



Université Mohamed Khider de Biskra

Faculté des sciences de la nature et de la vie et des  
sciences de la terre et de l'univers

Département des sciences de la nature et de la vie

Filière : Sciences biologiques

Référence ..... / 2025

# MÉMOIRE DE MASTER

Spécialité : Microbiologie Appliquée

Présenté et soutenu par :

Bahri khedidja et Beggar Salsabil

Le:mardi 25 may 2025

## Synthèse d'article : L'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries à Gram négatives isolées des bovins

### Jury:

Dr.	Leila BELLEBCIR	MCA	Université de Biskra	Président
Dr.	Widad BOUGUENOUN	MCA	Université de Biskra	Rapporteur
Dr.	Wassila DENDOUGA	MCA	Université de Biskra	Examineur

Année universitaire : 2024 - 2025

## Remerciements

*ce travail, nous tenons à exprimer notre profonde gratitude envers Allah, qui nous a accordé la force, la volonté et la patience nécessaires à l'achèvement de ce mémoire.*

*On a l'honneur et le plaisir d'adresser nos remerciements les plus sincères et notre profonde reconnaissance à notre encadreur, Dr. Widad Bouguenoun, pour son accompagnement constant, la pertinence de ses conseils, ainsi que pour le temps et l'attention qu'elle nous a généreusement consacrés tout au long de la réalisation de ce travail*

*Nous tenons également à adresser nos vifs remerciements aux membres du jury pour avoir accepté d'évaluer ce travail et pour l'intérêt qu'ils lui ont accordé.*

*Nous n'oublions pas nos plus nos enseignants, nos amis ainsi que nos collègues du département des Sciences de la Nature et de la Vie à l'Université Mohamed Khider de Biskra, dont le soutien, les encouragements et les précieux échanges ont contribué à rendre cette période d'études à la fois enrichissante et inoubliable.*

## Dédicace

Je dédie ce mémoire

A ma mère, *Elkamla*, pilier de ma vie, symbole d'amour, de tendresse et de sacrifice. Elle est mon guide et ma plus grande source de motivation. Ses prières et son soutien inconditionnel m'ont portée à chaque étape de ce parcours.

A mon père, *Hadge*, dont les encouragements constants, la confiance et la présence bienveillante ont renforcé ma détermination et m'ont aidée à surmonter les moments difficiles.

À vous deux, chers parents, je vous dois tout. Je vous aime profondément.

A mes sœurs, *Manale*, *Meriem*, *Yasmine* et *Inas*, pour leur amour, leur soutien et leur présence réconfortante. Vous êtes une part essentielle de mon équilibre.

A mon binôme, *Salabil*, pour son aide précieuse, sa collaboration constante et son esprit de partage durant toute la période de préparation du mémoire.

Je tiens aussi à exprimer toute mon affection à mes très chères amies : *Djeghlaf Imtiyaz*, *Djellab Ithem*, *Bougherara Amira* et *Mammar Chaima*. Votre amitié sincère, votre soutien moral et les moments partagés resteront gravés dans ma mémoire.

Une pensée particulière va à *Sam Saïf El Dine*, un être cher qui occupe une place importante dans mon cœur.

Enfin, je n'oublie pas mes collègues du Master Microbiologie Appliquée, avec qui j'ai partagé un beau parcours académique, fait d'apprentissage, de défis et de solidarité.

À toutes les personnes qui me sont chères, qui m'ont soutenue de près ou de loin, je dédie humblement ce travail.

*khedidja*

## Dédicace



To my beloved mother, *Saïda*, and my dear father, *Mecherie*,  
For your boundless love, steadfast support, and the many sacrifices you've made thank you  
from the depths of my heart.

To my sisters, *Yakout*, *Chaima*, *Yassmine*, *Jasnim*, and my brother, *Ahmed*,  
Your presence in both my moments of doubt and joy has been a constant source of strength. I  
am endlessly grateful.

In loving memory of my grandfather and grandmother,  
Your wisdom, values, and love continue to illuminate my path and inspire me every single  
day.

*To all those I love, and all those who love me*

*Salsabil*

# Table de matière

## Remerciements

## Dédicace

Liste des tableaux .....	I
Liste des figures .....	II
Liste des abréviations .....	III
Introduction .....	1

## Partie I. Synthèse bibliographique

### Chapitre I. Les bovins et les bactéries associées à ces animaux

I.1. Les bovins .....	5
I.1.1. La microflore bovine .....	5
I.1.2. Les infections associées aux bovins et les bactéries en causes .....	6
I.1.2.1. Salmonelloses .....	6
I.1.2.2. Cambylobacterioses .....	6
I.1.2.3. <i>Escherichia coli</i> .....	7
I.1.2.4. <i>Klebsiella</i> .....	7

### Chapitre II. Les antibiotiques et l'antibiorésistance

II.1. Les antibiotiques et l'antibiorésistance .....	10
II.1.1. Les antibiotiques .....	10
II.1.1.1. Définition .....	10
II.1.1.2. Les classes des antibiotiques .....	10
II.1.2. L'antibiorésistance .....	11
II.1.2.1. Définition .....	11
II.1.2.2. La résistance naturelle .....	12
II.1.2.3. La résistance acquise .....	12
II.1.2.4. Mécanismes de résistance .....	12
II.1.2.4.1. Modification de la cible cellulaire des antibiotiques .....	12
II.1.2.4.2. Modification et dégradation enzymatique des antibiotiques .....	13
II.1.2.4.3. Réduction de la concentration intracellulaire en antibiotiques .....	13

II.2. Etat de la résistance aux antibiotiques chez les bovins .....	13
II.3. Le flux de la résistance entre l'homme et les animaux d'élevage .....	14

## **Partie II. Analyse des articles**

### **Chapitre III. Matériel et méthodes**

III.1. Choix des données .....	18
III.2. Sélection des bovins étudiés .....	18
III.3. Échantillonnage .....	20
III.4. Isolement .....	22
III.4.1. Enrichissement .....	22
III.4.2. Mise en culture .....	22
III.5. Identification .....	26
III.5.1. Examen macroscopique .....	26
III.5.2. Examen microscopique .....	26
III.5.3. Identification biochimiques .....	27
III .6. Autres méthodes d'identification .....	27
III.7. Étude de la résistance aux antibiotiques .....	28
III.8. Etude phénotypique des mécanismes de résistance .....	30

### **Chapitre IV. Résultats et discussion**

IV.1. Isolement .....	33
IV.2. Identification .....	34
IV.3. La répartition des bactéries Gram négatives selon le type de prélèvement .....	37
IV.3.1. distribution des espèces bactériennes selon le type de prélèvement .....	38
IV.4. La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des bovins .....	40
IV.5. L'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries Gram négatives .....	41
IV.5.1. Les entérobactéries .....	41
IV.5.1.1. La résistance des entérobactéries aux différentes classes d'antibiotiques .....	41
IV.5.1.2. La résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines .....	42
IV.5.1.3. La résistance des entérobactéries aux tétracyclines .....	43
IV.5.1.4. La résistance des entérobactéries aux aminosides .....	44
IV.5.1.5. La résistance des entérobactéries aux macrolides .....	44
IV.5.1.6. La résistance des entérobactéries aux sulfamides .....	45

IV.5.1.7. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones .....	46
IV.5.1.8. La résistance des entérobactéries aux phénicoles .....	47
IV.5.2. Les non- entérobactéries .....	49
IV.5.2.1. La résistance des non- entérobactéries aux différentes classes d'antibiotiques .....	49
IV.5.2.2. La résistance des non- entérobactéries aux bêta-lactamines .....	50
IV.5.2.3 La résistance des non-entérobactéries aux autres classes d'antibiotiques .....	51
IV.6. Etude phénotypique des mécanismes de résistance .....	52
Conclusion .....	53

## **Références**

## **Résumé**

## **Liste des tableaux**

Tableau 1. Classification des antibiotiques selon leur origine et leur mode d'action .....	10
Tableau 2. Types d'échantillons et condition d'analyse des bovins. ....	18
Tableau 3. Les milieux d'enrichissement. ....	22
Tableau 4. Les milieux de culture utilisés. ....	22
Tableau 5. Les méthodes et les antibiotiques utilisés dans chaque étude .....	28
Tableau 6. Résultats de l'identification des bactéries Gram négatif selon les études. ....	35



## Liste des figures

Figure 1. Le taux d'isolement des bactéries à Gram négatives dans chaque étude. ....	34
Figure 2 . Répartition des bactéries à Gram négatives selon le type de prélèvement . ....	38
Figure 3 . Distribution des espèces bactérienne selon le prélèvement . ....	39
Figure 4 . La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des bovins . ....	40
Figure 5 . La résistance des entérobactéries aux antibiotiques . ....	41
Figure 6 . La résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines . ....	42
Figure 7 . La résistance des entérobactéries aux tétracyclines . ....	43
Figure 8 . La résistance des entérobactéries aux aminosides . ....	44
Figure 9 . La résistance des entérobactéries aux macrolides . ....	45
Figure 10 . La résistance des entérobactéries aux sulfamides . ....	46
Figure 11. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones . ....	47
Figure 12. La résistance des entérobactéries aux phénicoles . ....	48
Figure 13. La résistance des non entérobactéries aux antibiotiques. ....	50
Figure 14 . La résistance des non entérobactéries aux différents antibiotiques . ....	52

## Liste des abréviations

**BGN** : Bacille à Gram Négatif

**OMS** : Organisation Mondiale de la Santé

**STEC** : *Escherichia coli* producteur de Shiga toxine

**SHU** : Syndrome Hémolytique Urémique

**PTT** : Purpura Thrombocytopénique Thrombotique

**MDR** : Résistance aux Multimédicaments

**ADN** : Acide Désoxyribonucléique

**ARN** : Acide Ribonucléique

**CMI** : Concentration Minimale Inhibitrice

**SARM** : *Staphylococcus Aureus* Résistant à la Méthicilline

**BLSE** : Bêta-Lactamase à Spectre Élargi

**MC** : Mammite Clinique

**TSA-BA** : Tryptic Soy Agar – Blood Agar

**BGA** : Gélose Vert Brillant

**MCCDA** : Gélose modifiée pour *Campylobacter* au céfopérazone et au désoxycholate

**CVA** : *Campylobacter* Vancomycin, Cefoperazone, and Amphotericin B agar

**TSI** : Triple Sugar Iron

**API 20E** : Analytical Profile Index 20E (Système d'identification microbienne)

**CMI** : Concentration Minimale Inhibitrice

**MALDI-TOF/MS** : Spectrométrie de Masse par Ionisation Laser Assistée par Matrice /  
Spectrométrie de Masse

**PCR** : Polymerase Chain Reaction

# Introduction

### Introduction

Bovin, souvent appelés bovins, sont les grands ongulés domestiques les plus répandus, bien qu'il en existe également des formes sauvages. Elles appartiennent à la sous-famille des Bovinae et constituent l'espèce la plus largement représentée du genre *Bos*, généralement classée sous le nom *Bos taurus*. (Marino et Allen, 2017)

L'élevage bovin occupe une place centrale dans l'agriculture mondiale, fournissant viande, lait, cuir et d'autres produits dérivés qui jouent un rôle essentiel dans la sécurité alimentaire et l'économie rurale (Marino et Allen, 2017). Toutefois, la modernisation et l'intensification des systèmes de production ont conduit à une utilisation généralisée des antibiotiques, souvent à des fins non thérapeutiques telles que la prévention des infections ou la promotion de la croissance. Cette pratique, bien que courante, soulève des préoccupations majeures en matière de santé publique en raison de l'émergence de bactéries résistantes aux antimicrobiens (Dognon *et al.*, 2018).

les bovins, jouent un rôle central dans la dynamique de transmission des bactéries pathogènes à l'homme. En tant que réservoirs naturels de microorganismes tels qu'*Escherichia coli*, *Salmonella*, *Shigella* et *Campylobacter*, ils peuvent être à l'origine d'infections humaines graves, notamment par la contamination de l'environnement (eaux, sols, cultures) via les déchets animaux (fumier, lisier). Cette voie de transmission est particulièrement préoccupante en raison de la présence croissante de bactéries résistantes aux antibiotiques, notamment parmi les espèces à Gram négatif. (Manyi-Loh *et al.*, 2018)

Parmi ces pathogènes, *E. coli*, *Klebsiella pneumoniae* et *Acinetobacter baumannii* sont fréquemment isolés chez les bovins et se distinguent par leur résistance accrue à plusieurs classes d'antibiotiques (Akwuobu *et al.*, 2023 ;Nery Garcia *et al.*, 2024). Ces bactéries, souvent associées à des infections animales telles que la mammite, représentent également une menace pour la santé publique en tant que vecteurs potentiels de gènes de résistance transmissibles à l'homme, notamment par l'intermédiaire de la chaîne alimentaire (Manyi-Loh *et al.*, 2018). Ce phénomène soulève des inquiétudes croissantes, d'autant plus que des études ont mis en évidence des similitudes préoccupantes entre les profils de résistance chez les isolats bovins et ceux retrouvés chez des pathogènes humains (Nery Garcia *et al.*, 2024).

La situation est aggravée par les données de consommation d'antimicrobiens dans l'élevage. Aux États-Unis, près de 14 millions de kilogrammes d'antibiotiques ont été vendus

en 2016 pour les animaux de rente, dont une majorité appartenant à des familles d'intérêt médical (Agga *et al.*, 2019). Au Canada, cette même année, les bovins ont représenté une part importante de cette consommation, avec 43 % des antimicrobiens médicalement importants. Ces chiffres mettent en évidence une pression de sélection considérable exercée sur les bactéries, favorisant l'émergence de souches multirésistantes. (Agga *et al.*, 2019)

L'objectif de cette étude est de recenser les souches pathogènes de bactéries Gram-négatives isolées chez les bovins à l'échelle mondiale, tout en évaluant leur résistance aux antibiotiques. L'analyse met également en lumière le risque potentiel de transmission de ces bactéries résistantes entre les bovins, et les humains.

Ce travail est structuré en deux grandes parties :

La première partie, consacrée à la synthèse bibliographique, présentant des généralités sur les bovins et les principales infections bactériennes qui les affectent. Elle inclut également un examen des mécanismes de résistance aux antibiotiques observés chez les bactéries Gram-négatives.

La seconde partie repose sur l'analyse d'articles scientifiques. Elle détaille le matériel et les méthodes employés pour isoler les bactéries Gram-négatives à partir de bovins et évaluer leur profil de résistance aux antibiotiques. Les résultats issus de ces études sont ensuite présentés et discutés, afin de mettre en évidence l'évolution de la résistance bactérienne chez ces animaux . Le travail se termine par une conclusion récapitulative des points essentiels

# **Partie I.**

## **Synthèse bibliographique**

# **Chapitre I.**

## **Les bovins et les bactéries associées à ces animaux**

## I.1. Les bovins

Les vaches, ou bovins, sont de grands ongulés domestiques qui sont largement répartis dans le monde entier et qui sont élevés pour la viande, le lait et les animaux de trait. D'autres produits sont également dérivés de vaches, comme le cuir et le fumier (Marino et Allen, 2017).

### I.1.1. La microflore bovine

Il est bien établi depuis longtemps que, tant chez l'Homme que chez les animaux d'élevage, des microbiotes commensaux résident aux interfaces entre l'organisme et l'environnement extérieur, ainsi qu'à celles entre certains organes et les milieux internes (Calenge *et al.* , 2014).

Le rumen abrite une diversité de microorganismes anaérobies jouant un rôle essentiel dans la digestion des ruminants. Les bactéries, représentant environ 98 % des cellules microbiennes et 50 à 60 % de leur poids, fermentent les fibres, l'amidon, les sucres et les protéines. Les archées, bien que moins abondantes (1 % des cellules, 1 à 3 % du poids), participent à la production de méthane (Paswan *et al.*, 2022).

Les principaux phylums bactériens intestinaux sont similaires à ceux du rumen, notamment les *Bacteroidetes*, *Firmicutes* et *Proteobacteria*, avec une abondance marquée de *Firmicutes*. Des séquences de bactéries impliquées dans la dégradation des glucides (principalement les familles *Lachnospiraceae* et *Ruminococcaceae*) sont présentes tout au long du tractus digestif (Holman et Gzyl , 2019).

La peau de la mamelle héberge une diversité microbienne comprenant bactéries, virus et champignons (levures et moisissures). Environ 100 genres bactériens ont été identifiés, avec une dominance de bactéries Gram-positives comme *Staphylococcus*, *Corynebacterium*, *Aerococcus*, *Enterococcus* et *Streptococcus*, tandis que des bactéries Gram-négatives telles que *Romboutsia*, *Proteiniphilum* et *Psychrobacter* sont également présentes. Certaines de ces bactéries, notamment *Staphylococcus*, *Corynebacterium* et *Streptococcus*, peuvent être pathogènes pour la mamelle, tandis que d'autres, comme *Aerococcus* et *Bifidobacterium*, sont couramment retrouvées dans le lait et les produits laitiers (Zened *et al.*, 2020).

Dans les échantillons buccaux sains, les taxa bactériens les plus discriminants étaient *Gastranaerophilales*, *Planifilum*, *Burkholderia* et *Arcobacter*. Ces taxa ont été identifiés



comme les plus représentatifs chez les animaux sans parodontite, ce qui indique leur association avec un microbiome buccal sain. Leur présence significative suggère qu'ils jouent un rôle dans le maintien de la santé buccale des bovins (Borsanelli *et al.*, 2018) .

### **I.1.2. Les infections associées aux bovins et les bactéries en causes**

#### **I.1.2.1. Salmonelloses**

*Salmonella spp*, une bactérie anaérobie à Gram négatif appartenant à la famille des *Enterobacteriaceae*, infecte à la fois les humains et les animaux, résidant principalement dans le tractus intestinal de l'hôte. Il existe plusieurs sérotypes de *Salmonella*, dont *S. typhimurium*, *S. dublin*, *S. newport*, *S. infantis*, *S. montevideo*, *S. anatum* et *S. muenster*

La salmonellose, une zoonose majeure transmise par les bovins, est principalement causée par *S. enterica*, notamment les sérovars *S. Typhimurium* et *S. Dublin* (Wilson et Wilson, 2021). Chez l'homme, elle se manifeste par une gastro-entérite avec divers symptômes gastro-intestinaux et systémiques, pouvant entraîner des complications graves, surtout chez les populations vulnérables (Wilson et Wilson, 2021). *S. Dublin* peut provoquer des maladies graves y compris hospitalisation et décès chez l'homme, notamment chez les consommateurs et le personnel agricole. En France, des épidémies ont été liées à la consommation de fromage au lait cru. Le Danemark a réduit sa prévalence de 25 % à 7 % grâce à un programme de contrôle. En revanche, des taux élevés persistent au Royaume-Uni, au Canada et en Allemagne, où *S. Dublin* est l'un des sérotypes les plus fréquents chez les bovins (Velasquez-Munoz *et al.*, 2024). La bactérie colonise les voies intestinales des animaux, et la transmission à l'homme se fait principalement par la consommation d'aliments contaminés, en particulier les produits bovins, ou par contact direct avec des animaux infectés (Gutema *et al.*, 2021). La contamination des carcasses lors de l'abattage et la propagation dans les installations de transformation des aliments contribuent également au risque (Gutema *et al.*, 2019)(Gutema *et al.*, 2021) .

