methods. *Frontiers in microbiology*, 7, 895.
280. Lee, S., Teng, L., DiLorenzo, N., Weppelmann, T. A., & Jeong, K. C. (2020). Prevalence and molecular characteristics of extended-spectrum and AmpC β -Lactamase producing *Escherichia coli* in grazing beef cattle. *Frontiers in Microbiology*, 10, 3076.
281. LegiFrance. (2019). Arrêté du 20 septembre 1993 relatif à la terminologie de l'agriculture.
282. Levy, S. (2014). Reduced antibiotic use in livestock: how Denmark tackled resistance: NLM-Export.
283. Lhermie, G., Gröhn, Y. T., & Raboisson, D. (2017). Addressing antimicrobial resistance: an overview of priority actions to prevent suboptimal antimicrobial use in food-animal production. *Frontiers in Microbiology*, 7, 2114.
284. Li, J., Xie, S., Ahmed, S., Wang, F., Gu, Y., Zhang, C., . . . Cheng, G. (2017). Antimicrobial activity and resistance: influencing factors. *Frontiers in pharmacology*, 8, 364.
285. Li, Q., Li, Z., Wang, Y., Chen, Y., Sun, J., Yang, Y., & Si, H. (2022). Antimicrobial Resistance and Transconjugants Characteristics of sul3 Positive *Escherichia coli* Isolated from Animals in Nanning, Guangxi Province. *Animals*, 12(8), 976.
286. Li, S., Zhao, M., Liu, J., Zhou, Y., & Miao, Z. (2016). Prevalence and antibiotic resistance profiles of extended-Spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* isolated from healthy broilers in Shandong Province, China. *Journal of food protection*, 79(7), 1169-1173.

287. Li, X.-Z., & Nikaido, H. (2016). Antimicrobial drug efflux pumps in *Escherichia coli* *Efflux-Mediated Antimicrobial Resistance in Bacteria* (pp. 219-259): Springer.
288. Lipsitch, M., & Siber, G. R. (2016). How can vaccines contribute to solving the antimicrobial resistance problem? *MBio*, 7(3), e00428-00416.
289. Liu, J., Kabir, F., Manneh, J., Lertsethtakarn, P., Begum, S., Gratz, J., . . . Janaki, L. (2014). Development and assessment of molecular diagnostic tests for 15 enteropathogens causing childhood diarrhoea: a multicentre study. *The Lancet infectious diseases*, 14(8), 716-724.
290. Livermore, D. M., & Brown, D. F. (2001). Detection of β -lactamase-mediated resistance. *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 48(suppl_1), 59-64.
291. Loncaric, I., Stalder, G. L., Mehinagic, K., Rosengarten, R., Hoelzl, F., Knauer, F., & Walzer, C. (2013). 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(12), e84048.
292. Loukiadis, E. (2007). *Facteurs de virulence et dissémination dans l'environnement via les effluents d'abattoirs d'animaux de boucherie d'Escherichia coli entérohémorragiques (EHEC)*. Université de Toulouse, Université Toulouse III-Paul Sabatier.
293. Ma, J., Zeng, Z., Chen, Z., Xu, X., Wang, X., Deng, Y., . . . Liu, J. (2009). High prevalence of plasmid-mediated quinolone resistance determinants qnr, aac (6')-Ib-cr, and qepA among ceftiofur-resistant Enterobacteriaceae isolates from companion and food-producing animals. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 53(2), 519-524.
294. Madhup, S. K., Shrestha, R., Panta, R., Chauguthi, L., Katuwal, N., & Shrestha, S. (2021). Prevalence of pathogenic bacteria in meat products and their antimicrobial resistance pattern. *Annals of Clinical Chemistry and Laboratory Medicine*, 4(1), 13-19.
295. MADR. (2021). Statistiques des productions animale en algerie, 2020.
296. MADR. (2019). Ministère de l'agriculture et du développement rural:Statistiques agricoles et production animale.
297. Magnet, S., & Blanchard, J. S. (2005). Molecular insights into aminoglycoside action and resistance. *Chemical reviews*, 105(2), 477-498.
298. Mainda, G., Bessell, P. R., Muma, J. B., McAteer, S. P., Chase-Topping, M. E., Gibbons, J., . . . Gally, D. L. (2015). Prevalence and patterns of antimicrobial resistance among *Escherichia coli* isolated from Zambian dairy cattle across different production systems. *Scientific reports*, 5(1), 1-11.
299. Makwana, P., Nayak, J., Brahmabhatt, M., & Chaudhary, J. (2015). Detection of *Salmonella* spp. from chevon, mutton and its environment in retail meat shops in Anand city (Gujarat), India. *Veterinary world*, 8(3), 388.
300. Mansour, A. M. A., Ishlak, A. M. M., & Haj-Saeed, B. A. (2019). Evaluation of Bacterial Contamination on Local and Imported Mutton in Meat Markets in Benghazi-Libya. *International Journal of Agricultural Science*, 4.
301. Mansour, L. M. (2018). *Etude de l'influence des pratiques d'élevage sur la qualité du lait: effet de l'alimentation*.
302. Marriott, N. G., & Robertson, G. (1997). *Essentials of food sanitation*: Springer Science & Business Media.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

303. Martínez-Martínez, L., Eliecer Cano, M., Manuel Rodríguez-Martínez, J., Calvo, J., & Pascual, A. (2008). Plasmid-mediated quinolone resistance. *Expert review of anti-infective therapy*, 6(5), 685-711.
304. Martínez-Martínez, L., Pascual, A., & Jacoby, G. A. (1998). Quinolone resistance from a transferable plasmid. *The Lancet*, 351(9105), 797-799.
305. Mascaretti, O. A. (2003). *Bacteria versus antibacterial agents: an integrated approach*: American Society for Microbiology (ASM).
306. Maurin, M. (2013). Résistance aux antibiotiques. Polycopié.
307. Mbarek, R. H., M'Sadak, Y., & KRAIEM, K. (2014). Analyse descriptive des facteurs de risque des mammites chez des troupeaux bovins laitiers hors sol en milieu semi-aride (Tunisie). *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 1(3), 26-31.
308. Mead, G., & Scott, M. (1994). Coagulase-negative staphylococci and coliform bacteria associated with mechanical defeathering of poultry carcasses. *Letters in applied microbiology*, 18(1), 62-64.
309. Mebkhout, F., Mezali, L., Hamdi, T., Cantekin, Z., Ergun, Y., Ramdani-Bouguessa, N., & Butaye, P. (2018). Prevalence and distribution of staphylococcal enterotoxin genes among *Staphylococcus aureus* isolates from chicken and turkey carcasses in Algeria. *Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society*, 69(4), 1297-1304.
310. Mehamdia Naima, M. S. (2014). Mécanismes de la résistance aux antibiotiques.
311. Mendonça, N., Figueiredo, R., Mendes, C., Card, R. M., Anjum, M. F., & Da Silva, G. J. (2016). Microarray evaluation of antimicrobial resistance and virulence of *Escherichia coli* isolates from Portuguese poultry. *Antibiotics*, 5(1), 4.
312. Mensah, S., Laurentie, M., Salifou, S., Sanders, P., Mensah, G., Abiola, F., . . . Koudandé, O. (2014). Usage des antibiotiques par les éleveurs bovins au centre du Bénin, quels risques pour la santé publique?
313. Mensah, S. E. P., Aboh, A., Salifou, S., Mensah, G., Sanders, P., Abiola, F., & Koudandé, O. (2014). Risques dus aux résidus d'antibiotiques détectés dans le lait de vache produit dans le Centre Bénin. *Journal of Applied Biosciences*, 80, 7102-7112.
314. Messai, C. R. (2011). *Fréquence et profils d'antibiorésistances des souches E. coli isolées de poulets de chair atteints de colibacillose à l'Abattoir avicole de Sétif*. École Nationale Supérieure Vétérinaire.
315. Meyer, C., & Denis, J.-P. (1999). *Elevage de la vache laitière en zone tropicale*: Editions Quae.
316. Mezhoud, H., Chantziaras, I., Iguer-Ouada, M., Moula, N., Garmyn, A., Martel, A., . . . Boyen, F. (2016). Presence of antimicrobial resistance in coliform bacteria from hatching broiler eggs with emphasis on ESBL/AmpC-producing bacteria. *Avian Pathology*, 45(4), 493-500.
317. Michel-Briand, Y. (2007). La résistance aux β -lactamines les plus récentes: les mécanismes d'apparition et de diffusion de la résistance chez les entérobactéries. *Bulletin de l'Académie nationale de médecine*, 191(1), 35-51.
318. Minarini, L. A., & Darini, A. L. C. (2012). Mutations in the quinolone resistance-determining regions of *gyrA* and *parC* in Enterobacteriaceae isolates from Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology*, 43(4), 1309-1314.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

319. Moehario, L. H., Tjoa, E., Kiranasari, A., Ningsih, I., Rosana, Y., & Karuniawati, A. (2009). Trends in antimicrobial susceptibility of gram-negative bacteria isolated from blood in Jakarta from 2002 to 2008. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 3(11), 843-848.
320. Moges, R., Lamache, D., Desmonts, D., Sajedy, S., Renaux, B. S., Hollenberg, M. D., . . . Buret, A. G. (2018). Anti-inflammatory benefits of antibiotics: Tylvalosin induces apoptosis of porcine neutrophils and macrophages, promotes Efferocytosis, and inhibits pro-inflammatory CXCL-8, IL1 α , and LTB4 production, while inducing the release of pro-resolving Lipoxin A4 and Resolvin D1. *Frontiers in veterinary science*, 5, 57.
321. Mohammed, C. S. (2013). The ecological habitat and transmission of Escherichia coli O157: H7. *FEMS microbiology letters*, 341(1), 1-12.
322. Mohammed, M. (2017). Phage typing or CRISPR typing for epidemiological surveillance of Salmonella Typhimurium? *BMC research notes*, 10(1), 1-7.
323. Mommeja, F. (2004). *Contamination des effluents d'abattoir par des Escherichia Coli producteurs de shiga-toxines: dissémination environnementale et conséquences en santé publique*.
324. Morad, J., & Saad, C. (2018). *Isolement, identification et étude de l'antibiogramme de salmonella spp et autres entérobactéries chez la volaille dans la région de Djelfa*.
325. Müller, D., Greune, L., Heusipp, G., Karch, H., Fruth, A., Tschäpe, H., & Schmidt, M. A. (2007). Identification of unconventional intestinal pathogenic Escherichia coli isolates expressing intermediate virulence factor profiles by using a novel single-step multiplex PCR. *Applied and environmental microbiology*, 73(10), 3380-3390.
326. Muylaert, A., & Mainil, J. (2013). *Résistance bactériennes aux antibiotiques, les mécanismes et leur "contagiosité"*. Paper presented at the Annales de Médecine vétérinaire.
327. Nahar, A., Siddiquee, M., Nahar, S., Anwar, K. S., & Islam, S. (2014). Multidrug resistant-Proteus mirabilis isolated from chicken droppings in commercial poultry farms: bio-security concern and emerging public health threat in Bangladesh. *Journal of Biosafety & Health Education*.
328. Nandi, S. P., Sultana, M., & Hossain, M. A. (2013). Prevalence and characterization of multidrug-resistant zoonotic Enterobacter spp. in poultry of Bangladesh. *Foodborne pathogens and disease*, 10(5), 420-427.
329. Navarro, F., Perez-Trallero, E., Marimon, J. M., Aliaga, R., Gomariz, M., & Mirelis, B. (2001). CMY-2-producing Salmonella enterica, Klebsiella pneumoniae, Klebsiella oxytoca, Proteus mirabilis and Escherichia coli strains isolated in Spain (October 1999–December 2000). *Journal of antimicrobial chemotherapy*, 48(3), 383-389.
330. Nedjraoui, D. (2001). Country pasture/forage resource profiles. *Algeria. Food and Agriculture Organization of the United Nations*.
331. Nedorostova, L., Kloucek, P., Kokoska, L., Stolcova, M., & Pulkrabek, J. (2009). Antimicrobial properties of selected essential oils in vapour phase against foodborne bacteria. *Food control*, 20(2), 157-160.
332. Ngai, D. G., Nyamache, A. K., & Ombori, O. (2021). Prevalence and antimicrobial resistance profiles of Salmonella species and Escherichia coli isolates from poultry feeds in Ruiru Sub-County, Kenya. *BMC research notes*, 14(1), 1-6.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

333. Ngbede, E. O., Adekanmbi, F., Poudel, A., Kalalah, A., Kelly, P., Yang, Y., . . . Akwuobu, C. A. (2021). Concurrent Resistance to Carbapenem and Colistin Among Enterobacteriaceae Recovered From Human and Animal Sources in Nigeria Is Associated With Multiple Genetic Mechanisms. *Frontiers in microbiology*, *12*.
334. Ngbede, E. O., Adekanmbi, F., Poudel, A., Kalalah, A., Kelly, P., Yang, Y., . . . Wang, C. (2021). Concurrent Resistance to Carbapenem and Colistin Among Enterobacteriaceae Recovered From Human and Animal Sources in Nigeria Is Associated With Multiple Genetic Mechanisms. *Front Microbiol*, *12*(740348).
335. Nguyen, N. T., Nguyen, H. M., Nguyen, C. V., Nguyen, T. V., Nguyen, M. T., Thai, H. Q., . . . Baker, S. (2016). Use of colistin and other critical antimicrobials on pig and chicken farms in southern Vietnam and its association with resistance in commensal *Escherichia coli* bacteria. *Applied and environmental microbiology*, *82*(13), 3727-3735.
336. Niero, G., Bortolaia, V., Vanni, M., Intorre, L., Guardabassi, L., & Piccirillo, A. (2018). High diversity of genes and plasmids encoding resistance to third-generation cephalosporins and quinolones in clinical *Escherichia coli* from commercial poultry flocks in Italy. *Veterinary microbiology*, *216*, 93-98.
337. Nikaido, H. (2009). Multidrug resistance in bacteria. *Annual review of biochemistry*, *78*, 119-146.
338. Nikaido, H., & Pagès, J.-M. (2012). Broad-specificity efflux pumps and their role in multidrug resistance of Gram-negative bacteria. *FEMS microbiology reviews*, *36*(2), 340-363.
339. Nordmann, P., & Poirel, L. (2014). The difficult-to-control spread of carbapenemase producers among Enterobacteriaceae worldwide. *Clinical Microbiology and Infection*, *20*(9), 821-830.
340. Nouichi, S., & Hamdi, T. M. (2009a). Superficial bacterial contamination of ovine and bovine carcasses at El-Harrach slaughterhouse (Algeria). *European Journal of Scientific Research*, *38*(3), 474-485.
341. Nouichi, S., & Hamdi, T. M. (2009b). Superficial bacterial contamination of ovine and bovine carcasses at El-Harrach slaughterhouse (Algeria). *Eur. J. Sci. Res*, *38*(3), 474-485.
342. O.R.AVI.E. (2004). Office Régional d'Aviculture de l'Est. Contrôle sanitaire en aviculture 25 p.
343. Obaidat, M. M., Salman, A. E. B., Davis, M. A., & Roess, A. A. (2018). Major diseases, extensive misuse, and high antimicrobial resistance of *Escherichia coli* in large-and small-scale dairy cattle farms in Jordan. *Journal of dairy science*, *101*(3), 2324-2334.
344. OIE. (2006). International Office of Epizootic: Guide to good farming practices for animal production food safety. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*, *25*(2), 823-836.
345. Ojo, O. E., Schwarz, S., & Michael, G. B. (2016). Detection and characterization of extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* from chicken production chains in Nigeria. *Vet Microbiol*, *194*, 62-68.
346. Ommi, D., Hemmatinezhad, B., Hafshejani, T. T., & Khamesipour, F. (2017). Incidence and antimicrobial resistance of *Campylobacter* and *Salmonella* from houseflies (*Musca domestica*) in kitchens, farms, hospitals and slaughter houses. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences*, *87*(4), 1285-1291.

