



Université Mohamed Khider de Biskra

Faculté des sciences exactes et des sciences de la nature
et de la vie

Département des sciences de la nature et de la vie

Filière : Sciences biologiques

Référence / 2024

MÉMOIRE DE MASTER

Spécialité : Microbiologie Appliquée

Présenté et soutenu par :

Ben Mohamed Rayane et Djellab Ilham

Le: lundi 10 juin 2024

L'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries à Gram négatif isolées des chats domestiques

Jury:

Dr. Hakim Hebal	MCA	Université de Biskra	Président
Dr. Widad Bouguenoun	MCA	Université de Biskra	Rapporteur
Dr. Wassila Dendouga	MCA	Université de Biskra	Examineur

Année universitaire : 2023 - 2024



Remerciements

Nous tenons à exprimer notre gratitude envers Allah, qui nous a accordé la capacité et la volonté de parcourir ce chemin jusqu'à ce jour, qui marque non pas la fin mais le début de nouveaux rêves.

Nous remercions chaleureusement notre encadreur

Dr. Widad Bouguenoun, pour son orientation exceptionnelle, ses précieux conseils et son assistance dans la réalisation de ce travail, avec son expertise inestimable.

Nous souhaitons également adresser un grand merci aux membres du jury d'avoir accepté d'examiner ce travail.

Nous ne pouvons oublier non plus nos enseignants, nos amis et nos collègues du département des Sciences de la nature et de la Vie à l'Université Mohammed Khider, pour leur soutien et les moments agréables qui ont rendu cette période d'études incoubliable.



Dédicace

"Louange à Allah à qui je dois tout."

Avec tout mon amour, je dédie le fruit de mon succès et de mon humble travail,

À celui qui a sacrifié sa jeunesse pour nous, à celui qui m'a offert la sécurité du monde, à celui qui m'a appris que la vie est une lutte dont l'arme est la connaissance, à mon premier soutien et appui, ma force et ma fierté, à mon cher père, *Djellab Salah*. Je suis très fière d'être ta fille. Que Dieu te protège pour nous.

À celle à qui Allah a placé le paradis sous ses pieds ; à celle que je ne pourrai jamais remercier assez ; à celle qui a semé dans mon cœur tout ce qui est beau comme elle ; à celle grâce à qui la vie est plus douce. A ma source d'inspiration et ma force, à celle qui m'a appris que le succès est forgé par nous-mêmes, même si les circonstances sont contraires, à celle qui n'a jamais fréquenté l'école mais est devenue ma première enseignante, à celle qui m'a entouré de ses prières, à ma mère... ma plus précieuse possession, qu'Allah la préserve.

À mon soutien, au frère le plus merveilleux et affectueux au monde, *Omar*.

À ma deuxième mère, compagne de mes secrets et mon refuge dans les plus durs moments, dont les conseils ont été la raison de mon succès, à ma grande sœur *Karima*.

À la plus jeune de la famille, notre joie de vivre, à une partie de mon cœur et de mon âme, ma petite fille, ma sœur *Ahlam*.

À la plus belle et merveilleuse amie et sœur, celle avec qui j'ai partagé les jours amers et doux, et maintenant nous partageons les fruits de notre travail et réalisons ensemble un rêve que nous avons rêvé, à celle avec qui je suis une et une seule, *Rayane*.

À toute ma famille, chacun par son nom, à mes compagnons du premier pas jusqu'au dernier, ceux qui étaient dans les années difficiles comme des nuages pluvieux, chacun par son nom, à ceux dont les paroles nous ont embrassés malgré la distance ou la proximité, à tous ceux dont l'absence a brisé mon cœur..., à tous ceux que j'aime, à mes plus douces et aimables enseignantes, Madame *Bouguenoun* et Madame *Boulmaiz*.

Ahham



Dédicace

Je dédie ce travail

À ma chère mère, *Aicha*, mon ange gardien, dont la présence est la raison de la Continuité des battements de mon cœur, et qui incarne le sens de l'amour grâce à ses prières, ses sacrifices et son soutien.

À mon cher père, *Mohamed*, dont je récolte les fruits de son labeur ici, et à son affection illimitée, je n'ai aucun refuge autre que toi Abi.

Que Dieu vous accorde la santé, le bien-être, prolonge votre vie et vous garde dans la mienne.

À mon pilier et mon soutien infinis, à ceux qui ne m'ont jamais refusé quoi que ce soit. À mes sœurs, *Amal* et *Ahla*, mon amour pour vous est infini.

À mes frères *Ali* et *Abdelrahman*, merci pour votre soutien et votre amour inconditionnel.

À ma grand-mère *Khadja*, que Dieu prolonge sa vie, à mon grand-père que Dieu te protège.

Al'âme de ma grand-mère *Ahla* qui nous as quittés en laissant un vide dans nos cœurs, et à l'âme de mon grand-père que la vie ne m'a pas donné la chance de rencontrer,

Et

À mon unique oncle et à toute sa famille.

À toute ma famille et à tous mes proches.

À mon amie et ma sœur, ma compagne de souvenirs et aussi mon binôme dans ce travail, *Aham*, Aujourd'hui, nous avons réalisé ce qui était un rêve il y a huit ans.

Et je n'oublierai jamais la raison de mon sourire même dans les moments les plus difficiles, mes chats.

À tous mes amis qui m'ont accompagné tout au long de ces années et qui ont fait partie de mes souvenirs qui resteront gravés dans ma mémoire pour toujours."

À mes collègues en Palestine, nous pensant à vous et on prie pour que Dieu vous aide à avoir votre indépendance.

Et enfin, à moi-même, je me remercie pour ma constance et ma persévérance malgré toutes les difficultés et les obstacles.

Rayane

Sommaire

Remerciements

Dédicaces

Sommaire

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

Partie I. Synthèse bibliographique

Chapitre I. Les chats domestiques et les bactéries associées à ces animaux

I.1. Les chats.....	4
I.1.1. La microflore du chat	4
I.1.2. Les infections associées aux chats et les bactéries en causes.....	5
I.1.2.1. La campylobactériose	5
I.1.2.2. Infection causée par morsure du chat	5
I.1.2.3. Maladie des griffes du chat.....	6
I.1.2.4. Les infections à <i>Escherichia coli</i>	7
I.1.2.5. Bordetellose	7
I.1.2.6. La peste	8
I.2. Les chats et la résistance aux antimicrobiens	8
I.2.1. Influence de l'élevage des chats sur la résistance aux antimicrobiens.....	8
I.2.2. Les facteurs impliqués dans l'augmentation de l'antibiorésistance	8
I.2.2.1. Utilisation intensive des antibiotiques en médecine vétérinaire.....	8
I.2.2.2. Transmission des bactéries résistantes entre les chats et les humains	9

