**Mémoire de Doctorat :** **Investigation et caractérisation moléculaire des *Staphylococcus aureus* et autres *Staphylococcus* spp. résistants à la méticilline chez les animaux et les matrices alimentaires**

**Résumé** :

*Staphylococcaceae* résistantes à la méthicilline représentent une menace pour la santé humaine et animale en raison de leur résistance aux antibiotiques. Comprendre leur prévalence et distribution dans les populations animales est crucial pour élaborer des stratégies de contrôle. Cette étude a pour objectif d'identifier la composition bactérienne des *Staphylococcaceae* de la flore nasale des dromadaires et d'évaluer la présence de *Mammaliicoccus* résistants à la méthicilline (MRM) et de *Staphylococcus* résistants à la méthicilline (MRS) chez les dromadaires, les ovins et dans les denrées alimentaires en Algérie.

Des écouvillons nasaux ont été prélevés sur 46 dromadaires et 200 ovins provenant de diverses fermes. Les milieux non sélectifs et supplémentés d'antibiotiques ont permis d'isoler les MRS et MRM. Les isolats ont été identifiés avec le spectromètre de masse Autoflex Biotyper (MALDI-TOF MS®) et les gènes *mecA et mecC* détectés par PCR. Les souches résistantes ont été analysées en détail par séquençage complet du génome (WGS) et analyses bio-informatiques. Pour les dromadaires, 13 espèces distinctes de *Staphylococcus* et *Mammaliicoccus* ont été identifiées, dont près de la moitié étaient coagulase-positives. Sur sept fermes évaluées, quatre étaient positives pour MRS, avec 16 isolats provenant de 13 dromadaires. Les espèces prédominantes étaient *M. lentus, S. epidermidis* et *S. aureus*. Les analyses phylogénétiques ont montré une similarité clonale parmi les souches de *M. lentus*, alors que les souches de *S. epidermidis* n'étaient pas étroitement apparentées. Des gènes de résistance tels que *mecA, mecC, ermB, tet*(K) et *blaZ* ont été détectés.

Pour les ovins, la prévalence de MRS était de 85% avec 17 fermes positives sur 20. Onze espèces distinctes de *Staphylococcus* et *Mammaliicoccus* ont été identifiées, les plus courantes étant *S. saprophyticus, M. lentus* et *S. haemolyticus*. Les analyses ont montré une multirésistance chez ces souches de MRS.

Cette étude révèle la présence significative de *Staphylococcaceae* résistantes à la méthicilline chez les dromadaires et les ovins en Algérie. Les analyses bio-informatiques ont permis une caractérisation détaillée des espèces et des mécanismes de résistance. Ces résultats soulignent l'importance d'une surveillance continue et d'une approche "One Health" pour gérer et comprendre la propagation de la résistance aux antibiotiques dans ces écosystèmes.

**Abstract**

Methicillin-resistant *Staphylococcaceae* pose a significant threat to both human and animal health due to their resistance to commonly used antibiotics. Understanding their prevalence and distribution in animal populations is crucial for developing control strategies. This study aimed to identify the bacterial composition of *Staphylococcaceae* in the nasal flora of dromedary camels and to evaluate the presence of methicillin-resistant *Mammaliicoccus* (MRM) and methicillin-resistant *Staphylococcus* (MRS) in dromedaries, sheep, and food products in Algeria.

Nasal swabs were collected from 46 dromedaries and 200 sheep from various farms. Non-selective and antibiotic-supplemented media were used to isolate MRS and MRM. The isolates were identified using the Autoflex Biotyper Mass Spectrometer (MALDI-TOF MS®), and the *mecA* and *mecC* genes were detected by PCR. Methicillin-resistant strains were further analyzed using whole genome sequencing (WGS) and bioinformatics analyses. In dromedaries, 13 distinct species of *Staphylococcus* and *Mammaliicoccus* were identified, with nearly half being coagulase-positive. Out of the seven farms evaluated, four were positive for MRS, with 16 isolates from 13 dromedaries. The predominant species were *M. lentus, S. epidermidis*, and *S. aureus*. Phylogenetic analyses showed clonal similarity among *M. lentus* strains, whereas *S. epidermidis* strains were not closely related. Resistance genes such as *mecA, mecC, ermB*, *tet*(K), and *blaZ* were detected.

In sheep, the prevalence of MRS was 85%, with 17 out of 20 farms testing positive. Eleven distinct species of *Staphylococcus* and *Mammaliicoccus* were identified, with the most common being *S. saprophyticus, M. lentus*, and *S. haemolyticus*. Antibiotic susceptibility tests revealed prevalent multiresistance among these MRS strains.

This study highlights the significant presence of methicillin-resistant *Staphylococcaceae* in dromedaries and sheep in Algeria. Bioinformatics analyses enabled detailed characterization of the species and resistance mechanisms. These findings underscore the importance of continuous surveillance and a "One Health" approach to manage and understand the spread of antibiotic resistance in these ecosystems.

**Keywords:** *Staphylococcaceae*, Methicillin-resistance,