-
347. OMS. (2017). Organisation Mondiale de la Santé. Critically Important Antimicrobials for Human Medicine. 5th.
348. OMS. (2018a). Antimicrobial resistance and primary health care: World Health Organization.
349. OMS. (2018b). Foodborne Disease Outbreaks: Guidelines for investigation and control. Geneva, 2018. 162 p. World Health Organization ([WHO]. (2011 a). Food Safety. .
350. Ouedraogo, A., Jean-Pierre, H., Banuls, A.-L., Ouédraogo, R., & Godreuil, S. (2017). Émergence et diffusion de la résistance aux antibiotiques en Afrique de l'Ouest: facteurs favorisants et évaluation de la menace. *Médecine et Santé Tropicales*, 27(2), 147-154.
351. Päävärinta, M., Latvio, S., Fredriksson-Ahomaa, M., & Heikinheimo, A. (2020). Whole genome sequence analysis of antimicrobial resistance genes, multilocus sequence types and plasmid sequences in ESBL/AmpC *Escherichia coli* isolated from broiler caecum and meat. *International journal of food microbiology*, 315, 108361.
352. Palmer, A. C., & Kishony, R. (2014). Opposing effects of target overexpression reveal drug mechanisms. *Nature communications*, 5(1), 1-8.
353. Pangloli, P., Dje, Y., Oliver, S., Mathew, A., Golden, D., Taylor, W., & Draughon, F. (2003). Evaluation of methods for recovery of *Salmonella* from dairy cattle, poultry, and swine farms. *Journal of food protection*, 66(11), 1987-1995.
354. Parker, D., Sniatynski, M., Mandrusiak, D., & Rubin, J. (2016). Extended-spectrum β -lactamase producing *Escherichia coli* isolated from wild birds in Saskatoon, Canada. *Letters in Applied Microbiology*, 63(1), 11-15.
355. Paterson, D. L., & Bonomo, R. A. (2005). Extended-spectrum β -lactamases: a clinical update. *Clinical microbiology reviews*, 18(4), 657-686.
356. Petit, S. (2007). *Dictionnaire des médicaments vétérinaires*: Editions du Point Vétérinaire.
357. Phagoo, L., & Neetoo, H. (2015). Antibiotic resistance of *Salmonella* in poultry farms of Mauritius. *J. Worlds Poult. Res*, 5(3), 42-47.
358. Phetburom, N., Boueroy, P., Chopjitt, P., Hatrongjit, R., Nuanualsuwan, S., & Kerdsin, A. (2022). Phenotypic and molecular characterization of β -lactamase and plasmid-mediated quinolone resistance genes in *Klebsiella oxytoca* isolated from slaughtered pigs in Thailand. *Veterinary World*, 15(2), 309.
359. Phillips, D., Sumner, J., Alexander, J. F., & Dutton, K. M. (2001). Microbiological quality of Australian beef. *Journal of Food Protection*, 64(5), 692-696.
360. Poppe, C. J., Roger P;Forsberg, Christine M;Irwin, Rebecca J. (1992). *Salmonella enteritidis* and other *Salmonella* in laying hens and eggs from flocks with *Salmonella* in their environment. *Canadian Journal of Veterinary Research*, 56(3), 226.
361. Pournajafi, A., & Mahmoudi, A. (2020). Prevalence of Extended-Spectrum Beta-Lactamases Production in *Escherichia coli* Isolated from Urinary Tract Infection Samples in Zanjan Hospitals, Iran.
362. Rådström, P., Swedberg, G., & Sköld, O. (1991). Genetic analyses of sulfonamide resistance and its dissemination in gram-negative bacteria illustrate new aspects of R plasmid evolution. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 35(9), 1840-1848.
363. Rahmatallah, N., Nassik, S., El rhaffouli, H., Amine, I. L., & El houadfi, M. (2017). Détection de souches multi-résistantes d'*Escherichia coli* d'origine aviaire dans la région

- de Rabat-Salé-Zemmour-Zaer. *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 5(2).
364. Raj, A. (2012). Antibiotic Resistance, Plasmid and RAPD Profiles of Multidrug-resistant Coliform Bacteria Isolated from Sewage Samples of Ghaziabad City, India. *Universal Journal of Environmental Research & Technology*, 2(4).
365. Randell, P. (2014). It's a MALDI but it's a goodie: MALDI-TOF mass spectrometry for microbial identification. *Thorax*, 69(8), 776-778.
366. Rangel, J. M., Sparling, P. H., Crowe, C., Griffin, P. M., & Swerdlow, D. L. (2005). Epidemiology of Escherichia coli O157: H7 outbreaks, united states, 1982–2002. *Emerging infectious diseases*, 11(4), 603.
367. Rasschaert, G., Houf, K., Godard, C., Wildemaewe, C., Pastuszczak-Frak, M., & De Zutter, L. (2008). Contamination of carcasses with Salmonella during poultry slaughter. *Journal of Food Protection*, 71(1), 146-152.
368. Reinthaler, F. F., Feierl, G., Galler, H., Haas, D., Leitner, E., Mascher, F., . . . Zarfel, G. (2010). ESBL-producing E. coli in Austrian sewage sludge. *Water Research*, 44(6), 1981-1985.
369. Reuland, E. A., Halaby, T., Hays, J. P., de Jongh, D. M., Snetselaar, H. D., Van Keulen, M., . . . Al Naiemi, N. (2015). Plasmid-mediated AmpC: prevalence in community-acquired isolates in Amsterdam, the Netherlands, and risk factors for carriage. *PLoS One*, 10(1), e0113033.
370. Reybroeck, W., Ooghe, S., De Brabander, H., & Daeseleire, E. (2010). Validation of the beta-star 1+ 1 for rapid screening of residues of β -lactam antibiotics in milk. *Food Additives and Contaminants*, 27(8), 1084-1095.
371. Reygaert, W. C. (2018). An overview of the antimicrobial resistance mechanisms of bacteria. *AIMS microbiology*, 4(3), 482.
372. Rhouma, M., Beaudry, F., Theriault, W., & Letellier, A. (2016). Colistin in pig production: chemistry, mechanism of antibacterial action, microbial resistance emergence, and one health perspectives. *Frontiers in microbiology*, 7, 1789.
373. Robicsek, A., Strahilevitz, J., Jacoby, G. A., Macielag, M., Abbanat, D., Hye Park, C., . . . Hooper, D. C. (2006). Fluoroquinolone-modifying enzyme: a new adaptation of a common aminoglycoside acetyltransferase. *Nature medicine*, 12(1), 83-88.
374. Robicsek, A., Strahilevitz, J., Sahm, D., Jacoby, G., & Hooper, D. (2006). qnr prevalence in ceftazidime-resistant Enterobacteriaceae isolates from the United States. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 50(8), 2872-2874.
375. Robin, F., Gibold, L., & Bonnet, R. (2012). Résistances naturelles et acquises aux β -lactamines chez les entérobactéries: comment les identifier en pratique quotidienne? *Revue Francophone des laboratoires*, 2012(445), 47-58.
376. Röderova, M., Halova, D., Papousek, I., Dolejska, M., Masarikova, M., Hanulik, V., . . . Sauer, P. (2017). Characteristics of quinolone resistance in Escherichia coli isolates from humans, animals, and the environment in the Czech Republic. *Frontiers in Microbiology*, 7, 2147.
377. Rodriguez-Rivera, L. D., Cummings, K. J., Loneragan, G. H., Rankin, S. C., Hanson, D. L., Leone, W. M., & Edrington, T. S. (2016). Salmonella prevalence and antimicrobial

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- susceptibility among dairy farm environmental samples collected in Texas. *Foodborne Pathogens and Disease*, 13(4), 205-211.
- 378.** Roesch, M., Perreten, V., Doherr, M., Schaeren, W., Schällibaum, M., & Blum, J. (2006). Comparison of antibiotic resistance of udder pathogens in dairy cows kept on organic and on conventional farms. *Journal of Dairy Science*, 89(3), 989-997.
- 379.** Rondia, P. (2006). Aperçu de l'élevage ovin en Afrique du Nord. *Filière ovine et caprine*, 18, 11-14.
- 380.** Rose, N., Beaudeau, F., Drouin, P., Toux, J., Rose, V., & Colin, P. (1999). Risk factors for *Salmonella enterica* subsp. *enterica* contamination in French broiler-chicken flocks at the end of the rearing period. *Preventive veterinary medicine*, 39(4), 265-277.
- 381.** Rouissi, E., Moussa, O. B., Selemi, H., Amraoui, M., & Kamoun, M. (2018). Influence de la qualité de l'eau de nettoyage de la salle de traite et d'abreuvement sur la qualité du lait des fermes Tunisiennes. *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 6(3), 330-336.
- 382.** Rozwandowicz, M., Brouwer, M., Fischer, J., Wagenaar, J., Gonzalez-Zorn, B., Guerra, B., . . . Hordijk, J. (2018). Plasmids carrying antimicrobial resistance genes in Enterobacteriaceae. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 73(5), 1121-1137.
- 383.** Ruiz, J. (2003). Mechanisms of resistance to quinolones: target alterations, decreased accumulation and DNA gyrase protection. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 51(5), 1109-1117.
- 384.** Said, R. M. (2015). Etudes qualitatives et quantitatives des résidus d'antibiotiques dans la viande de volaille et les œufs dans la région de la Mitidja. Utilisation des probiotiques comme alternative. *Thème de doctorat en sciences biologiques, Université Mouloud Mammeri De Tizi-Ouzou, Faculté Des Sciences Biologiques et Des Sciences Agronomiques P*, 49.
- 385.** Salah, F. D., Sadjji, A. Y., Akolly, K., Bidjada, B., Awoussi, K. S., Abaya, A. M., . . . Palanga, K. K. (2021). Augmentation de la résistance aux antibiotiques des Entérobactéries isolées à l'Institut National d'Hygiène de Lomé de 2010 à 2017. *Journal of Interventional Epidemiology and Public Health*, 4(3).
- 386.** Salehi, T. Z., & Bonab, S. F. (2006). Antibiotics susceptibility pattern of *Escherichia coli* strains isolated from chickens with colisepticemia in Tabriz province, Iran. *International Journal of Poultry Science*, 5(7), 677-684.
- 387.** Salifou, C., Boko, K., Attakpa, Y., Agossa, R., Ogbankotan, I., Farougou, S., . . . Youssao, A. (2013). Evaluation de la qualité bactériologique de viande fraîche de bovins abattus aux abattoirs de Cotonou-Porto-Novo au cours de la chaîne de distribution. *Journal of Animal & Plant Sciences*, 17(2), 2567-2579.
- 388.** Saliu, E.-M., Vahjen, W., & Zentek, J. (2017). Types and prevalence of extended-spectrum beta-lactamase producing Enterobacteriaceae in poultry. *Animal health research reviews*, 18(1), 46-57.
- 389.** Sanders, P., Bousquet-mélou, A., Chauvin, C., & Toutain, P.-L. (2011). Utilisation des antibiotiques en élevage et enjeux de santé publique. *INRA Productions Animales*, 24(2), 199-204.
- 390.** Sauget, M., Valot, B., Bertrand, X., & Hocquet, D. (2017). Can MALDI-TOF mass spectrometry reasonably type bacteria? *Trends in microbiology*, 25(6), 447-455.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

391. Sawant, A. A., Hegde, N. V., Straley, B. A., Donaldson, S. C., Love, B. C., Knabel, S. J., & Jayarao, B. M. (2007). Antimicrobial-resistant enteric bacteria from dairy cattle. *Applied and environmental microbiology*, 73(1), 156-163.
392. Schwarz, S., Kehrenberg, C., & Walsh, T. (2001). Use of antimicrobial agents in veterinary medicine and food animal production. *International journal of antimicrobial agents*, 17(6), 431-437.
393. Schwarz, S., Shen, J., Kadlec, K., Wang, Y., Michael, G. B., Feßler, A. T., & Vester, B. (2016). Lincosamides, streptogramins, phenicols, and pleuromutilins: mode of action and mechanisms of resistance. *Cold Spring Harbor perspectives in medicine*, 6(11), a027037.
394. Scott, M., Acuff, G., Bergeron, G., Bourassa, M. W., Gill, J., Graham, D. W., . . . Simjee, S. (2019). Critically important antibiotics: criteria and approaches for measuring and reducing their use in food animal agriculture. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1441(1), 8.
395. Sebai, A. (2012). *EVALUATION DE L'ETAT D'HYGIENE GENERALE AU SEIN D'UN ABATTOIR AVICOLE DE BOUGUIRAT*. Université Ibn Khaldoun-Tiaret.
396. Seddiki, S. (2018). *Contribution à l'étude des résidus d'antibiotiques dans le lait de vache dans la région Centre de l'Algérie*.
397. Sengupta, S., Chattopadhyay, M. K., & Grossart, H.-P. (2013). The multifaceted roles of antibiotics and antibiotic resistance in nature. *Frontiers in microbiology*, 4, 47.
398. Shere, J., Bartlett, K., & Kaspar, C. (1998). Longitudinal study of Escherichia coli O157:H7 dissemination on four dairy farms in Wisconsin. *Applied and Environmental Microbiology*, 64(4), 1390-1399.
399. Shobrak, M. Y., & Abo-Amer, A. E. (2014). Role of wild birds as carriers of multi-drug resistant Escherichia coli and Escherichia vulneris. *Brazilian Journal of Microbiology*, 45(4), 1199-1209.
400. SM. (2019). Santé Maghreb: Intoxications alimentaires : un réel problème de santé publique. Retrieved from <http://www.santemaghreb.com/actus.asp?id=26723>
401. Smet, A., Martel, A., Persoons, D., Dewulf, J., Heyndrickx, M., Herman, L., . . . Butaye, P. (2010). Broad-spectrum β -lactamases among Enterobacteriaceae of animal origin: molecular aspects, mobility and impact on public health. *FEMS microbiology reviews*, 34(3), 295-316.
402. Smith, D. L., Harris, A. D., Johnson, J. A., Silbergeld, E. K., & Morris Jr, J. G. (2002). Animal antibiotic use has an early but important impact on the emergence of antibiotic resistance in human commensal bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(9), 6434-6439.
403. Snary, E. L., Kelly, L. A., Davison, H. C., Teale, C. J., & Wooldridge, M. (2004). Antimicrobial resistance: a microbial risk assessment perspective. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 53(6), 906-917.
404. Sobur, M. A., Sabuj, A. A. M., Sarker, R., Rahman, A. T., Kabir, S. L., & Rahman, M. T. (2019). Antibiotic-resistant Escherichia coli and Salmonella spp. associated with dairy cattle and farm environment having public health significance. *Veterinary world*, 12(7), 984.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