#### **I.1.2.2. Cambylobacterioses**

La campylobactériose, zoonose majeure en Europe, trouve son origine chez les bovins (Ziech *et al.*, 2014). Chez l'homme, les espèces *C. jejuni* (90% des cas) et *C. coli* responsable de la plupart des cas restants (Jonas *et al.*, 2014) sont les principaux agents de gastro-entérites,

caractérisées par diarrhées, douleurs abdominales, fièvre, nausées et vomissements et chez les nourrissons et les personnes immunodéprimées, des complications graves peuvent survenir, notamment Syndrome de Guillain-Barré, Arthrite réactionnelle (Jonas *et al.*, 2014), (Wanja *et al.*, 2023) Syndrome de Miller-Fisher, Méningite, Myocardite, Infections septicémiques (Wanja *et al.*, 2023). La transmission se fait par ingestion d'aliments ou d'eau contaminés par des excréments bovins ou par contact direct avec les animaux (Karama *et al.*, 2020), faisant de *Campylobacter spp.* une cause prédominante de gastro-entérite bactérienne mondiale, responsable d'environ 37 600 décès annuels selon l'OMS.

### **I.1.2.3. Escherichia coli**

*E. coli* est une bactérie très diversifiée, comprenant de nombreuses souches pathogènes. Parmi celles-ci, les *E. coli* producteurs de toxines Shiga (STEC) représentent un risque majeur pour la santé publique. Les STEC sont des zoonoses d'origine alimentaire responsables d'infections diarrhéiques, allant de la diarrhée bénigne à des complications graves telles que la diarrhée sanglante, la colite hémorragique, le syndrome hémolytique urémique (SHU) et le purpura thrombocytopénique thrombotique (PTT).

Les bovins sont le principal réservoir de STEC, en particulier de la souche O157:H7, la colonisation étant souvent asymptomatique. La transmission à l'homme se fait principalement par la consommation d'aliments contaminés, notamment la viande bovine crue ou insuffisamment cuite, les produits laitiers non pasteurisés, les légumes et l'eau. Les épidémies de STEC liées à la viande bovine sont fréquentes, en particulier en Europe, aux États-Unis et en Éthiopie, où la consommation de viande de bœuf crue est courante (Gutema *et al.*, 2023).

Outre les risques pour la santé humaine, *E. coli* est également un agent causal fréquent de la mammite chez les vaches laitières, entraînant des pertes économiques importantes pour l'industrie laitière. La consommation de lait contaminé par *E. coli* peut également être une source d'infection pour l'homme (Drugea *et al.*, 2025).

### **I.1.2.4. Klebsiella**

*Klebsiella spp.*, et plus particulièrement *K.pneumoniae*, est un agent pathogène opportuniste majeur affectant à la fois les bovins et les humains. Chez les bovins, elle est principalement responsable de mammites cliniques et subcliniques, qui sont souvent plus

graves que celles causées par *E. coli*, entraînant des pertes économiques considérables dues à la diminution de la production laitière et à un risque accru de mortalité (Salaudine *et al.*, 2019). En ce qui concerne l'homme, *K. pneumoniae* peut provoquer des infections graves telles que des pneumonies (toux, fièvre, difficultés respiratoires), des infections urinaires (miction fréquente, douleur, inconfort abdominal) et des septicémies (fièvre, frissons, confusion) (Gomaa, 2021).

Le potentiel zoonotique de *Klebsiella spp* est mis en évidence par sa présence dans les produits laitiers et les similitudes génétiques entre les isolats bovins et humains, suggérant des voies de transmission potentielles, en particulier dans les environnements agricoles (Yang *et al.*, 2019). De plus, la persistance de *K. pneumoniae* dans l'environnement favorise la transmission inter-espèces (Soma *et al.*, 2024). L'émergence de souches multirésistantes (MDR) complique les options thérapeutiques, rendant essentiel de mieux comprendre la dynamique de transmission entre le bétail et les humains.

En dépit des risques pour la santé du bétail, le risque de transmission zoonotique à l'homme reste préoccupant, notamment par la consommation de produits laitiers contaminés ou par contact direct avec des animaux infectés (Gelalcha *et al.*, 2024).

# **Chapitre II.**

## **Les antibiotiques et l'antibiorésistance**

## II.1. Les antibiotiques et l'antibiorésistance

### II.1.1. Les antibiotiques

#### II.1.1.1. Définition

Les antibiotiques, termes dérivés du grec *anti* signifiant « contre » et *bios* « la vie », désignent des molécules chimiques ou naturelles, soit produites par des microorganismes tels que les bactéries et les champignons, soit synthétisées pour imiter les structures des antibiotiques naturels. Ces substances exercent une action inhibitrice sur la prolifération des bactéries (effet bactériostatique) ou, de manière ciblée, les éliminent (effet bactéricide) (Sadikalay, 2018).

#### II.1.1.2. Les classes des antibiotiques

La diversité des antibiotiques peut être illustrée à travers leur classification selon l'origine et le mode d'action (Tab 1).

**Tableau 1.** Classification des antibiotiques selon leur origine et leur mode d'action.

(Poli, 2018 ; Meziani, 2012 ; Munk, 2014)

Origine	Classe d'antibiotique	Exemple	Mode d'action
Naturelle	$\beta$ -lactamines	Pénicilline, Céphalosporine	Inhibition de la synthèse du peptidoglycane en bloquant les transpeptidases
	Glycopeptides	Vancomycine	
	Macrolides	Érythromycine	Fixation sur l' ARN 23S de la sous-unité 50S du ribosome, perturbation de l' élongation peptidique
	Lincosamides	Clindamycine	

	Phénicolés	Chloramphénicol	Blocage de l'élancement peptidique
	Aminosides	Streptomycine	Ciblage de la sous-unité 30S du ribosome, induisant des erreurs de traduction
	Tétracyclines	Tétracycline	Inhibition de la traduction
	Polymyxines	Colistin	Attaque de la membrane cytoplasmique
<b>Synthétique</b>	Sulfamides	Sulfaméthoxazole	Perturbation de la synthèse de l'acide folique bactérien
	Fluoroquinolones	Ciprofloxacine	Inhibition de la gyrase bactérienne, empêchant la réplication de l'ADN
	Nitroimidazoles	Métronidazole	Dommages généraux à l'ADN

## II.1.2 . L'antibiorésistance

### II.1.2.1. Définition

L'antibiorésistance a plusieurs définitions selon le domaine d'étude. En clinique, une souche est considérée résistante lorsqu'un traitement antibiotique échoue. Du point de vue des pharmacologues, une souche est résistante si sa concentration au site d'action est inférieure à

la concentration minimale inhibitrice (CMI). En microbiologie, une souche est résistante si elle possède un mécanisme qui lui permet d'augmenter sa CMI. Enfin, en épidémiologie, une souche devient résistante lorsque sa CMI diffère de celle observée dans la population générale (Versluys, 2019).

#### **II.1.2.2. La résistance naturelle**

Elle se produit lorsque toutes les souches d'une espèce donnée sont résistantes à un antibiotique spécifique. Par exemple, les  $\beta$ -lactames, qui bloquent la synthèse du peptidoglycane, élément essentiel de la paroi cellulaire des bactéries, sont inefficaces contre les *Mycoplasma* car ces bactéries ne possèdent pas cette paroi. En outre, certaines bactéries comme *Stenotrophomonas maltophilia* peuvent produire des enzymes, telles que la  $\beta$ -lactamase L2, qui dégradent les antibiotiques et les rendent inactifs (Poli, 2018).

#### **II.1.2.3. La résistance acquise**

La résistance acquise se produit lorsque certaines souches d'une même espèce bactérienne deviennent résistantes à un antibiotique auquel elles étaient initialement sensibles, soit par mutation, soit par transfert de gènes. Ce transfert peut avoir lieu par trois processus principaux : la transduction, qui est la transmission d'ADN entre bactéries via un bactériophage ; la conjugaison, où les plasmides sont transférés entre bactéries grâce à des pili sexuels ; et la transformation, qui consiste en l'absorption de fragments d'ADN provenant de la lyse d'autres bactéries par des bactéries naturellement transformables. (Poli, 2018)

#### **II.1.2.4. Mécanismes de résistance**

Pour échapper à l'action des antibiotiques, les bactéries ont développé principaux mécanismes de résistance (Poli, 2018).

##### **II.1.2.4.1. Modification de la cible cellulaire des antibiotiques**

Divers mécanismes peuvent altérer la cible de l'antibiotique. L'un d'eux est la modification structurale de la cible, qui réduit l'affinité entre l'antibiotique et cette cible. Ainsi, l'antibiotique ne peut plus se fixer correctement, ce qui entrave son action (Batraud, 2017).

#### **II.1.2.4.2 Modification et dégradation enzymatique des antibiotiques**

La résistance par modification du métabolisme bactérien affecte principalement les sulfamides et le triméthoprime, qui inhibent la synthèse des bases puriques et pyrimidiques. Les bactéries peuvent compenser cette inhibition en produisant plus de précurseurs ou en augmentant la synthèse d'enzymes cibles, comme la dihydrofolate réductase, ou en synthétisant des enzymes moins sensibles à l'antibiotique. Cette résistance peut être isolée ou associée à d'autres mécanismes, entraînant ainsi de la multirésistance (Battraud, 2017).

La résistance par dégradation des antibiotiques se produit lorsqu'une bactérie produit une enzyme qui modifie l'antibiotique, le rendant inefficace en altérant sa capacité à se fixer sur son site d'action. Un exemple majeur est la  $\beta$ -lactamase, qui inactive les pénicillines et dont plus de 350 types ont été identifiés. Ce phénomène affecte également les céphalosporines, des antibiotiques similaires aux pénicillines (Battraud, 2017).

#### **II.1.2.4.3 Réduction de la concentration intracellulaire en antibiotiques**

Les bactéries adoptent deux stratégies pour résister aux antibiotiques. La première (Réduction de la perméabilité membranaire) consiste à limiter ou entraver la pénétration de l'antibiotique en modifiant la perméabilité de leur membrane. La seconde (L'efflux membranaire bactérien) repose sur l'expulsion active de l'antibiotique par le biais de pompes d'efflux membranaires. Dans certains cas, la combinaison de ces deux mécanismes peut conduire à une multi-résistance (Poli, 2018) .

### **II.2. Etat de la résistance aux antibiotiques chez les bovins**

La consommation mondiale d'antimicrobiens dans l'élevage, estimée à 63 151 tonnes en 2010, devrait augmenter de 67 % pour atteindre 105 596 tonnes d'ici 2030, en raison de l'intensification des systèmes de production animale (Dognon *et al.*, 2018). Les antibiotiques y sont souvent utilisés à des doses subthérapeutiques, non pas pour traiter les infections, mais pour prévenir les maladies et favoriser la croissance, contribuant ainsi à la propagation alarmante de la résistance antimicrobienne, un enjeu majeur de santé publique (Dognon *et al.*, 2018). Chaque année, l'élevage mondial consomme près de deux fois plus d'antibiotiques que les humains (Sachi *et al.*, 2019). Une part importante (30 à 70 %) de ces substances est rejetée



dans l'environnement sous forme active, entraînant la contamination de produits comme le lait, surtout en raison d'un usage excessif et inapproprié (Sachi *et al.*, 2019). Ce phénomène favorise l'émergence de bactéries résistantes transmissibles à l'homme via la chaîne alimentaire (Milanov *et al.*, 2016). Bien que l'Union européenne ait interdit les antibiotiques comme promoteurs de croissance depuis 2006, cette pratique persiste dans plusieurs pays, nécessitant une réglementation mondiale. Par ailleurs, d'autres facteurs de croissance, tels que les hormones et probiotiques, présentent également des risques sanitaires, dont des effets cancérogènes ou la prolifération de pathogènes (Herago et Agonafir, 2017). Les résidus d'antibiotiques dans la viande posent un double danger : des effets directs sur les consommateurs et la diffusion de résistances à des antimicrobiens essentiels selon l'OMS (Al-Dobaib et Mousa, 2009).

Les pratiques inappropriées, telles que l'automédication sans avis vétérinaire, sont courantes. Par exemple, au Rwanda, 97,6 % des agriculteurs ont administré des antibiotiques sans tests, et 85,7 % sans ordonnance (Iraguha *et al.*, 2024). Des substances critiques ont été détectées dans des exploitations laitières, révélant une mauvaise gestion généralisée (Vijay *et al.*, 2023). Ces dérives entraînent l'apparition de bactéries multirésistantes comme le SARM ou l'*E. coli* BLSE, ainsi que des échecs thérapeutiques, une hausse des coûts et de la mortalité animale (Islam *et al.*, 2024). Il devient donc crucial de restreindre l'usage de ces substances en élevage à des fins strictement thérapeutiques, pour préserver leur efficacité future .

### II.3. Le flux de la résistance entre l'homme et les animaux d'élevage

L'antibiorésistance peut se propager par la transmission de bactéries résistantes entre les animaux, ainsi qu'entre les animaux et l'homme, et inversement (Madec et Gay, 2022).

Les modes de transmission des bactéries résistantes de l'animal à l'homme incluent, entre autres, le contact direct. En considérant l'ensemble de la population, il ressort que les individus les plus exposés au risque de contamination sont ceux dont le travail les amène à être en proximité avec les animaux ( Souvignet, 2022).

La consommation d'aliments crus ou insuffisamment cuits, qu'ils soient d'origine animale ou végétale, peut exposer l'homme à des bactéries pathogènes comme *Listeria monocytogenes*, *E. coli*, *Campylobacter* ou *Salmonella*. Si ces bactéries sont résistantes aux antibiotiques, cela démontre clairement un transfert de l'antibiorésistance de l'animal à l'homme (Madec et Gay ,2012).

Les exemples inverses de transmission de résistances de l'homme à l'animal d'élevage sont plus rares. Des cas de transmission de bactéries résistantes, telles que le *S. aureus* (SARM), de l'homme à l'animal d'élevage ont été observés. Bien que quelques exemples aient été documentés, les mécanismes de cette transmission restent mal compris et les preuves limitées. Cette étude renforce l'hypothèse de la transmission des bactéries résistantes de l'homme à l'animal (Souvignet, 2022).

## **Partie II.**

### **Analyse des articles**

# **Chapitre III.**

## **Matériel et méthodes**

### III.1. Choix des données

Une étude approfondie de l'antibiorésistance des bactéries bovines a été réalisée à partir d'une sélection d'articles scientifique sont ont été collectés à partir de diverses sources en ligne. notamment Google Scholar, des bases de données scientifiques telles que PubMed, Web of Science, et des éditeurs académiques comme ScienceDirect.

Un total de 15 articles scientifiques a été sélectionnés pour faire notre analyse dont on cite : Ahmed et Shimamoto, (2011) ; Osman *et al.*, (2014) ; Diwakar *et al.*, (2014) ; Olukitibi *et al.*, (2017) ; Manyi-Loh *et al.*, (2018) ; Salauddin *et al.*, (2019) ; Barour *et al.*, (2019) ; Almashawt *et al.*, (2020) ; Karama *et al.*, (2020) ; Arbab *et al.*, (2021) ; Jesumirhewe *et al.*, (2022) ; Kawai *et al.*., (2023) ; Yadav *et al.*, (2023) ; Wanja *et al.*, (2023) ; Tadesse *et al.*, (2024)

### III.2. Sélection des bovins étudiés

L'étude a porté sur un nombre déterminé d'échantillons, dont la nature varie en fonction des objectifs de la recherche. Leur collecte a été réalisée dans des conditions spécifiques, tenant compte notamment de l'état clinique des animaux et de l'utilisation préalable d'antibiotiques, comme illustré dans le tableau ci-dessus.

**Tableau 2.** Types d'échantillons et condition d'analyse des bovins.

Étude	N° des d'échantillons	Type d'échantillons	Les conditions	Pays	Période
Salauddin <i>et al.</i> ., (2019)	48	Lait	Signe clinique et lésion inflammatoire du pis et du trayon	Banglade-sh	NE
Ahmed et Shimamoto, (2011)	172		Vaches atteintes de mammite clinique et sub-clinique	Égypte	2008
Osman <i>et</i>	525			Égypte	NE

<i>al.</i> , (2014)					
Kawai <i>et al.</i> , (2023)	NE			Japon	2013- 2016
Yadav <i>et al.</i> , (2023)	1649			Inde	1 <sup>er</sup> juillet 2019 au 30 juin 2020
Karama <i>et al.</i> ,(2020)	537		Bovins sains à l'abattage	Afrique du Sud	NE
Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	109			Nigeria	NE
Barour <i>et al.</i> , (2019)	198		NE	Algérie	Mars 2016 à mars 2018
Almashawt <i>et al.</i> ,(2020)	NE	Fèces		Libye	NE
Wanja <i>et al.</i> , (2023)	54		Étude antérieure sur prévalence saisonnière de <i>Campylobacter</i> thermophile	Kenya	Entre octobre 2020 et mai 2022
Tadesse <i>et al.</i> , (2024)	368		A prévalence attendue de <i>E.coli</i> et de la précision absolue souhaitée	Éthiopie	December 2022 - August 2023
Manyi-Loh	EN		vache laitière	Afrique du Sud	Six (6) mois

<i>et al.</i> , (2018)					
Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	125		présentant des symptômes de diarrhée	Inde	NE
Olukitibi <i>et al.</i> , (2017)	50	Peau de vache transformée et non transformée	NE	Nigeria	Entre juin et août 2015
Arbab <i>et al.</i> , (2021)	220	Prélevements nasaux	animaux ne présentant aucun symptôme de maladie	La Chine	NE

NE : non enregistré / N°: Nombre

### III.3. Échantillonnage

Les échantillons ont été prélevés à partir de différentes sources, notamment le lait, les fèces, les cavités nasales et la peau.