Chapitre II. Généralités sur les antibiotiques et la résistance bactérienne

II. 1. Les antibiotiques	10
II.1. 1. Définition	10
II.1.2. Classification des antibiotiques.....	10
II.1.3. Modes d'action des antibiotiques	11
II.1.3.1. Action au niveau de la paroi bactérienne	11
II.1.3.2. Action au niveau de la membrane	11
II.1.3.3. Action au niveau des processus cytoplasmiques.....	11
II.1.4. La résistance aux antibiotiques	12
II.1.4.1. La résistance naturelle	12
II.1.4.2. La résistance acquise	13
II.1.5. Les mécanismes de la résistance	13
II.1.5.1. Mécanismes enzymatiques.....	13
II.1.5.2. Mécanismes non enzymatiques	13
II.1.6. La résistance des bactéries à Gram-négatif aux antibiotiques	14

Partie II. Analyse des articles

Chapitre III. Matériel et méthodes

III.1. Choix des données.....	18
III.2. Sélection des chats étudiés	18
III.3. Échantillonnage.....	21
III.4. Préparation de la suspension bactérienne	22
III.5. Isolement.....	23
III.5.1. Enrichissement.....	23
III.5.2. Mise en culture	24
III.6. Identification	27
III.6.1. Examen microscopique.....	27

III.6.2. Examen macroscopique	27
III.6.3. Identification biochimique.....	28
III.6.4. Autres méthodes d'identification.....	28
III.7. Étude de la résistance aux antibiotiques.....	29
III.8. Étude phénotypique des mécanismes de résistance	33

Chapitre IV. Résultats et discussion

IV.1. Isolement.....	35
IV.2. Identification	36
IV.3. La répartition des bactéries Gram négatives selon le type de prélèvement.	39
IV.4. La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des chats.....	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 aminoglycosides	43
IV.5.1.4. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones.....	44
IV.5.1.5. La résistance des entérobactéries aux tétracyclines	45
IV.5.1.6. La résistance des entérobactéries aux sulfamides.....	46
IV.5.1.7. La résistance des entérobactéries aux phénicoles	47
IV.5.1.8. La résistance des entérobactéries aux macrolides.....	48
IV.5.2. Les non- entérobactéries	50
IV.5.2.1. La résistance des non-entérobactéries aux différentes classes d'antibiotiques	50
IV.5.2.2. La résistance des non- entérobactéries aux bêta-lactamines.....	51
IV.5.2.3. La résistance des non-entérobactéries aux autres classes d'antibiotiques.....	51
IV.6. Étude phénotypique des mécanismes de résistance	53
Conclusion.....	56

Références57

Résumé

Liste des tableaux

Tableau1. Classification des antibiotiques selon leur cible biologique (Munk, 2014).....	10
Tableau2 . Les conditions et la zone de sélection des chats	19
Tableau3 . Les milieux d'enrichissement.	23
Tableau4 . Les milieux de culture utilisés.	24
Tableau5 . Les méthodes et les antibiotiques utilisés dans chaque étude.....	29
Tableau 6 . Les isolats des bactéries Gram négatives identifiés dans chaque étude.....	38

Liste des figures

Figure 1. Modes d'action des antibiotiques (Opatowski, 2020).....	12
Figure 2. Mécanismes de résistance aux antibiotiques (Souvignet, 2022)	14
Figure 3. Le taux d'isolement des bactéries à Gram négatif dans chaque étude	36
Figure 4. La répartition des bactéries Gram négatives selon le type de prélèvement.....	40
Figure 5. La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des chats.....	41
Figure 6 . La résistance des entérobactéries aux antibiotiques	42
Figure 7 . La résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines.....	43
Figure 8 . La résistance des entérobactéries aux aminoglycosides	44
Figure 9. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones	45
Figure 10. La résistance des entérobactéries aux tétracyclines.....	46
Figure 11 . La résistance des entérobactéries aux sulfamides	47
Figure 12 . La résistance des entérobactéries aux pénicillines.....	48
Figure 13. La résistance des entérobactéries aux macrolides	49
Figure 14 . La résistance des non-entérobactéries aux antibiotiques.....	50
Figure 15 . La résistance des non-entérobactéries aux bêta-lactamines	51
Figure 16 . La résistance des non-entérobactéries aux autres classes d'antibiotiques.....	52

Liste des abréviations

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

ADN : Acide désoxyribonucléique

ARN : Acide ribonucléique

BGN : Bacille Gram-Négatif

BLSE : Bêta-Lactamase à Spectre Élargi

BPW : Buffered Peptone Water (Milieu de culture)

CMI : Concentration Minimale Inhibitrice

CO₂ : Dioxyde de Carbone

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

BMR : Bactéries multi-résistantes

MSRV: MacConkey Sorbitol-Rhamnose-Violet Red Bile (Milieu de culture)

SHU : Syndrome Hémolytique et Urémique

SISTR : Système de Typage Intégrée pour l'Analyse de la Séquence du Gène Entero
(Outils de bioinformatique)

TSI : Triple Sugar Iron

TBX : Tryptone Bile X-Glucuronide

XLD : Xylose Lysine Deoxycholate

XLT : Xylose Lysine Tergitol

Introduction

Introduction

Les chats domestiques sont des mammifères carnivores et intelligents, bénéficiant de remarquables adaptations morphologiques et de capacités sensorielles, et sont des compagnons adoptés dans de nombreux foyers (McCune, 2010). Cependant, malgré les avantages qu'ils offrent, ils sont susceptibles à de nombreux agents infectieux, y compris les bactéries Gram négatives responsables de maladies telles que la leptospirose, la pasteurellose, la campylobactériose et d'autres maladies de peau (Yaovi *et al.*, 2022).

Les recherches récentes ont montré une préoccupation croissante qui réside dans la présence des bactéries Gram négatives résistants aux antibiotiques chez ces animaux de compagnie (Teng *et al.*, 2022). Le partage du foyer et l'exposition indirecte, ainsi que la compagnie affective entre les chats domestiques et les humains, favorisent la transmission des bactéries résistantes, accentuant ainsi le risque d'infections zoonotiques (Habib *et al.*, 2023).

En raison de leur importance, la plupart des propriétaires des chats s'efforcent de prendre soin de leurs animaux du mieux qu'ils le peuvent afin de maintenir leur bonne santé. Cela a conduit à une utilisation accrue d'antimicrobiens tels que les antibiotiques pour traiter les maladies de leurs animaux, ainsi qu'à l'utilisation de vaccins pour prévenir certaines atteintes infectieuses (Yaovi *et al.*, 2022). Par ailleurs, il est également observé que l'administration de doses subthérapeutiques est pratiquée pour favoriser une prise de poids significative chez les animaux traités (Palma *et al.*, 2020).