405. Somers, J., Frankena, K., Noordhuizen-Stassen, E. N., & Metz, J. (2003). Prevalence of claw disorders in Dutch dairy cows exposed to several floor systems. *Journal of dairy science*, *86*(6), 2082-2093.
406. Sommer, M. O., & Dantas, G. (2011). Antibiotics and the resistant microbiome. *Current opinion in microbiology*, *14*(5), 556-563.
407. Soumia, S., & Naima, M. (2021). Isolement de staphylocoques pathogènes à partir du lait de mammites et sa sensibilité vis-à-vis d'une huile essentielle.
408. Speksnijder, D., Mevius, D., Bruschke, C., & Wagenaar, J. (2015). Reduction of veterinary antimicrobial use in the Netherlands. The Dutch success model. *Zoonoses and public health*, *62*, 79-87.
409. SPF. (2021). Toxi-infections alimentaires collectives en France : les chiffres 2020. Retrieved Mai 2022 <https://www.santepubliquefrance.fr/les-actualites/2021/toxi-infections-alimentaires-collectives-en-france-les-chiffres-2020>
410. Strahilevitz, J., Jacoby, G. A., Hooper, D. C., & Robicsek, A. (2009). Plasmid-mediated quinolone resistance: a multifaceted threat. *Clinical microbiology reviews*, *22*(4), 664-689.
411. Tablante, N. L., Myint, M. S., Johnson, Y. J., Rhodes, K., Colby, M., & Hohenhaus, G. (2002). A survey of biosecurity practices as risk factors affecting broiler performance on the Delmarva Peninsula. *Avian diseases*, *46*(3), 730-734.
412. Tacconelli, E., Carrara, E., Savoldi, A., Harbarth, S., Mendelson, M., Monnet, D. L., . . . Carmeli, Y. (2018). Discovery, research, and development of new antibiotics: the WHO priority list of antibiotic-resistant bacteria and tuberculosis. *The Lancet Infectious Diseases*, *18*(3), 318-327.
413. Tack, D. M., Marder, E. P., Griffin, P. M., Cieslak, P. R., Dunn, J., Hurd, S., . . . Ryan, P. (2019). Preliminary incidence and trends of infections with pathogens transmitted commonly through food—Foodborne Diseases Active Surveillance Network, 10 US Sites, 2015–2018. *Morbidity and Mortality Weekly Report*, *68*(16), 369.
414. Talon, D., Cailleaux, V., Thouverez, M., & Michel-Briand, Y. (1996). Discriminatory power and usefulness of pulsed-field gel electrophoresis in epidemiological studies of *Pseudomonas aeruginosa*. *Journal of Hospital Infection*, *32*(2), 135-145.
415. Tang, K. L., Caffrey, N. P., Nóbrega, D. B., Cork, S. C., Ronksley, P. E., Barkema, H. W., . . . Kellner, J. D. (2017). Restricting the use of antibiotics in food-producing animals and its associations with antibiotic resistance in food-producing animals and human beings: a systematic review and meta-analysis. *The Lancet Planetary Health*, *1*(8), e316-e327.
416. Tani, Z. B. A.-K., & Arlet, G. (2014). Actualité de la résistance aux antibiotiques chez les bacilles à Gram négatif en Algérie. *Pathologie Biologie*, *62*(3), 169-178.
417. Tarzaali, D., Dechicha, A., Gharbi, S., Bouaissa, M., Yamnaine, N., & Guetarni, D. (2008). Recherche des résidus des tétracyclines et des bêta-lactamines dans le lait cru par le MRL Test (ROSA TEST) à Blida, Algérie. *6èmes Journées Scientifiques Vétérinaires sur le médicament vétérinaire: nouvelles approches thérapeutiques et impact sur la santé publique. ENV Algérie*, 23-24.
418. Tavakoli, H., Firouzabadi, M. S., Afsharfarnia, S., Jafari, N. J., & Sa'Adat, S. (2015). Detecting antibiotic residues by HPLC method in chicken and calves meat in diet of a Military Center in Tehran. *Acta Medica Mediterranea*, *31*, 1427-1433.

419. Tenailon, O., Skurnik, D., Picard, B., & Denamur, E. (2010). The population genetics of commensal *Escherichia coli*. *Nature reviews microbiology*, 8(3), 207-217.
420. Teunis, P., Takumi, K., & Shinagawa, K. (2004). Dose response for infection by *Escherichia coli* O157: H7 from outbreak data. *Risk Analysis: An International Journal*, 24(2), 401-407.
421. Tolba, M., Allaoua, N., Ababsa, L., Boulahbel, S., & Boulekhssaim, M. (2018). INVENTAIRE DES ECTOPARASITES DE LA CIGOGNE BLANCHE *Ciconia ciconia* (Linnaeus, 1758) OISEAU DES ZONES HUMIDES D'OUUM EL BOUAGHI. *Revue des bio ressources*, 8(2), 10-10.
422. Touati, A., Benallaoua, S., Kecha, M., & Idres, N. (2003). Etude des phenotypes de resistance aux β -lactamines des souches d'enterobacteries isolees en milieu hospitalier: cas de l'hopital d'amizour (W. Bejaia). *Sciences & Technologie. A, sciences exactes*, 92-97.
423. Trystram, D., Chardon, H., Péan, Y., Delarbre, J., Costa, Y., & Maugat, S. (2012). Réseau européen de surveillance de la résistance bactérienne aux antibiotiques (EARS Net): résultats 2001-2010 pour la France et place en Europe. *BEH InVS*, 42-43.
424. Union Européenne. (2004). Règlement (CE) n 882/2004 du parlement européen et du conseil du 29 avril 2004 relatif aux contrôles officiels effectués pour s'assurer de la conformité avec la législation sur les aliments pour animaux et les denrées alimentaires et avec les dispositions relatives à la santé animale et au bien-être des animaux. *JO L139 du*, 30, 2004.
425. Use, E. C. f. M. P. f. V., Hazards, E. P. o. B., Murphy, D., Ricci, A., Auce, Z., Beechinor, J. G., . . . Hederová, J. (2017). EMA and EFSA Joint Scientific Opinion on measures to reduce the need to use antimicrobial agents in animal husbandry in the European Union, and the resulting impacts on food safety (RONAFA). *EFSA Journal*, 15(1), e04666.
426. Van Asten, A. J., & Van Dijk, J. E. (2005). Distribution of "classic" virulence factors among *Salmonella* spp. *FEMS Immunology & Medical Microbiology*, 44(3), 251-259.
427. Van den Bogaard, A., London, N., Driessen, C., & Stobberingh, E. (2001). Antibiotic resistance of faecal *Escherichia coli* in poultry, poultry farmers and poultry slaughterers. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 47(6), 763-771.
428. Van Immerseel, F., De Buck, J., Boyen, F., Pasmans, F., Bertrand, S., Collard, J., . . . Ducatelle, R. (2005). *Salmonella* dans la viande et dans les oeufs: un danger pour le consommateur qui demande la mise en place d'un programme de lutte efficace. Paper presented at the Annales de Médecine Vétérinaire.
429. Vaz, F. F., Serafini, P. P., Locatelli-Dittrich, R., Meurer, R., Durigon, E. L., Araújo, J. d., . . . Sezerban, R. M. (2017). Survey of pathogens in threatened wild red-tailed Amazon parrot (*Amazona brasiliensis*) nestlings in Rasa Island, Brazil. *brazilian journal of microbiology*, 48, 747-753.
430. Veldman, K., van Pelt, W., & Mevius, D. (2008). First report of qnr genes in *Salmonella* in The Netherlands. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 61(2), 452-453.
431. Velusamy, V., Arshak, K., Korostynska, O., Oliwa, K., & Adley, C. (2010). An overview of foodborne pathogen detection: In the perspective of biosensors. *Biotechnology advances*, 28(2), 232-254.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

432. Vittecoq, M., Godreuil, S., Prugnolle, F., Durand, P., Brazier, L., Renaud, N., . . . Gauthier-Clerc, M. (2016). Antimicrobial resistance in wildlife. *Journal of Applied Ecology*, 53(2), 519-529.
433. Voets, G. M., Fluit, A. C., Scharringa, J., Schapendonk, C., van den Munckhof, T., Leverstein-van Hall, M. A., & Stuart, J. C. (2013). Identical plasmid AmpC beta-lactamase genes and plasmid types in *E. coli* isolates from patients and poultry meat in the Netherlands. *International journal of food microbiology*, 167(3), 359-362.
434. von Tippelskirch, P., Gölz, G., Projahn, M., Daehre, K., Friese, A., Roesler, U., . . . Orquera, S. (2018). Prevalence and quantitative analysis of ESBL and AmpC beta-lactamase producing Enterobacteriaceae in broiler chicken during slaughter in Germany. *International journal of food microbiology*, 281, 82-89.
435. Vounba, P., Arsenault, J., Bada-Alambédji, R., & Fairbrother, J. M. (2019). Pathogenic potential and the role of clones and plasmids in beta-lactamase-producing *E. coli* from chicken faeces in Vietnam. *BMC veterinary research*, 15(1), 1-13.
436. Wellington, E. M., Boxall, A. B., Cross, P., Feil, E. J., Gaze, W. H., Hawkey, P. M., . . . Otten, W. (2013). The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. *The Lancet infectious diseases*, 13(2), 155-165.
437. Westbrook-Wadman, S., Sherman, D. R., Hickey, M. J., Coulter, S. N., Zhu, Y. Q., Warrenner, P., . . . Stover, C. K. (1999). Characterization of a *Pseudomonas aeruginosa* efflux pump contributing to aminoglycoside impermeability. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 43(12), 2975-2983.
438. Winokur, P., Vonstein, D., Hoffman, L., Uhlenhopp, E., & Doern, G. (2001). Evidence for transfer of CMY-2 AmpC β -lactamase plasmids between *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates from food animals and humans. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 45(10), 2716-2722.
439. Wolff, M., & Chastre, J. (2006). Durée de l'antibiothérapie des infections sévères en réanimation. *Réanimation*, 15(3), 168-175.
440. Wu, S., Dalsgaard, A., Hammerum, A. M., Porsbo, L. J., & Jensen, L. B. (2010). Prevalence and characterization of plasmids carrying sulfonamide resistance genes among *Escherichia coli* from pigs, pig carcasses and human. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 52(1), 1-7.
441. Xie, R., Huo, S., Li, Y., Chen, L., Zhang, F., & Wu, X. (2014). Molecular epidemiological survey on quinolone resistance genotype and phenotype of *Escherichia coli* in septicemic broilers in Hebei, China. *Poultry Science*, 93(2), 335-339.
442. Xu, J., Sangthong, R., McNeil, E., Tang, R., & Chongsuvivatwong, V. (2020). Antibiotic use in chicken farms in northwestern China. *Antimicrobial Resistance & Infection Control*, 9(1), 1-9.
443. Xu, Y., Tao, S., Hinkle, N., Harrison, M., & Chen, J. (2018). *Salmonella*, including antibiotic-resistant *Salmonella*, from flies captured from cattle farms in Georgia, USA. *Science of the Total Environment*, 616, 90-96.
444. Yakhlef, H. (1989). La production extensive de lait en Algérie. *Options Méditerranéennes-Série Séminaires*, (6), 135-139.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

445. Yamane, K., Wachino, J.-i., Suzuki, S., Kimura, K., Shibata, N., Kato, H., . . . Arakawa, Y. (2007). New plasmid-mediated fluoroquinolone efflux pump, QepA, found in an *Escherichia coli* clinical isolate. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, *51*(9), 3354-3360.
446. Yao, Y., Imirzalioglu, C., Hain, T., Kaase, M., Gatermann, S., Exner, M., . . . Bill, R. (2014). Complete nucleotide sequence of a *Citrobacter freundii* plasmid carrying KPC-2 in a unique genetic environment. *Genome announcements*, *2*(6), e01157-01114.
447. Yassin, A. K., Gong, J., Kelly, P., Lu, G., Guardabassi, L., Wei, L., . . . Cheng, D. (2017). Antimicrobial resistance in clinical *Escherichia coli* isolates from poultry and livestock, China. *PloS one*, *12*(9), e0185326.
448. Younis, G., Awad, A., & Mohamed, N. (2017). Phenotypic and genotypic characterization of antimicrobial susceptibility of avian pathogenic *Escherichia coli* isolated from broiler chickens. *Veterinary world*, *10*(10), 1167.
449. Yousfi, M., Mairi, A., Touati, A., Hassissene, L., Brasme, L., Guillard, T., & De Champs, C. (2016). Extended spectrum β -lactamase and plasmid mediated quinolone resistance in *Escherichia coli* fecal isolates from healthy companion animals in Algeria. *Journal of Infection and Chemotherapy*, *22*(7), 431-435.
450. Yulistiani, R., Praseptianga, D., Raharjo, D., & Shirakawa, T. (2017). *Prevalence of antibiotic-resistance enterobacteriaceae strains isolated from chicken meat at traditional markets in Surabaya, Indonesia*. Paper presented at the IOP Conference Series: Materials Science and Engineering.
451. Zamora-Sanabria, R., & Alvarado, A. M. (2017). *Preharvest Salmonella risk contamination and the control strategies*. InTechOpen Rijeka, Croatia.
452. Zhang, T., Wang, C., & Zhong, X. (2012). Survey on sulfonamide antibiotic-resistant genotype and phenotype of avian *Escherichia coli* in North China. *Poultry Science*, *91*(4), 884-887.
453. Zhu, H., Liao, X., Chen, C., Wang, X., Sun, J., Sun, Y., . . . Liu, Y. (2010). Detection of plasmid-mediated quinolone resistance in clinical isolates of *Escherichia coli* from pet animals. *Scientia Agricultura Sinica*, *43*(16), 3447-3454.
454. Zurfluh, K., Klumpp, J., Nüesch-Inderbilen, M., & Stephan, R. (2016). Full-length nucleotide sequences of *mcr-1*-harboring plasmids isolated from extended-spectrum- β -lactamase-producing *Escherichia coli* isolates of different origins. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, *60*(9), 5589-5591.

Annexe 1 : Questionnaire de l'enquête au niveau des exploitations

1. Élevages bovinset ovins

Nom et prénom de vétérinaire :.....

Propriétaire/éleveur:.....

Lieu-dit.....CODE

Commune..... wilaya.....

- **Type de production :**
 - Laitière
 - Viande
 - Mixte
- **Mode d'élevage :**
 - Intensif
 - Semi-intensif
 - Extensif
 - Semi-extensif
- **Construction des bâtiments :**
 - Ancienne
 - Nouvelle
- **Etat général des bâtiments :**
 - Bon état
 - Moyen
 - Mauvais
- **Type de stabulation :**
 - Libre
 - Entravée
- **Abondance de la litière :**
 - Inexistante
 - Clairsemée
 - Abondante
- **La litière :**
 - Propre
 - Passable
 - Sale
- **Hygiène des bâtiments :**
 - Propre
 - Passable
 - Sale
- **Ventilation :**
 - Statique
 - Dynamique
 - Mixte
- **Qualité d'Aération**
 - Bonne
 - Passable
 - Mauvaise
- **Surface :**

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

-Béton -Sable /gravier -Caillebotis -Autre :

• **Etat de surface**

-Plutôt glissant -Plutôt antidérapant

- Evacuation de fumier : Oui Non
- Nombre de raclage /jour : une fois Deux fois Trois fois
- Utilisation de chaux oui non

• **2-Le personnel :**

• **Nombre de personnes s'occupant des vaches laitières :** |_|_|

• **Niveau instructif du propriétaire :**

-Analphabète -Primaire -Secondaire -Universitaire

3-alimentation :

-Concentré -Fourrage -Autre

Eau d'abreuvement

-Robinet -Puits -Source -Bâche -Sonde -Autre

4-Les animaux :

- **-Nombre total des bovins :**.....
- **Nombre total des ovins ;**.....

5-Conduite sanitaire :

- **Antécédents sanitaires :**.....
- **Diarrhées dans les deux mois précédant l'enquête :**.....
- **-Suivi sanitaire et prophylaxie :**
-Vaccination -déparasitage -tuberculisation -test brucellique -
suivi régulier par le vétérinaire -visite de vétérinaire en cas de maladie seulement.

• **Dernier traitement effectué :**.....

PRELEVEMENTS :

• Nature de prélèvement :écouvillonnage rectal Nombre CODE.....

• Espèce animale : -Bovine -Ovine

Sexe :.....âge :.....Race :.....

2. Elevage avicole

PRODUCTION AVICOLE :

Type d'élevage pc pp repro dinde autre

Mode d'élevage : au sol en batterie autre

Effectif :..... Souche (Race) :..... Âge :.....

N° de bâtiments :.....Superficie :.....

N° de serres :..... Superficie :.....

Nombre de bandes élevés par an:.....

Origine de poussins:..... Unique Multiple.....

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Taux de mortalité :.....