Le lait a été étudié par plusieurs chercheurs, notamment Salauddin *et al.*, (2019), Ahmed et Shimamoto, (2011), Osman *et al.*, (2014), Kawai *et al.*, (2023) et Yadaw *et al.*, (2023) .

Dans les études menées par Ahmed et Shimamoto (2011), Osman *et al.*, (2014) ainsi que Salahuddin *et al.*, (2019), les échantillons du lait ont été prélevés à partir des vaches atteintes de mammite clinique et subclinique. Avant le prélèvement, le pis a été soigneusement lavé, séché, puis les trayons désinfectés à l'aide d'un antiseptique approprié. Les premiers 15 ml de lait ont été éliminés afin de réduire le risque de contamination, puis environ 15 ml ont été recueillis de manière aseptique dans des flacons stériles hermétiquement fermés.

Il est à noter que dans les études de Ahmed et Shimamoto (2011) ainsi que de Osman *et al.*, (2014), les prélèvements ont été réalisés avant toute administration d'un traitement antimicrobien. L'ensemble des travaux insiste également sur l'importance des procédures

aseptiques rigoureuses, ainsi que sur le transport rapide et réfrigéré des échantillons, afin de garantir leur intégrité et la précision des analyses bactériologiques.

Kawai *et al.*, (2023) et Yadaw *et al.*, (2023) n'ont pas mentionné la méthode.

Dans les différentes études, les prélèvements fécaux ont été réalisés selon des techniques adaptées à chaque catégorie d'animal.

Karama *et al.*, (2020) ont recueilli un total de 537 échantillons, dont 453 provenant de vaches adultes et de génisses, prélevés par voie rectale lors du diagnostic de gestation, en utilisant un gant neuf pour chaque animal afin d'éviter toute contamination. Pour les veaux, des écouvillons rectaux ont été utilisés. De même, Tadesse *et al.*, (2024) ont effectué les prélèvements directement du rectum à l'aide de gants jetables, et les échantillons ont été stockés dans des sachets plastiques stériles à fermeture zip. Barour *et al.* (2019) ont également utilisé des écouvillons rectaux, ensuite dissous dans une solution saline physiologique stérile.

Karama *et al.*, (2020) ont transporté les échantillons dans des flacons stériles sur glace, avant de les conserver à 4 °C, avec une analyse effectuée dans un délai de 24 heures. Tadesse *et al.*, (2024) ont assuré le transport dans une glacière réfrigérée vers le laboratoire de microbiologie.

Quant à Manyi-Loh *et al.*, (2018), ils ont collecté environ 1700 kg de fumier sur trois jours, en constituant un échantillon représentatif quotidien. Les échantillons ont été conservés dans des flacons stériles, introduits dans un bouillon tryptone soja, transportés sur glace, et analysés dans les 24 heures suivant leur arrivée au laboratoire.

Olukitibi *et al.*, (2017) ont collecté des peaux de bovins provenant d'abattoirs et de transformateurs, en veillant à respecter des conditions d'hygiène. tandis qu'Arbab *et al.*, (2021) ont examiné des écouvillons nasaux.



### III.4. Isolement

#### III.4.1. Enrichissement

Seules quelques études ont mentionné l'étape d'enrichissement (Tab3).

**Tableau 3.** Les milieux d'enrichissement.

Milieu	Incubation	Etude
Eau peptonée tamponnée	24 heures à 37° C	Tadesse <i>et al.</i> , (2024)
Bouillon nutritif	à 37° C pendant une nuit	Arbab <i>et al.</i> , (2023)
Bouillon de tétrathionate	24 heures à 37° C	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)
Bouillon d'infusion Cerveau-Cœur enrichi de 5% de glycérol.	/	Almshaw <i>et al.</i> , (2020)
Bouillon Todd-Hewitt	4 heures à 37 ° C	Osman <i>et al.</i> , (2014)

Les autres études n'ont pas mentionné cette étape .

#### III.4.2. Mise en culture

Afin d'identifier les bactéries d'intérêt, différents milieux de culture ont été utilisés selon des protocoles précis (Tab 4).

**Tableau 4.** Les milieux de culture utilisés.

Milieu	Les bactéries recherché	Incubation	Etude
Agar nutritive	/	24 heures à 37°C	Olukitibi <i>et al.</i> , (2017) Salauddin <i>et al.</i> , (2019)

Gélose MacConkey.	Sélectif pour les bactéries à Gram négatif	24 à 48 heures à 37°C	Barour <i>et al.</i> ,(2019) Olukitibi <i>et al.</i> ,(2017) Salauddin <i>et al.</i> ,(2019) Ahmed et Shimamoto (2011) Tadesse <i>et al.</i> ,(2024) Diwakar <i>et al.</i> ,(2014)
Gélose Sorbitol MacConkey	La différenciation des <i>E.coli</i> O157:H7	24 heures à 37°C	Arbabet <i>et al.</i> , (2021)
Gélose vert brillant (BGA).	Sélective pour <i>Salmonella</i>	37°C pendant 24 heures	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)
Gélose <i>Salmonella-Shigella</i>	Sélectif pour les <i>Salmonella</i>	18-24 heures à 37 °C	Arbab <i>et al.</i> , (2021) Manyi-Loh <i>et al.</i> ,(2018)
Gélose Eosin Methylene Blue	Différentiel pour les bactéries à Gram négatif. <i>E. coli</i>	24 heures à 37°C	Arbab <i>et al.</i> , (2021) Salauddin <i>et al.</i> ,(2019)
		37°C pendant 24 heures en aérobie.	Almshawt <i>et al.</i> ,(2020)
mCCDA (Gélose modifiée pour <i>Campylobacter</i> au céfopérazone et au désoxycholate)	Sélectif pour <i>Campylobacter</i>	42 °C – 48 a 72h (microaérophilie avec kit générateur de gaz)	Manyi-Loh <i>et al.</i> ,(2018)
Chromogenic <i>E. coli</i>	<i>E. coli</i>	18-24 heures à 37 °C (aérobie)	Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)
Gélose trypticase soja avec 5 % de sang de mouton et 0,1 % d'esculine	/	37°C - 24 à 48 h	Osman <i>et al.</i> , (2014)

Campy CVA agar	Sélectif pour <i>Campylobacter</i>	Sous atmosphère microaérophile à 37°C - 48 à 72 h	Karama <i>et al.</i> , (2020)
Gélose au sang de mouton à 5 %	Bactéries exigeantes	37°C sous conditions aérobies pendant 24 h.	Kawai <i>et al.</i> , (2023)
		37°C pendant 24 heures	Arbab <i>et al.</i> , (2021)
Gélose au chocolat	Bactéries fastidieuses	37°C pendant 24 heures	Arbab <i>et al.</i> , (2021)

Salaudine *et al.*, (2019) ont réalisé l'ensemencement et l'isolement des bactéries en cultivant les échantillons sur des milieux nutritifs tels que gélose nutritif, Agar Eosine Methylene Blue et Agar MacConkey. Les cultures ont été incubées à 37°C pendant 24 heures afin de favoriser la croissance bactérienne.

Karama *et al.*, (2020) ont procédé à l'isolement de *Campylobacter spp.* en ensement les échantillons sur un milieu sélectif, le Campy CVA agar. Les cultures ont été incubées à 37°C sous atmosphère microaérophile pendant 48 à 72 heures. Après cette période, les colonies suspectes ont été prélevées et réensemencées sur une gélose au sang de cheval afin de les purifier.

Selon Ahmed et Shimamoto (2011), l'isolement des micro-organismes a été réalisé en plusieurs étapes. Tout d'abord, les échantillons ont été soumis à une centrifugation pendant 15 minutes à une vitesse de 3000 rpm. Ensuite, une anse du sédiment obtenu a été prélevée et ensemencée sur un milieu de MacConkey. Les boîtes ainsi ensemencées ont été incubées à 37 °C pendant des durées de 24 et 48 heures.

Osman *et al.*, (2014) ont ensemencé des échantillons de lait (0,01 ml chacun) sur une gélose trypticase soja contenant 5 % de sang de mouton et 0,1 % d'esculine. Après une incubation à 37°C pendant 24 à 48 heures, la croissance bactérienne a été évaluée. Pour les échantillons qui atteints de MC : des boîtes de TSA-BE supplémentaires ont été ensemencées et incubées de la même manière que le reste des échantillons de lait.

Tadesse *et al.*, (2024) ont mené une analyse visant à identifier *E.coli* à partir d'échantillons fécaux. Les échantillons ont été ensemencés sur une gélose MacConkey, un

milieu sélectif permettant d'isoler les colonies présumées d'*E. coli*, reconnaissables à leur aspect rose, lisse et circulaire. Les colonies ainsi identifiées ont été repiquées sur une gélose Eosin Methylene Blue (EMB) et incubées de nouveau à 37°C pendant 24 heures. L'apparition d'un éclat métallique vert sur ces colonies a été considérée comme un critère distinctif permettant de confirmer la présence d'*E. coli* présumptifs.

Manyi-Loh *et al.*, (2018) ont réalisé des comptages bactériens, pour cela, un total de 24 échantillons ont été analysés. Chaque échantillon, prélevé à hauteur de 1 g, a été soumis à une dilution en série au facteur 10 dans une solution saline stérile. Ensuite, 100 µL de chaque dilution, allant de  $10^{-1}$  à  $10^{-5}$ , ont étéensemencés sur différents milieux sélectifs : le Chromogenic *E. coli* agar pour la détection d'*E. coli*, le *Salmonella/Shigella* agar pour *Salmonella* et *Shigella*, ainsi que le mCCDA (modified *Campylobacter* cefoperazone desoxycholate agar) pour *Campylobacter*. Les boîtes ont été incubées dans des conditions spécifiques : à 37 °C pendant 18 à 24 heures en aérobie pour *E. coli* et *Salmonella/Shigella*, et à 42 °C pendant 48 à 72 heures en microaérophilie, grâce à un kit générateur de gaz, pour *Campylobacter*. Enfin, les colonies ont été dénombrées, et les moyennes ont été calculées sur trois répétitions.

Selon Barour *et al.*, (2019) Les échantillons ont étéensemencés sur gélose Mac Conkey et incubés pendant 24 heures à 37°C

Kawai *et al.*, (2023) ont réalisé l'ensemencement en déposant 10 µL d'échantillon sur une gélose au sang de mouton à 5 %, suivie d'une incubation à 37°C sous conditions aérobies pendant 24 heures.

Olukitibi *et al.*, (2017) La méthode de dilution en série a été utilisée pour isoler les micro-organismes présents dans les échantillons de "ponmo". Une solution mère a été préparée en mélangeant 1 gramme de "ponmo" avec 9 ml d'eau distillée stérile. Des dilutions successives ont été réalisées à partir de cette solution. Pour chaque dilution, 0,1 ml a été inoculé sur des plaques de Petri contenant de la gélose nutritive et de la gélose MacConkey. Les plaques ont été incubées pendant 24 heures à 37°C. Le nombre de colonies a été comptabilisé selon des méthodes microbiologiques standard. Les isolats microbiens ont été purifiés par ensemencement répété sur gélose nutritive et gélose MacConkey.

Arbab *et al.*, (2021) .Après l'enrichissement , les échantillons ont été cultivés sur différents milieux sélectifs : gélose au sang, gélose au chocolat, gélose Sorbitol MacConkey, gélose éosine-bleu de méthylène et gélose *Salmonella-Shigella*. Ces cultures ont ensuite été incubées à 37°C pendant 24 heures, et les colonies présentant un aspect suspect ont été choisies pour des analyses plus poussées.

Diwakar *et al.*, (2014) Pour l'isolement général, les échantillons ont été dispersés dans de l'eau peptonée et étalés sur de la gélose au lactose de MacConkey . Les colonies fermentant le lactose (rose-rouge) et celles ne le fermentant pas (incolores) ont été sélectionnées pour l'identification. Pour l'isolement de *Salmonella*, un bouillon de tétrathionate a été utilisé pour l'enrichissement, suivi d'un étalement sur gélose vert brillant (BGA). Les colonies rose-rouge sur BGA ont été choisies pour l'identification de *Salmonella*.

Jesumirhewe *et al.*, (2022) Les échantillons ont été inoculés sur gélose MacConkey et incubés à 37°C pendant 24 heures. Les colonies distinctes ont été sous-cultivées afin d'obtenir des cultures pures.

Almshawt *et al.*, (2020) Pour l'isolement d'*E. coli*,Après l'incubation en bouillon, une strie a été réalisée sur gélose EMB, puis la gélose a été incubée en aérobie à 37°C pendant 24 heures.

### **III.5. Identification**

#### **III.5.1. Examen macroscopique**

Afin de déterminer les caractéristiques cultureux des colonies, notamment leur morphologie et leur aspect, une observation macroscopique a été réalisée selon les travaux d'Osman *et al.*, (2014), Tadesse *et al.*, (2024) , Manyi-Loh *et al.*, (2018) , Yadav *et al.*, (2023) et Almshawt *et al.*, (2020).

Les autres études n'ont pas mentionné l'examen macroscopique.

#### **III.5.2. Examen microscopique**

Barour *et al.*, (2019), Arbab *et al.*, (2021) , Yadav *et al.*, (2023) ainsi qu'Almshawt *et al.*, (2020) ont réalisé une coloration de Gram sur les colonies.

Aucune mention de l'examen microscopique n'a été faite dans les autres études.

### III.5.3. Identification biochimiques

Plusieurs études ont confirmé l'identification des isolats bactériens par des tests biochimiques.

Ahmed et Shimamoto (2011), ainsi que Barour *et al.*, (2019), ont utilisé le système API 20E pour l'identification biochimique des isolats, ce dernier ayant également réalisé un test de l'oxydase.

Salaudhin *et al.*, (2019) ont utilisé des tests biochimiques, notamment le test au rouge de méthyle, le test de Voges-Proskauer et le test de la catalase, pour confirmer l'identité des isolats.

L'utilisation du citrate a été rapportée par Salaudhin *et al.*, (2019), Osman *et al.*, (2014) ainsi que Tadesse *et al.*, (2024). La production d'indole a été étudiée par Osman *et al.*, (2014), Salaudhin *et al.*, (2019), Tadesse *et al.*, (2024) et Manyi-Loh *et al.*, (2018). Le test TSI a été mentionné par Tadesse *et al.*, (2024) et Manyi-Loh *et al.*, (2018) et Salaudhin *et al.*, (2019). La fermentation des sucres a été analysée par Manyi-Loh *et al.*, (2018), Salaudhin *et al.*, (2019) Almshawt *et al.*, (2020). Enfin, les tests de la catalase et de l'oxydase ont été rapportés par Almshawt *et al.*, (2020) ainsi que Manyi-Loh *et al.*, (2018).

Osman *et al.*, (2014) ont réalisé un test de mobilité, tandis que Manyi-Loh *et al.*, (2018) ont étudié l'hydrolyse de l'hippurate ainsi que la sensibilité à l'acide nalidixique. Les autres études n'ont pas précisé leurs méthodes d'identification biochimique.

### III .6. Autres méthodes d'identification

Wanja *et al.*, (2023) et Karama *et al.*, (2020) ont eu recours à la biologie moléculaire pour l'identification des bactéries, en utilisant la méthode PCR. Dans l'étude menée par Karama *et al.*, (2020), plusieurs amorces spécifiques ont été utilisées, notamment : *lpxA C. jejuni*, *lpxA C. coli*, *lpxA C. upsaliensis*, *lpxA R1*, *lpxA R2* et *lpxA RKK2m*.

La spectrométrie de masse par temps de vol assistée par désorption/ionisation assistée par matrice (MALDI-TOF/MS) a été utilisée dans l'étude de Jesumirhewe *et al.*, (2022)

### III.7. Étude de la résistance aux antibiotiques

D'après les 15 études sélectionnées, diverses méthodes ont été utilisées pour détecter la résistance des isolats aux antibiotiques, comme mentionné dans le tableau 5.

**Tableau 5.** Les méthodes et les antibiotiques utilisés dans chaque étude .

Etude	La méthode	Les antibiotiques
Salaudhin <i>et al.</i> , (2019)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Gentamicine (CN), Amoxicilline (AMX), Chloramphénicol (C), Ciprofloxacin (CIP), Bacitracine (B), Azithromycine (AZM), Érythromycine (E), Méthycilline (Met), Novobiocine (NV), Vancomycine (VA), Norfloxacin (NX), Tétracycline (TE), Levofloxacin (LE), Acide nalidixique (NA), Céphradine (CH).
Karama <i>et al.</i> , (2020)	CMI par la méthode de la microdilution en bouillon	Ciprofloxacin (CIP), Acide nalidixique (NA) , Azithromycine (AZM), Érythromycine (E), Tétracycline (TE), Florfénicol (FFC), Télithromycine (TEL), Clindamycine (DA) , Gentamicine (CN).
Ahmed et Shimamoto, (2011)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline (AMP), Amoxicilline-acide clavulanique (AMC), Oxacilline (OXA), Céfoxitine (FOX), Céfotétan (CTT), Céfotaxime (CTX), Ceftazidime (CAZ), Cefpodoxime (CPD), Ceftriaxone (CRO), Aztréonam (ATM), Imipénème (IMP), Acide nalidixique (NAL), Ciprofloxacin (CIP), Norfloxacin (NOR), Chloramphénicol (CHL), Gentamicine (CN), Kanamycine (KAN), Streptomycine (STR), Spectinomycine (SPX), Tétracycline (TET), Sulfaméthoxazole-triméthoprim (SXT).