Cependant, les agents antimicrobiens sont utilisés aussi bien en médecine vétérinaire qu'en médecine humaine. Cette utilisation intensive des antibiotiques chez les chats domestiques peut favoriser l'acquisition des gènes de résistance à ces molécules chez les bactéries, qui peuvent être zoonotiques, ou capables de transférer ces gènes à des pathogènes adaptés à l'homme ou à la microbiote intestinale humaine par contact direct, par l'alimentation ou par l'environnement (Argudín *et al.*, 2017)

En effet, la résistance aux antibiotiques est un défi mondial croissant pour la santé humaine et animale, avec des coûts sociétaux significatifs dus à une augmentation de la mortalité et de la morbidité (Habib *et al.*, 2023). C'est en effet un problème complexe influencé par divers facteurs. Parmi ces facteurs, l'utilisation d'antimicrobiens qui se distingue comme un moteur principal, car la sous-utilisation, la sur-utilisation et la mauvaise utilisation des antibiotiques peut entraîner des échecs thérapeutiques et des conséquences sanitaires

accrues tant pour les animaux que pour les humains. Ces médicaments, lorsqu'ils sont mal utilisés, peuvent exercer une pression de sélection à la fois sur les bactéries pathogènes et sur la flore normale chez les personnes et les animaux. Ainsi, les bactéries commensales résistantes servent de réservoirs de gènes de résistance pour les bactéries potentiellement pathogènes (Buranasinsup *et al.*, 2023).

L'objectif de cette étude est d'identifier les souches pathogènes de bactéries Gram-négatives chez les chats domestiques à travers le monde et d'évaluer leur résistance aux antibiotiques, en mettant en lumière le risque de transmission de ces bactéries résistantes entre les chats et les humains.

Ainsi, ce travail est subdivisé en deux parties :

- La première partie de la synthèse bibliographique abordera des généralités sur les chats domestiques, ainsi que les infections qui leur sont liées, tout en examinant également les mécanismes de résistance aux antibiotiques.
- La deuxième partie consistera en l'analyse des articles scientifiques, comprenant le matériel et les méthodes utilisés pour isoler les bactéries Gram négatives à partir des chats domestiques et déterminer leur résistance aux antibiotiques. Ensuite, les résultats des différentes études seront présentés, suivis d'une discussion visant à démontrer l'évolution de la résistance chez les chats domestiques. Et finalement une conclusion.

Partie I.

Synthèse bibliographique

Chapitre I. Les chats domestiques et les bactéries associées à ces animaux

I.1. Les chats

Les chats domestiques, spécialisés pour leur régime carnivore, montrent une intelligence remarquable malgré leur incapacité à distinguer les détails fins ou les nuances de couleur. Leurs sens de l'ouïe et de l'odorat sont exceptionnellement développés, ce qui contribue à leur adaptation et à leur survie dans leur environnement (McCune, 2010).

I.1.1. La microflore du chat

Le microbiome gastro-intestinal est un consortium multi composant de micro-organismes qui habitent les intestins des chats. Des études ont montré que le microbiome intestinal est impliqué dans un certain nombre de processus physiologiques vitaux pour la santé de l'hôte. (Bugrov *et al.*, 2022)

De nombreux chercheurs ont utilisé des méthodes basées sur la culture et ont observé la composition bactérienne d'échantillons intestinaux et fécaux chez les chats. Les groupes cultivables les plus abondants trouvés étaient *Bactéroïdes*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Fusobacteria* et *Eubactérie*. L'abondance du microbiote dans l'intestin du chat augmente le long du tractus intestinal. L'intestin proximal contient une distribution pratiquement égale de bactéries aérobies et anaérobies, tandis que les parties distales sont principalement colonisées par des groupes bactériens anaérobies (Lyu *et al.*, 2020).

Les populations de bactéries présentes sur la peau des chats sont classées en deux catégories : la flore résidente et la flore transitoire. La flore résidente comprend des types de bactéries tels que *Micrococcus spp.*, les staphylocoques à coagulase négative, notamment *Staphylococcus simulans*, ainsi que des streptocoques alpha-hémolytiques et *Acinetobacter spp.* Quant à la flore transitoire, elle inclut des bactéries comme les streptocoques bêta-hémolytiques, *Escherichia coli*, *Proteus mirabilis*, *Pseudomonas spp.*, *Alcaligenes spp.*, *Bacillus spp.*, *Staphylococcus spp.* et d'autres staphylocoques à coagulase négative. Les staphylocoques à coagulase positive, tels que *Staphylococcus aureus* et *Staphylococcus pseudintermedius*, sont souvent retrouvés en abondance sur la peau normale des chats. (Tabey, 2022)

La cavité buccale des chats est un environnement complexe abritant plus de 10^{10} bactéries et plus de 700 espèces différentes, c'est bactéries se localisent dans la langue, les

muqueuses, les sites sous gingivaux, la plaque dentaire et la salive. On retrouve essentiellement des bacilles à Gram négatif aérobies et anaérobies : *Porphyromonas spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Fusobacterium spp.*, *Spirochètes* et *Actinomyces spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Proteus spp.*, *Pseudomonas spp.*, ainsi que *Pasteurella multocida* et *Escherichia coli*, *Bartonella spp.* (Razali, 2020).

I.1.2. Les infections associées aux chats et les bactéries en causes

I.1.2.1. La campylobactériose

La campylobactériose est principalement une maladie d'origine alimentaire, mais il existe des preuves claires de transmission zoonotique à partir d'animaux de compagnie (Damborg *et al.*, 2016). *Campylobacter*, un genre à Gram négatif, microaérophiles, ce sont des bacilles spiralés et mobiles (Bojanić, 2016), est souvent qualifié de "touriste accidentel", colonisant les animaux en tant que commensal (Epps *et al.*, 2013). Les chats sont des porteurs bien reconnus de *Campylobacter* et les taux de portage peuvent atteindre jusqu'à 50% chez les chats en bonne santé (Damborg *et al.*, 2016).

Les porteurs d'animaux de compagnie ne manifestent souvent pas de signes cliniques de la maladie, bien que des cas de diarrhée chez les jeunes animaux de moins d'un an aient été associés à la présence de *Campylobacter*. La campylobactériose est une cause majeure de gastro-entérite dans les pays industrialisés. Le symptôme le plus courant est la diarrhée, qui, dans 0,15% des cas, évolue en septicémie. *C. jejuni* est l'espèce de *Campylobacter* la plus fréquemment isolée chez les patients humains (Damborg *et al.*, 2016). Les humains peuvent contracter cette bactérie s'ils entrent en contact avec les excréments d'animaux infectés (O'Neil, 2018).

L'infection peut être prévenue en se lavant les mains après le contact avec les chats et avant de manger (Goldstein et Abrahamian, 2015).

I.1.2.2. Infection causée par morsure du chat

Les morsures d'animaux domestiques représentent l'une des principales sources d'infections bactériennes associées à la possession d'animaux de compagnie. Elles peuvent entraîner des infections causées par une grande variété de bactéries présentes sur la muqueuse (Damborg *et al.*, 2016).

Pasteurella multocida est un petit cocco-bâtonnet Gram négatif, non mobile, facultativement anaérobie (Peng *et al.*, 2019) couramment associée aux plaies infectées. En effet, presque toutes les infections à *Pasteurella* féline chez l'homme ont également été liées à un contact général avec les animaux. Dans environ 15 à 20 % des cas, ces espèces portent cet organisme dans leur oropharynx en tant que partie de leur flore normale. Les morsures de chat sont plus susceptibles de causer une infection de la plaie en raison des lésions de puncture causées par les dents plus aiguisées du chat. On estime que 20 à 80 % des plaies par morsure de chat deviennent infectées (Goldstein et Abrahamian, 2015).