HYGIENE DES BATIMENTS ET EQUIPEMENTS :

- Etat des bâtiments : Propre passable sale
- Litière : paille copeaux de bois terre caillebottis plastique
- Ventilation : Statique dynamique mixte
- Qualité d'Aération : Bonne passable mauvaise
- Eclairage : groupe électrogène réseau autre
- Chauffage : électrique gaz autre
- Couveuse : oui non
- Evacuation de fumier : oui non
- Nombre de raclage /jour : une fois deux fois trois fois
- Utilisation de chaux : oui non
- Doté d'un dispositif d'évacuation des eaux usées : Oui non
- Eloigné de toute habitation :m

LE PERSONNEL :

- Sanitaire : oui non
- Nombre de personnes s'occupant de bâtiment : |_|_|
- Niveau instructif du propriétaire : -Analphabète -primaire -secondaire
-universitaire

ALIMENTATION ET ABREUUREMENT

- Type d'alimentation : -concentré -autre
- Eau d'abreuvement : -robinet -puits -source -bâche -sonde -autre

SUIVI SANITAIRE ET PROPHYLAXIE :

- Pédiluve : oui non
- Vide sanitaire : oui non durée :.....
- Produit désinfectant utilisé :.....
- Dératisation : oui non
- Programme de vaccination appliqué non appliqué
- Antécédents sanitaire :.....

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- L'eau est-elle contrôlée périodiquement ? OUI NON
- Les essuies mains à usage unique existent-ils ? OUI NON
- Les chambres froides sont-elles fonctionnelles et propres ? OUI NON
- L'affichage externe de la température est-il fonctionnel ? OUI NON
- Le graphique des températures est-il conservé ? OUI NON

3- Le fonctionnement :

- La marche en avant est-elle respectée ? OUI NON
- La séparation de la partie sale de la partie propre est-elle en vigueur ? OUI NON
- Durée entre l'abattage, l'éviscération et la mise en frigo :
- L'autocontrôle est-il pratiqué ? OUI NON
- L'échantillonnage est-il planifié ? OUI NON
- Le matériel d'emballage est-il stocké séparément ? OUI NON
- La dératisation et la désinfection sont-elles instaurées périodiquement ? OUI NON
- Si oui quelle est la date de la dernière réalisation ?
- Le règlement intérieur est-il respecté ? OUI NON
- Les registres d'entrée et de sortie des produits existent-ils ? OUI NON

4- Le personnel :

- L'hygiène corporelle est-elle respectée ? OUI NON
- Les tenues de travail sont-elles imposées ? OUI NON
- Les certificats de bonne santé sont-ils valides ? OUI NON

5- Le transport

- Engins de transport : adapté non adaptés véhicules privés
- les conditions de transport : mauvaise hygiène viande non emballée absence de réfrigération

6- Prélèvement

- Nature de prélèvement :..... Nombre :.....N° :.....
- Sexe :..... Espèce :.....Age :.....

Annexe 3 : Questionnaire de l'enquête au niveau des boucheries

Nom et ou raison sociale:.....

Adresse :.....

1. Caractéristiques des locaux :

- L'état de revêtement des murs et des cloisons est-il satisfaisant ? OUI NON
- L'état de revêtement des plafonds est-il satisfaisant ? OUI NON
- Etat du sol est-il correct en inclinaison et antidérapant ? OUI NON
- Les regards d'évacuations des eaux usées sont-ils fonctionnels ? OUI NON
- Les salles d'eau sont-elles propres et fonctionnelles ? OUI NON

2. L'équipement :

- Les outils sont-ils en bon état ? OUI NON
- Subissent-ils une désinfection régulière ? OUI NON
- L'eau est-elle contrôlée périodiquement ? OUI NON
- Les essuies mains à usage unique existent-ils ? OUI NON
- Les chambres froides sont-elles fonctionnelles et propres ? OUI NON
- L'affichage externe de la température est-il fonctionnel ? OUI NON

3. Le fonctionnement :

- La marche en avant est-elle respectée ? OUI NON
- La séparation de la partie sale de la partie propre ? OUI NON
- L'autocontrôle est-il pratiqué ? OUI NON
- L'échantillonnage est-il planifié ? OUI NON

4. Le personnel :

- L'hygiène corporelle est-elle respectée ? OUI NON
- Les tenues de travail sont-elles imposées ? OUI NON
- Les certificats de bonne santé sont-ils valides ? OUI NON

Annexe 4 : Caractéristiques des exploitations, bovine et ovine

Libellé de variable	Modalités	Pourcentage
Densité des animaux	Faible	20%
	Élevée	80%
Construction	Ancienne	0%
	Nouvelle	100%
Hygiène générale de bâtiment	Mauvaise	65%
	Bonne	35%
Litière	Existe	40%
	Clairsemée	60%
Fréquence de raclage	Une fois	60%

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

	Plus qu'une fois	40%
Type de sol	Béton	60%
	Terre battue	40%
Stockage de fumier	A l'intérieur	60%
	A l'extérieur	40%
Stockage de l'aliment	A l'intérieur	60%
	A l'extérieur	40%
Contrôle de l'eau	Oui	30%
	Non	70%
Contact et accès autres animaux	Oui	70%
	Non	30%
Déparasitage	Oui	20%
	Non	80%
Diarrhée	Oui	80%
	Non	20%
Lutte contre les nuisibles	Oui	40%
	Non	60%
Décontamination	Oui	20%
	Non	80%
Hygromètre	Oui	0%
	Non	100%
Pédiluve	Oui	0%
	Non	100%

Annexe 5 : Caractéristiques des exploitations avicoles

Caractéristiques	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10
Effectif	4000	4500	5500	6000	8500	4500	5000	3000	4500	6000
Souches	Cob500	Cob500	Isa b	Isa b	Cob500	Isa b	Arbor	Cob500	Cob500	Cob500
Age a la visite	36j	36j	47j	35j	48j	36j	46j	25j	42j	36j
Age d'abattage	55j	60j	52j	60j	54j	58j	60j	55j	52j	60j
Nbrde bâtiments	02	01	02	02	02	02	02	01	01	03
Nbr de bandes /an	02	02	04	04	03	02	04	02	02	03

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Densité d'animaux	15 p/m ²	12 p/m ²	15p/m ²	14p/m ²	12 p/m ²	15p/m ²	10p/m ²	15 p/m ²	14 p/m ²	10 p/m ²
Taux de mortalités	4%	6%	7%	7%	4%	5%	5%	5%	4%	5%
Sole	Terre	Terre	Terre	Terre	Béton	Béton	Terre	Béton	Béton	Terre
Aération	Stat	Stat	Stat	Stat	Stat	Stat	Stat	Stat	Stat	Stat
Nombre de raclage	3fois	1fois	1fois	1fois	2fois	3fois	2fois	2fois	2fois	2fois
Hygiène générale	Propre	Sale	Sale	Sale	Sale	Sale	Sale	Sale	Sale	Sale
Tenue de travail	Oui	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non
Vide sanitaire	≥15j	≤ 15j	≤ 15j	≤ 15j	≥15j	≥15j	≥15j	≥15j	≥15j	≤ 15j
Lots ≤ 500 m	Oui	Oui	Non	Non	Non	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Analyse de l'eau	Oui	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Oui	Oui
Diarrhée	Non	Oui	Oui	Oui	Non	Oui	Oui	Oui	Non	Oui
Hygromètre	Oui	Non	Non	Non	Non	Oui	Non	Non	Non	Oui
Pédiluve	Oui	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non
Désinfection	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Usage d'antibiotique	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Dératisation	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non	Non
Stockage de fumier	Al'ext	A l'int	A l'int	Al'int	Al'ext	Al'ext	Al'ext	A l'int	A l'int	A l'int

Annexe 6 : Présentation des abattoirs à viande rouge, étudiées

Caractéristiques

Abattoir 1

Abattoir 2

Abattoir 3

Abattoir 4

Abattoir 5

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Capacité de production par mois	-32 Bovins -146 ovins	-10 bovins - 120 ovins	- 18 bovins - 60 ovins	-25 bovins - 45 ovins	-80 bovins -1200ovins
Etatdes murs satisfaisant	non	non	oui	non	oui
Etat de sol correct et antidérapant	non	non	oui	non	oui
Conception des murs	Faïence	Faïence	Faïence	Faïence	Faïence
La chaine mécanique	non	non	non	non	oui
La salle d'attente des animaux	oui	non	oui	oui	oui
La marche en avant est respectée	non	non	oui	oui	oui
La chambre froide fonctionnelle	non	non	oui	non	oui
L'eau est contrôlée périodiquement	non	non	non	non	oui
Subit une désinfection régulière	non	non	oui	non	oui
Hygiène corporelle est respectée	non	non	oui	oui	oui
Les tenues de travail sont imposées	non	non	non	non	oui
Les certificats de bonne santé	non	non	oui	non	oui
Les conditions de transport	Mauvaise	Mauvaise	bonne	Mauvaise	bonne
Engin de transport	Non adapté	Non adapté	adapté	Non adapté	adapté

Annexe 7 : Présentation des abattoirs à viande blanche, étudiées

Caractéristique	Abattoir 1	Abattoir 2	Abattoir 3	Abattoir 4	Abattoir 5
Capacité de production par jour	6000sujets	500sujets	500 sujets	1000 sujets	3000 sujets
Etat des murs satisfaisants	oui	oui	oui	oui	oui
Etat de sol correct et antidérapant	oui	oui	oui	oui	oui
Conception des murs	Faïence	Faïence	Faïence	Faïence	Faïence
La chaine mécanique	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Ressuyage	Ventilateurs	Air libre	Air libre	Ventilateurs	Ventilateurs
La marche en avant est respectée	Non	Non	Non	Non	Non
La chambre froide fonctionnelle	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
L'autocontrôle pratiqué	Non	Non	Non	Non	Non
L'eau est contrôlée périodiquement	Oui	Non	Non	Non	Non
Subit une désinfection régulière	Oui	Non	Non	Oui	Oui
Hygiène corporelle est respectée	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Les tenues de travail sont imposées	Non	Non	Non	Non	Non
Les certificats de bonne santé	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Les conditions de transport	Bonne	Mauvaise	Mauvaise	Mauvaise	Bonne
Engins de transport	Adapté	Non adapté	Non adapté	Adapté	Adapté

Annexe 8 : Questionnaire sur l'utilisation des antibiotiques

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Ce questionnaire s'inscrit dans le cadre d'une thèse de doctorat d'état autour des pratiques de l'antibiothérapie en élevage aviaire, bovin et ovin.

Nom et Prénom:.....

Commune :.....

1- depuis quand exercez- vous ?

2- nombre d'élevages aviaires que vous suivez ? :.....

3- nombre d'élevages bovins que vous- suivez ? :.....

4- nombre d'élevages ovins que vous- suivez ? :.....

Nombre en poulet de chair :..... Effectif total :

Nombre en poule pondeuse :

5- vos utilisations d'antibiotiques sont à titre :

6- La voie d'administration fréquemment utilisée :

7- quels l'antibiotiques prescrivez-vous :

8- Parmi les maladies infectieuses traitées par les antibiotiques qu'elles sont celles qui vous sont les plus fréquentes en élevage bovin ?

9- Parmi les maladies infectieuses traitées par les antibiotiques qu'elles sont celles qui vous sont les plus fréquentes en élevage ovin ?

10- Parmi les maladies infectieuses traitées par les antibiotiques qu'elles sont celles qui vous sont les plus fréquentes en élevage avicole ?

11- Durée du traitement en moyenne :

-1jour -2 jour -3jours -4jours -5 jours -6 jours -plus

12- lorsque les résultats ne sont pas satisfaisants, au bout de quel délai changez-vous d'antibiotiques :

-1jour -2jours -3jours -4jours -5jours -plus.

13- envoyez- vous des prélèvements au laboratoire pour autopsie ?

-Souvent -rarement -jamais

14- Sur quel argument vous faites le choix des antibiotiques que vous prescrivez ?

15- Respecter vous la dose prescrite sur la notice de chaque antibiotique ?

- Oui - non - pourquoi :.....

16 - Est-ce que l'éleveur suit vos recommandations par rapport à la dose , la durée du traitement et le délai d'attente ?

-Oui -non -

17- que proposez-vous pour lutter contre l'anti-biorésistance ?

Merci de m'avoir accordé du temps, votre collaboration me sera très précieuse.

Annexe 9 : Le matériels et milieux utilisés

1. Appareillage et verrerie

- Balance de précision 0,01 g ;
- Stomacher ;
- Standard McFarland 0,5 ;
- Spectrophotomètre ;
- Pied à coulisse ;
- Centrifugeuse ;
- PCR ;
- Electrophorèse ;
- Agitateur ;
- Boîte d'éclairage UV
- Incubateurs (30°C, 37°C, 42°C, 44°C, 46°C) ;
- Consommables (Ose jetables 10µl, Ose de platine, boites de pétri, Sac stomacher sans filtre, pipettes souples jetables) ;
- Sacs stomachers ;
- Tubes.

2. Milieux et réactifs

- Eau Peptonée tamponnée ;
- Eau Peptonée Alcaline à 1% NaCl ;
- pH mètre ;
- Gélose agar Violet Red Bile Lactose (VRBL) ;
- Gélose Plate Count Agar (PCA) ;
- Gélosé Baird-Parker (BK) ;
- Bouillon Cœur Cerveille (BHI) ;
- Gélose XLD ;
- Gélose TCBS ;
- Gélose nutritive Saline ;
- Milieux Rappaport-Vassiliadis ;
- Milieux Muller-Kaufmann ;
- Milieu gélosé Viande foie (VF) ;
- Sulfite Citrate ferrique ;
- Bouillon lactosé au pourpre de bromocrésol (bouillon BCPL) ;
- Réactif KOVACS ;
- Bouillon de Roth ;
- Litsky à l'éthyl violet et azide de sodium ;
- Disques à l'oxydase ;
- Galeries biochimiques API20E (Biomerieux)
- Disques d'antibiotiques (Oxoid)
- Bouillon Tryptone de Soja ;
- Milieu Mueller Hinton ;
- Tris 250 ;
- EDTA 250 ;
- Tampon de saccharose à 25% ;
- Tampon de saccharose à 75% ;
- Solution Brijdesoxycholate ;
- Solution de lyse (Brij et EDTA 250) ;

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Tampon TE (Tris et EDTA 250) ;
- Buffer TAE (Tris, acetate de sodium, EDTA, H₂O) ;
- Solution de transport pour le gel électrophorèse (bleu de bromophénol, TAE, Glicerol, eau distillée) ;
- Gel agarose (agarose, TAE, solution de bromure d'ethidium) ;
- Buffer Taqpolymerase ;
- MgCl₂ ;
2,5 mM ;
- dNTPs 2,5 Mm ;
- Amorces (CMY2, Sul1, Sul2, Sul3, Aac (6) -Ib, qnrA1, qnrS2, qnrB1) ;
- l'hypochlorite de sodium ;
- Neutralisant.

Publication

Article publié le : 16 juillet 2021

Titre: Risk factors related to bacterial contamination by Enterobacteriaceae and fecal coliforms and the prevalence of Salmonella spp. in Algerian farms, slaughterhouses and butcheries: a two-year follow-up study.

Auteurs: Khireddine Ghougal, Amira Leila Dib, Nedjoua Lakhdara, Sameh Baghezza, Abdennour Azizi, Rayane Merrad, Ahmed Zouikri, Daoud Cheraitia, Messaoud Trouni, Hichem Soualah, Elena Moreno, Elena Espigares and Mohammed Gagaoua.

Nom du journal: AIMS Agriculture and Food

Pays de journal: Department of Food Science and Technology, University of California Davis, Davis, USA 2021, Volume 6, Issue 3: 768-785.

doi: 10.3934/agrfood.2021046

Cite score : 1.6

ISSN: 2471-2086.