Osman <i>et al.</i> , (2014)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline(AMP), Carbénicilline ,Céfotaxime(CTX), Chloramphénicol (CHL), Colistine sulfate ,Érythromycine (E),Fluméquine, Gentamicine (CN),Kanamycine(KAN), Néomycine(NEO),Nitrofurantoïne(NFT),Oxytétracycline (OTX) ,Pénicilline G (PG), Streptomycine(STR), Sulfaméthoxazole/Triméthoprim(SXT)
Tadesse <i>et al.</i> , (2024)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Gentamicine(GEN) ,Chloramphénicol(CHL),Ciprofloxacine (CIP) ,Sulfisoxazole(SX),Streptomycine,(STR),Tétracycline (TET) ,Acide nalidixique (NA),Ampicilline (AMP) Ampicilline (AMX) ,Ceftriaxone(CRO) ,Céphalothine(CEP), Amikacine(AMK),Sulfaméthoxazole Triméthoprim(STX) , Amoxicilline + Acide clavulanique(AMX)
Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Cotrimoxazole(,Érythromycine(ERY),Ciprofloxacine(CIP), Amoxicilline(AMX) ,Acide nalidixique(NA), Tétracycline(TE) ,Augmentin(AU) ,Ampicilline(AMP), Gentamicine(CN),Chloramphénicol(CHL)
Barour <i>et al.</i> , (2019)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé et la méthode de CMI par la microdilution en bouillon	Ampicilline (AMP),Amoxicilline/Acide clavulanique (AMC),Céfalotine (KF),Cefotaxime (CTX),Cefoxitine (Fox), Kanamycine (K),Gentamicine (CN),Triméthoprim/Sulfaméthoxazole (SXT),Tétracycline (Te), Acide nalidixique (Na),Ciprofloxacine (CIP),Nitrofurantoïne (F),Chloramphénicol (C),Colistine (CT) (testée par microdilution en bouillon)
Kawai <i>et al.</i> , (2023)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé et CMI	Céfazoline (CEZ),Oxytétracycline (OTC),Kanamycine (KM),Marbofloxacine (MBFX),Enrofloxacin (ERFX)
Olukitibi <i>et al.</i> , (2017)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline (SP) ,gentamycine (CN), ampiclox (APX),ciprofloxacine (CPX), péfloxacin (PEF), lexofloxacine (Z),amoxil (AM), rifampicine (R), streptomycine (S) septrine (SXT) érythromycine (E),chloramphénicol (CHI), augmentine (AU),ofloxacine (OFX)



Wanja <i>et al.</i> , (2023)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline (AMP), Gentamicine (CN) Ciprofloxacin (CIP), Acide nalidixique (NA), Érythromycine (E), Tétracycline (TE)
Arbab <i>et al.</i> , (2021)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline(AMP), Amoxicilline(AMX), Amoxicilline + Acide clavulanique(AMX+AUG), Augmentin(AUG), Céfotaxime(CTX), ceftazidime(CAZ), céfuroxime(CXM), ciprofloxacin (CIP), Céfixime(CFM), Céfopodoxime(CPD), Ofloxacin(OFX), Imipénème(IPM), Tétracycline(TET), Gentamicine(GN), Streptomycine(STR), Érythromycine(E), Chloramphénicol(CHL), Nitrofurantoïne(FUR) et Cotrimoxazole(SXT).
Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline( AMP), chloramphénicol(CHL), cloxacilline, ciprofloxacin(CIP), gentamicine(CN), streptomycine(STR) et tétracyclin(TET).
Jesumirhew <i>e et al.</i> , (2022)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Méropénem(MEM),ertapénème(ETP),ceftazidime (CAZ), céfotaxime(CTX), céfépime (FEP),Pénicilline +Amoxicilline /acide clavulanique)(AMX), céfoxitine(FOX),Monobactame aztréonam(ATM),triméthoprim(TMP),ciprofloxacin(CIP), lévofloxacin(LEV),amikacine(AMK) ,pipéracilline/tazobactam(TZP), (chloramphénicolCHL)
Almshawt <i>et al.</i> , (2020)	La méthode de diffusion de disque sur milieu gélosé	Ampicilline(AMP), tétracycline(TET), triméthoprim/sulfaméthoxazole(SXT), chloramphénicol (CHL) et acide nalidixique (NA ),Ampicilline(AMX), ciprofloxacin(CIP), érythromycine(E), tétracycline(TET), chloramphénicol(CHL) et gentamicine(GN)

Le test de sensibilité aux antibiotiques a été principalement effectué sur un milieu de culture gélosée Mueller-Hinton .

### III.8. Etude phénotypique des mécanismes de résistance

Dans les études de Barour *et al.*, (2019) et Arbab ., *et al* (2023), la production de bêta - Lactamase à spectre élargie a été évaluée par des tests de disques combinés.

# **Chapitre IV.**

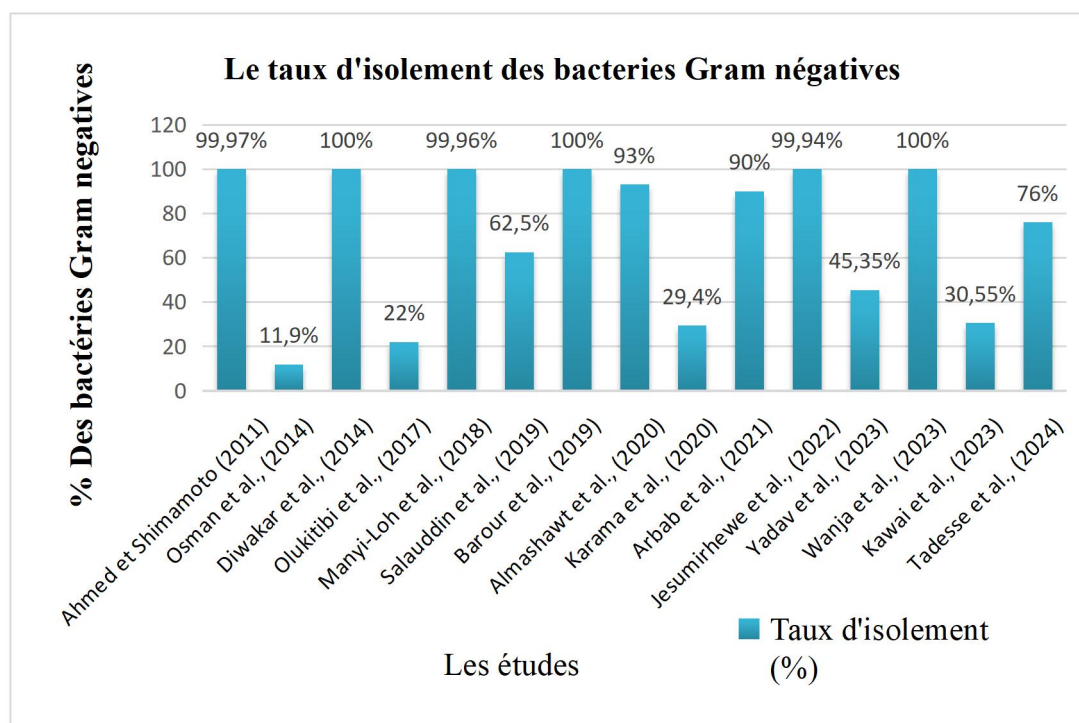
## **Résultats et discussion**

### IV.1. Isolement

D'après les études, une grande diversité de bactéries à Gram négatif a été isolée à partir de divers échantillons, cultivés sur différents milieux. La figure 1 présente la répartition en pourcentage de ces bactéries selon les études.

L'hétérogénéité des taux d'isolement entre les études reflète la complexité de l'écosystème microbien bovin, avec des variations pouvant s'expliquer par les différences méthodologiques ou géographiques, dont 8,1 % chez Osman *et al.*, (2014) vs 100 % chez Barour *et al.*, (2019), Wanja *et al.*, (2023) et Diwakar *et al.*, (2014).

Tandis qu'un groupe d'études révèle une prévalence moyenne de bactéries Gram-négatives comprise entre 20 % et 50 % ,on observe 22% ,29.4%, 30,55%,45.35% dans les travaux d'Olukitibi *et al.*, (2017), Karama *et al.*, (2020), Kawai *et al.*, (2023) , Yadav *et al.*, (2023) respectivement. Ainsi que d'autres études où une forte prévalence des bactéries Gram-négatives chez les bovins a été révélé, avec des taux d'isolement remarquablement élevés >50% dont 62,5 % chez Salauddin *et al.*, (2019), et 76 % chez Tadesse *et al.*,(2024). Des taux encore plus élevés > 90% ont été rapportés par Almashawt *et al.*, (2020) , Arbab *et al.*, (2021), Manyi-Loh *et al.*,(2018) , Jesumirhewe *et al.*, (2022) et Ahmed et Shimamoto (2011).



**Figure 1.** Le taux d'isolement des bactéries à Gram négatives dans chaque étude.

## IV.2. Identification

Les résultats du tableau 6 mettent en évidence des taux variables des genres et espèces bactériennes. *E.coli* a été fréquemment isolée, selon Arbab *et al.*, (2021), *E. coli* est l'espèce bactérienne la plus fréquent chez les animaux en bonne santé. Par ailleurs, Diwakar *et al.*, (2014) indiquent que cette bactérie constitue un agent causal majeur de la diarrhée chez les veaux, agissant seule ou en association avec d'autres pathogènes.

d'autres bactéries ont été détectées, incluant *Salmonella* sp, *K. pneumoniae*, et diverses espèces de *Shigella*, *Proteus*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Citrobacter* et *Campylobacter*.

Plusieurs études ont mis en évidence une diversité d'espèces bactériennes chez les bovins. Par exemple, l'étude d'Arbab *et al.*, (2021) a indiqué une prédominance de souches incluant des bactéries de la famille des *Enterobacteriaceae* telles qu'*E. coli*, *K. pneumoniae*, ainsi que *P. aeruginosa*, *Salmonella*, *Shigella* et *Proteus*.

Par ailleurs, l'étude de Karama *et al.*, (2020) a révélé que *C. jejuni* est l'espèce la plus fréquemment isolée chez les bovins, suivie par *C. coli* et *C. upsaliensis*. La détection de *C. upsaliensis* chez 10,1 % des bovins est particulièrement notable, car cette espèce émergente et cliniquement importante est plus couramment associée aux chiens.

Cependant, les études de Ahmed et Shimamoto (2011), Osman *et al.*, (2014), et Kawai *et al.*, (2023) confirment l'implication fréquente de *Klebsiella* spp, notamment *K. pneumoniae* et *K. oxytoca*. Les infections par ces bactéries peuvent être graves, influencées par les conditions d'hygiène et les pratiques agricoles, et sont souvent liées à une transmission oro-fécale ou à l'utilisation de litière contaminée, comme la sciure de bois. De plus, Salauddin *et al.*, (2019), rapportent une prévalence élevée de *Klebsiella* spp, identifiée dans 62,5 % des cas étudiés.

**Tableau 6.** Résultats de l'identification des bactéries Gram négatif selon les études.

Les bactéries Gram négatives isolées	Les études	Le pourcentage
<i>E.coli</i>	Olukitibi <i>et al.</i> , (2017)	8%
	Arbab <i>et al.</i> , (2023)	21%
	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	88%
	Ahmed et Shimamoto (2011)	37.5%
	Tadesse <i>et al.</i> , (2024)	76%
	Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)	36.14 %
	Barour <i>et al.</i> , (2019)	100%
	Kawai <i>et al.</i> , (2023)	54,54%
	Almashawt <i>et al.</i> , (2020)	93%
	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	33.02%
<i>Klebsiella spp</i>	Arbab <i>et al.</i> , (2023)	18%
<i>K.oxytoca</i>	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	3.20%
	Salauddin <i>et al.</i> , (2019)	62.5%
	Ahmed et Shimamoto (2011)	10.71%
<i>K.pneumoniae</i>	Kawai <i>et al.</i> , (2023)	5,84%
	Ahmed et Shimamoto (2011)	16.96%

	Osman <i>et al.</i> , (2014)	8.1%
	Kawai <i>et al.</i> , (2023)	11,68%
	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	17.43%
<i>Shigella spp</i>	Olukitibi <i>et al.</i> , (2017)	4%
	Arbab <i>et al.</i> , (2023)	12%
	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	18.40%
	Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)	4.81%
<i>Salmonella spp</i>	Olukitibi <i>et al.</i> , (2017)	10%
	Arbab <i>et al.</i> , (2023)	15%
	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	7.20
	Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)	39.75%
<i>C. jejuni</i>	Karama <i>et al.</i> , (2020)	62,6 %
	Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)	<u>4,81%</u>
<i>C. coli</i>	Karama <i>et al.</i> , (2020)	25,3 %
<i>C. upsaliensis</i>	Karama <i>et al.</i> , (2020)	10,1 %
<i>Campylobacter spp</i>	Manyi-Loh <i>et al.</i> , (2018)	<u>14,45%</u>
	Wanja <i>et al.</i> , (2023)	<u>100%</u>
<i>E. cloacae</i>	Ahmed et Shimamoto (2011)	16.07%
	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	22.92%
<i>P. mirabilis</i>	Ahmed et Shimamoto (2011)	4.46%
<i>P. vulgaris</i>	Ahmed et Shimamoto (2011)	3.57%
<i>P. spp</i>	Arbab <i>et al.</i> , (2023)	11%
	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	2.40%

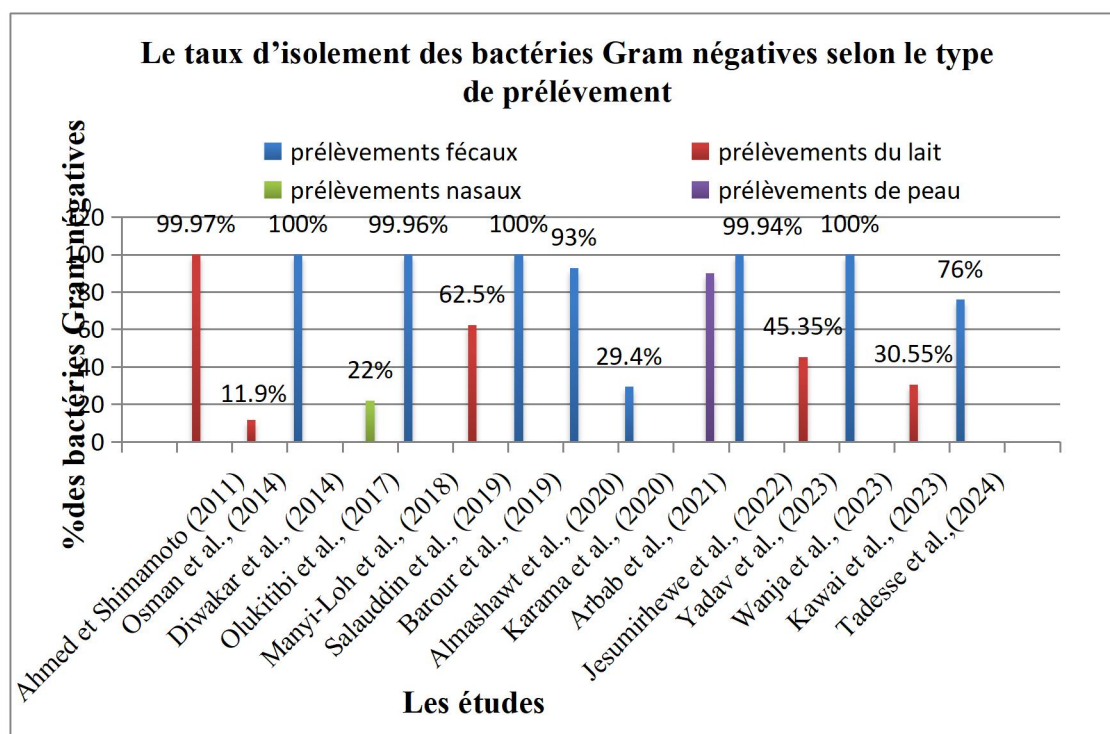
	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	6.41%
<i>Pseudomonas spp</i>	Arbab <i>et al.</i> , (2023)	13%
	Diwakar <i>et al.</i> , (2014)	42.20%
<i>P. stutzeri</i>	Ahmed et Shimamoto (2011)	0.89%
<i>Serratia marcescens</i>	Ahmed et Shimamoto (2011)	0.89%
	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	4.58%
<i>Citrobacter freundii</i>	Ahmed et Shimamoto (2011)	8.92%
	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	14.67%
<i>Trueperella pyogenes</i>	Kawai <i>et al.</i> , (2023)	27,92%
<i>Providencia penneri</i>	Jesumirhewe <i>et al.</i> , (2022)	0.91%

### IV.3. La répartition des bactéries Gram négatives selon le type de prélèvement

Les prélèvements de la matière fécale se distinguent par un taux très élevé de bactéries Gram négatives (Fig.2). Ce taux atteint 100 % selon Barour *et al.*, (2019), Wanja *et al.*, (2023) et Diwakar *et al.*, (2014), et environ 99 % selon Manyi-Loh *et al.*, (2018) et Jesumirhewe *et al.*, (2022). Un taux de 93 % est rapporté par Almashawt *et al.*, (2020). En revanche, le taux le plus bas observé est de 29,4 %, a été rapporté par Karama *et al.*, (2020). Cependant, un taux élevé a été isolé à partir des prélèvements nasaux chez Arbab *et al.* (2021) avec 90 %. Ensuite, on retrouve les prélèvements du lait avec des taux très variables, de 62,5 % (Salaudhin *et al.*, 2019), 45,35 % (Yadav *et al.*, 2023), 30,55 % (Kawai *et al.*, 2023) et 11,9 % (Osman *et al.*, 2014), dont le plus élevé a été trouvé par Ahmed et Shimamoto (2011) 99,94 %.

Cependant, dans les prélèvements de peau, le taux de bactéries Gram négatives a été plus faible, avec 22 % dans l'étude de Arbab *et al.*, (2021).





**Figure 2.** Répartition des bactéries à Gram négatives selon le type de prélèvement .

#### IV.3. 1.distribution des espèces bactériennes selon le type de prélèvement

Les résultats présentés dans la figure 3 révèlent une diversité marquée dans la distribution des espèces bactériennes selon le type de prélèvement (nasal, peau, lait, fèces). Les fréquences les plus élevées ont été observées dans les prélèvements fécaux, en particulier pour *E. coli*, avec un taux de 72,02 %, suivi d'un taux également élevé dans le lait (46,02 %). Selon Arbab *et al.*, (2021), cette prévalence et incidence élevées d'*E. coli* peuvent s'expliquer par sa présence naturelle dans certains organes ou environnements. De plus, selon Manyi-Loh *et al.*, (2018), le tractus gastro-intestinal des humains et des animaux constitue un réservoir majeur de *Salmonella*, *Shigella* et *E. coli*.

Des bactéries telles que *Klebsiella* ont été également identifiées à des niveaux notables, notamment dans les prélèvements de lait. D'après Osman *et al.*, (2014), *K. pneumoniae* pourrait se propager dans les élevages laitiers via un cycle oro-fécal.