L'utilisation d'une thérapie antimicrobienne en prophylaxie est justifiée pour réduire le risque d'infection dans les cas de plaies modérées à graves, en particulier celles situées près d'une articulation, telles que les plaies aux mains (Goldstein et Abrahamian, 2015).

I.1.2.3. Maladie des griffes du chat

La maladie des griffes du chat, principalement transmise par les chats, est causée par la bactérie *Bartonella henselae* (O'Neil, 2018). Les espèces de *Bartonella* sont de petits bâtonnets Gram-négatifs légèrement incurvés (Roy, 2000). Les chats contractent cette bactérie par l'intermédiaire de puces infectées. De nombreux chats contractent cette bactérie au cours de leur vie, mais ils peuvent être asymptomatiques. Lorsqu'un chat infecté griffe un être humain et perce la peau, il peut transmettre la bactérie. Cette transmission de l'animal à l'homme entraîne des symptômes de fièvre, de malaise, d'anorexie et d'adénopathie régionale unilatérale près de la griffure en environ 3 à 14 jours (O'Neil, 2018).

Il s'agit généralement d'une infection autolimitée qui peut durer de quelques semaines à quelques mois ; Dans les cas graves, une encéphalite, une neuro-rétinite, une endocardite et une angiomatose peuvent survenir. Ces affections surviennent plus souvent chez les patients immunodéprimés (O'Neil, 2018). Chez les chats infectés par *Bartonella henselae*, le développement de la maladie dépend de divers facteurs, notamment la virulence de la souche bactérienne, les conditions de vie et d'alimentation, ainsi que les maladies coexistantes et l'utilisation de médicaments immunosuppresseurs (Mazurek *et al.*, 2018).

I.1.2.4. Les infections à *Escherichia coli*

Escherichia coli, une bactérie Gram-négatif pléomorphes, appartenant à la famille des Entérobactéries et est habituellement présente dans la flore intestinale normale. Cependant, certaines souches pathogènes peuvent causer des gastro-entérites chez les humains et les animaux, en échappant aux défenses immunitaires et en provoquant des dommages cellulaires (Balière, 2016 ; Marks *et al.*, 2011). Il existe six catégories d'*E. coli* diarrhéogènes, comprenant l'entérotoxigène (ETEC), l'entéroinvasif (EIEC), le producteur de toxine Shiga (STEC), l'entéroaggrégatif (EAEC), l'*E.coli* à adhésion diffuse (DAEC) et l'*E. coli* entéropathogène (EPEC). L'EPEC est associé à la diarrhée infantile, tandis que les souches produisant des STEC causent diverses infections chez les humains et les animaux, incluant des troubles gastro-intestinaux et des infections des voies urinaires. L'implication de l'*E. coli* pathogène extra-intestinal (ExPEC) suscite également des préoccupations en médecine vétérinaire, notamment en ce qui concerne le syndrome hémolytique et urémique (SHU), qui a été associé à des contacts étroits avec les chats domestiques, soulignant la prédominance de l'*E. coli* produisant la toxine Vero chez les animaux, y compris les chats asymptomatiques (Das *et al.*, 2023).

I.1.2.5. Bordetellose

Bordetella bronchiseptica est un agent de zoonose rare responsable d'infections respiratoires chez le chat (Lotte, 2013). C'est un coccobacille à Gram négatif qui provoque une maladie ressemblant à la coqueluche chez les humains, en particulier chez les enfants. On peut le trouver dans les voies respiratoires des animaux en bonne santé ou cliniquement malades, y compris les chats domestiques et de laboratoire (Goldstein et Abrahamian, 2015). La transmission se fait par contact direct via des aérosols (Lotte, 2013).

Chez les chats infectés, ceux qui manifestent la maladie présentent des signes cliniques tels que des éternuements, une toux non spécifique, et des écoulements nasaux et oculaires. Ces signes disparaissent normalement en une dizaine de jours. Cependant, chez les jeunes animaux, la maladie peut évoluer vers une broncho-pneumonie grave (Lotte, 2013).

I.1.2.6. La peste

Les chats peuvent contracter *Yersinia pestis*, la bactérie responsable de la peste chez les humains, avec des cas documentés de transmission de cette maladie par les morsures de chats infectés (Lotte, 2013). *Yersinia pestis* est un coccobacille Gram-négatif appartenant à la famille des *Enterobacteriaceae* (Goldstein et Abrahamian, 2015 ; Lotte, 2013). La peste chez les humains et les chats se présente sous deux formes principales : bubonique et pulmonaire, les deux évoluant souvent vers une septicémie (Lotte, 2013).

I.2. Les chats et la résistance aux antimicrobiens

I.2.1. Influence de l'élevage des chats sur la résistance aux antimicrobiens

Traditionnellement, les antibiotiques étaient largement utilisés dans l'élevage animal pour traiter les maladies infectieuses, ainsi que pour promouvoir la croissance des animaux en administrant des doses subthérapeutiques. Cependant, cette pratique n'élimine pas de manière irréversible les bactéries nocives et favorise plutôt l'émergence de résistance aux antibiotiques chez ces organismes (Palma *et al.*, 2020). Bien que les composés antimicrobiens aient été fréquemment ajoutés à l'eau potable des chats pour une exposition prolongée à de faibles doses d'antibiotiques, la cessation de cette pratique rend les chats domestiques vulnérables aux infections, annulant ainsi les effets protecteurs précédents (Palma *et al.*, 2020).

I.2.2. Les facteurs impliqués dans l'augmentation de l'antibiorésistance

I.2.2.1. Utilisation intensive des antibiotiques en médecine vétérinaire

Le rythme et l'intensification de la résistance dans les populations bactériennes exposées dépendent de l'ampleur et du schéma d'utilisation des antimicrobiens (Bhat, 2021). L'augmentation de la résistance aux antimicrobiens est souvent attribuée à une utilisation accrue de ces médicaments chez les animaux de compagnie, mettant en évidence la sur-utilisation d'antibiotiques comme principale source de l'émergence et de la propagation de la résistance (Bhat, 2021).

Actuellement, de nombreuses enquêtes sont menées pour surveiller la prévalence et la distribution de la résistance aux antimicrobiens, tenant compte de variables telles que les populations étudiées, la géographie et les méthodes d'analyse (Bhat, 2021). La mauvaise utilisation ou la sur-utilisation des antimicrobiens peut favoriser la transmission de bactéries

résistantes, avec une influence significative provenant de l'environnement et des activités humaines. En outre, l'observation des espèces non pathogènes et de leur potentiel à acquérir des caractéristiques de résistance est considérée comme une stratégie utile pour prédire et éviter l'émergence de souches résistantes à l'avenir (Bhat, 2021).