Research article

Risk factors related to bacterial contamination by *Enterobacteriaceae* and fecal coliforms and the prevalence of *Salmonella spp.* in Algerian farms, slaughterhouses and butcheries: a two-year follow-up study

Khiredine Ghogal¹, Amira Leila Dib¹, Nedjouda Lakhdera¹, Melisa Lamri², Sameh Baghezza³, Abdennour Azizi³, Rayane Merrad¹, Ahmed Zouikri⁴, Daoud Cheraitia⁴, Messaoud Trouni⁴, Hichem Soualah⁴, Elena Moreno⁵, Elena Espigares⁵ and Mohammed Gagaoua^{6,*}

¹ GSPA Research Laboratory, Institut des sciences vétérinaires, Université Frères Mentouri, Constantine 1, 05 Route de Batna, El-Khroub, Constantine, 25000, Algeria

² Laboratoire de Qualité et Sécurité des Aliments, Université Mouloud Mammeri, Tizi -Ouzou 15000 Algeria

³ Department of Veterinary Science, Veterinary Sciences and Agricultural Sciences Institute, University of Batna, Algeria

⁴ Institut des sciences vétérinaires, Université Frères Mentouri, Constantine 1, 05 Route de Batna, El-Khroub, Constantine, 25000, Algeria

⁵ Department of Preventive Medicine and Public Health, Faculty of pharmacy, University of Granada, Campus Universitario de Cartuja, 18071, Granada, Spain

⁶ Teagasc Food Research Centre, Ashtown, Dublin 15, Ireland

* **Correspondence:** Emails: mohammed.gagaoua@teagasc.ie; gmb2001@yahoo.fr Tel: +35318059948.

Abstract: This study was conducted to investigate first the bacterial contamination by *Enterobacteriaceae*, fecal coliforms and the prevalence of *Salmonella spp.* and second to identify the main associated risk factors in Algerian farms, slaughterhouses and butcheries during a two-years period. Thus, a cross-sectional study was performed using a simple random sampling method to target 20 farms, 10 slaughterhouses and 5 butcheries. A structured questionnaire was further used to assess hygienic status of the farms and slaughterhouses. A total of 265 samples were collected from wall, floor, litter, food, water and animals' samples composed mainly of meat, neck skin and liver. Samples from walls and floors, from different sites were analyzed to evaluate the overall contamination and the hygiene of sites for Total viable bacteria, *Enterobacteriaceae* counts and Fecal coliforms counts. Furthermore, *E.coli* and *salmonella spp.* were identified in all samples. The overall

contamination by sampling sites expressed as \log_{10} CFU/g (mean \pm SD) for Total Aerobic Microbial Count, Enterobacteriaceae count and fecal coliforms counts were around 4.71 ± 1.1 , 4.73 ± 1.3 and 4.68 ± 1.2 respectively. The findings evidenced that the prevalence of *E.coli* and *Salmonella spp.* were 63.40% and 18.49% respectively. The highest rate of *E.coli* contamination was for poultry farms (70%), beef farms (64%) and butcheries (74.54%) followed by poultry meat slaughterhouses (60%) and sheep farms (48%) while beef slaughterhouses have the lowest rate of contamination (33.84%). For *salmonella spp.* the contamination was found to be mainly in poultry meat slaughterhouses (31.11%), butcheries (25.45%), followed by poultry farms (22%), beef farms (20%) and sheep farms (12%) while beef slaughterhouses have the lowest rate of contamination (4.61%). This study evidenced multifactor effects of microbial contamination in farms such as animal density, litter hygiene and scraping, manure storage, water and pest control, contact with other animals and decontamination process. Overall, this trial indicated a high rate of microbial contamination for which further studies are needed to determine all the potential risk factors in order to evaluate the corrective effects.

Keywords: farms; animals; abattoirs; meat safety; carcass; prevalence; Algeria; food safety

1. Introduction

Algeria is believed to have the second livestock population in North Africa, with an estimated population of 1.9 million cattle, 26.4 million sheep and 4.8 million goats, with an estimated meat production of 4.7 million quintals [1]. The livestock sector contributes to about 12.3% of the national GDP in 2016, and constitutes the main source of industrial raw materials (milk, meat and skin) as well as a high source of animal proteins for consumers [1]. In Algeria, the consumption of animal products such as meat, milk and egg is rising due to rapid demographic expansion, growing rhythms of urbanization, and an obvious evolution in the consumption habits. This trend has induced a surge in the demand of animal products with emerging risks of a food dependency for the region [2]. In parallel, there may be defective processing practices at any point from the farm-to-fork chain, which increase the chances of contamination and spread of foodborne pathogens [3]. In fact, food products may become contaminated at different stages along the food chain [4], which might happen during production, processing, distribution, preparation, and/or final consumption. The risk of food getting contaminated depends largely on the health status of the food handlers, their personal hygiene, knowledge and practice of food hygiene among others [5].

According to Hoffmann *et al.* [6], more than 600 million persons globally, or nearly one out of ten people in the world, fall ill after consuming contaminated food in 2010. Among them, 420 000 people died, including 125 000 children under the age of 5 years and caused 33 million Disability Adjusted Life Years [6]. For example, food of animal origin can be contaminated with bacteria during food processing or slaughtering [7]. Further, these pathogens come also into contact with food during storage and packaging [4]. Foodborne pathogens are recognized as an important public health problem, and their impact on both health and economy is intensively investigated [8]. Among the bacteria that cause foodborne poisoning, some are particularly important in terms of frequency and/or of seriousness of the disease. *Salmonella spp.* and *E. coli* are the common causes of foodborne diseases and death in the world [8,9]. For example, *E. coli* is known as dangerous bacteria in the dairy farm

sector worldwide as it causes significant economic losses [10]. There are several strains in *E. coli*, despite the fact that the majority of them are harmless, a few strains can cause serious foodborne infections in human [3]. More specifically and in cattle we can refer to shiga toxin-producing *E. coli* and enterohemorrhagic *E. coli* [11].

Currently, little is known about the critical points of *Salmonella spp.* and *E. coli* contamination from farm-to-fork in Algeria. The public health importance of several pathogenic enterobacteria associated with food of animal origin was highlighted in certain studies conducted in different parts of the country [12,13]. However, statistics on the hygienic status and handling practices of meat in slaughterhouses and butcheries are scarce due to poor or non-existent reporting systems. Despite the above-mentioned research, the prevalence of *Salmonella spp.* and *E. coli* and its risk factors associated has not been sufficiently studied. To the best of our knowledge, the risk factors from of *Salmonella spp.* and *E. coli* contamination particularly in farms, slaughterhouses and butcheries have never been investigated in Algeria. Thus, this study aimed to evaluate the potential risk factors favouring *Salmonella spp.* and *E. coli* contamination and to determine the contamination of food chain in the province of Oum El Bouaghi located in Eastern Algeria.

1. Materials and methods

1.1. Study area and target population

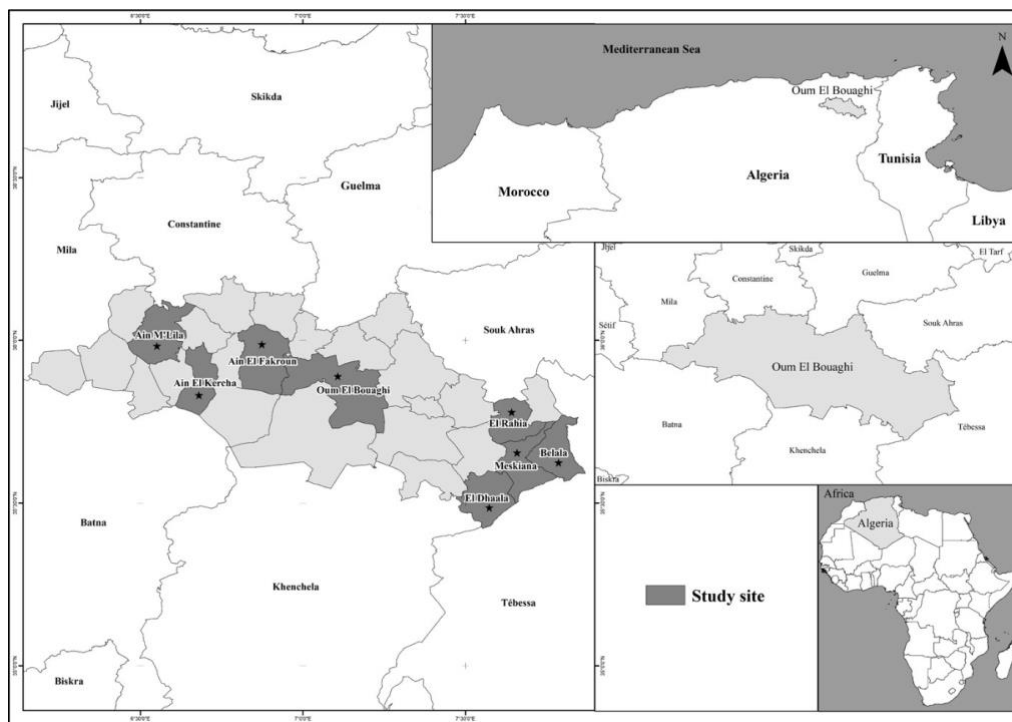


Figure 1. Map showing the geographical locations of the farms, slaughterhouses, and butcheries investigated from the province of Oum El Bouaghi, Algeria.

A cross-sectional study was conducted using a simple random sampling over a period time of two years from December 2017 to February 2020. A total, of 20 specialised farms (5 cattle, 5 sheep and 10 poultry), 10 slaughterhouses (with slaughtering capacity ranges from 500 to 6000 chickens per day, 10 to 80 for cattle and 45 to 1200 for sheep), 5 private butcheries were selected in the province of Oum El Bouaghi from the Eastern of Algeria (Figure 1).

1.1. Data collection at the farm and slaughterhouse levels

Observation worksheets were used to collect information on management, facilities, equipment and hygienic practices at farms and slaughterhouses. A structural questionnaire was prepared and designed for farms and slaughterhouses, which contains twenty closed type questions. The questionnaire focused on live animal management, biosecurity measures, data on the farms and slaughterhouses including information of the personnel, cleaning and disinfection methods.

1.2. Sample collection

A total of 265 samples including wall, floor, litter, food, water and animal samples composed mainly of meat (chicken, beef and lamb), neck skin and liver, were collected. The meat samples were collected aseptically in sterile bags, stored on ice packs and transported to the laboratory under refrigerated conditions. Poultry and livestock feed (1pool of 5g x5), litter with droppings or faeces (1pool of 5g x5), neck skin and liver (1pool of 5g x5) placed in sterile bags were further considered. In addition, wall and floor swabs were collected aseptically in sterile tubes containing 9 mL of buffered peptone water (BPW) and transported directly from the sampling location to the laboratory under refrigerated conditions using wet ice. All samples were analyzed in the same microbiological laboratory to avoid any additional effects. Table 1 shows the nature, type and method of sampling, the amount and the number of samples taken from each farm, slaughterhouses and butcheries.

1.3. Hygienic evaluation

The notation of cleanliness was evaluated according to the guide of good farming practices for animal production and food safety [14].

1.4. Microbiological analysis

The standard ISO 6887:1999 designed for samples preparation, stock suspension and dilutions for microbiological examination was used in this study. Briefly, under aseptic conditions, 10 g and 25 g of beef and chicken meat samples were weighted and homogenized in a sterile blender for 2 min using 90 mL and 225 mL respectively of 0.1% BPW (pH 7.0 ± 0.2). The swabs from farms and slaughterhouses were directly seeded on surface (streaks) and in depth (count) on selective agar. All samples were tested for the different groups of bacteria consisting of Total Count Bacteria, *Enterobacteriaceae* counts, fecal coliforms and presence of *E. coli* and *Salmonella*. The culture methods for the detection of different organisms were based on international standards:

- Bacterial counts: ISO 4833: 2003 for Total Count Bacteria, where 1 mL of each dilution (10^{-1} , 10^{-2} , and 10^{-3}) of the bacterial suspension was seeded in Plate Count Agar and incubated at 30 ± 1 °C

for 72 h ± 3 h. Following incubation, bacteria colonies on plates were counted.

- *Enterobacteriaceae* enumeration was performed following ISO 21528-2: 2004 guidelines. Inoculation was done on Violet Red Bile Glucose agar and incubated between 18–24 h at 37 °C.

- Enumeration of thermotolerant coliforms was performed using NF V08-060. Tenfold serial dilution for each sample for up to 10⁻³ were prepared, seeded on VRBL and incubated at 44 °C for 48h. Five suspected colonies per sample were randomly isolated from VRBL and identified with an API 20E biochemical tests (BioMérieux, France).

- *Salmonella* identification was performed using ISO 6579:2007. Briefly, 25g of samples were separately pre-enriched with 225 mL of peptone water (Condalab, Spain). All the samples were incubated at 37 °C for 18–24 h. From each pre-enrichment solution, 0.1 mL were transferred into 10 mL of Rappaport Soy Broth Vassiliadis (Condalab, Spain) and incubated at 42 °C for 18–24 h. Enriched samples were then seeded on Xylose Lysine Desoxycholate Agar (Condalab, Spain) and incubated at 37 °C for 18h–24 h. Red colonies with black centers were re-isolated on nutrient Broth (Condalab, Spain) for purification. Five suspected colonies per sample were randomly identified with an API 20E biochemical tests (BioMérieux, France).

Table 1. Organization of sampling at the farm, slaughterhouse and butchery levels.

Number and site of sampling	Type of samples	Type and mode of sampling	Location and quantity of samples	Number of samples
5	Floor, wall	Swab	Floor and wall surface	10
Cattle farms	Litter with faeces	Litter pots	1 pool of 5g x5	05
	Feed	Feed pots	1 pool of 5g x5	05
	Water	Bottle of water	250mL of water	05
5	Floor, wall	Swab	Floor and wall surface	10
Sheep farms	Litter with faeces	Litter pots	1 pool of 5g x5	05
	Feed	Feed pots	1 pool of 5g x5	05
	Water	bottle of water	250 mL of water	05
10	Floor, wall	Swab	Floor and wall surface	20
Poultry farms	Litter with droppings	Litter pots	1 pool of 5g x5	10
	Feed	Feed pots	1 pool of 5g x5	10
	Water	Bottle of water	250mL of water	10
5	Floor, wall	Swab	Floor and wall surface	1
Red meat slaughterhouses	Water	Bottle of water	250 mL of water	05
	Meat	Pieces	30g of carcass	50
5	Floor, wall	Swab	Floor and wall surface	10
Chicken meat slaughterhouses	Water	Bottle of water	250 mL of water	05
	Neck skin	Pieces	3 pools of 5x5g	15
	Liver	Pieces	3 pools of 5x5 g	15
5	Red meat	Pieces	30g of carcass	30
Butcheries	Chicken meat	Pieces	30g of carcass	25
Total samples				265

1.1. Statistical analysis

Data were entered into Excel spreadsheet, cleaned, and exported to Statistical Package for Social Sciences (SPSS) program version 24 (IBM, USA) for statistical analysis. Descriptive statistics like mean, frequency, and percentage were performed on different variables. Univariate analysis and logistic regression were performed to identify factors associated with bacterial contamination. Univariate analysis for binary variables consisted of either Fisher exact test or chi-square (χ^2) test as appropriate at 95% Confidence Interval (CI) and a significant level of 5%. The calculation of odds ratios (OR) was performed using the method of Woolf (method of logit) with a 95% confidence interval. Fisher's exact test was performed if $n \leq$ than 20 or $n \leq$ 5 to test the relationships between each explanatory variable and the variable "presence/absence of *E. coli* and *Salmonella spp.*"

2. Results

2.1. Characteristics of the farms and slaughterhouses and overall contamination

Our survey at the farm level allowed to observe that cattle are kept in tie-stall in all the surveyed farms. From this, 60% of the floors were found to be constructed from concrete, covered with straw while the remaining were made by clay (Table 2). Moreover, 65% of the buildings and sheepfolds are old constructions.