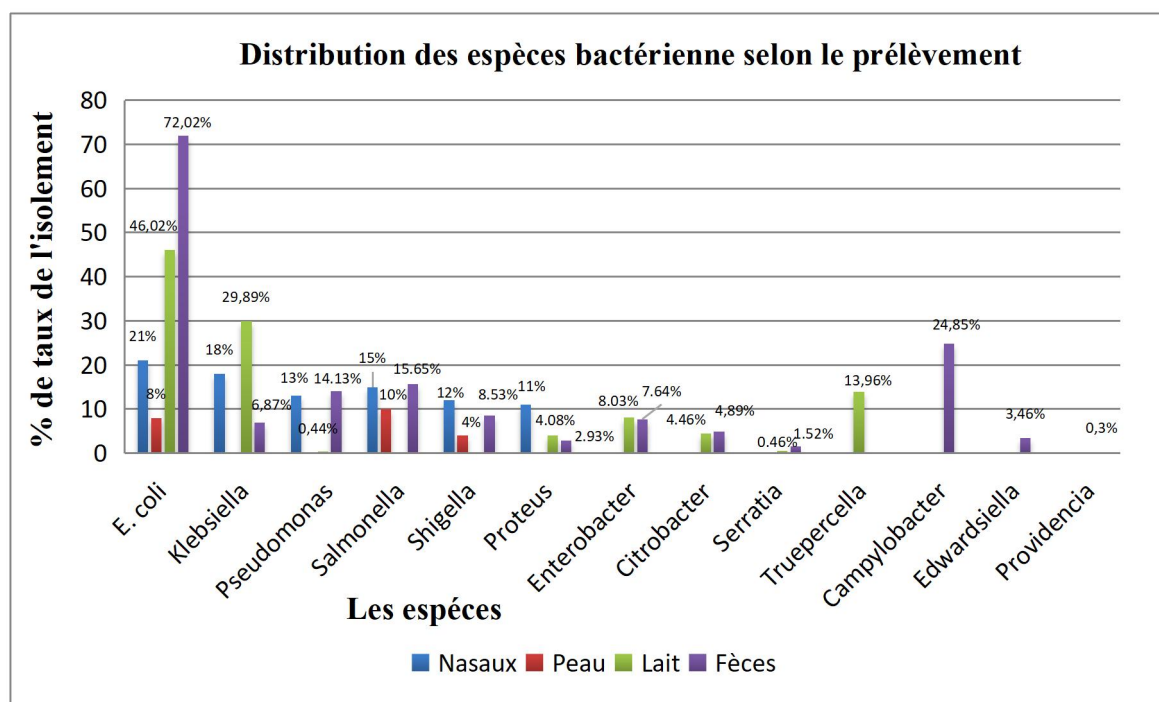
Les prélèvements nasaux ont révélé la présence de bactéries telles que *Klebsiella*, *Pseudomonas* et *Shigella*, à des taux modérés selon Arbab *et al.*, (2021). Bien que moins fréquentes que dans les autres types de prélèvements, la détection de ces espèces dans les

voies respiratoires indique une charge bactérienne non négligeable, représentant un risque potentiel pour la santé animale et humaine.

Les prélèvements effectués sur la peau des bovins ont montré les niveaux de contamination les plus faibles, ce qui pourrait refléter un contact réduit avec les sources bactériennes ou une moindre persistance des micro-organismes sur cette surface. Selon Olukitibi *et al.*, (2017), cette présence peut néanmoins résulter d'un manque de contrôle de la qualité, notamment lors des étapes de manutention et de transformation de la viande.

Il est intéressant de noter que *Campylobacter* a été retrouvé exclusivement dans les fèces, avec un taux de 24,85 %, ce qui confirme son rôle bien connu comme agent pathogène entérique.

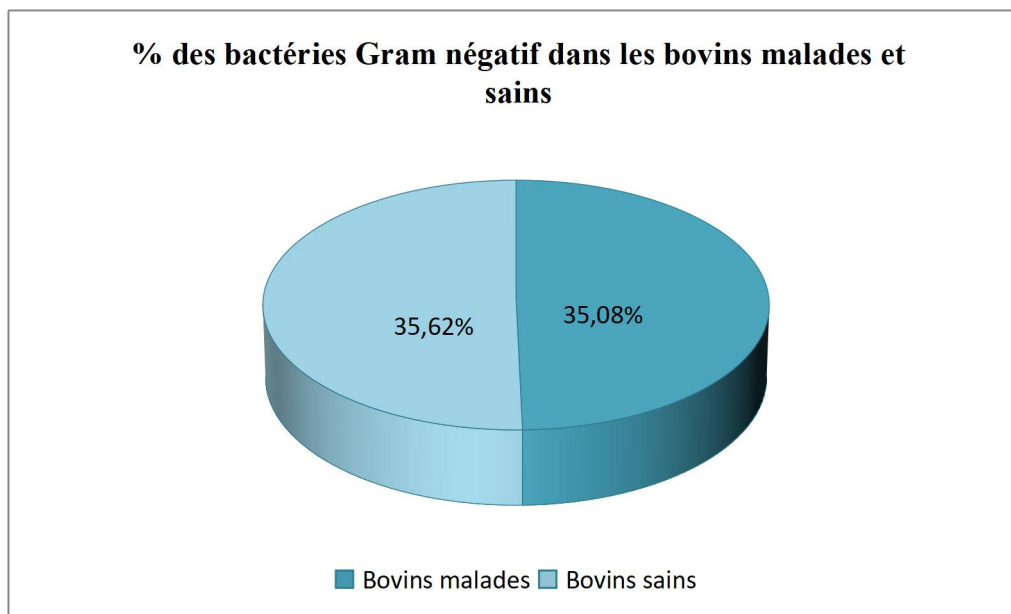
Enfin, certaines espèces telles que *Serratia*, *Truepercella*, *Edwardsiella* et *Providencia* ont été détectées à des taux très faibles.



**Figure 3.** Distribution des espèces bactérienne selon le prélèvement .

#### IV.4. La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des bovins

Les résultats présentés dans la figure 4 illustrent la répartition des bactéries Gram négatives en selon l'état clinique des bovins, et révèlent des résultats variables selon les études analysées. Chez les bovins malades, la prévalence moyenne des bactéries Gram négatives observée est de 35,08 %. Toutefois, les taux rapportés varient considérablement d'une étude à l'autre, allant de 11,9 % (Osman *et al.*, 2014) jusqu'à plus de 90 % (Ahmed et Shimamoto, 2011 ; Diwakar *et al.*, 2014 ; Wanja *et al.*, 2023). Des valeurs intermédiaires ont également été relevées, telles que 76 % (Tadesse *et al.*, 2024), 62,5 % (Salaudhin *et al.*, 2019), 45,35 % (Yadav *et al.*, 2023) et 30,55 % (Kawai *et al.*, 2023). En ce qui concerne les bovins sains, la prévalence moyenne des bactéries Gram négatives est légèrement plus élevée, atteignant 35,62 %. Dans ce groupe, les taux les plus faibles sont de 22 % (Olukitibi *et al.*, 2017) et de 29,4 % (Karama *et al.*, 2020). En revanche, certaines études rapportent des prévalences très élevées (> 90 %), notamment celles de Jesumirhewe *et al.*, (2022), Manyi-Loh *et al.*, (2018), Barour *et al.*, (2019), Arbab *et al.*, (2021) et Almashawt *et al.*, (2020).



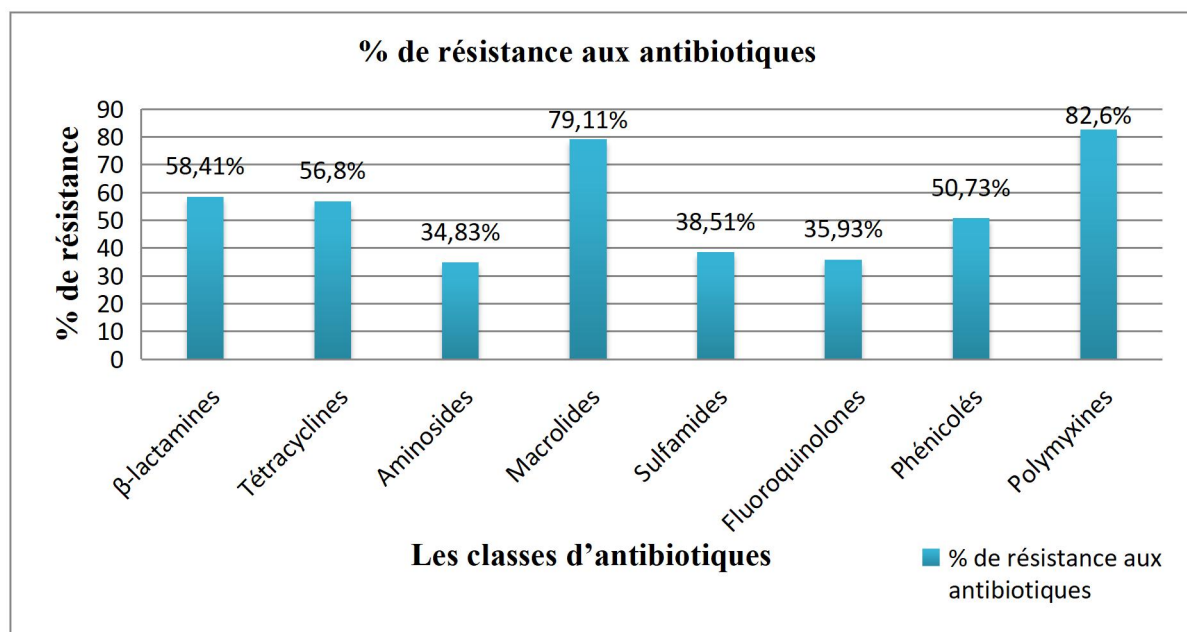
**Figure 4.** La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des bovins .

## IV.5. L'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries Gram négatives

### IV.5.1. Les entérobactéries

#### IV.5.1.1. La résistance des entérobactéries aux différentes classes d'antibiotiques

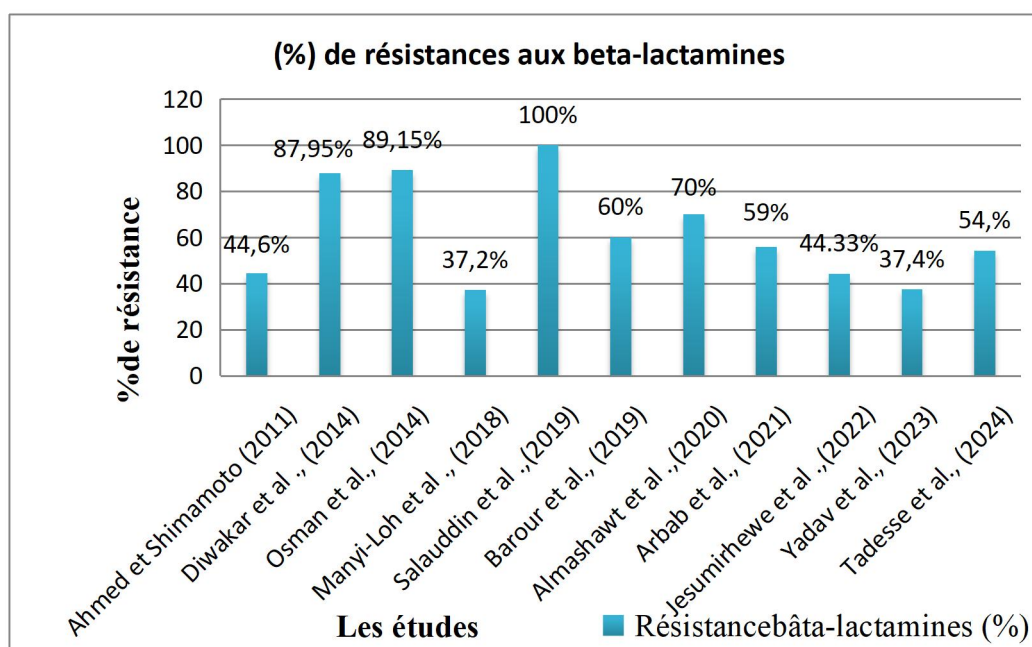
Les entérobactéries ont présenté une multirésistance remarquable (Fig.5), avec des niveaux particulièrement élevés contre certaines classes d'antibiotiques : 82,6 % pour les polymyxines et 79,11% pour les macrolides. Cette situation est en grande partie attribuée à l'utilisation prolongée des antibiotiques, favorisant l'émergence de souches résistantes, ainsi qu'aux variations entre les espèces et sérotypes (Osman *et al.*, 2014). Concernant d'autres classes, telles que les phénicolés, les tétracyclines et les bêta-lactamines, des taux de résistance significatifs, allant de 50 % à 60 %, ont été relevés. À l'inverse, la résistance aux fluoroquinolones, aux aminosides et aux sulfamides reste plus modérée, avec des pourcentages de 35,93 %, 34,83 % et 38,51 %, respectivement. Il est important de noter que l'usage massif d'antibiotiques en agriculture intensive contribue également à cette problématique, tout comme le transfert des gènes de résistance via des éléments génétiques mobiles, tels que les plasmides et les transposons (Barour *et al.*, 2019).



**Figure 5.** La résistance des entérobactéries aux antibiotiques .

### IV.5.1.2. La résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines

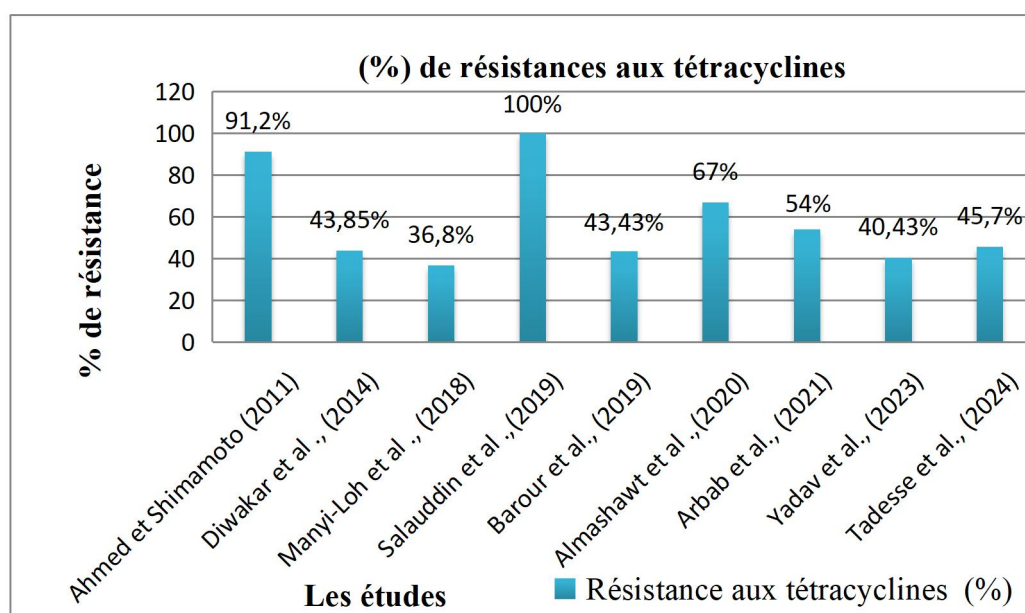
D'après les résultats illustrés à la Figure 6, on observe une résistance des entérobactéries aux antibiotiques de la classe des bêta-lactamines à la fois en Afrique et en Asie. En Afrique du Nord, des taux de résistance élevés sont mis en évidence : en Égypte, Ahmed et Shimamoto, (2011) rapportent 44,6 % et Osman *et al.*, (2014) indiquent 89,15 %. Les études menées par Almashawt *et al.*, (2020) en Libye et Barour *et al.*, (2019) en Algérie sur *E. coli* ont montré des taux de résistance de 70 % et 60 % respectivement. Ces chiffres sont comparativement plus élevés que ceux constatés dans le reste de l'Afrique, comme le soulignent les travaux de Manyi-Loh *et al.*, (2018) avec 37,2 % en Afrique du Sud, Jesumirhewe *et al.*, (2022) avec 44,33 % au Nigeria, et Tadesse *et al.*, (2024) avec 54,3 % en Éthiopie. En Asie, une résistance significative des entérobactéries aux bêta-lactamines est également observée à travers différentes études. En Inde, Diwakar *et al.*, (2014) et Yadav *et al.*, (2023) ont rapporté des taux de 87,95 % et 37,4 % respectivement, et en Chine, Arbab *et al.*, (2021) a révélé 59 %. De plus, une étude menée au Bangladesh par Salauddin *et al.*, (2019) a révélé une résistance de 100 % chez *Klebsiella spp.*



**Figure 6.** La résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines .

#### IV.5.1.3. La résistance des entérobactéries aux tétracyclines

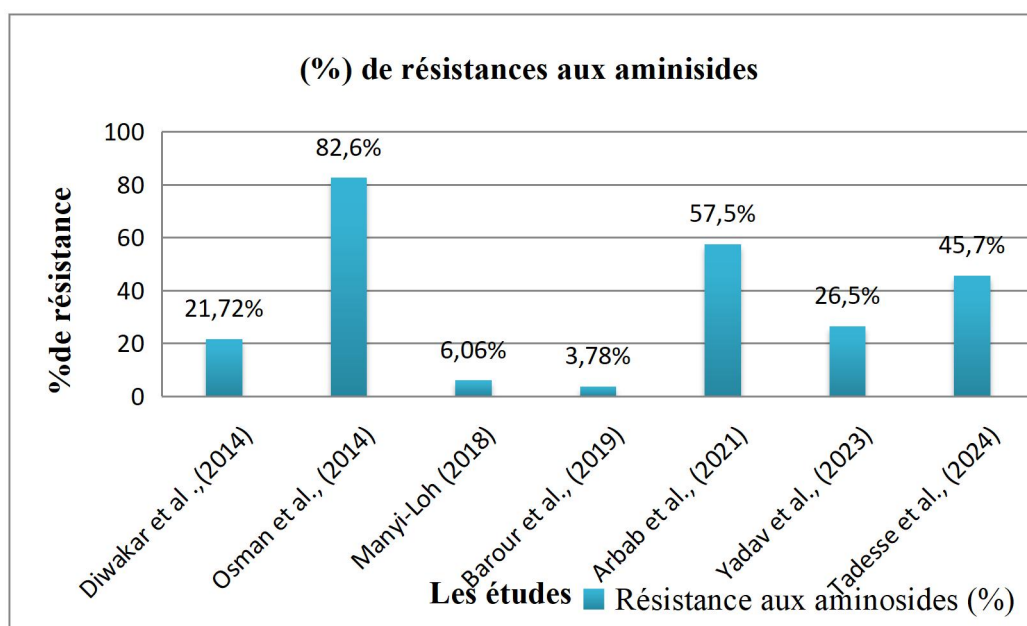
La figure 7 représente les taux de résistance des entérobactéries aux tétracyclines dans différentes régions du monde. En Algérie, les isolats d'*E. coli* étudiés par Barour *et al.*, (2019) ont montré un taux moyen de résistance de 43,43 %. En Libye, Almashawt *et al.*, (2020) ont rapporté un taux élevé de 67 %. En Égypte, Ahmed et Shimamoto ,(2011) ont mis en évidence des taux de résistance très élevés, atteignant 91,2 %, chez *E. coli*, *K. oxytoca*, *K. pneumoniae* et *E. cloacae*. De même, en Éthiopie, Tadesse *et al.*, (2024) ont observé un taux moyen de 45,7 %. Au Bangladesh, l'étude de Salauddin *et al.*, (2019) a mis en évidence une résistance complète des isolats de *Klebsiella spp*, tandis que l'efficacité des tétracyclines apparaît ainsi compromise comme en témoigne l'étude de Manyi-Loh *et al.*, (2018) en Afrique du Sud, qui a rapporté un taux de résistance de 36,8 % chez *E. coli*, *Shigella spp* et *Salmonella spp*. En Inde, les travaux de Diwakar *et al.*, (2014) et de Yadav *et al.*, (2023) ont révélé des taux modérés de 43,85 % et 40,43 %, respectivement. Enfin, en Chine, Arbab *et al.* , (2021) ont identifié un niveau moyen de résistance de 54 % parmi les isolats de *Salmonella spp*.



