**Résumé du PFE :** Salmonella dans les carcasses de poulets et de dindes de chair exploration des facteurs de risque potentiels de contamination et caractérisation des souches isolées dans les établissements d’abattage de la wilaya d’Alger

**Auteur : Mezali, Lynda**

**Résumé**

**Salmonella est l’un des principaux agents pathogènes responsables des maladies d’origine alimentaire. Le présent travail de thèse a été initié dans le but (i) d’estimer la prévalence avec exploration des facteurs de risque associés à la contamination salmonellique des carcasses de volaille, prélevées dans 16 établissements d’abattage de la wilaya d’Alger, (ii) de caractériser les isolats phénotypiquement puis génotypiquement, et (iii) d’examiner le lien de clonalité phénotypique et phylogénétique.**

**Un total de 1130 échantillons de peaux de cou prélevés de 160 lots de poulets de chair et de 66 lots de dindes de chair, a été examiné. L’isolement et le sérotypage ont été réalisés selon les modalités définies par la norme internationale ISO 6579 (2002), et la recherche des facteurs de risque de contamination par construction d’un modèle de régression logistique pour chaque espèce animale. La sensibilité aux antibiotiques a été étudiée en déterminant la concentration minimale inhibitrice (CMI) par microdilution, avec le système SensititreTM. La caractérisation génotypique a fait appel à la méthode de typage par PFGE avec digestion du génome à l’endonucléase XbaI, suivant la procédure standardisée par le CDC (2015).**

**La prévalence de la contamination salmonellique des échantillons était de 39% chez le poulet et de 17,3% chez la dinde ; le risque de contamination augmenterait lorsque moins de 6 poulets sont échaudés en même temps (OR = 0,31 ; IC 95% : [0,15 - 0,63]) et les carcasses de dindes présenteraient une plus forte probabilité de contamination (OR = 4,44 ; IC 95% : [1,29 - 15,29]) lorsqu’elles sont produites dans les établissements d’abattage de dindes uniquement. Prédominés par Kentucky, Enteritidis et Typhimurium, 11 sérotypes ont été identifiés avec une diversité moyenne. Les taux de résistance et de multirésistance étaient de 98,3% et de 80%, respectivement, avec identification de 33 antibiotypes dont 30 phénotypes de résistance d’alerte. Les souches analysées ont été caractérisées en 47 pulsotypes et 9 pulsogroupes. Globalement, les souches testées étaient fortement liées phénotypiquement alors que leur origine phylogénétique était multiclonale.**

**Les résultats obtenus montrent que tous les établissements enquêtés n’ont pas maîtrisé l’hygiène du procédé d’abattage en livrant un produit fini contaminé par Salmonella. Ils suggèrent la circulation de sérotypes moyennement homogènes mais des antibiotypes et des pulsotypes hétérogènes, ainsi que la commercialisation de certains lots de carcasses non conformes et d’autres à risque élevé de transmission de l’antibiorésistance à l’homme.**

**Mots clés : Salmonella, volaille, facteurs de risque, caractérisation, diversité, risque sanitaire.**

**Abstract**

**Salmonella is one of the major pathogens causing foodborne diseases. The current thesis aims (i) to estimate the prevalence in poultry carcasses sampled in 16 Algiers’ slaughterhouses and explore the potential risk factors related to Salmonella contamination at the batch level, (ii) to characterize the isolates phenotypically and genotypically, and (iii) to analyze the phenotypic and phylogenetic clonal relatedness between these isolates.**

**A total of 1130 neck skin samples taken from 160 broiler batches and 66 turkey batches were examined. The isolation and serotyping were carried out according to the ISO 6579 (2002) international standard, while the risk factors of contamination were explored by building one logistic regression model for each poultry species. Antimicrobial sensitivity was tested by the microdilution method to determine the minimum inhibitory concentration (MIC), using the SensititreTM system. Salmonella isolates were genotyped by PFGE after digestion with XbaI endonuclease following the CDC (2015) procedure.**