The rest of the buildings are in a deteriorated state (cracks, holes in the roof). The hygiene in the buildings and sheepfolds is often poorly controlled, with only 35% in good hygienic conditions; however, the rest vary from fair to dirty. The distribution of germs per site, collected from cattle, sheep, poultry and slaughterhouses indicated that the wall and floor are relatively contaminated (Table 3).

The total means bacterial count $\log_{10}\text{CFU}/\text{cm}^2$ was found to be 4.71 ± 1.24 . These resulted in 55% of the farms with a sparse litter. On another hand, the straw generally reserved for bedding was used for animals feeding (Table 2). It is important to mention that when it exists, the litter is poorly maintained (dirty, wet litter), because of its infrequent loading and renewal (reduced scraping per day).

A high number of the farms (70%) regrouped several livestock buildings with enough distance (less than 500 m from each other). In addition, 60% of the farms allow access to domestic animals (dogs and cats). Further, the equipment is limited to the strict minimum (feeder and drinker) and the ventilation system was found to be static in all farms. In 70% of the farms, the storage of manure and feed was mainly performed inside the farm. The questionnaire allowed gathering information on the rearing practices applied by the farmers. In general, 70% of the farms use water from wells, which are not strictly controlled. Only 75 % of the farms surveyed are rat free (Table 2). The poultry have several origins and came namely from Oum El Bouaghi, Constantine and Batna. The hygienic control is ensured by the veterinary inspection of each province. Additionally, 60% of the slaughterhouses have walls lined with earthenware, with a satisfactory state of covering and a correct and non-slip concrete floor. Compared to cattle and sheep meat slaughterhouses, the chicken ones were in very poor conditions. The overall contamination for Total Aerobic Microbial Count, Enterobacteriaceae count and fecal coliforms counts were around 4.71 ± 1.1 , 4.73 ± 1.3 and 4.68 ± 1.2 respectively (Table 3).

Table 2. Characteristics of the farms visited and percentages of presence of *salmonella* spp. and *E. coli* strains.

Parameters	Characteristic	Percentage of <i>E. coli</i>	Percentage of <i>Salmonella</i> spp.
Animal density	Low	40	40
	High	60	60
Building	Old	70	70
	New	30	30
General building hygiene	Poor	75	75
	Good	25	25
Litter	Sparse	55	55
	Exists	45	45
Scraping frequency	One time	65	65
	More than one time	35	35
Floor type	Concrete	65	65
	Clay	35	35
Storage of manure	Indoors	70	70
	Outdoors	30	30
Food storage	Indoors	50	50
	Outdoors	50	50
Water control	Yes	30	30
	No	70	70
Contact with other pets	Yes	60	60
	No	40	40
De-worming	Yes	25	25
	No	75	75
Diarrhea	Yes	75	75
	No	25	25
Pica	Yes	50	50
	No	50	50
Pest control	Yes	75	75
	No	25	25
Decontamination	Yes	25	25
	No	75	75

Table 3. Evaluation of the overall contamination by sampling sites expressed as log₁₀ CFU/g.

Flora	Farms		Slaughterhouses					
	Cattle and sheep		Poultry		Red meat		Chicken meat	
	Wall	Floor	Wall	Floor	Wall	Floor	Wall	Floor
A	4.68 ± 1.08	4.74 ± 1.4	4.62 ± 0.8	4.74 ± 1.4	4.71 ± 1.2	4.74 ± 1.4	4.74 ± 1.4	4.69 ± 1.09
B	4.72 ± 1.02	4.74 ± 1.3	4.74 ± 1.3	4.74 ± 1.3	4.71 ± 1.2	4.74 ± 1.3	4.74 ± 1.3	4.71 ± 1.2
C	4.60 ± 1.08	4.64 ± 1.2	4.73 ± 1.4	4.58 ± 1.4	4.71 ± 1.3	4.74 ± 1.3	4.72 ± 1.4	4.71 ± 1.2

Flora A: Total Aerobic Microbial Count; Flora B: *Enterobacteriaceae* count; Flora C: Fecal Coliforms counts.

1.1. Prevalence of *E. coli* and *Salmonella spp.*

The results showed that the prevalence for *E. coli* was 44.90% (119) for and 18.49% (49) for *Salmonella spp.* in the 235 collected samples (Table 4).

Table 4. Characteristics of the farms visited and percentages of *Salmonella spp.* and *E.coli strains*.

Sampling site	Number of samples	<i>E. coli</i> (%)	<i>Salmonella spp.</i> (%)
Cattle farms	25	64 (16)	20 (4)
Sheep farms	25	36 (09)	12 (3)
Poultry farms	50	70 (35)	22 (11)
Red meat slaughterhouses	65	29.23 (19)	4.61 (3)
Chicken meat slaughterhouses	45	28.88 (13)	31.11(14)
Butcheries	55	67.27 (27)	25.45 (14)
Total	265	44.9 (119)	18.49 (49)

1.1.1. At the farm level

Contamination by *Salmonella spp.* was found on the walls (20%), in litter (20%) and in feed (20%) of the cattle farms. Interesting to note that no positive samples were observed at the sheep farms neither in wall and floor nor in water samples. Only feed (40%) and litter (20%) were contaminated. Contaminations at the poultry farms by *Salmonella spp.* of 40%, 10%, 20%, 30% and 10% were identified on walls, floors, litter, feed and water, respectively (Table 5). The highest presence of *E. coli* was observed at the poultry farms, mainly on the floors and feed (100%), litters (80%), walls (50%) and water (20 %). The presence of *E. coli* at sheep farms was 80 % on feed, 100 % on litter and no positive samples on walls, floors and water. The percentage of *E. coli* at cattle farms was 60% in walls and floors, and 100% in feed and litter and no positive samples in water (Table 5).

1.1.2. At the slaughterhouse level

The percentage of *E. coli* in red meat slaughterhouses was 29.23%. The contamination was found to be mainly in walls (100%), beef samples (80%), sheep samples (80%) and floors (60%). Therefore, the prevalence of *Salmonella spp.* in red meat slaughterhouses was weak to be around 4.61% that is observed most frequently in samples of beef meat (40%) and sheep meat (20%). However, at the slaughterhouse level no positive samples to *Salmonella spp.* were found from walls and floors. In the chicken meat slaughterhouses, the contamination by *E. coli* and *Salmonella spp.* was 28.88% and 31.11%, respectively. The contamination by *E. coli* was found in walls (100%), floors (60%), water (40%), liver and neck skin (6.66%) samples, respectively. *Salmonella spp.* were mainly isolated from neck skin (60%), liver (33.33%), walls, water and floors (40%) (Table 5).

1.1.3. At the butcheries level

The rates of samples contaminated by *E. coli* and *salmonella spp.* were 67.27% and 61.81%, respectively. The presence of *E. coli* in beef meat, sheep meat and chicken meat were 86.66%, 13.33% and 46.66%, respectively. In addition, 46.66% of the sheep meat and 28% of the chicken meat samples

were contaminated with *Salmonella spp.* However, *Salmonella spp.* was not isolated from the beef samples (Table 5).

1.1. Univariate analyses to investigate the risk factors

To identify risk factors that predict *Salmonella spp.* and *E. coli* contamination at the farms and slaughterhouses levels, univariate analyses were performed to assess the relationships between the outcome variable and each explanatory variable. The relations were expressed based on “odds ratio” (OR) and *P*-values. The results of the univariate analysis of the association between the explanatory variables and the variable (*Salmonella spp.* and *E. coli* status: absence/presence) are summarized in Table 6.

Table 5. Prevalence of *Salmonella spp.* and *E. coli* by sampling sites.

Type of sampling		Prevalence (%)	
		<i>E. coli</i>	<i>Salmonella spp.</i>
Cattle farms	Wall	(3) 60	(1) 20
	Floor	(3) 60	(1) 20
	Litter	(5) 100	(1) 20
	Feed	(5) 100	(1) 20
	Water	(0) 00	(0) 00
Sheep farms	Wall	(0) 00	(0) 00
	Floor	(0) 00	(0) 00
	Litter	(4) 80	(1) 20
	Feed	(5) 100	(2) 40
	Water	(0) 00	(0) 00
Poultry farms	Wall	(5) 50	(4) 40
	Floor	(10) 100	(1) 10
	Litter	(8) 80	(2) 20
	Feed	(10) 100	(3) 30
	Water	(2) 20	(1) 10
Red meat slaughterhouses	Wall	(5) 100	(0) 00
	Floor	(3) 60	(0) 00
	Beef meat	(4) 80	(2) 40
	Sheep meat	(4) 80	(1) 20
	Water	(3) 60	(0) 00
Chicken meat slaughterhouses	Wall	(5) 100	(2) 40
	Floor	(3) 60	(2) 40
	Water	(2) 40	(2) 40
	Neck skin	(2) 40	(3) 60
	Liver	(1) 6.66	(5) 33.33
Butcherries	Beef meat	(13) 86.66	(0) 00
	Sheep meat	(2) 13.33	(7) 46.66
	Poultry meat	(12) 48	(7) 28

At the farm level, there were 8 significant factors related to *E. coli* and *Salmonella spp.* prevalence. The first ranked factor was the density of animals (OR = 11; $P = 0.03$). General hygiene (OR = 9.75; $P = 0.03$), scraping frequency (OR = 16; $P = 0.01$), manure storage inside the building (OR = 16; $P = 0.01$) were the other factors favouring *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination. Moreover, *E. coli* and *Salmonella spp.* are more frequent when water is not controlled (OR = 16; $P = 0.01$). Therefore, the presence of *E. coli* and *Salmonella spp.* appears to be related to animal health practices (OR = 9.75; $P = 0.03$). At the slaughterhouse level, all the investigated factors appeared to be relevant and tended to be potentially associated with *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination, even they were not significant ($P > 0.05$).

Table 6. Definition and distribution of the explanatory variables selected for the analysis of farms and slaughterhouses contamination by *E. coli* and *Salmonella spp.*

Parameter	Modality	% within presence of <i>E. coli</i> and <i>Salmonella spp.</i>	χ^2	Pa	OR	95%CI (OR)	RR
Farms							
Animal density	High	91.67	4.44	0.035	11	0.93–130.33	1.83
	Low	50					
General building hygiene	Poor	86.87	4.36	0.036	9.75	0.95–99.97	2.17
	Good	40					
Litter	Sparse	90.91	3.3	0.069	08	0.7–91.8	1.64
	Exists	55.56					
Scraping frequency	One time	92.31	5.93	0.014	16	1.27–200.93	2.15
	More than one time	42.86					
Floor type	Concrete	84.62	1.83	0.176	4.13	0.49–34.54	1.84
	Clay	57.14					
Storage of manure	Indoors	92.31	5.93	0.014	16	1.27–200.93	2.15
	Outdoors	42.86					
Storage of food	Indoors	90	2.4	0.121	06	0.53–67.65	1.5
	Outdoors	60					
Water control	No	92.31	5.93	0.014	16	1.27–200.93	2.15
	Yes	42.86					
Contact with other pets	Yes	83.33	1.11	0.292	03	0.37–24.17	1.33
	No	62.5					
Decontamination	No	86.67	4.36	0.036	9.75	0.95–99.97	2.17
	Yes	40					
De-worming	No	81.25	1.67	0.196	4.33	0.42–44.11	1.63
	Yes	50					
Diarrhea	Yes	86.67	4.36	0.036	9.75	0.95–99.97	2.17
	No	40					
Pica	Yes	81.82	0.61	0.434	2.25	0.29–17.76	1.23
	Non	66.67					

Continued on next page

Parameter	Modality	% within presence of <i>E. coli</i> and <i>Salmonella spp.</i>	χ^2	Pa	OR	95%CI (OR)	RR
Pest control	No	86.67	4.36	0.036	9.75	0.95–99.97	2.17
	Yes	40					
Slaughterhouses							
Animal cleanliness	Bad	83.33	3.4	0.065	15	0.66–339.57	3.33
	Good	20					
Walls and floor are satisfactory	No	85.71	2.74	0.097	12	0.49–294.59	2.57
	Yes	33.33					
Good handling	No	83.33	3.4	0.065	15	0.66–339.57	3.33
	Yes	25					
Protective clothes	No	80	3.6	0.057	16	0.72–354.82	4
	Yes	20					
Water control	No	66.67	1.67	0.196	06	0.35–101.57	2.67
	Yes	25					

Note: 95% CI (OR): Confidence interval for Odds Ratio to 95% depending on the method of Woolf (method of logit). RR: Relative Risk. $P < 0.05$: Variable significantly associated with infection by *Salmonella* and *E. coli*.

1. Discussion

1.1. Prevalence of *E. coli* and *Salmonella spp.* at the farm level

E. coli was isolated from the majority of farms in which, 70% of the poultry farms, 64% of the cattle farms and 36% of the sheep farms were contaminated. For *Salmonella spp.*, 22% of the poultry farms, 20% of the cattle farms and 12% of the sheep farms were contaminated. The results of this study are in the same trend to those of Sobur *et al.* [15] from Bangladesh on floor, water, faeces and hand washing water samples from 4 cattle farms who demonstrated *E. coli* and *Salmonella spp.* to be respectively isolated at higher rates 75% (180 out of 240) and 56.67% (136 out of 240). According to the study by Ibrahim *et al.* [16] on 84 poultry farms in northern Jordan, *E. coli* was the most dominant species (53.4%). Our findings are in line with several earlier studies that reported *E. coli* and *Salmonella spp.* as the main contaminants in cattle farm samples [15,17,18]. The occurrence of *E. coli* and *Salmonella spp.* in farms may be in all these studies due to the improper management of animal's dung, hence resulting on the transmission of *E. coli* and *Salmonella spp.* into the farm environment [19].

1.2. Prevalence of *E. coli* and *Salmonella spp.* at the slaughterhouse level

The prevalence of *Salmonella spp.* in red meat slaughterhouses was 4.61%. Similar studies conducted in red meat slaughterhouses of different countries showed that the prevalence of *Salmonella spp.* varied from 3 to 33% [20]. For example, and in line to our results, earlier studies observed 4.8% contamination rate of bovine samples by *E. coli* [21]. An earlier study carried out in Algeria on both sheep and cattle showed a superficial contamination by *Salmonella spp.* with respective rates of 1.11% and 10% [22]. In Malaysia, a study reported a rate contamination of 55% by *E. coli* and 10% by *Salmonella spp.* from 40 samples of beef from two slaughterhouses [23]. Another study carried out in

Australia on sheep meat reported 0.6% contamination by *E. coli* and 1.3% by *Salmonella spp* [24].

According to our results, the contamination rate (29.23 %) found for *E. coli* in red meat (cattle and sheep) is relatively low. These are in agreement with a Korean study [25]. In contrast, a previous study from Iceland [26] showed a very high contamination rate of various meat samples with *E. coli* ranging from 73% to 100%. It is well known, that subsequent to slaughter and dressing, carcasses can be contaminated with predominantly enteric bacteria, including *E. coli* coming from the skin, hair, gastrointestinal tract and the environment at the slaughtering facilities [27].

Our results showed that the prevalence of *Salmonella spp.* in chicken meat slaughterhouses was 31.11%. Our results are very high and critical compared to those observed by Phillips *et al.* [28] who detected *Salmonella spp.* in 0.2% of sampled carcasses and 0.1% of boneless beef in Australia. However, the contamination rate in our study is lower than that obtained by Djeflal *et al.* [12] who found that all samples from Algerian poultry slaughterhouses were contaminated with *Salmonella spp.* Therefore, the results obtained in our study may be due to the manual slaughter and butchering of animals at the slaughterhouses. Indeed, the origin of this contaminating flora originate mainly from the animal's skins, from the carcasses handled and in direct contact with dirty work area during slaughtering process [29]. It is important to highlight that a strong relationship between the asymptomatic carrying of *Salmonella spp.* and the contamination of carcasses at the end of the slaughter line might exist. According to Berends *et al.* [30], alive animal carrying *E. coli* and *Salmonella spp.* in its digestive tract would be 3 to 4 times more expected than a free animal, to give a contaminated carcass. Further, the hygienic quality of meat depends also on the flora existing in the hands of operators, work tools and work plans during slaughtering and cutting operations as well as on the development and growth of microorganisms during cooling, storage and distribution.