**Figure 7.** La résistance des entérobactéries aux tétracyclines.

#### IV.5.1.4. La résistance des entérobactéries aux aminosides

Les résultats de la figure 8 montrent une différence dans les taux de résistance des entérobactéries aux aminoglycosides à travers différents pays, où les taux de résistance étaient relativement faibles mais non négligeables en Inde selon Diwakar *et al.*, (2014) qui ont rapporté un taux de 21.72 % et Yadav *et al.*, (2023) avec 26.5% tandis qu'il était de 45.7% en Éthiopie selon Tadesse *et al.*, (2024) et 57.5% en Chine selon Arbab *et al.*, (2021) . En Algérie, l'étude de Barour *et al.*, (2019) a rapporté un taux de résistance très faible de 3.78% pour les isolats de *E. coli* grâce à la faible utilisation des aminosides par les vétérinaires algériens Barour *et al.*, (2019), tandis qu'il était de 6.06% aux Afrique du Sud avec Manyi-Loh *et al.*, (2018) . alors que des taux de résistance élevés chez *Klebsiella* ont été observés en Égypte, avec 82.6% selon Osman *et al.*, (2014) .



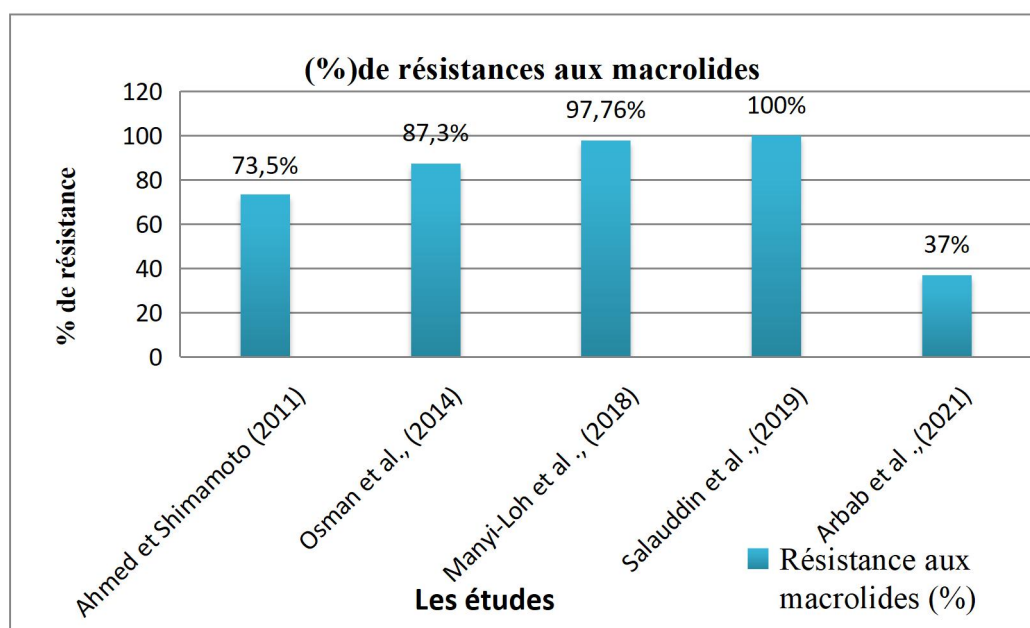
**Figure 8 .** La résistance des entérobactéries aux aminosides .

#### IV.5.1.5. La résistance des entérobactéries aux macrolides

En ce qui concerne la résistance des entérobactéries aux macrolides, des résultats variés ont été observés, comme le montre la Figure 9. En Égypte, des taux de résistance modérés ont été rapportés, notamment par Osman *et al.*, (2014), qui ont isolé *K. pneumoniae* avec un taux



de résistance de 87,3 %. De même, Ahmed et Shimamoto (2011), ayant isolé *E.coli*, *K.oxytoca*, *K.pneumoniae* et *E.cloacae*, avec un taux de résistance de 73,5 %. Au Bangladesh, l'étude de Salauddin *et al.*, (2019) a révélé une résistance totale aux macrolides chez les isolats de *Klebsiella spp*, tandis qu'en Afrique du Sud, l'étude de Manyi-Loh *et al.*, (2018) a enregistré un taux de résistance très élevé de 97,76 %. En Chine, selon Arbab *et al.*, (2021), un taux de résistance relativement faible de 37 % a été observé.

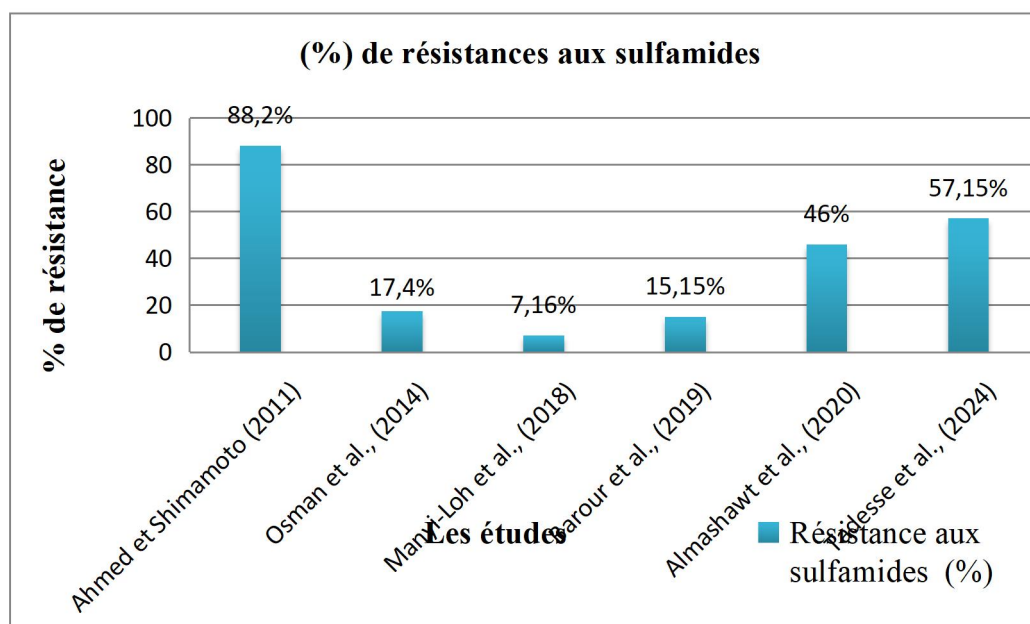


**Figure 9.** La résistance des entérobactéries aux macrolides.

#### IV.5.1.6. La résistance des entérobactéries aux sulfamides

Le graphique de figure 10 illustre les pourcentages de résistance aux sulfamides rapportés dans différentes études. Les résultats révèlent une variation marquée entre les travaux. La résistance la plus faible est observée dans l'étude de Manyi-Loh *et al.*, (2018) avec un taux de 7,16 %, tandis que la plus élevée est rapportée par Ahmed et Shimamoto (2011), atteignant 88,2 %. Les autres études présentent des niveaux intermédiaires : 17,4 % pour les isolats d'*E.coli* rapportés par Osman *et al.*, (2014) en Égypte, 15,15 % pour Barour *et al.*, (2019) en Algérie, 46 % pour Almashaw *et al.*, (2020) en Libye, et 57,15 % pour Tadesse *et al.*, (2024) en Afrique du Sud.

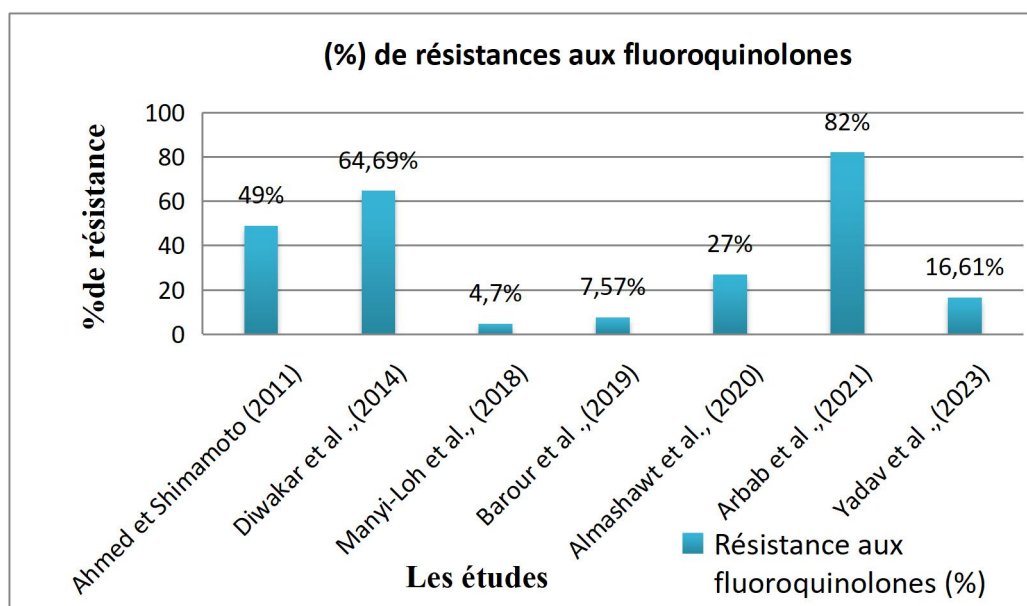




**Figure 10.** La résistance des entérobactéries aux sulfamides.

#### IV.5.1.7. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones

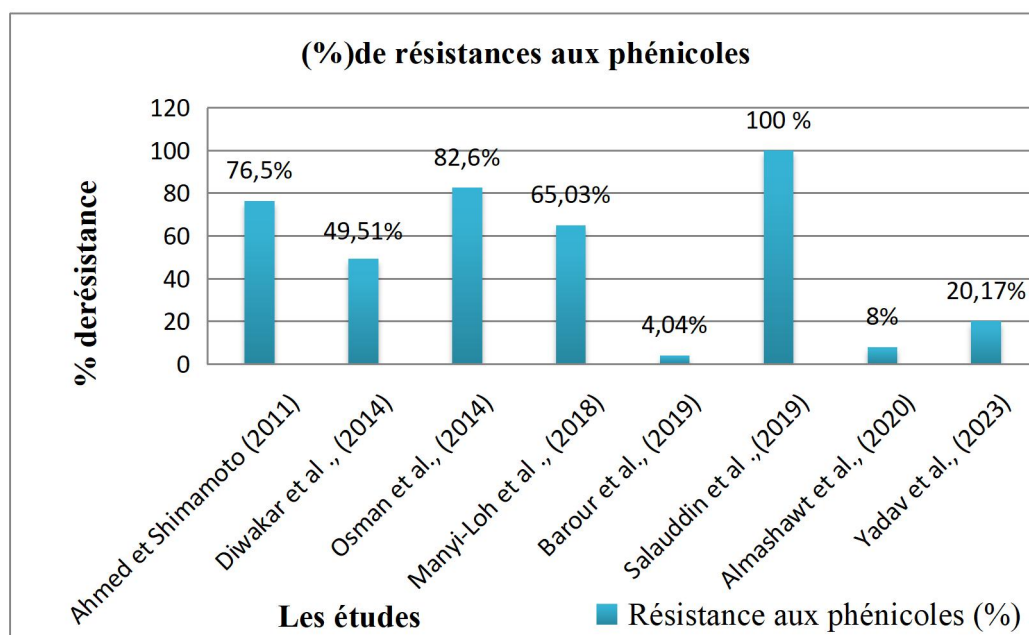
Les résultats concernant la résistance aux fluoroquinolones, illustrés dans la figure 11, montrent d'importantes variations selon les régions. En Algérie, Barour *et al.*, (2019) ont mis en évidence une très faible résistance de 7,57 % chez les souches d'*E.coli*. En Libye, Almashawt *et al.*, (2020) ont noté une résistance modérée de 27 %. En Égypte, Ahmed et Shimamoto (2011) ont observé un niveau moyen de résistance de 49 % chez des isolats tels que *E.coli*, *K.oxytoca*, *K.pneumoniae* et *E.cloacae*. Tandis que en Afrique du Sud l'étude de Manyi-Loh *et al.*, (2018) , un taux de résistance relativement bas de 4,7% a été observé . En Inde, des écarts notables ont été constatés entre les études de Diwakar *et al.*, (2014) et de Yadav *et al.*, (2023), avec des taux de résistance respectifs de 64,69 % et 16,61 %. En Chine, Arbab *et al.*, (2021) ont rapporté un niveau élevé de résistance, atteignant 82 %.



**Figure 11.** La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones .

#### IV.5.1.8. La résistance des entérobactéries aux phénicoles

Le graphique 12 révèle une variabilité significative de la résistance bactérienne aux phénicolés entre les différentes études. Alors que certains travaux, à l'instar de celui de Yadav *et al.*, (2023) qui rapporte un taux de résistance de 20.17%, suggèrent une résistance modérée, d'autres mettent en évidence des niveaux très faibles. C'est le cas des études menées sur *E. coli* par Almashawt *et al.*, (2020) en Libye (8%) et Barour *et al.*, (2019) en Algérie (4.04%). Inversement, des taux de résistance élevés chez *Klebsiella* sont observés en Égypte, avec 76.5% selon Ahmed et Shimamoto, (2011) et 82.6% d'après Osman *et al.*, (2014). Des niveaux comparables ont été enregistrés en Afrique du Sud par Manyi-Loh *et al.*, (2018), avec un taux de 65.03%. Au Bangladesh, l'étude menée par Salauddin *et al.*, (2019) a révélé une résistance totale des isolats de *Klebsiella spp.*



**Figure 12.** La résistance des entérobactéries aux phénicoles .

De plus, l'étude de Kawai et al., (2023) n'ont pas utilisé la méthode de diffusion sur disque en milieu gélosé pour évaluer la résistance bactérienne, mais ont plutôt opté pour la méthode de détermination de la concentration minimale inhibitrice (CMI) . Les valeurs des CMI de tous les antimicrobiens testés pour *E.coli* et *Klebsiella spp* ont montré des distributions bimodales ou multimodales. Les pourcentages de souches avec un CMI supérieur à la gamme de concentrations testées pour les tétracyclines, les aminosides et les bêta-lactamines étaient respectivement de 21 %, 4 % et 5 % pour *E.coli*, et de 4 %, 4 % et 26 % pour *Klebsiella spp*, suggérant l'existence de souches résistantes.

L'étude de Salaudun *et al.*, (2019) ont montré une zone d'inhibition (en mm). Les isolats de *Klebsiella spp* montrant une résistance complète aux antagonistes des classes de bêta-lactamines, glycopeptides, macrolides, nitroimidazoles, tétracyclines, et les phénicoles, tout en montrant une sensibilité marquée à certains antagonistes des classes de fluoroquinolones et de macrolides modernes tels que la ciprofloxacine, l'azithromycine, la norfloxacine et la lévofloxacine, suggérant leur utilisation potentielle comme options thérapeutiques efficaces contre *Klebsiella spp*. Causant une mastite

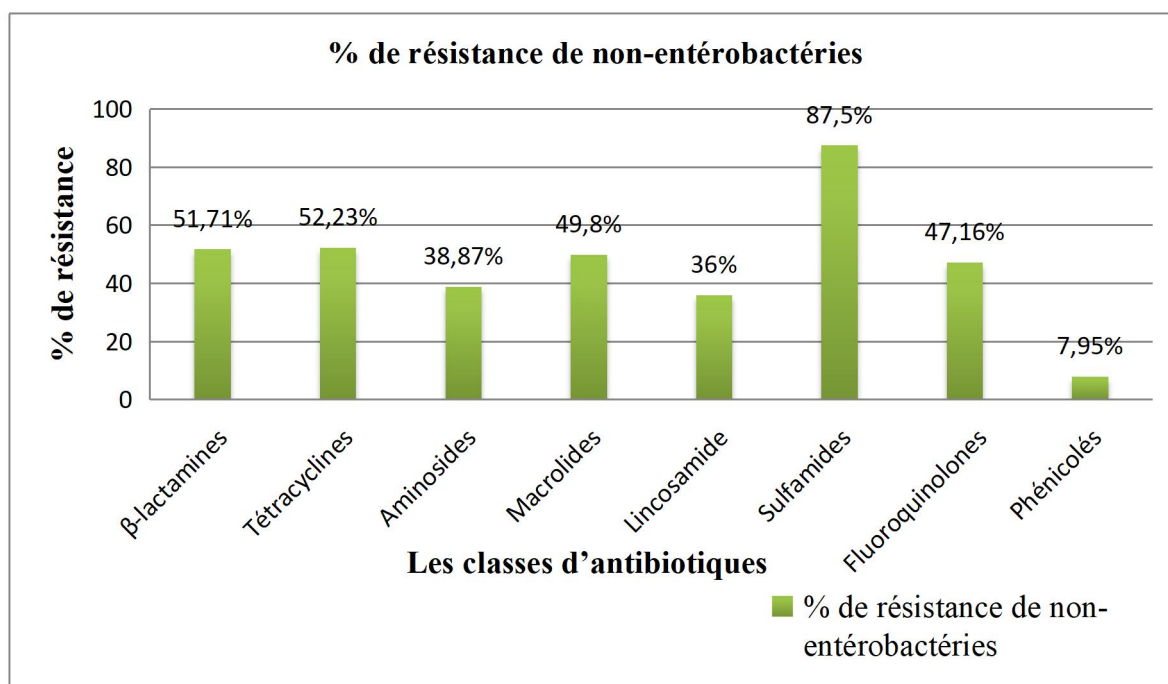
Selon Olukitibi *et al.*, (2017), les fluoroquinolones sont généralement les plus efficaces, en particulier contre *E. coli*, avec un effet modéré contre *Salmonella* et *Shigella*. En revanche, les sulfamides se caractérisent par une efficacité modérée à faible, suggérant le développement d'une certaine résistance. Les aminosides semblent largement inefficaces

contre toutes les espèces, ce qui témoigne d'une résistance généralisée. Les pénicillines sont très résistantes, toutes les espèces présentant de très petites zones d'inhibition. Les tétracyclines ont enregistré une efficacité faible à modérée, ce qui indique également une résistance croissante. Enfin, les céphalosporines ont été relativement efficaces contre *Salmonella*, mais modérées à faibles contre *E. coli* et *Shigella*. Dans l'ensemble, les fluoroquinolones semblent conserver la plus grande efficacité parmi ces familles de médicaments, tandis que les autres antagonistes sont confrontés à des défis importants en raison de l'augmentation de la résistance.