I.2.2.2. Transmission des bactéries résistantes entre les chats et les humains

Le contact étroit entre les animaux de compagnie et les êtres humains fournit de bonnes conditions pour la transmission de micro-organismes, que ce soit par contact direct (caresses, léchages, blessures physiques , etc.) ou par l'environnement domestique (contamination des aliments, des meubles, etc.) ; Les enfants et les adolescents présentent un risque plus élevé que les adultes en raison de leur contact physique plus proche avec les chats, ainsi qu'avec les environnements domestiques contaminés par les animaux de compagnie (sols, tapis, etc.) (Bhat, 2021).

Les bactéries humaines transmises aux animaux de compagnie peuvent également acquérir des gènes de résistance de la flore commensale des animaux de compagnie et peuvent également être sélectionnées par le traitement antimicrobien de ces animaux domestiques (Bhat, 2021) . Les animaux de compagnie contribuent à la propagation des bactéries résistantes acquises par l'intermédiaire des excréments, augmentant ainsi leur propagation dans la population humaine et dans leur environnement (Bhat, 2021).

Chapitre II. Généralités sur les antibiotiques et la résistance bactérienne

II. 1. Les antibiotiques

II.1. 1. Définition

Les antibiotiques (du grec anti, « contre » et bios, « la vie ») représentent des composés chimiques, qu'ils soient d'origine naturelle et produits par des microorganismes tels que les bactéries ou les champignons, ou qu'ils soient créés par synthèse, imitant ainsi les dérivés d'antibiotiques naturels. Ces substances exercent une action inhibitrice sur la croissance des bactéries, agissant de manière bactériostatique, ou les éliminent de manière ciblée, induisant un effet bactéricide. (Sadikalay, 2018)

II.1.2. Classification des antibiotiques

Les antibiotiques peuvent être classés selon leur cible biologique, sont présentés dans le tableau 1.

Tableau1. Classification des antibiotiques selon leur cible biologique (Munk, 2014).

Cible	Classe d'antibiotique
Synthèse de la paroi cellulaire	Bêta-lactamine
	Glycopeptide
Gyrase / topoisomérase IV	Quinolone
Sous-unité ribosomale 30S / membrane cellulaire	Aminoside
Tunnel de sortie des peptides dans la sous-unité ribosomale 50S	Macrolide
	Lincosamide
Liaison de l'ARNt dans la sous-unité ribosomale 30S	Tétracycline
Centre de la peptidyl transférase dans la sous-unité ribosomale 50S	Oxazolidinone
	Phénicol
Synthèse de la tétrahydrofolate	Sulfamides
	Benzylpyrimidine
ARN polymérase	Rifamycine
Domages généraux à l'ADN	Nitroimidazoles
Membrane cellulaire	Lipopeptide

II.1.3. Modes d'action des antibiotiques

II.1.3.1. Action au niveau de la paroi bactérienne

Certains antibiotiques, tels que les β -lactames (pénicilline, céphalosporines, carbapénèmes) et les glycopeptides (vancomycine), inhibent la synthèse du peptidoglycane, composant essentiel des parois cellulaires bactériennes. Cette inhibition rend les cellules bactériennes vulnérables à la pression osmotique et à l'autolyse, conduisant à une efficacité bactéricide (Uddi *et al.*, 2021).

II.1.3.2. Action au niveau de la membrane

Une petite classe d'antibiotiques tels que les polymyxines (polymyxine B et E) lyse la membrane cellulaire des bactéries. Ce sont des lipophiles de type détergent, qui détruisent la membrane en interférant avec la portion lipopolysaccharidique des bactéries Gram-négatives (Uddi *et al.*, 2021).

II.1.3.3. Action au niveau des processus cytoplasmiques

- La synthèse des protéines : est entravée par l'antibiotique, qui se lie aux ribosomes bactériens. Cela provoque une inhibition du processus de fabrication des protéines (par exemple : tétracyclines, aminosides, phénicolés, macrolides, lincosamides). (Brisson, 2018)

- La synthèse des acides nucléiques : L'antibiotique entrave la synthèse de l'acide folique, un élément essentiel participant à la formation du tétrahydrofolate, qui agit comme cofacteur dans la synthèse des acides aminés et des bases puriques. C'est le cas des sulfamides et triméthoprimes (Brisson, 2018).

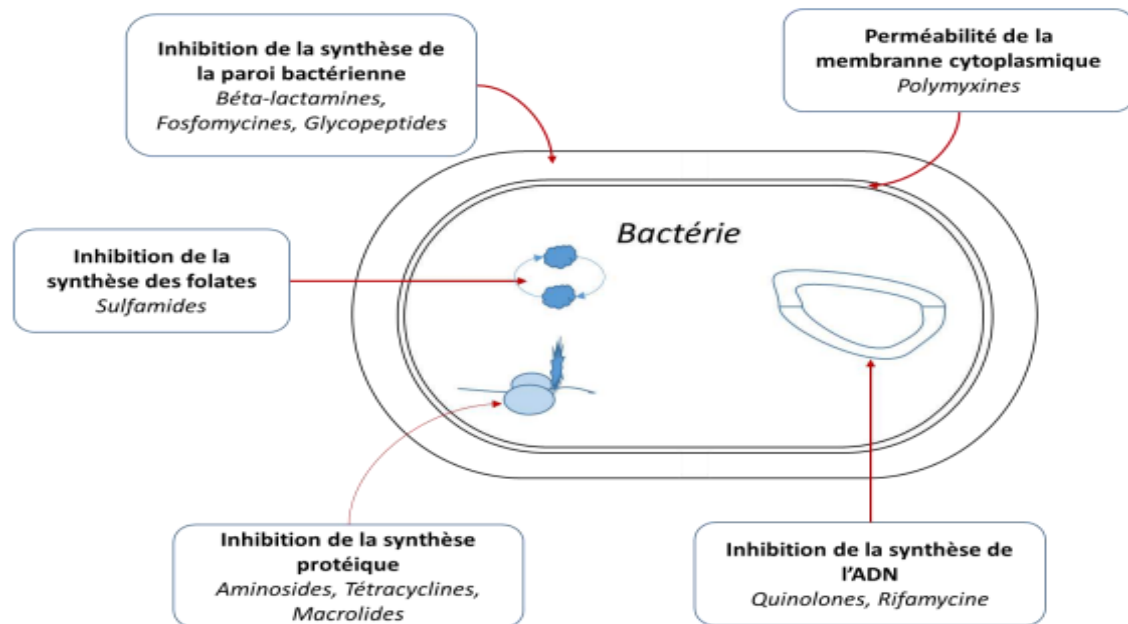


Figure 1. Modes d'action des antibiotiques (Opatowski, 2020).

II.1.4. La résistance aux antibiotiques

L'antibiorésistance ou résistance aux antibiotiques, est définie par « une situation dans laquelle une bactérie est devenue insensible à l'action d'un ou de plusieurs antibiotiques » (Souvignet, 2022).