1.1. Prevalence of *E. coli* and *Salmonella spp.* at the Butcheries level

The results obtained in this study were superior to the results by Dib *et al.* [13] who observed a contamination rate of 50% in 39 meat samples taken from different butcher shops in Constantine city (Algeria), a contamination of 32.5% of the samples by *E. coli* and 2.5% by *Salmonella spp.* The contamination rate in our study is also higher than that obtained by Jarallah *et al.* [31] who observed that in 10 samples of meat taken from butcher shops in the city of Kut, Iraq, 40% of them were contaminated with *E.coli*. Also, the results of our study were superior to those Bantawa *et al.* [32] from Dharan city, Nepal who isolated in 50 samples 54% *E. coli* and 34% *Salmonella spp.*

On the other hand, 93.33% of beef meat samples were contaminated with *E. coli* and *Salmonella spp.*; as *Salmonella spp.* was present in 7.14%. These results are very different from a previous study [33] in Cotonou and Porto-Novo in Benin who observed a prevalence of contamination of 11.50% by *E. coli* and *Salmonella spp.* and 16.67% by *Salmonella spp.* The results obtained in our case in chicken meat are close to those obtained by Adeyanju *et al.* [34], who revealed the presence of 33.3% *Salmonella spp.* and 43.3% *E. coli* in samples taken at butcher shops in Ibadan, Oyo State, Nigeria.

Concerning sheep meat, 13.33% are contaminated by *E. coli* and 46.66% by *Salmonella spp.* These results are different from those observed in India by Makwana *et al.* [35] who isolated 6.25% of *Salmonella spp.* in 112 samples; and in Libya by Mansour *et al.* [36] who demonstrated the presence of 5.7% of *Salmonella spp.* and 34.3% of *E. coli* from a butcher shop in Benghazi. The high level of contamination of butcher's meat shows the effectiveness of new contamination of carcasses once when leaving the slaughterhouse and could be linked to the type of transport, conservation or handling [33].

1.1. Risk factors

This study elucidated potential factors favouring *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination along the farms, slaughterhouses and butcheries in the province of Oum El Bouaghi in Algeria. Animal density was found to be significantly associated with *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination of the farms. In fact, farms with low animal density had a lower contamination rate than farms with high density. The results are in good agreement with other studies which have shown that a high density promotes inter-individual contamination [37] through the fecal-oral route, which is the main transmission path of *E. coli* and *Salmonella spp.* responsible of diarrhea. Some studies attributed a part of the rise in the number of foodborne pathogens cases to the animal's density in farms and the development of quick methods for disposal of wastes, notably use of slurries *versus* traditional methods employing bedding and composting [38]. These authors evidenced that farm effluents should be contained in holding tanks with proper aeration for appropriate lengths of time (1 to 3 months or as required) before being used as fertilizers. Improperly incubated and/or stored slurry can serve as a vehicle for environmental spread and propagation of *E. coli* and *Salmonella spp.*

The intensity of practices, especially due to the high animal density in farms is often associated with animal stress [39]. Indeed, a strong relationship between stress and *E. coli* and *Salmonella spp.* infection was reported in the literature. In fact, a stressed animal will have higher cortisol levels, which compromise its immune defenses, become less resistant to aggressors, and will be more prone to diarrhea caused by *E. coli* and *Salmonella spp.* This stress-induced immunodeficiency can also occur when animals undergo a sudden change in behavior [39].

In this study, litter shows no statistically significant association with *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination ($P > 0.05$). Certain studies explain that poor litter hygiene (high humidity, poor mulching and poor disinfection) is a risk factor that should not be ignored [37].

Fresh manure, particularly during summer months, has a high probability of carrying *E. coli* and *Salmonella spp.* Thus, special precautions should be followed in handling fresh manure, such as wearing protective clothing, avoiding hand contact with the mouth, eyes and nose, and washing after handling livestock and manure [40]. Indeed, there are several possible explanations for such a result. For example, storage must be done outdoors in a pit positioned in such a way as to avoid the spread of contaminants to other production units on the site or to neighboring sites.

Drinking water for livestock has been clearly demonstrated as a source and possibly the main conduit for transmission of *E. coli* and *Salmonella spp.* from one animal to another, and it appears that water can be contaminated by oral contact alone [41]. Feed and water are the most important inputs in intensive livestock farming. However, maintaining the quality of these two elements throughout the rearing period is fundamental. In our case, it was observed that the prevalence of *E. coli* and *Salmonella spp.* is low in farms that use controlled water. This is consistent with earlier results [42], that reported that water treatment reduces the number of some pathogens present in drinking water and considered as a protective factor against the contamination of animals with *Enterobacteriaceae*.

In this study, there was a significant association between pest control and *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination. The presence of pests in the farm bothers the animals (stress, nervousness, pecking) and presents a health risk through the spread of pathogens from one farm unit to another. It is therefore recommended to install traps and poisoned baits in preferred sites around the premises (livestock and feed storage room), as well as at the windows. The results of our study revealed that only 25% of the farms follow decontamination in a correct way. Some environmental samples, such as

empty pens, drains, and workers' boots, can harbor *E. coli* and *Salmonella spp.* and may be a major source of contamination [43]. According to Gonzalez *et al.* [44], the existence of *E. coli* and *Salmonella spp.* on farms, is related to a lack of cleaning and disinfection procedures, enabling it to spread to animals. It's also worth noting that when washing the pens, some of the faeces found inside the pen can splash out and contaminate animals. The decontamination of the building constitutes the main procedure, which will have to be implemented according to a very precise chronology, being the cleaning, disinfection and sanitary vacuum. The subsequent contamination can occur on the surface of the meat during meat preparation, carcass or meat cutting, manufacturing of processed meat products, packing, storage, and distribution. Consequently, anything that can be in contact with meat directly or indirectly, can be a source of *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination [45].

The results of this study revealed that only 20% of slaughtered animals are uncontaminated which can be a risk factor of *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination. Monitoring rearing practices should be the first step in a meat hygiene management or assessment system. Indeed, farmers can contribute to meat safety by producing healthy, clean, and unstressed animals for slaughter. The surface contamination of animal carcasses with coliforms could be attributed to contamination from their intestine; however, hides and hooves contain a large number of such organisms from soil, manure, and feed that may be transferred to the carcass during dressing [45].

The results showed that slaughterhouses with walls and floors are in poor condition and those without a mechanical chain were more contaminated by *E. coli* and *Salmonella spp.* The high total count bacteria load observed at the slaughterhouse indicates as in [29], both a general lack of hygiene and the ineffectiveness of hygienic measures, which appear to be unsatisfactory in this infrastructure.

Floors are an important source of contamination, since they transfer contamination to worker's shoes. The workers, in turn, circulate inside the slaughterhouse, thereby disseminating the contamination. Even so, the drains and floors can offer a favorable environment for microbial growth, and an important source of propagation and preservation of microorganisms, especially if cleaning is done with water under high pressure. This practice can spread contamination by suspending microorganisms in the air in droplets of water [46].

As an important factor, poor handling hygiene can be associated with *E. coli* and *Salmonella spp.* According to Bensid [45], the major source of these bacterial contamination was found in the hair and faeces of slaughtered animals. *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination in meat can start from the first skin incision made to remove the blood, especially if the tools and equipment used by the operator are not sterile. Defective evisceration and hygiene practices were identified as the most important risk factors for bacterial contamination of carcasses [47]. This may result in cross contamination of knives, cutters and other tools/equipment and may lead to propagation of pathogenic bacteria to other carcasses [30]. Some authors recommend knife decontamination between each carcass to reduce cross contamination [47]. These findings emphasize the importance of closely monitoring an effective removal of intestinal tracts in achieving a better control of bacterial contamination during the evisceration process of animal carcasses.

The hygienic conditions of the slaughterhouse workers contributed also in this study to *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination. The study showed that 75% of slaughterhouse workers do not wear protective clothes during working time. This finding is in agreement with Haileselassie *et al.* [48] where 62% of slaughterhouse workers did not cover their hair and wearing jewellery. People handling fresh meat should wear clean, easy-to-clean headgear and footwear. In addition, workers by themselves can be a probable source of contamination due to illness. It was recommended that new

applicants could be examined clinically and bacteriologically before they are employed and at regular intervals afterwards [48].

The water used in slaughterhouses can also contaminate the meat during washing. The water used for cleaning procedures and meat processing in the slaughterhouses must meet drinking water standards. An adequate supply for potable water should be available to meet operational and clean-up needs and should be analyzed frequently to confirm its quality [49].

1. Conclusions

The results obtained in this study indicated a high rate of *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination in the food chain in Oum El Bouaghi province, Algeria. This study further provides useful information at each level of the food chain. Some risk factors related to a potential pathogenic *E. coli* and *Salmonella spp.* contamination in farms and slaughterhouses were identified and were partly explained by the hygienic conditions. Further studies are needed to determine all the potential risk factors in order to evaluate the corrective effects. Similarly, there is an urgent need to establish a surveillance and monitoring program to ensure food safety and human health. The purpose of monitoring the safety and quality of meat at slaughter is to protect the health and welfare of consumers, to ensure that meat is of guaranteed safety quality, and to prevent microbiological or biochemical hazards in farm animals. Further investigations, including *Salmonella* and *E. coli* serotyping, and virulence gene likely as Stx1, Stx2 are worthy to be done in future studies.

Acknowledgments

We are grateful to the director of veterinary institute Bererhi El-hacene, to the veterinary practitioners Benlamri I, Beghou O, Nedjoum A, Maaref N, Habes S, Chiha N and Laajali L, for their collaboration. We further thank all farms and slaughterhouses owners of Oum El Bouaghi who accepted to participate in this study.

Funding

Institut des sciences vétérinaires, Université Frères Mentouri, Constantine 1

Conflict of interest

All the authors declare that they have no conflicts of interest with the work presented here.

References

1. MADR (2019) Ministère de l'agriculture et du développement rural: Statistiques agricoles et production animale.
2. Sraïri MT (2011) Le développement de l'élevage au Maroc: succès relatifs et dépendance alimentaire. *Le Courrier de l'environnement de l'INRA* 60: 91–101.
3. Heredia N, García S (2018) Animals as sources of food-borne pathogens: A review. *Anim Nutr* 4: 250–255.

1. Hemalata V, Virupakshaiah D (2016) Isolation and identification of food borne pathogens from spoiled food samples. *Int J Curr Microbiol Appl Sci* 5: 1017–1025.
2. Aklilu A, Kahase D, Dessalegn M, et al. (2015) Prevalence of intestinal parasites, salmonella and shigella among apparently health food handlers of Addis Ababa University student's cafeteria, Addis Ababa, Ethiopia. *BMC Res Notes* 8: 1–6.
3. Hoffmann S, Devleeschauwer B, Aspinall W, et al. (2017) Attribution of global foodborne disease to specific foods: Findings from a World Health Organization structured expert elicitation. *PLoS One* 12: e0183641.
4. İnanç A, Mustafa AS (2018) Antibiotic Resistance of Escherichia coli O157: H7 Isolated from Chicken Meats. *KSÜ Doğa Bilimleri Dergisi* 21: 7–12.
5. Zhao X, Lin CW, Wang J, et al. (2014) Advances in rapid detection methods for foodborne pathogens. *J Microbiol Biotechnol* 24: 297–312.
6. Elmonir W, Abo-Remela E, Sobeih A (2018) Public health risks of Escherichia coli and Staphylococcus aureus in raw bovine milk sold in informal markets in Egypt. *J Infect Dev Countries* 12: 533–541.
7. Allocati N, Masulli M, Alexeyev MF, et al. (2013) Escherichia coli in Europe: An overview. *Int J Environ Res Public Health* 10: 6235–6254.
8. Amézquita -López BA, Soto -Beltrán M, Lee BG, et al. (2018) Isolation, genotyping and antimicrobial resistance of Shiga toxin-producing Escherichia coli. *J of Microbiol, Immunol Infect* 51: 425–434.
9. Djéffal S, Mamache B, Elgroud R, et al. (2018) Prevalence and risk factors for Salmonella spp. contamination in broiler chicken farms and slaughterhouses in the northeast of Algeria. *Vet World* 11: 1102.
10. Dib AL, Chahed A, Lakhdara N, et al. (2019) Preliminary investigation of the antimicrobial and mechanisms of resistance of Enterobacteria isolated from minced meat in the Northeast of Algeria: The case of butchers from Constantine. *Integr Food Nutr Metab* 6: 1–7.
11. OIE (2006) International Office of Epizootic: Guide to good farming practices for animal production food safety. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)* 25: 823–836.
12. Sobur MA, Sabuj AAM, Sarker R, et al. (2019) Antibiotic-resistant Escherichia coli and Salmonella spp. associated with dairy cattle and farm environment having public health significance. *Vet World* 12: 984.
13. Ibrahim RA, Cryer TL, Lafī SQ, et al. (2019) Identification of Escherichia coli from broiler chickens in Jordan, their antimicrobial resistance, gene characterization and the associated risk factors. *BMC Vet Res* 15: 1–16.
14. Barlow RS, Mcmillan KE, Duffy LL, et al. (2015) Prevalence and antimicrobial resistance of Salmonella and Escherichia coli from Australian cattle populations at slaughter. *J of food Prot* 78: 912–920.
15. Rodriguez-Rivera LD, Cummings KJ, Loneragan GH, et al. (2016) Salmonella prevalence and antimicrobial susceptibility among dairy farm environmental samples collected in Texas. *Foodborne Pathog Dis* 13: 205–211.
16. Pangloli P, Dje Y, Oliver S, et al. (2003) Evaluation of methods for recovery of Salmonella from dairy cattle, poultry, and swine farms. *J Food Prot* 66: 1987–1995.

