**Thèse de Doctorat en Sciences Vétérinaire de Mr Achek Rachid**

**Détection de gènes codant pour des entérotoxines et de la résistance aux antibiotiques chez des staphylocoques isolés de différentes matrices alimentaires**

**Alger, École Nationale Supérieure Vétérinaire : 2019**

**Résumé** :

L’objectif de cette étude est de déterminer l’occurrence des gènes codant diverses toxines chez des isolats de Staphylococcus. L’antibiorésistance phénotypique avec exploration des supports génétiques de la résistance à certains antibiotiques a été également réalisé. Une Multiplex PCR a été utilisée pour vérifier la présence de 8 gènes codant les entérotoxines staphylococciques classiques (SE) (sea à see), les exfoliatines (eta, etb) et la toxine TSST-1 (tst). La sensibilité aux antibiotiques des isolats a été réalisée par la méthode de diffusion de disque sur gélose. Une PCR simplex a été utilisée pour détecter les gènes mecA, blaZ, aacA-aphD, ermA, ermC, tetK et tetM codant la résistance à certains antibiotiques. Au total 96 isolats de Staphylococcus ont été testés, 51 isolats d’origine alimentaire réparties en 24 S. aureus et 27 staphylocoques à coagulase négative (SCN). Quarante-cinq isolats de staphylocoques ont été récoltés à partir des prélèvements des infections hospitalières et communautaires dans deux régions d’Algérie (Médéa et Ain Defla). Nos résultats montrent que 52,94% des isolats alimentaires possédaient au moins un gène codant pour les SE; où S. aureus semble être plus entérotoxinogène que SCN (68,18% vs 41,37%) et le gène sed (19; 70,37%) était le plus fréquemment détecté. Pour les isolats d’origine clinique, seulement 13%(6) des isolats de S. aureus possédaient au moins un gène codant les SE. Cependant, 55,55% des isolats d’origine clinique (S. aureus ou SCN) portaient le gène tst. Les résultats de l’étude de la sensibilité aux antibiotiques montrent que tous les isolats de S. aureus d’origine alimentaire étaient résistants à la pénicilline et 45,83% étaient résistantes à la tétracycline. Les taux de résistance des isolats d’origine clinique étaient de 86,7% ; 48,9% et 37,8% pour la pénicilline, la tétracycline et l'érythromycine, respectivement. Les résultats des CMI ont permis de confirmer 8 isolats comme des SARMs (un isolat alimentaire et 7 isolats cliniques). La multi-résistance a été observée chez 22%(11/50) et 58,14%(25/43) des isolats alimentaires et cliniques, respectivement. À l'exception du gène ermA, les gènes tetM/K, blaZ, aacA-aphD, ermC et mecA ont été détectés chez les isolats alimentaires et cliniques avec des taux variables. Cette étude a révélé une fréquence élevée des gènes codant les SE et fourni un aperçu de l'état actuel de la résistance des staphylocoques aux antibiotiques. En perspective, d'autres enquêtes et programmes de surveillance à plus grande échelle devraient être menées

**Abstract:**

The aim of this study was to determine the occurrence of toxin-genes carried by staphylococci isolates; we have also evaluated the phenotypic antimicrobial resistance and investigate the antimicrobial resistance-associated genes carriage of the isolates. The multiplex PCR assay was used for screening of 8 genes coding for classical enterotoxins (SEs) (sea to see), exfoliative toxins (eta, etb) and toxic shock syndrome toxin-1 (tst). Antimicrobial susceptibility testing was performed using agar disc diffusion method, and the genes coding for antimicrobial resistance (mecA, blaZ, aacA-aphD, ermA, ermC, tetK and tetM) were detected by Simplex PCR. Fifty-one isolates originating food samples allocated into 24 S. aureus and 27 coagulase-negative staphylococci (CoNS). Forty-five staphylococci isolates were collected from samples of hospital and community-acquired infection cases at two distinct provinces in Algeria (Médéa and Ain Defla). Our results show that 52,94% of food isolates possessed at least one of SEs genes. S. aureus appears to be potentially enterotoxigenic than CoNS (68,18% vs 41,37%) and the sed gene (19;70,37%) was the most frequently detected. In clinical isolates, only 13%(6) of S. aureus harboured at least one SEs genes. However, 55,55% of clinical isolates (S. aureus or CoNS) possessed the tst gene. All food S. aureus isolates were resistant to penicillin and 45,83% were resistant to tetracycline. The resistance rates of clinical staphylococci isolates were 86,7%, 48,9% and 37,8% to penicillin, tetracycline, erythromycin, respectively. Based on MIC values, 8 isolates were confirmed as MRSA (one food isolate and 7 clinical isolates). The multidrug-resistance was observed among 22%(11/50) and 58,14%(25/43) of food and clinical staphylococci isolates, respectively. Except for ermA gene, the tetM/K, blaZ, aacA-aphD, ermC and mecA genes were detected in food and clinical isolates with variables rates. This study showed high frequency of SEs genes in food isolates and provided insight the current status of antimicrobial resistance of staphylococci isolated from food and clinical samples in this area. Further studies at a larger scale, and surveillance plans should be set up to assess staphylococcal risk.