Du point de vue du clinicien, une souche bactérienne est considérée comme résistante à un antibiotique lorsque le traitement se révèle inefficace (Guillemot *et al.*, 2006).

En bactériologie, l'antibiorésistance caractérise une souche bactérienne dont la croissance n'est pas inhibée au contact d'une concentration d'antibiotique empêchant la multiplication d'une souche sauvage de même espèce (Boireau Bourély, 2019).

Enfin, en épidémiologie, une souche bactérienne est considérée comme résistante à un antibiotique si sa concentration minimale inhibitrice diffère significativement de celles observées dans la population normale (Guillemot *et al.*, 2006).

II.1.4.1. La résistance naturelle

La forme la plus simple de résistance est une absence naturelle de sensibilité, appelée résistance innée. Il s'agit d'une caractéristique constante d'une espèce, d'une souche ou d'un groupe entier de bactéries. Un microorganisme donné est insensible à un antibiotique en raison de sa résistance "innée" à certains groupes d'antibiotiques. Cela peut être lié à l'absence

d'un récepteur pour l'antibiotique, à une faible affinité, à une imperméabilité de la paroi cellulaire ou à la production d'enzymes (Urban-Chmiel *et al.*, 2022).

II.1.4.2. La résistance acquise

A. Mutation chromosomique

La résistance acquise par mutation chromosomique est un phénomène naturel où une seule famille d'antibiotiques est généralement concernée. Les bactéries résistantes sont sélectionnées par l'antibiotique, révélant ainsi la mutation. Cette résistance est transmissible et héritable, avec des mutations entraînant la perte ou la modification de protéines structurales ou enzymatiques. (Sadikalay, 2018)

B. Transfert de matériel génétique exogène

Une bactérie peut intégrer du matériel génétique provenant d'un autre organisme sans en être le descendant, par transfert horizontal de gènes selon trois mécanismes : la transformation, la conjugaison et la transduction. Ce sont des transferts unidirectionnels (Sadikalay, 2018).

II.1.5. Les mécanismes de la résistance

II.1.5.1. Mécanismes enzymatiques

L'une des stratégies bactériennes les plus réussies pour faire face à la présence d'antibiotiques consiste à produire des enzymes qui inactivent le médicament en ajoutant des groupes chimiques spécifiques au composé ou qui détruisent la molécule elle-même, rendant ainsi l'antibiotique incapable d'interagir avec sa cible (Munita et Arias, 2016).

II.1.5.2. Mécanismes non enzymatiques

Les stratégies de modification de quantité d'antibiotiques incluent la diminution de sa pénétration dans la cellule et l'augmentation de son excrétion. (Souvignet, 2022)

A) L'efflux des antibiotiques

Les pompes à efflux sont des mécanismes utilisés par divers organismes pour expulser des métabolites et des substances toxiques, y compris des antibiotiques et d'autres médicaments. Elles sont médiées par des protéines transmembranaires et utilisent de l'énergie.

Ces pompes sont classées en fonction de leur spécificité de substrats et de la source d'énergie utilisée. Certaines sont spécialisées, appelées pompes de résistance spécifique aux médicaments, tandis que d'autres agissent sur un large éventail de molécules, connues sous le nom de pompes de résistance à plusieurs médicaments (BMR). (Munita et Arias, 2016)

B) La réduction de la perméabilité membranaire

Les antibiotiques pénètrent principalement dans la cellule par le biais de porines, de petites protéines spécifiques formant des canaux. Certaines bactéries ont la capacité de réduire l'expression de ces porines, limitant ainsi les opportunités pour l'antibiotique d'entrer dans la cellule et d'exercer son effet. Cependant, ce mécanisme n'est pas le plus efficace, car une concentration plus élevée d'antibiotiques peut compenser la diminution de la perméabilité de la membrane. (Souvignet, 2022)

C) Modification de la cible de l'antibiotique

La cible de l'antibiotique peut être structurellement modifiée ou remplacée (Muylaert et Mainil, 2012) pour empêcher la fixation de l'antibiotique tout en conservant la fonction cellulaire de la cible (Berthe, 2008).

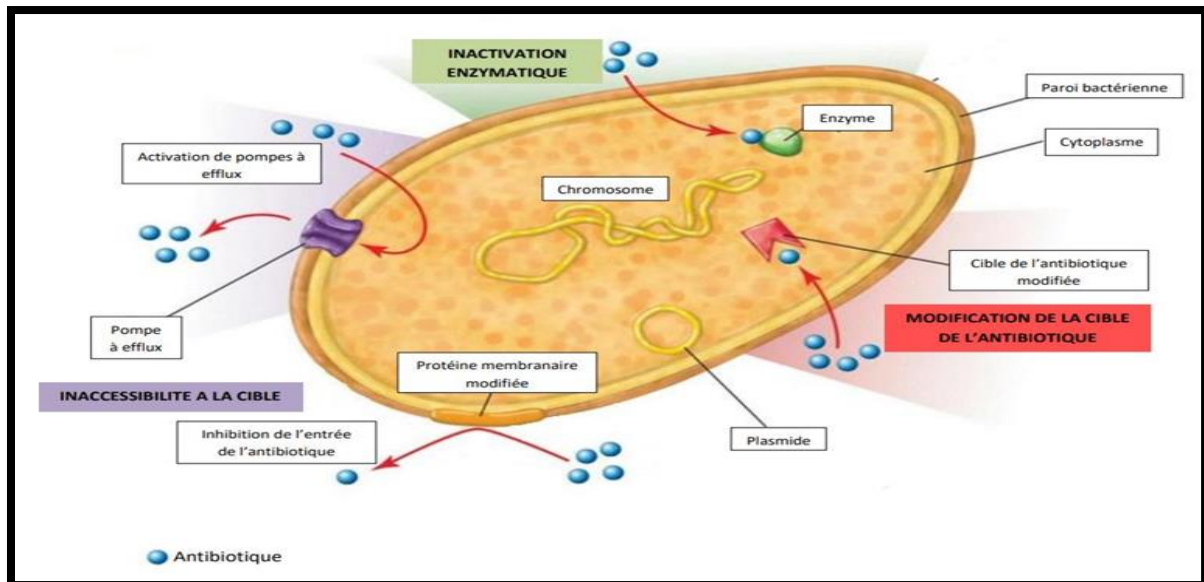


Figure 2 . Mécanismes de résistance aux antibiotiques (Souvignet, 2022).

II.1.6. La résistance des bactéries à Gram-négatif aux antibiotiques

La membrane externe des bactéries Gram-négatives constitue la principale cause de leur résistance à une large variété d'antibiotiques, comprenant les β -lactames, les quinolones, les colistines, et autres. Les antibiotiques doivent généralement traverser cette membrane pour

atteindre leurs cibles, certains via des canaux de diffusion pour les médicaments hydrophobes, tandis que d'autres, comme les β -lactames, utilisent les porines pour les antibiotiques hydrophiles. Cependant, des modifications de la membrane, telles que des altérations hydrophobes ou des mutations dans les porines, peuvent engendrer une résistance. Contrairement aux bactéries Gram-négatives, les Gram-positives ne possèdent pas cette barrière, les rendant moins résistantes. Par ailleurs, la résistance aux antimicrobiens chez les BGN est due à l'expression d'enzymes inactivant les antibiotiques et à des voies non enzymatiques, souvent liées à des mutations génétiques ou au transfert d'éléments génétiques porteurs de gènes de résistance. (Breijyeh *et al.*, 2020)

Partie II. Analyse des articles

Chapitre III.