#### **IV.5.2. Les non- entérobactéries**

##### **IV.5.2.1. La résistance des non- entérobactéries aux différentes classes d'antibiotiques**

Les données de la figure 13 révèlent des variations dans les niveaux de résistance aux différentes classes d'antibiotiques chez les non-entérobactéries isolées à partir de bovins. Ces résultats soulignent une préoccupation majeure concernant la résistance à la majorité des antibiotiques, notamment les bêta-lactamines, les tétracyclines et les sulfamides, avec des taux de résistance respectifs de 51,71 %, 52,23 % et 87,5 %. Plus inquiétant encore, la résistance aux macrolides et aux fluoroquinolones atteint respectivement 49,8 % et 47,16 %, ce qui pourrait limiter les options thérapeutiques disponibles pour le traitement des infections causées par ces bactéries chez l'humain. En revanche, une résistance modérée est observée pour les aminosides (38,87 %), ce qui nécessite une surveillance continue. La faible résistance observée aux phénicolos pourrait quant à elle refléter une pression sélective moindre ou une efficacité encore conservée de ces agents antimicrobiens.



**Figure 13.** La résistance des non entérobactéries aux antibiotiques.

#### IV.5.2.2. La résistance des non- entérobactéries aux bêta-lactamines

D'après les résultats de la figure 14, le taux de résistance aux bêta-lactamines des non-entérobactéries isolées chez les bovins, notamment les isolats de *Campylobacter* provenant d'Afrique du Sud, est modéré. Les études de Manyi-Loh *et al.*, (2018) et de Karama *et al.*, (2020) rapportent des taux de résistance respectifs de 31,26 % et 18,6 %. Selon Karama *et al.*, (2020), les faibles niveaux de résistance observés peuvent être attribués au mode d'élevage : les troupeaux de bovins étaient nourris exclusivement au pâturage tout au long de l'année, sans exposition aux antimicrobiens, ce qui limite la pression sélective exercée sur les bactéries. Contrairement aux résultats précédents, une étude menée par Wanjia *et al.*, (2023) au Kenya a rapporté un taux de résistance de 100 %. Selon Arbab *et al.*, (2021), les isolats de *Pseudomonas* en Chine ont montré un taux de résistance de 57 %.

### IV.5.2.3 La résistance des non-entérobactéries aux autres classes d'antibiotiques

Des niveaux de résistance particulièrement élevés ont été observés pour la classe des tétracyclines. En effet, l'étude menée par Wanja *et al.*, (2023) au Kenya a rapporté un taux de résistance de 94,2 %, tandis que celle de Arbab *et al.*, (2021) en Chine a indiqué un taux de 50 %. Ces résultats traduisent une large propagation de la résistance à ces antibiotiques. En revanche, l'étude de Manyi-Loh *et al.*, (2018) réalisée en Afrique du Sud a montré un taux beaucoup plus faible, soit 12,5 %. Cela pourrait s'expliquer par l'utilisation intensive de la tétracycline, un antibiotique peu coûteux et largement prescrit en raison de son efficacité contre un large spectre bactérien.

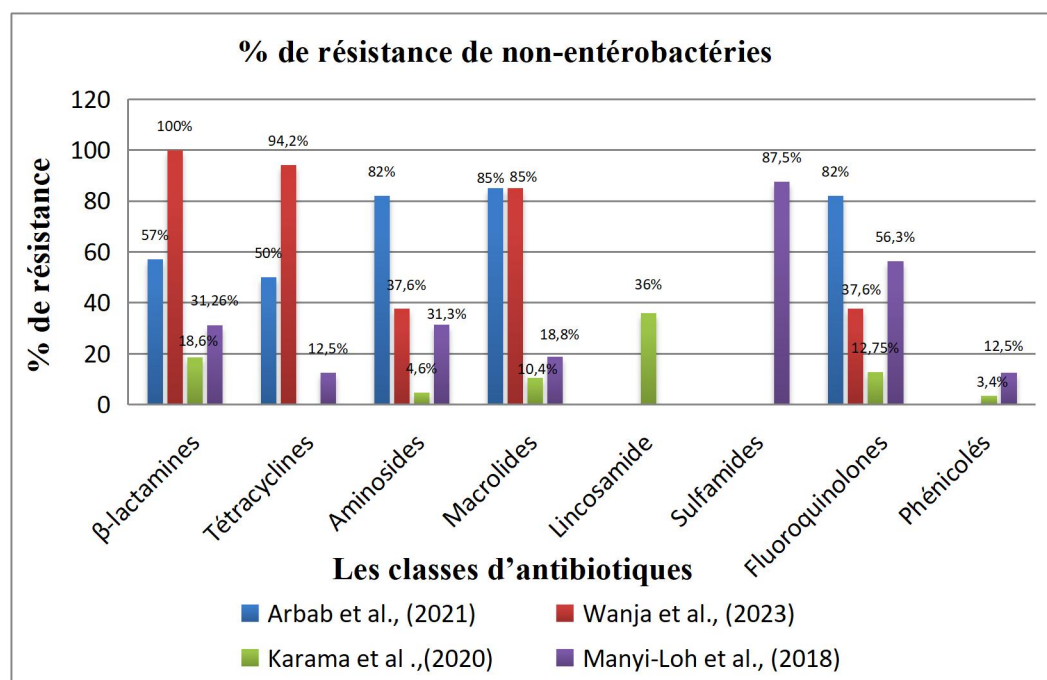
Concernant les sulfamides, l'étude sud-africaine de Manyi-Loh *et al.*, (2018) a révélé un taux de résistance particulièrement élevé, atteignant 87,5 %.

S'agissant des phénicoles, la même étude de Manyi-Loh *et al.*, (2018) a rapporté une résistance de 12,5 % chez les *Campylobacter*, alors que celle de Karama *et al.*, (2020), également réalisée en Afrique du Sud, a observé un taux encore plus bas de 3,4 %.

En ce qui concerne les aminosides, des différences notables apparaissent entre les études. Celle de Arbab *et al.*, (2021) en Chine a enregistré une résistance très élevée, à 82 %. En comparaison, les travaux de Wanja *et al.*, (2023) au Kenya et de Manyi-Loh *et al.*, (2018) en Afrique du Sud ont révélé des niveaux modérés de 37,6 % et 31,3 % respectivement. À l'opposé, Karama *et al.*, (2020) en Afrique du Sud a rapporté un taux nettement plus faible, de 4,6 %.

Pour les fluoroquinolones, les études de Manyi-Loh *et al.*, (2018) (Afrique du Sud) et de Arbab *et al.*, (2021) (Chine) ont mis en évidence des taux de résistance élevés, à 56,3 % et 82 % respectivement. En revanche, celles de Wanja *et al.*, (2023) (Kenya) et Karama *et al.*, (2020) (Afrique du Sud) ont montré des résistances plus limitées, à 37,6 % et 12,75 %.

Enfin, concernant les macrolides, des taux de résistance très élevés ont été signalés par les études de Wanja *et al.*, (2023) (Kenya) et de Arbab *et al.*, (2021) (Chine), tous deux à 85 %. À l'inverse, Manyi-Loh *et al.*, (2018) et Karama *et al.*, (2020), toutes deux menées en Afrique du Sud, ont rapporté des taux nettement plus bas, respectivement de 18,8% et 10,4 %.



**Figure 14 .** La résistance des non entérobactéries aux différents antibiotiques .

#### IV.6. Etude phénotypique des mécanismes de résistance

Les études menées par Barour *et al.*, (2019) ont toutes révélé la dissémination d'*E. coli* exprimant le phénotype BLSE.

Selon l'étude de Barour *et al.*, (2019) ,les 198 isolats d'*E.coli* étudiés présentent 44 phénotypes de résistance aux antibiotiques, reflétant une grande diversité, allant de la résistance à un seul antimicrobien à des combinaisons pouvant atteindre 10. Les phénotypes les plus courants sont AMP et AMP-TE (14,65 % chacun), suivis de AMP-SXT-TE (5,55 %) et TE (5,05 %). Les phénotypes multirésistants (MDR) sont tous résistants à l'AMP, souvent en combinaison avec une résistance plus faible à la tétracycline, ce qui suggère une capacité accrue à résister à d'autres antimicrobiens. Neuf phénotypes produisant des bêta-lactamases à spectre étendu (ESBL) ont été identifiés (4,54 %), résistants à une combinaison de cinq à dix antimicrobiens, ce qui pose des défis thérapeutiques. La propagation des souches ESBL est facilitée par des mécanismes comme la dissémination clonale, le transfert de plasmides et la mobilité des éléments génétiques comme les transposons. La coresistance, de coexpression et de coexpansion sont également impliquées, renforcées par l'utilisation inappropriée des antibiotiques, accélérant la sélection de souches MDR.

# Conclusion



### **Conclusion**

D'après les études analysées, les chercheurs ont analysé différents type d'échantillons, dont le lait, la matière fécale, les prélèvements nasaux et de la peau des bovins, où ils ont isolé et identifié plusieurs bactéries à Gram négatif, notamment, *E.coli*, *Klebsiella spp*, *K.oxytoca*, *K.pneumoniae*, *Shigella spp*, *Salmonella spp*, *C.jejuni*, *C.coli*, *C. upsaliensis*, *Campylobacter spp*, *E.cloacae*, *P.mirabilis*, *P.vulgaris*, *Proteus spp*, *Pseudomonas spp*, *P. stutzeri*, *S.marcescens*, *C.freundii*, *T.pyogenes*, *P.penneri*. *E. coli* et *Klebsiella* sont les bactéries les plus souvent retrouvées.

D'autre part, l'analyse des résultats a montré que l'état de santé des bovins n'exerce pas d'influence significative sur la répartition des bactéries à Gram négatif

En prenant en compte des résultats de chaque étude, il est évident que les bactéries isolées des bovins présentent une multirésistance élevée aux bêta-lactamines, aux tétracyclines, aux macrolides et aux sulfamides.

De ce fait, il est nécessaire de veiller à la propreté des granges et des outils et d'offrir un environnement sain qui comprend une bonne ventilation, de l'eau propre, des aliments équilibrés et réduit le stress. En outre, des programmes de vaccination préventive doivent être suivis pour la détection précoce et le traitement rapide des maladies. Quant à l'utilisation des antibiotiques, elle doit être limitée à des conditions médicales spécifiques et être prescrite par un vétérinaire à la dose et la durée strictement recommandées, en évitant leur usage systématique pour la prévention.

## Références

### A

Agga, G. E., Cook, K. L., Netthisinghe, A. M., Gilfillen, R. A., Woosley, P. B., & Sistani, K. R. (2019). Persistence of antibiotic resistance genes in beef cattle backgrounding environment over two years after cessation of operation. *PloS one*, 14(2), e0212510.

Ahmed, A. M., & Shimamoto, T. (2011). Molecular characterization of antimicrobial resistance in Gram-negative bacteria isolated from bovine mastitis in Egypt. *Microbiology and immunology*, 55(5), 318-327.

Akwuobu, C. A., Ngbede, E. O., Iortyer, P. D., Mamfe, L. M., & Ofukwu, R. A. P. (2023). Multidrug-resistant and potentially virulent Gram-negative bacilli recovered from urine of slaughtered cattle in Makurdi, Nigeria. *Veterinary Research Notes*, 3(5), 36-36.

Al-Dobaib, S. N., & Mousa, H. M. (2009). Benefits and risks of growth promoters in animal production. *J Food Agric Environ*, 7(2), 202-8.

Almshawt, N. F., Hiblu, M. A., Abid, A. S., Abbassi, M. S., Elkady, A. A., Abouzeed, Y. M., & Ahmed, M. O. (2020). Antimicrobial resistance among commensal enteric bacteria isolated from healthy cattle in Libya. *PAMJ-One Health*, 1(3).

Arbab, S., Ullah, H., Wei, X., Wang, W., Ahmad, S. U., & Zhang, J. (2021). Drug resistance and susceptibility testing of Gram negative bacterial isolates from healthy cattle with different  $\beta$ -Lactam resistance Phenotypes from Shandong province China. *Brazilian Journal of Biology*, 83, e247061.

### B

Barour, D., Berghiche, A., & Boulebda, N. (2019). Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolates from cattle in Eastern Algeria. *Veterinary World*, 12(8), 1195.

Borsanelli, A. C., Lappin, D. F., Viora, L., Bennett, D., Dutra, I. S., Brandt, B. W., & Riggio, M. P. (2018). Microbiomes associated with bovine periodontitis and oral health. *Veterinary Microbiology*, 218, 1–6.

Battraud, P. (2017). La résistance aux antibiotiques, un mythe ou une réalité ? [Thèse de doctorat, Université de Lille 2, Faculté des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques].

Bianchini, V., Luini, M., Borella, L., Parisi, A., Jonas, R., Kittl, S., & Kuhnert, P. (2014). Genotypes and antibiotic resistances of *Campylobacter jejuni* isolates from cattle and pigeons in dairy farms. *International journal of environmental research and public health*, 11(7), 7154-7162.

## C

Calenge, F., Martin, C., Le Floch, N., Phocas, F., Morgavi, D., Rogel-Gaillard, C., & Quéré, P. (2014). Intégrer la caractérisation du microbiote digestif dans le phénotypage de l'animal de rente : vers un nouvel outil de maîtrise de la santé en élevage ? *INRA Productions Animales*, 27(3), 209-222.

## D

Diwakar, R. P., Joshi, N., Joshi, R. K., & Yadav, V. (2014). Isolation and antibiogram of enterobacteria associated with bovine calf diarrhea. *Proteus*, 100(04), 100-00.

Dognon, S. R. (2018). Evaluation de l'impact des antibiotiques et des pesticides utilisés en élevage et en agriculture sur la qualité sanitaire de la viande bovine consommée au Nord-Est du Bénin (Doctoral dissertation, Université de Liège (Belgium))

Drucea, R. I., Siteavu, M. I., Pitoiu, E., Delcaru, C., Sârbu, E. M., Postolache, C., & Băraîtăreanu, S. (2025). Prevalence and Antibiotic Resistance of *Escherichia coli* Isolated from Raw Cow's Milk. *Microorganisms*, 13(1), 209

## G

Gelalcha, B. D., Gelgie, A. E., & Kerro Dego, O. (2024). Antimicrobial resistance and prevalence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Klebsiella* species in East Tennessee dairy farms. *Microbiology Spectrum*, 12(10), e03537-23.

Gomaa, N. A. (2021). Prevalence, antimicrobial resistance, and biofilm formation of *Klebsiella pneumoniae* isolated from human and cows. *Zagazig Veterinary Journal*, 49(1), 27-41.

Gutema, F. D., Agga, G. E., Abdi, R. D., De Zutter, L., Duchateau, L., & Gabriël, S. (2019). Prevalence and serotype diversity of *Salmonella* in apparently healthy cattle: Systematic review and meta-analysis of published studies, 2000–2017. *Frontiers in veterinary science*, 6, 102.

Gutema, F. D., Abdi, R. D., Agga, G. E., Firew, S., Rasschaert, G., Mattheus, W., ... & De Zutter, L. (2021). Assessment of beef carcass contamination with *Salmonella* and *E. coli* O 157 in slaughterhouses in Bishoftu, Ethiopia. *International Journal of Food Contamination*, 8, 1-9.

Gutema, F. D., De Zutter, L., Piérard, D., Hinckel, B., Imamura, H., Rasschaert, G., ... & Crombé, F. (2023). Core Genome Sequencing Analysis of *E. coli* O157: H7 Unravelling Genetic Relatedness among Strains from Cattle, Beef, and Humans in Bishoftu, Ethiopia. *Microbiology Research*, 14(1), 148-160.

#

Herago, T., & Agonafir, A. (2017). Growth promoters in cattle. *Advances in Biological Research*, 11(1), 24-34.

Holman, D. B., & Gzyl, K. E. (2019). A meta-analysis of the bovine gastrointestinal tract microbiota. *FEMS Microbiology Ecology*, 95, fiz072.

I

Islam, M. A., Bose, P., Rahman, M. Z., Muktaruzzaman, M., Sultana, P., Ahamed, T., & Khatun, M. M. (2024). A review of antimicrobial usage practice in livestock and poultry production and its consequences on human and animal health. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, 11(3), 675

Iraguha, B., Mpatswenumugabo, J. P. M., Gasana, M. N., & Åsbjer, E. (2024). Mitigating antibiotic misuse in dairy farming systems and milk value chain market: Insights into practices, factors, and farmers education in Nyabihu district, Rwanda. *One Health*, 19, 100843.

