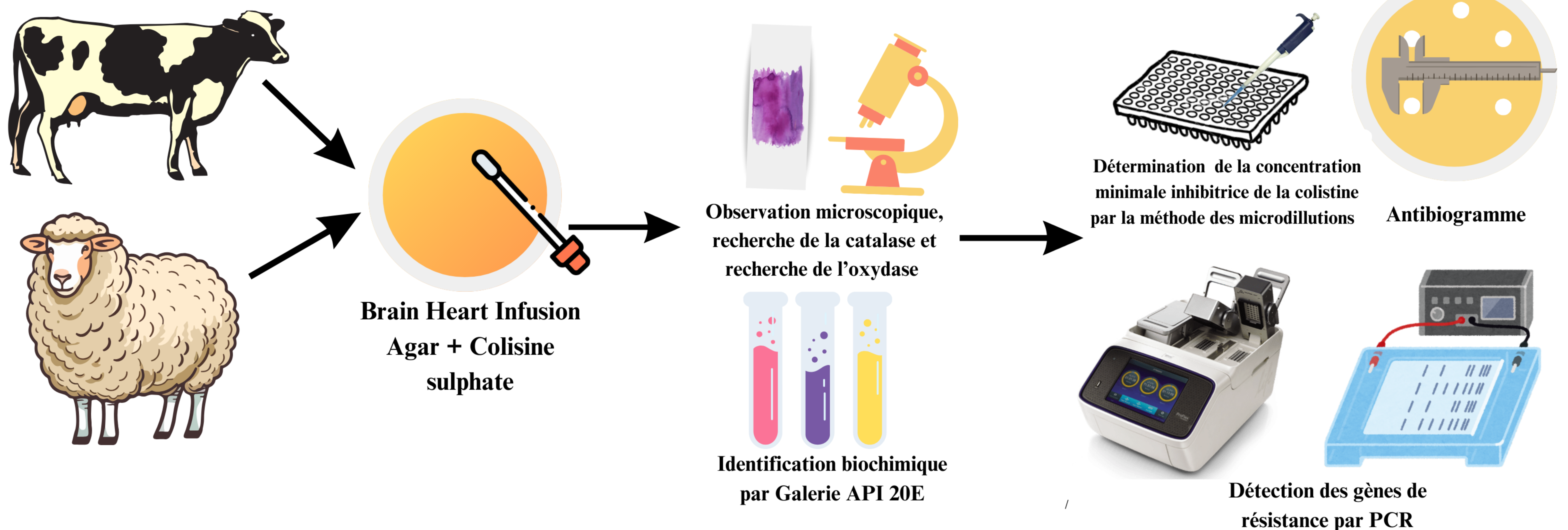


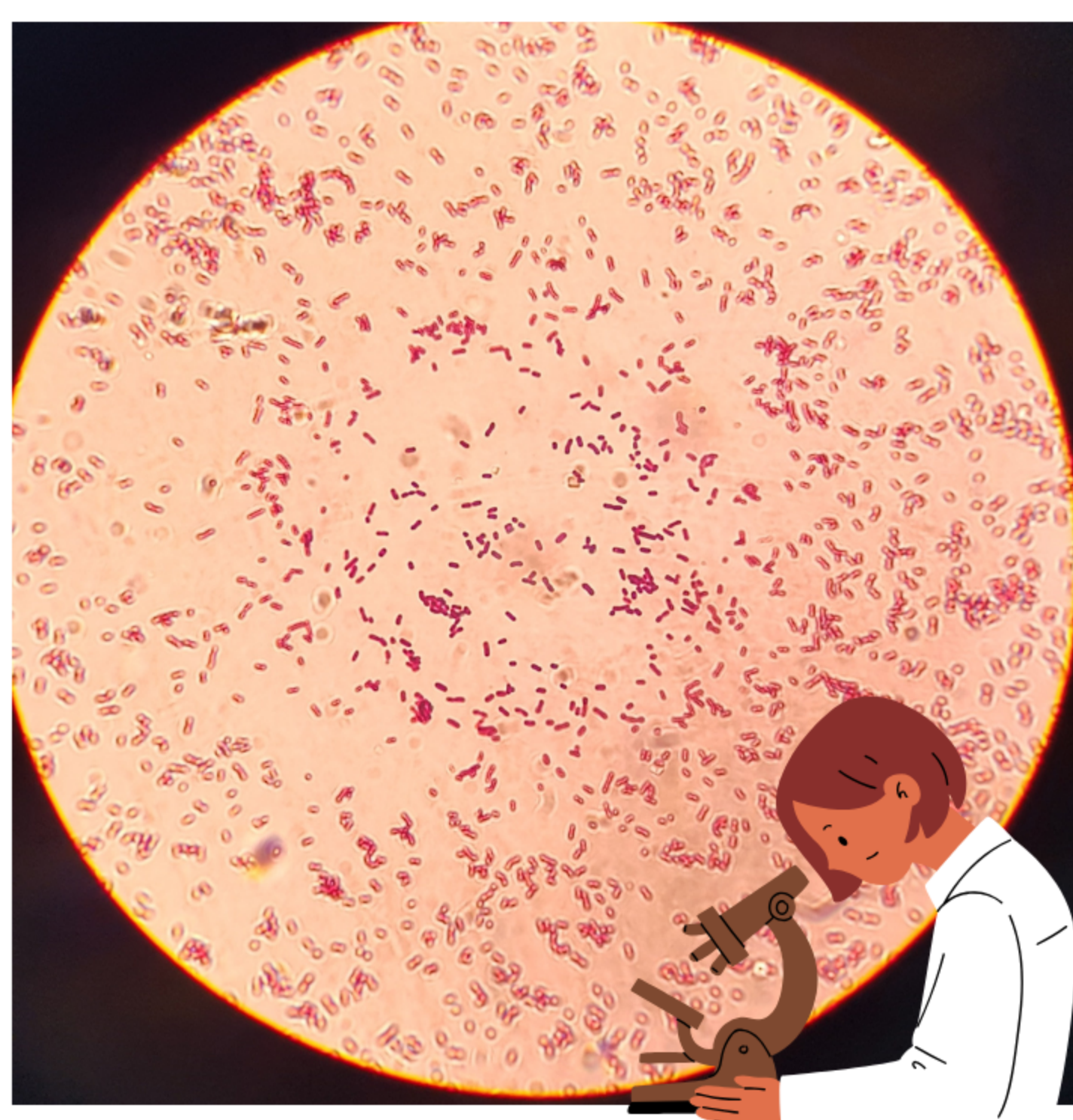
Introduction

La propagation mondiale de la résistance à la colistine chez les bactéries Gram-négatives est reconnue comme un danger pour la santé publique qui conduit à des impasses thérapeutiques. Alors que des isolats résistants à la colistine ont été récemment signalés chez des patients hospitalisés, plusieurs rapports ont pu prouver que les animaux d'élevage constituent un réservoir important de gènes de résistance aux antibiotiques. Par conséquent, cette étude visait à cribler et à caractériser les souches résistantes à la colistine isolées à partir d'animaux d'élevage et à étudier leur capacité à héberger des pathogènes Gram négatif multirésistants émergents ce qui permet de mieux comprendre la diversité du résistome et du virulome algériens.

Matériels et Méthodes



Résultats et discussion



Ainsi, 22 souches Gram-négatives, principalement identifiées comme *Escherichia coli*, ont été classé comme résistante à la colistine montrant une CMI à la colistine supérieure à 4µg/ml. De plus, Les gènes plasmidique codant pour la résistance aux fluoroquinolones ont été détecté chez 6 souches, 1/6 portaient le gène qnrS et 5/6 portaient le gène de la variante aac(6')-ib-cr, connue pour coder une acétyltransférase aminoglycoside bifonctionnelle capable de catalyser l'acétylation à la fois des fluoroquinolones et des aminoglycosides. De plus, les gènes bla-tem et bla -shv chez 10 souches. Il est important de souligner que ces mêmes souches ont montré des valeurs de CMI résistantes à la colistine.

Le gène aac(6')-Ib-cr a déjà été signalé en Algérie dans des isolats cliniques de *E.coli*, des effluents hospitaliers et des volailles.

Le gène QnrS a été rarement détecté dans l'environnement algérien mais a été récemment trouvé dans des isolats cliniques

Conclusion

Nos résultats démontrent l'occurrence de souches d'*Escherichia coli* multi-résistantes, porteuses de gènes de résistance mobiles, transmissible à partir des d'animaux d'élevage vers l'humain et vers des environnements sauvages.

Ainsi, notre étude met en évidence le besoin urgent d'adopter des mesures strictes pour éviter la propagation et l'accumulation de bactéries résistantes aux antibiotiques dans l'environnement et dans les communautés.

À la suite de cette étude, il serait intéressant d'entamer une étude moléculaire permettant de mettre en évidence d'autres mécanismes de résistance impliqués dans la résistance de nos souches, notamment ceux de la colistine.

Bibliographie

Xinxing Wang, (2021) 'Detection of mcr-1-positive *Escherichia coli* in slaughterhouse wastewater collected from Dawen river
<https://doi.org/10.1002/vms3.489>

Isabelle Kempf, (2016) 'Colistin use and colistin resistance in bacteria from animals
<https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2016.09.016>