Matériel et méthodes

III.1. Choix des données

Des articles scientifiques pertinents sur l'antibiorésistance des bactéries isolées à partir des chats sont été téléchargés à partir de divers sites Web tels que Google Scholar, des sites scientifiques, Scopus, Pub Med, Web of Science, Elsevier, ainsi que Science Direct, et ont été examinées en détail.

Un total de 16 articles scientifiques a été sélectionnés pour faire notre analyse dont on cite :(Yousfi *et al.*, 2016 ; Yousfi *et al.*, 2018; Iseppi *et al.*, 2020 ;Wei *et al.*, 2020 ; Elnageh *et al.*, 2021 ; Nittayasut *et al.*, 2021 ; Lin *et al.*, 2022 ; Teng *et al.*,2022 ; Zhang *et al.*,2022 ;Zhou *et al.*, 2022 ; Buranasinsup *et al.*, 2023 ; Cheung et Chan., 2023 ; Das *et al.*, 2023 ; Habib *et al.*, 2023 ; Ju *et al.*, 2023 ; Yeleussizova *et al.*, 2023).

III.2. Sélection des chats étudiés

Le nombre de chats étudiés à partir de différentes zones de collecte et les conditions de sélection varient d'une étude à l'autre (**Tab2**).

Tableau2. Les conditions et la zone de sélection des chats.

Etude	N°des chats	Les conditions	Zone d'étude	Pays	Période
Yousfi <i>et al.</i> (2016)	69	Les animaux ne présentaient aucun symptôme clinique et étaient admis pour un examen physique de routine.	Une clinique vétérinaire privée	Algérie	novembre 2014 et mars 2015
Yousfi <i>et al.</i> (2018)	49	Les chats présentaient différents types d'infections	Un cabinet vétérinaire -des animaleries et des fermes de Bejaïa, Jijel, Bouïra, Blida.	Algérie	NE
Iseppi <i>et al.</i> (2020)	25	Chats sans antibiothérapie d'au moins trois mois avant l'étude.	NE	Italie	2017
Elnageh <i>et al.</i> (2021)	NE	Les chats malades présentaient des symptômes gastro-intestinaux, tandis que les chats en bonne santé, sans antibiothérapie depuis trois mois, ont été inclus depuis leurs foyers.	Trois cliniques vétérinaires locales	Libye	mars à décembre 2018.
Nittayasut <i>et al.</i> (2021)	NE	NE	Laboratoire Vétérinaire de la Faculté des Sciences Vétérinaires	Thaïlande	2016 - 2018
Lin <i>et al.</i> (2022)	93	Les chats énergiques. Sans aucune maladie respiratoire ou gastro-intestinale ni fièvre ni antibiothérapie au cours des trois derniers mois.	Quatre cafés à thème de chat dans différentes régions de Guangzhou.	Chine	2022
Teng <i>et al.</i> (2022)	54	NE	L'Hôpital vétérinaire de l'Université de Zhejiang	Chine	Mars-décembre 2018.

Zhang <i>et al.</i> (2022)	665	Les chats passant à l'hôpital vétérinaire pour la première fois, ou ceux n'ayant pas une antibiothérapie d'au moins 2 mois.	Les hôpitaux vétérinaires étaient répartis dans 26 régions.	Chine	novembre 2017 à octobre 2019
Zhou <i>et al.</i> , (2022)	119	NE	Des hôpitaux vétérinaires Changchun,	Chine	2021
Buranasin <i>-sup et al.</i> (2023)	328	Des chats en bonne santé, et des chats présentant des lésions cutanées et auriculaires infectieuses	cliniques et hôpitaux vétérinaires de cinq provinces.	Thaïlande	juin 2020/ mai 2021
Cheung <i>et Chan</i> (2023)	22	Les chats en bonne santé, sans antibiothérapie d'au moins 2 semaines.	Des cliniques vétérinaires	Hongkong	NE
Das <i>et al.</i> (2023)	NE	Des chats ayant visité des cliniques pour des examens de routine, vaccinations ou complications de santé.	Des cliniques vétérinaires de Dhaka et de Mymensingh	Bangladesh	NE
Habib <i>et al.</i> (2023)	122	Les chats habitaient aux Émirats arabes unis depuis au moins un an, sans signes cliniques de maladies infectieuses	Cinq cliniques vétérinaires des Émirats d'Abou Dhabi et de Dubaï.	Émirats arabes unis	Mars 2018 à mai 2019
Wei <i>et al.</i> (2020)	113	Des données ont été collectées sur l'âge du chat, son sexe, ses signes cliniques et les traitements antimicrobiens administrés	Sept cliniques vétérinaires à Xuzhou, province du Jiangsu	Chine	septembre à novembre 2019
Ju <i>et al.</i> (2023)	103		16 hôpitaux vétérinaires en chaîne à Shenzhen	Chine	Janvier 2021 à juin 2022
Yelessiz <i>ova et al.</i> (2023)	582		Des cliniques vétérinaires de Kostanay	Kazakhstan	2023

NE : non enregistré / N° : Nombre

III.3. Échantillonnage

Différents échantillons, provenant notamment de chats sains et malades, ont été collectés pour chaque étude, en utilisant différentes méthodes de prélèvement.

Selon Yousfi *et al.* (2016) ainsi que Yousfi *et al.* (2018), Das *et al.* (2023) et Habib *et al.* (2023) ont toutes impliqué la collecte d'échantillons rectaux, dont chacun d'eux a sa méthode. Dans la seconde étude de Yousfi *et al.* (2018), les écouvillons ont été transportés à 4°C et analysés dans les 4 heures suivant la collecte.

Quant à Das *et al.* (2023), ils ont obtenu 210 écouvillons rectaux en utilisant des écouvillons stériles. Après l'échantillonnage, ces écouvillons ont été immergés dans un bouillon nutritif stérile et transportés immédiatement au laboratoire pour analyse. En revanche les échantillons de Habib *et al.* (2023) ont été conservés à 4 °C dans un milieu de transport Amies Agar Gel Transport Swab, puis transportés dans une boîte réfrigérée au laboratoire pour analyse ultérieure.

Dans l'étude menée par Buranasinsup *et al.* (2023), des prélèvements d'écouvillons rectaux ont été effectués sur des chats en bonne santé, tandis que des écouvillons cutanés et auriculaires ont été obtenus sur des chats présentant des lésions cutanées et auriculaires infectieuses ; Ces échantillons ont ensuite été stockés à une température de 4 °C et transportés au laboratoire dans un délai de 72 heures après la collecte.