## J

Jesumirhewe, C., Springer, B., Allerberger, F., & Ruppitsch, W. (2022). Genetic characterization of antibiotic resistant Enterobacteriaceae isolates from bovine animals and the environment in Nigeria. *Frontiers in Microbiology*, 13, 793541.

Jonas, R., Kittl, S., Overesch, G., & Kuhnert, P. (2015). Genotypes and antibiotic resistance of bovine *Campylobacter* and their contribution to human campylobacteriosis. *Epidemiology & Infection*, 143(11), 2373-2380.

## K

Karama, M., Kambuyi, K., Cenci-Goga, B. T., Malahlela, M., Jonker, A., He, C., ... & Kalake, A. (2020). Occurrence and antimicrobial resistance profiles of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, and *Campylobacter upsaliensis* in beef cattle on cow–calf operations in South Africa. *Foodborne pathogens and disease*, 17(7), 440-446.

## M

Manyi-Loh, C., Mamphweli, S., Meyer, E., & Okoh, A. (2018). Characterisation and antibiotic resistance of selected bacterial pathogens recovered from dairy cattle manure during anaerobic mono-digestion in a balloon-type digester. *Applied Sciences*, 8(11), 2088.

Marino, L., & Allen, K. (2017). The psychology of cows. *Animal Behavior and Cognition*, 4(4), 474-498.

Milanov, D., Ljubojević, D., Čabarkapa, I., & Aleksić, N. (2016). Impact of antibiotics used as growth promoters on bacterial resistance. *Food and Feed research*, 43(2), 83-92.

Munck C. 2014. Antibiotic Resistance: Adaptive Evolution & Dissemination of Resistance Genes. Thèse de doctorat d'état, université technique du Danemark, Danemark, 130p.

Meziani M. (2012). Contribution du diagnostic biochimique bactérien dans l'établissement des parentés phylogénétiques : Cas des Entérobactéries et *Pseudomonas*. Mémoire de Magister .Université Mentori.Constantine P : 30 ,32 *Microbial. Infect.* 10:12-13.

Madec, J.-Y., & Gay, E. (2012). Antibiorésistance : le passage animal - Homme, mythe ou réalité ? *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation*, 53, 50–52.

## N

Nery Garcia, B. L., Dantas, S. T. A., da Silva Barbosa, K., Mendes Mitsunaga, T., Butters, A., Camargo, C. H., & Nobrega, D. B. (2024). Extended-Spectrum Beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* and Other Antimicrobial-Resistant Gram-Negative Pathogens Isolated from Bovine Mastitis: A One Health Perspective. *Antibiotics*, 13(5), 391.

## O

Olukitibi, T. A., Adetuyi, F. C., Adeleke, B. S., & Abe, S. C. (2017). Isolation and antibiogram of bacteria isolated from processed and unprocessed cow-skin (Ponmo) in Ogbese Market. *Journal of Advances in Microbiology*, 2(4), 1-8.

Osman, K. M., Hassan, H. M., Orabi, A., & Abdelhafez, A. S. (2014). Phenotypic, antimicrobial susceptibility profile and virulence factors of *Klebsiella pneumoniae* isolated from buffalo and cow mastitic milk. *Pathogens and global health*, 108(4), 191-199.

## P

Paswan, V. K., Kumar, K., & Shehata, A. M. (2022). Rumen microbiology and microbial degradation of feedstuffs. In *Animal Manure: Agricultural and Biotechnological Applications* (pp. 45-60). Cham: Springer International Publishing.

Poli, J.-P. (2018). Recherche des mécanismes d'action des molécules à activité biologique issues des produits naturels (Thèse de doctorat, Université de Corse-Pascal Paoli).

## S

Salaudinn, M., Akter, M. R., Hossain, M. K., & Rahman, M. M. (2019). Isolation of multi-drug resistant *Klebsiella* sp. from bovine mastitis samples in Rangpur, Bangladesh. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, 6(3), 362.

Sachi, S., Ferdous, J., Sikder, M. H., & Hussani, S. A. K. (2019). Antibiotic residues in milk: Past, present, and future. *Journal of advanced veterinary and animal research*, 6(3), 315.

Soma, D., Bonkougou, I. J. O., Garba, Z., Diarra, F. B. J., Somda, N. S., Nikiema, M. E. M., ... & Haukka, K. (2024). Extended-Spectrum Beta-Lactamase-Producing and Multidrug-Resistant *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. from the Human–Animal–Environment Interface on Cattle Farms in Burkina Faso. *Microbiology Research*, 15(4), 2286-2297

Sadikalay S. 2018. Influence des rejets humains et animaux sur la diffusion de l'antibiorésistance à l'homme, aux animaux et à l'environnement en Guadeloupe. Thèse de doctorat d'état, université des Antilles, Guadeloupe, 202p.

Souvignet M. 2022. L'antibiorésistance à l'interface homme-animal-environnement. Thèse de doctorat d'état, l'université Claude Bernard Lyon 1, France, 145p.

## T

Tadesse, T., Alemayehu, H., Medhin, G., Akalu, A., & Eguale, T. (2024). Antibigram of *Escherichia Coli* Isolated from Dairy Cattle and in-Contact Humans in Selected Areas of Central Ethiopia. *Veterinary Medicine: Research and Reports*, 117-127.

Tacconelli, E., Carrara, E., Savoldi, A., Harbarth, S., Mendelson, M., Monnet, D. L., ... Magrini, N. (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.

## V

Versluys, S. B. B. (2019). *L'antibiorésistance dans les principales filières de production : Enjeux, impacts et pertinence des mesures de lutte* (Thèse de doctorat, École nationale vétérinaire d'Alfort). Faculté de médecine de Créteil.

Velasquez-Munoz, A., Castro-Vargas, R., Cullens-Nobis, F. M., Mani, R., & Abuelo, A. (2024). Salmonella Dublin in dairy cattle. *Frontiers in Veterinary Science*, 10, 1331767.

Velasquez-Munoz, A., Castro-Vargas, R., Cullens-Nobis, F. M., Mani, R., & Abuelo, A. (2024). Salmonella Dublin in dairy cattle. *Frontiers in Veterinary Science*, 10, 1331767.

Vijay, D., Dhaka, P., & Bedi, J. S. (2023). Addressing Antimicrobial Resistance (AMR) on Dairy Farms: A One Health Case Study from Punjab, India. *One Health Cases*, (2023), ohcs20230029.

## W

Wanja, D. W., Mbuthia, P. G., Bebora, L. C., Aboge, G. O., & Ogoti, B. (2023). Antimicrobial Usage, Susceptibility Profiles, and Resistance Genes in *Campylobacter* Isolated from Cattle, Chicken, and Water Samples in Kajiado County, Kenya. *International Journal of Microbiology*, 2023(1), 8394605.

Wilson, M., Wilson, P. J., Wilson, M., & Wilson, P. J. (2021). Gastroenteritis due to Salmonella. *Close Encounters of the Microbial Kind: Everything You Need to Know About Common Infections*, 451-461.

## Y



Yadav, R. A. H. U. L., Kumar, P. A. N. K. A. J., Prakash, A. N. A. N. D., Bhanot, V. A. N. D. N. A., Cheema, P. S., & Jindal, N. A. R. E. S. H. (2023). Antibigram of bacterial pathogens causing mastitis among cattle. *The Indian Journal of Animal Sciences*, 93(9), 858-864.

Yang, X., Wai-Chi Chan, E., Zhang, R., & Chen, S. (2019). A conjugative plasmid that augments virulence in *Klebsiella pneumoniae*. *Nature microbiology*, 4(12), 2039-2043.

## Z

Zened, A., Forano, E., Delbes, C., Verdier-Metz, I., Morgavi, D., Popova, M., ... & MARIE-ETANCELIN, C. (2020). Les microbiotes des ruminants: état des lieux de la recherche et impacts des microbiotes sur les performances et la santé des animaux:(Full text available in English). *INRAE Productions Animales*, 33(4), 249-260.

Ziech, R. E., Machado, G., Kirinus, J. K., Libardoni, F., Kessler, J. D., Pötter, L., & Vargas, A. C. D. (2014). *Campylobacter fetus* em bovinos no estado do Rio Grande do Sul. *Ciência Rural*, 44, 141-146.

## الملخص

تتفاعل الأبقار باستمرار مع الإنسان وبيئته، مما يجعلها مصدرًا مهمًا لنقل البكتيريا الممرضة المقاومة للمضادات الحيوية. تركز هذه الدراسة على البكتيريا سالبة الجرام ذات الطبيعة الحيوانية المنشأ، المسؤولة عن الإصابات السريرية البشرية التي تنتقل عبر الأبقار على المستوى العالمي، وعلى مقاومتها لمختلف فئات المضادات الحيوية المستخدمة بشكل شائع. أشارت النتائج إلى وجود مقاومة متعددة، خاصةً ضد البيتا-لاكتامات، والتتراسيكلينات، مما يزيد من المخاطر (BLSE) والماكروليدات، والسلفاميدات. بالإضافة إلى ذلك، تم تأكيد وجود بكتيريا منتجة لإنزيمات البيتا-لاكتاماز واسعة الطيف الصحية. تُعزى هذه الظاهرة بشكل كبير إلى الاستخدام غير المنظم للمضادات الحيوية، مما يستدعي فرض رقابة صارمة على الوصفات البيطرية والالتزام عند التعامل مع الأبقار، للحد من هذا الخطر ومنع ظهور سلالات جديدة مقاومة. الصارم بقواعد النظافة

الكلمات المفتاحية: أبقار، بكتيريا سالبة الجرام، إصابات حيوانية المنشأ، مضادات حيوية، مقاومة.

## Résumé

Les bovins, en interaction constante avec l'homme et leur environnement, peuvent être une source importante de transmission de bactéries pathogènes résistantes aux antibiotiques. Cette étude se concentre sur les principales bactéries Gram-négatives zoonotiques responsables d'infections cliniques humaines, transmises par les bovins à l'échelle mondiale, et sur leur résistance à diverses classes d'antibiotiques couramment utilisées. Les résultats indiquent une multirésistance, notamment aux bêta-lactamines, tétracyclines, macrolides et sulfamides. De plus, la présence de bactéries productrices de bêta-lactamases à spectre étendu (BLSE) a été confirmée, accentuant les risques sanitaires. Cette situation est largement attribuée à l'utilisation non contrôlée des antibiotiques, soulignant la nécessité d'un encadrement strict des prescriptions vétérinaires et du respect des mesures d'hygiène pour limiter ce risque et prévenir l'apparition de nouvelles résistances.

**Mots-clés :** Bovins, bactéries Gram-négatives, infections zoonotiques, antibiotiques, résistance.

## Summary

Cattle are in constant interaction with humans and their environment, making them a significant source of antibiotic-resistant pathogenic bacteria. This study focuses on Gram-negative zoonotic bacteria responsible for human clinical infections transmitted by cattle worldwide, as well as their resistance to various commonly used classes of therapeutic antibiotics. The results indicate the presence of multidrug resistance, particularly against beta-lactams, tetracyclines, macrolides, and sulfonamides. Additionally, the presence of extended-spectrum beta-lactamase (BLSE) producing bacteria was confirmed, further increasing health risks. This situation is largely attributed to the uncontrolled use of antibiotics, highlighting the need for strict regulation of veterinary prescriptions and adherence to hygiene protocols when handling cattle to mitigate this risk and prevent the emergence of new resistant strains.

**Keywords:** Cattle, Gram-negative bacteria, zoonotic infections, antibiotics, resistance.



## Déclaration de correction de mémoire de master 2025

Référence du mémoire N°: ..... / 2025	PV de soutenance N°: ..... / 2025	
Nom et prénom(en majuscule) de l'étudiant (e) : BAHRI KHEDIDJA	Lقب و اسم الطالب(ة) : باهرية خيديجا	
La mention التقدير	Note(./20) العلامة	L'intitulé de mémoire المذكرة
Synthèse d'articles : l'étude de la résistance aux Antibiotiques des Bactéries Gram négative isolée des bovins		

### تصريح وقرار الأستاذ المشرف : Déclaration et décision de l'enseignant promoteur :

<p><b>Déclaration :</b></p> <p>Je soussigné (e), <u>BAOUENOUN</u> (grade) <u>M.C.A.</u> à l'université de <u>Biskra</u>, avoir examiné intégralement ce mémoire après les modifications apportées par l'étudiant.</p> <p><b>J'atteste que :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>* le document a été corrigé et il est conforme au model de la forme du département SNV</li> <li>* toutes les corrections ont été faites strictement aux recommandations du jury.</li> <li>* d'autres anomalies ont été corrigées</li> </ul>	<p><b>تصريح :</b></p> <p>أنا الممضي(ة) أسفله <u>BAOUENOUN</u> (الرتبة) <u>M.C.A.</u> بجامعة <u>Biskra</u>، أصرح بأنني راجعت محتوى هذه المذكرة كليا مراجعة دقيقة وهذا بعد التصحيحات التي أجراها الطالب بعد المناقشة، وعليه أشهد بأن :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>* المذكرة تتوافق بشكلها الحالي مع النموذج المعتمد لقسم علوم الطبيعة والحياة.</li> <li>* المذكرة صححت وفقا لكل توصيات لجنة المناقشة</li> <li>* تم تدارك الكثير من الإختلالات المكتشفة بعد المناقشة</li> </ul>
--	--

<p><b>Décision :</b></p> <p>Sur la base du contenu scientifique, de degré de conformité et de pourcentage des fautes linguistiques, <b>Je décide</b> que ce mémoire doit être classé sous la catégorie</p>	<p><b>قرار :</b></p> <p>اعتمادا على درجة مطابقتها للنموذج ، على نسبة الأخطاء اللغوية وعلى المحتوى العلمي أقرر أن تصنف هذه المذكرة في الدرجة :</p>												
<table border="1"> <tr> <td>acceptable مقبول</td> <td>ordinaire عادي</td> <td>bien حسن</td> <td>très bien جيد جدا</td> <td>excellent ممتاز</td> <td>exceptionnel متميز</td> </tr> <tr> <td>E</td> <td>D</td> <td>C</td> <td>B</td> <td>A</td> <td>A+</td> </tr> </table>	acceptable مقبول	ordinaire عادي	bien حسن	très bien جيد جدا	excellent ممتاز	exceptionnel متميز	E	D	C	B	A	A+	
acceptable مقبول	ordinaire عادي	bien حسن	très bien جيد جدا	excellent ممتاز	exceptionnel متميز								
E	D	C	B	A	A+								



جامعة محمد خيضر بسكرة  
كلية علوم الطبيعة والحياة وعلوم الأرض والكون  
رقم التصنيف : MB/2310



الأستاذ المشرف

*(Signature)*

التاريخ  
2025 / 06 / 11

NB : Cette fiche doit être collée d'une façon permanente derrière la page de garde sur les copies de mémoire déposées au niveau de la bibliothèque universitaire





## Déclaration de correction de mémoire de master 2025

Référence du mémoire N°: ..... / 2025	PV de soutenance N°: ..... / 2025
Nom et prénom (en majuscule) de l'étudiant (e) : ..... <b>BEGGAR SANSABIL</b> .....	Lقب و اسم الطالب (ة) : ..... <b>بجسر سانسابل</b> .....
La mention le... <b>Très Bien</b> .....	Note (./20) العلامة ..... .....
L'intitulé de mémoire de l'étudiant : ..... <b>Synthese d'antisepsie : l'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries à Gram négatives isolées des bovins</b> .....	

### Déclaration et décision de l'enseignant promoteur : ,

<p><b>Déclaration :</b></p> <p>Je soussigné (e), <b>BELGUEM NAOUAL</b> ..... (grade) <b>MCA</b> ..... à l'université de <b>Biskra</b> ..... avoir examiné intégralement ce memoire après les modifications apportées par l'étudiant.</p> <p><b>J'atteste que :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>* le document a été corrigé et il est conforme au model de la forme du département SNV</li> <li>* toutes les corrections ont été faites strictement aux recommandations du jury.</li> <li>* d'autres anomalies ont été corrigées</li> </ul>	<p><b>تصريح :</b></p> <p>أنا الممضي (ة) أسفله ..... (الرتبة) ..... بجامعة ..... أصرح بأنني راجعت محتوى هذه المذكرة كليا مراجعة دقيقة وهذا بعد التصحيحات التي أجراها الطالب بعد المناقشة، وعليه أشهد بأن : * المذكرة تتوافق بشكلها الحالي مع النموذج المعتمد لقسم علوم الطبيعة والحياة. * المذكرة صححت وفقا لكل توصيات لجنة المناقشة * تم تدارك الكثير من الإختلالات المكتشفة بعد المناقشة</p>
---	---

<p><b>Décision :</b></p> <p>Sur la base du contenu scientifique, de degré de conformité et de pourcentage des fautes linguistiques, <b>Je décide</b> que ce mémoire doit être classé sous la catégorie</p>	<p><b>قرار :</b></p> <p>اعتمادا على درجة مطابقتها للنموذج ، على نسبة الأخطاء اللغوية وعلى المحتوى العلمي أقرر أن تصنف هذه المذكرة في الدرجة :</p>												
<table border="1"> <tr> <td>acceptable مقبول</td> <td>ordinaire عادي</td> <td>bien حسن</td> <td>très bien جيد جدا</td> <td>excellent ممتاز</td> <td>exceptionnel متميز</td> </tr> <tr> <td><b>E</b></td> <td><b>D</b></td> <td><b>C</b></td> <td><b>B</b></td> <td><b>A</b></td> <td><b>A+</b></td> </tr> </table>	acceptable مقبول	ordinaire عادي	bien حسن	très bien جيد جدا	excellent ممتاز	exceptionnel متميز	<b>E</b>	<b>D</b>	<b>C</b>	<b>B</b>	<b>A</b>	<b>A+</b>	
acceptable مقبول	ordinaire عادي	bien حسن	très bien جيد جدا	excellent ممتاز	exceptionnel متميز								
<b>E</b>	<b>D</b>	<b>C</b>	<b>B</b>	<b>A</b>	<b>A+</b>								



مسؤول المكتبة  
جامعة محمد خيضر بسكرة  
كلية علوم الطبيعة والحياة وعلوم الأرض والكون



الأستاذ المشرف  
التاريخ  
2025 / 06 / 14

رقم التصنيف : **MsB/2310**  
NB : Cette fiche doit être collée d'une façon permanente derrière la page de garde sur les copies de mémoire déposées au  
niveau de la bibliothèque universitaire