**The prevalence of Salmonella contamination in poultry samples was 39% for chickens and 17.3% for turkeys. The probability of contamination would increase when less than 6 chickens are scalded at the same time (OR = 0.31; 95% CI: [0.15 - 0.63]); this probability would be higher (OR = 4.44; 95% CI: [1.29 - 15.29]) when the turkey carcasses are produced in only turkey slaughterhouses. Eleven serotypes were identified with moderate diversity. Kentucky, Enteritidis and Typhimurium were the most prevalent. Resistance and multidrug resistance rates were 98.3% and 80%, respectively ; 33 antibiotypes were identified including 30 worrying antimicrobial profiles. The PFGE typing showed that Salmonella strains belonged to 47 different pulsotypes and 9 different pulsogroups. Overall, the tested strains were strongly phenotypically related whereas their phylogenetic origin was multiclonal.**

**The obtained results show that all slaughterhouses haven’t mastered the hygiene of the slaughter process by producing and marketing a Salmonella-contaminated final product. These findings suggest a spread of moderately homogeneous serotypes but heterogeneous antibiotypes and pulsotypes, as well as the commercialization of some non-compliant carcass batches and other batches representing a high risk human health.**

**Keywords: Salmonella, poultry, risk factors, characterization, diversity, health risk.**

**ملخص**

 **تعتبر السالمونيلا إحدى المسببات الرئيسية للأمراض المتنقلة عبر الأغذية. تهدف هذه المذكرة إلى (1)تقدير مدى انتشارها عند ذبائح الدواجن التي تم أخذ عينات منها في 16 مذبحا في ولاية الجزائر العاصمة مع استكشاف عوامل الخطر المحتمل ارتباطها بعدوى داء السالمونيلا، (2) تمييز العزلات البكتيرية من حيث النمط الظاهري ثم النمط الجيني و (3) دراسة الرابط النسيلي الظاهري و الجيني بين هاته العزلات.**

 **تم فحص 1130 عينة من جلد العنق لإجمالي 160مجموعة من دجاج التسمين و 66 مجموعة ديك رومي التسمين. أجريت عمليتا العزل البكتيري و التنميط المصلي وفقا للإجراءات المحددة في المعيار الدولي ISO 6579 (2002)، و البحث عن عوامل خطر العدوى بتحديد نسب الأرجحية من خلال بناء نموذج إنحدار لوجستي واحد لكل نوع حيواني. درست حساسية السالمونيلا للمضادات الحيوية بتحديد الحد الأدنى للتركيز المثبط (MIC) باستخدام نظام . Sensititre TM للتنميط الجيني، استخدمت تقنية PFGEمع هضم الحمض النووي بأنزيم XbaI باتباع تعليمات .CDC (2015)**

 **قدرت نسب إنتشار السالمونيلا في العينات ب 39% عند الدجاج و 17.3% عند الديك الرومي. يزداد خطر العدوى عند غلي أقل من 6 دجاجات في نفس الوقت (OR = 0,31 ; IC 95% : [0,15 - 0,63])، و تتعرض ذبائح الديك الرومي لاحتمالية أكبر للعدوى (OR = 4,44 ; IC 95% : [1,29 - 15,29]) عندما تنتج في المذابح المخصصة لها حصريا. حدد 11نمطا مصليا حيث ساد كل من . Typhimurium, Enteritidis, Kentucky قدرت نسب المقاومة للمضادات الحيوية و المقاومة المتعددة ب 98.3%و 80% على التوالي مع تحديد 33 نمطا مضادا حيويا من بينهم 30 نمط إنذار. صنفت السلالات البكتيرية إلى 47 نمطا جينيا حصروا في 9 مجموعات جينية. بشكل عام، كانت السلالات مرتبطة فيما بينها ظاهريا بصفة قوية بينما تبين أن أصلها الجيني كان متعدد النسيلة.**

**تظهر النتائج المتحصل عليها أن مجمل المذابح التي شملتها الدراسة لم تتحكم في نظافة عملية الذبح حيث أنتجت ذبائحا ملوثة بداء السالمونيلا. يقترح تداول أنماطا مصلية متجانسة بشكل معتدل و أنماط مضادات حيوية و جينية غير متجانسة، بالإضافة إلى تسويق بعض الذبائح الغير صحية و أخرى ذات خطر عالي لانتقال مقاومة المضادات الحيوية للإنسان.**

**الكلمات المفتاحية : سالمونيلا، الدواجن، عوامل الخطر ، التنميط، التنوع، الخطر الصحي.**