1. Jaja IF, Bhembe NL, Green E, et al. (2019) Molecular characterisation of antibiotic-resistant *Salmonella enterica* isolates recovered from meat in South Africa. *Acta Tropica* 190: 129–136.
2. Hajian S, Rahimi E, Mommtaz H (2011) A 3-year study of *Escherichia coli* O157: H7 in cattle, camel, sheep, goat, chicken and beef minced meat, 2011 *International Conference on Food Engineering and Biotechnology (IPCBE)*, 163–165.
3. Nouichi S, Hamdi TM (2009) Superficial bacterial contamination of ovine and bovine carcasses at El-Harrach slaughterhouse (Algeria). *Europ J Sci Res* 38: 474–485.
4. Chong ES, Bidin Z, Bakar N, et al. (2017) Bacterial contamination on beef carcass at selected abattoirs located in Selangor, Malaysia. *Malaysian Appl Biol* 46: 37–43.
5. Duffy L, Small A, Fegan N (2010) Concentration and prevalence of *Escherichia coli* O157 and *Salmonella* serotypes in sheep during slaughter at two Australian abattoirs. *Aust Vetj* 88: 399–404.
6. Lee GY, Jang HI, Hwang IG, et al. (2009) Prevalence and classification of pathogenic *Escherichia coli* isolated from fresh beef, poultry, and pork in Korea. *Int J Food Microbiol* 134: 196–200.
7. Thorsteinsdottir T, Haraldsson G, Fridriksdottir V, et al. (2010) Prevalence and genetic relatedness of antimicrobial-resistant *Escherichia coli* isolated from animals, foods and humans in Iceland. *Zoonoses Public Health* 57: 189–196.
8. Ray B (2004) Microbial stress response in the food environment. “Fund Food Microbiol”. CRC press LLC., New York.
9. Phillips D, Sumner J, Alexander JF, et al. (2001) Microbiological quality of Australian beef. *J Food Prot* 64: 692–696.
10. Collobert JF, Dorey F, Dieuleveux V, et al. (2002) Qualité bactériologique de surface de carcasses de bovins. *Sci Des Aliments* 22: 327–334.
11. Berends B, Van Knapen F, Snijders J, et al. (1997) Identification and quantification of risk factors regarding *Salmonella* spp. on pork carcasses. *Int J Food Microbiol* 36: 199–206.
12. Jarallah EM, Sahib SI, Yassen K (2014) Isolation and identification of some pathogenic bacterial species contaminated from meats in butchers shops and kebab restaurants in AL-Kut city. *Euphrates J Agri Sci* 4: 30–37.
13. Bantawa K, Rai K, Limbu DS, et al. (2018) Food-borne bacterial pathogens in marketed raw meat of Dharan, eastern Nepal. *BMC Res Notes* 11: 1–5.
14. Salifou C, Boko K, Attakpa Y, et al. (2013) Evaluation de la qualité bactériologique de viande fraîche de bovins abattus aux abattoirs de Cotonou -Porto-Novo au cours de la chaîne de distribution. *J Ani & Plant Sci* 17: 2567–2579.
15. Adeyanju GT, Ishola O (2014) *Salmonella* and *Escherichia coli* contamination of poultry meat from a processing plant and retail markets in Ibadan, Oyo State, Nigeria. *Springerplus* 3: 1–9.
16. Makwana P, Nayak J, Brahmabhatt M, et al. (2015) Detection of *Salmonella* spp. from chevon, mutton and its environment in retail meat shops in Anand city (Gujarat), India. *Vet World* 8: 388.
17. Mansour AMA, Ishlak AMM, Haj-Saeed BA (2019) Evaluation of bacterial contamination on local and imported mutton in meat markets in Benghazi-Libya. *Int J Agri Sci* 4: 77–83.
18. Andrés S, Jiménez A, Sánchez J, et al. (2007) Evaluation of some etiological factors predisposing to diarrhoea in lambs in “La Serena”(Southwest Spain). *Small Ruminant Res* 70: 272–275.
19. Kudva IT, Blanch K, Hovde CJ (1998) Analysis of *Escherichia coli* O157: H7 survival in ovine or bovine manure and manure slurry. *Appl Environ Microbiol* 64: 3166–3174.
20. Daniel D (2012) Le parasitisme printanier des agneaux à l’herbe. Réussir Pâtre.

1. Elder RO, Keen JE, Siragusa GR, et al. (2000) Correlation of enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157 prevalence in feces, hides, and carcasses of beef cattle during processing. *Proc Natl Acad Sci* 97: 2999–3003.
2. Shere J, Bartlett K, Kaspar C (1998) Longitudinal study of *Escherichia coli* O157: H7 dissemination on four dairy farms in Wisconsin. *Appl Environ Microbiol* 64: 1390–1399.
3. Tablante NL, Myint MS, Johnson YJ, et al. (2002) A survey of biosecurity practices as risk factors affecting broiler performance on the Delmarva Peninsula. *Avian Dis* 46: 730–734.
4. Wilkins W, Rajić A, Waldner C, et al. (2010) Distribution of *Salmonella* serovars in breeding, nursery, and grow-to-finish pigs, and risk factors for shedding in ten farrow-to-finish swine farms in Alberta and Saskatchewan. *Can J Vet Res* 74: 81–90.
5. Gonzalez M, Lainez M, Vega S, et al. (2015) Sources for salmonella contamination during pig production in eastern Spain. *J Anim Vet Sci* 2: 37–42.
6. Bensid A (2018) *Hygiène et inspection des viandes rouges*. Algérie : Djelfainfo.
7. Eisel W, Linton R, Muriana P (1997) A survey of microbial levels for incoming raw beef, environmental sources, and ground beef in a red meat processing plant. *Food Microbiol* 14: 273–282.
8. Childers A, Keahey E, Kotula A (1977) Reduction of *Salmonella* and fecal contamination of pork during swine slaughter. *J Am Vet Med Asso* 171: 1161–1164.
9. Haileselassie M, Taddele H, Adhana K, et al. (2013) Food safety knowledge and practices of abattoir and butchery shops and the microbial profile of meat in Mekelle City, Ethiopia. *Asian Pac J Trop Biom* 3: 407–412.
10. Adebowale O, Alonge D, Agbede S, et al. (2010) Bacteriological assessment of quality of water used at the Bodija municipal abattoir, Ibadan, Nigeria. *Sahel J Vet Sci* 9: 63–67.



AIMS Press

© 2021 the Author(s), licensee AIMS Press. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>)

RESUMES

Résumé

Cette étude a permis de déterminer la prévalence des entérobactéries pathogènes et d'identifier les principaux facteurs de risque, dans les exploitations, les abattoirs et les boucheries de l'Est algérien, pendant une période de deux ans. Ainsi, une étude transversale a été réalisée, en utilisant une méthode d'échantillonnage aléatoire simple pour cibler 20 fermes, 10 abattoirs et 5 boucheries. Un questionnaire structuré a été utilisé pour évaluer le statut hygiénique des fermes, des abattoirs et des boucheries. De plus, 265 échantillons ont été prélevés à partir des murs, du sol, de la litière, de l'aliment, de l'eau et des échantillons d'animaux composés principalement, de morceaux de poulet, de viande, de peau du cou et du foie. La flore aérobie mésophile, les Enterobacteriaceae, les coliformes fécaux et les salmonelles ont été dénombrés et les colonies sélectionnées ont été identifiées sur la base des caractéristiques biochimiques et confirmées par le MALDI TOF.

D'autre part, dans le but d'une investigation sur l'utilisation des antibiotiques par les vétérinaires en Algérie, une enquête prospective a été menée à travers un questionnaire.

En plus, quinze antibiotiques (15) ont été utilisés pour évaluer la sensibilité des bactéries identifiées (n=82). Les souches multi-résistantes (BMR) ont fait l'objet de recherche de gènes de résistance aux bêta-lactamines, aux sulfamides et aux quinolones par PCR.

Les résultats ont montré que la prévalence des Enterobacteriaceae est de 68,68%. Tandis que celle d'*Escherichia coli* et de *Salmonella* spp., est respectivement de 57,69% et 19,23%. Le taux de contamination le plus élevé concernait les exploitations avicoles (30,77%), les abattoirs à viande rouge (18,13%), les abattoirs à viande blanche (15,38 %) et les boucheries (14,84 %), suivis par les exploitations bovine (13,19%) et ovine (7,69%).

Les résultats du questionnaire ont montré que les antibiotiques souvent utilisés dans les élevages bovin et ovin, sont les β -lactamines, les sulfamides et les tétracyclines. Par contre, dans les élevages avicoles, les sulfamides, les quinolones et la colistine sont les antibiotiques les plus prescrits. Tandis que les résultats de l'antibiogramme ont permis d'enregistrer un taux global de résistance des souches d'entérobactéries de 77,92% (60/77). Les taux de résistance observés ont montré des niveaux élevés pour l'amoxicilline-acide clavulanique, l'oxytétracycline et l'association triméthoprime-sulfamides. Les faibles taux de résistance ont été notés pour la fosfomycine, la colistine et la gentamicine. Par ailleurs, pour les bêta-lactamines, nos résultats ont montré que 3,03% des entérobactéries multi-résistantes portent le gène *CMY-2*. Par contre, pour les sulfamides, 50% portent le gène *Sul1*, 75% le gène *Sul2*, et 25% le gène *Sul3*. Par ailleurs, pour les quinolones aucune souche n'a été positive.

Cette étude a mis en évidence les effets multifactoriels de la contamination par les entérobactéries pathogènes dans les élevages tels que la densité des animaux, l'hygiène et le raclage de la litière, le stockage du fumier, l'eau, le contrôle des nuisibles, le contact avec d'autres animaux et le processus de décontamination. Dans l'ensemble, ces résultats indiquent un taux élevé de contamination et de résistance aux antibiotiques par les entérobactéries dans la chaîne alimentaire.

Des études complémentaires sont nécessaires pour déterminer tous les facteurs de risque potentiels associés à la contamination et la transmission des résistances aux antibiotiques, afin d'évaluer les effets correctifs de ces facteurs. Ainsi la mise en place de systèmes de surveillance et de contrôle pourrait également aider à améliorer la qualité des produits destinés à la consommation humaine et à préserver la santé publique.

Mots clés : Fermes, abattoirs, boucheries, prévalence, facteurs de risque, Enterobacteriaceae, Résistance aux antibiotiques.

Abstract

This study determined the prevalence of pathogenic enterobacteria and identified the main risk factors, in farms, slaughterhouses and butcheries in eastern Algeria, during a two-year period. Thus, a cross-sectional study was conducted, using a simple random sampling method to target 20 farms, 10 slaughterhouses and 5 butcheries. A structured questionnaire was used to assess the hygienic status of the farms, slaughterhouses and butcheries. In addition, 265 samples were collected from walls, soil, litter, feed, water and animal samples consisting mainly of white and red meat, neck skin and liver. aerobic microbial count, Enterobacteriaceae, fecal coliforms and Salmonella were enumerated and selected colonies were identified on the basis of biochemical characteristics and confirmed by MALDI TOF.

On the other hand, in order to investigate the use of antibiotics by veterinarians in Algeria, a prospective survey was conducted through a questionnaire. In addition, fifteen antibiotics (15) were used to evaluate the sensitivity of the identified bacteria (n=82). Multi-resistant strains (MDR) were tested for resistance genes to beta-lactams, sulfonamides and quinolones by PCR.

The results showed that the prevalence of Enterobacteriaceae is 68.68%. While the prevalence of *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. is 57.69% and 19.23% respectively. The highest contamination rate was in poultry farms (30.77%), red meat slaughterhouses (18.13%), white meat slaughterhouses (15.38%) and butcher shops (14.84%), followed by beef (13.19%) and sheep (7.69%), farms.

The results of the questionnaire showed that the antibiotics often used in cattle and sheep farms are β -lactams, sulfonamides and tetracyclines. In contrast, in poultry farms, sulfonamides, quinolones and colistin are the most prescribed antibiotics. While the results of the antibiogram recorded an overall resistance rate of enterobacteria strains of 77.92% (60/77). The observed resistance rates showed high levels for amoxicillin-clavulanic acid, oxytetracycline and trimethoprim-sulfonamides. Low levels of resistance were noted for fosfomycin, colistin and gentamicin. Furthermore, for beta-lactams, our results showed that 3.03% of multi-resistant enterobacteria carry the *CMY-2* gene. On the other hand, for sulfonamides, 50% carry the *Sul1* gene, 75% the *Sul2* gene, and 25% the *Sul3* gene. Moreover, for quinolones, no strain was positive.

This study highlighted the multifactorial effects of pathogenic enterobacteria contamination on farms such as animal density, hygiene and litter scraping, manure storage, water, pest control, contact with other animals, and the decontamination process. Overall, these results indicate a high rate of contamination and antibiotic resistance by enterobacteria in the food chain.

Further studies are needed to determine all potential risk factors associated with contamination and transmission of antibiotic resistance in order to assess the remedial effects of these factors. Thus, the establishment of surveillance and control systems could also help to improve the quality of products intended for human consumption and to preserve public health.

Keywords: Farms; slaughterhouses; meat; prevalence; risk factor; Enterobacteriaceae, Antibiotics resistance.

ملخص

هذا الدراسة بتحديد

سحت

مدى انتشار البكتيريا المعوية المسببة للأمرضو تحديد عوامل الخطر الرئيسية، في المزارع والمسالخ القصابيات فيشر فالجزائر لمدة عامين. تم إجراء دراسة مقطعية مستعرضة، باستخدام طريقة أخذ عينات عشوائية بسيطة تستهدف 20 مزرعة 10 مسالخو 5 قصابيات. تم استخدام استبيان منظم لتقييم الحالة الصحية للمزارع والمسالخ والقصابيات بأخذ 265 عينة من الجدران والأرضيات و فراش الارضية والطعام والماء وعينات الحيو اناتالتي تتكون أساسا من قطع الدجاج واللحوم وجلد الرقبه والكبد. تم حساب الفلورا الهوائية المتوسطة، والبكتيريا المعوية، والقولون البزازي، والسالمونيلا، وتحديد المستعمرات المختارة على أساس الخصائص البيوكيميائية أو كدتها تقنية مالديتوف.

من جانب آخر ولغرض التحقيق في استخدام المضادات الحيوية من قبل الأطباء البيطريين، في الجزائر، تم إجراء مسح مستقبلي لمن خلال استبيان. إضافة لذلك، تم استعمال خمسة عشر مضاد حيوي (15) لتقييم حساسية البكتيريا المحددة (ن=82).

كانت السلالات المقاومة متلاذوية المتعددة موزعة على البكتيريا المعوية وهي: 68.68%، بينما الإشريكية القولونية والسالمونيلا، هو 57.69% و 19.23% على التوالي. وكانت أعلى نسبة من تلك التي تتعلق بمزارع الدواجن (30.77%)، ومسالخ اللحوم الحمراء (18.13%)، ومسالخ اللحوم البيضاء (15.38%)، والقصابيات (14.84%)، تليها مزارع الماشية (13.19%) ومزارع الأغنام (7.69%). أظهرت نتائج الاستبيان الموجه للبيطرة الخواص أن المضادات الحيوية الأكثر استخداما في تربية الماشية والأغنام هي البنسلينات والسلفوناميدات والتيتراسيكلين في حين المضادات الحيوية الأكثر استعمالا في غناب الدجاج هي السلفوناميدات والكنولون والكوليستين.

كما أظهرت النتائج أن معدل المقاومة الإجمالية للسلالات المعوية المعزولة هو 77.92% (60/77).

أظهرت نتائج المقاومة المسجلة لمستويات عالية لحمض أموكسيسيلين-كلافولانيك أو كسيتتراسيكلين وتريموثوبريم-سلفوناميد.

تم تسجيل معدلات مقاومة منخفضة للفلوسفوميثين والكوليستين والجنتاميسين. بالنسبة لبنتالانام، تظهر نتائج أن 3.03%

من البكتيريا المعوية المقاومة للتيتماختبار هاتحملجيكيمي-2. بينما بالنسبة للسلفوناميدات، فإن 50% من السلالات تحملجيسول1، و 75% تحملجيسول2، و 25% تحملجيسول3. علاوة على ذلك، بالنسبة للكنولونات، لم تكن أي سلالة إيجابية.

سلطت هذه الدراسة الضوء على التأثيرات متعددة العوامل للتلوث بالبكتيريا المعوية المسببة للأمرض في مزارع الماشية مثل كثافة الحيو انية والنظافة وكشط القمامة وتخزين السماد والمياه وكفاءة الأفاضوالاتصال بالحيوان الأخرى وعملية إزالة التلوث.

بشكل عام، تشير نتائج هذه الدراسة إلى ارتفاع معدلات التلوث والمقاومة للمضادات الحيوية من قبل البكتيريا المعوية في سلسلة الأغذية. هناك حاجة إلى المزيد من الدراسات لتحديد جميع عوامل الخطر المحتملة المرتبطة بالتلوث وانتقال المقاومة المضادات الحيوية، من أجل تقييم الآثار الصحية.

وبالتالي، فإن إنشاء نظم لصدور المراقبة يمكن أن يساعد أيضا في تحسين نوعية المنتجات المعدة للاستهلاك البشري والحفاظ على الصحة العامة.

كلمات مفتاحية: مزارع؛ مسالخ؛ لحم؛ انتشار؛ عامل الخطر؛ البكتيريا المعوية؛ مقاومة المضادات الحيوية