(Iseppi *et al.*, 2020), (Wei *et al.*, 2020), (Elnageh *et al.*, 2021), ainsi que (Teng *et al.*, 2022), (Zhou *et al.*, 2022), et (Ju *et al.*, 2023), ont collecté des échantillons fécaux, chacun selon sa propre méthode.

Wei *et al.* (2020) ont conservé les échantillons dans des tubes de prélèvement à une température de 4°C, puis les ont transportés dans une glacière jusqu'au laboratoire pour être analysés dans les 6 heures suivantes. En revanche, selon Elnageh *et al.* (2021), les échantillons frais ont été directement prélevés dans le rectum de chaque animal à l'aide d'un écouvillon à embout en coton, en le faisant tourner à l'intérieur du rectum. Pour Zhou *et al.* (2022), les échantillons ont été déposés dans une enceinte réfrigérée et expédiés au laboratoire accompagné de blocs réfrigérants pour des analyses dans les 24 heures suivantes. Quant aux 103 échantillons de Ju *et al.* (2023), ils ont été collectés dans un tube fileté de 5 ml contenant

un milieu d'infusion de cerveau et de cœur avec 20 % de glycérine, puis transférés au laboratoire à 4 °C dans les 4 heures suivant le prélèvement.

D'après, Nittayasut *et al.* (2021) ont collecté des échantillons d'urine associés à des infections urinaires, des échantillons d'infections du site chirurgical, des échantillons de cavité abdominale ou de liquide, des échantillons de tractus gastro-intestinal, des échantillons d'organes reproducteurs, des échantillons d'otite, des échantillons de narines, ainsi que d'autres échantillons.

D'autre part, Lin *et al.* (2022) ont utilisé des écouvillons stériles pour prélever des échantillons des amygdales et des cavités buccales. En revanche, Cheung et Chan (2023) ont effectué deux prélèvements sur chaque animal à l'aide d'un applicateur stérile muni d'un embout en coton. En réalisant des mouvements circulaires avec l'embout sur la surface du plancher de la cavité buccale, entre le larynx et les dents mandibulaires, les échantillons ont ensuite été transportés dans un milieu de transport Amies.

Dans l'étude de Zhang *et al.* (2022), une variété d'échantillons a été collectée, notamment de l'urine, des abcès, de la peau, des prélèvements auriculaires, des prélèvements nasaux, du liquide cœlomique, des prélèvements de gorge, des infections chirurgicales, des lavages trachéaux, du pyomètre, des prélèvements buccaux, du sang, des prélèvements vaginaux, des sécrétions oculaires, ainsi que d'autres échantillons contenant des prélèvements anaux, du liquide prostatique, du liquide synovial, des prélèvements de prépuce, du liquide céphalorachidien et de la bile.

Cependant, dans l'étude de Yeleussizova *et al.* (2023), des échantillons de la surface des plaies ainsi que des prélèvements rectaux, oronasaux ou vaginaux ont été réalisés en utilisant des écouvillons stériles secs.

III.4. Préparation de la suspension bactérienne

D'après Elnageh *et al.* (2021), les échantillons fécaux de chats ont été initialement mélangés dans une solution de 10 ml de bouillon cœur-cerveau contenant 5% de glycérol et homogénéisés à l'aide d'un vortex.

D'autre part, Zhou *et al.* (2022) ont indiqué que chaque échantillon de selles a été placé dans un tube centrifuge de 4 ml, auquel 2 ml de solution physiologique ont été ajoutés.

Dans le cas de Habib *et al.* (2023), l'isolement des bactéries a été réalisé en suspendant des écouvillons rectaux de chats par vortex pendant 30 secondes dans 5 ml d'eau peptone tamponnée.

III.5. Isolement

III.5.1. Enrichissement

Une étape d'enrichissement a été utilisée par la majorité d'études. (Tab 3)

Tableau3. Les milieux d'enrichissement.

Milieu	Incubation	Etude
Bouillon nutritif supplémenté de 1mg/ml de céfotaxime vise à favoriser la croissance sélective des bactéries résistantes à la ceftazidime.	37°C pendant 18 heures	Yousfi <i>et al.</i> (2016)
Bouillon nutritif	37°C pendant 24 heures	Yousfi <i>et al.</i> (2018)
	35°C pendant 24 heures	Lin <i>et al.</i> (2022)
Bouillon de soja tryptique supplémenté de 2 mg/L de céfotaxime (Sélectif pour les Entérobactéries BLSE)	NE	Iseppi <i>et al.</i> (2020)
Bouillon peptone tamponné	37°C pendant 16 à 24 heures	Wei <i>et al.</i> (2020)
	37°C pendant 18 à 20 heures	Teng <i>et al.</i> (2022)
	37°C pendant 48 heures	Elnageh <i>et al.</i> (2021)
Bouillon de cœur-cerveau (culture sélective de <i>Klebsiella pneumoniae</i>)	37°C pendant 12 heures	Zhang <i>et al.</i> (2022)
Bouillon de Preston modifié avec de la vancomycine du triméthoprime et de l'amphotéricine B (culture sélective de <i>Campylobacter</i>)	37°C pendant 24 heures	Ju <i>et al.</i> (2023)

NE : non enregistrée

Dans les études Das *et al.* (2023) et Yeleussizova *et al.* (2023), une étape d'enrichissement a été réalisée, mais ni le bouillon d'enrichissement ni la période d'incubation n'ont été mentionnées.

Les études restantes n'ont pas fait référence à l'étape d'enrichissement.

III.5.2. Mise en culture

La mise en culture des échantillons et de suspensions, a été réalisée sur différents milieux solides, en fonction des espèces bactériennes recherchées (**Tab4**).

Tableau4. Les milieux de culture utilisés.

Milieu	Les bactéries recherché	Incubation	Etude
Agar nutritive	/	37 °C - 24 H	Elnageh <i>et al.</i> (2021)
Agar MacConkey	Sélectif pour les bactéries à Gram négatif	37°C - 24 H	Buranasinsup <i>et al.</i> (2023)
		37°C- 18 H	Zhou <i>et al.</i> (2022)
Agar MacConkey contenant de la céfotaxime et de la vancomycine.		37°C - 24 H.	Yousfi <i>et al.</i> (2016) ; Iseppi <i>et al.</i> (2020)
Agar MacConkey (Fluka) contenant de l'ertapénème (0,5 mg/L)	Sélectif pour les bactéries résistantes aux carbapénèmes	37°C - 24 H	Yousfi <i>et al.</i> (2018)
Agar MacConkey inusité adonitol stérile contenant 100 mg/L carbenicilline	Sélectif pour des bactéries résistantes à la carbenicilline.	37 °C – 18H	Zhang <i>et al.</i> (2022)
Agar chocolat	bactéries fastidieuses telles que <i>Neisseria</i>	37°C–18-24 H	Cheung et Chan (2023)
Agar sang	bactéries exigeantes	48 H.	Cheung et Chan.(2023)
		18 H	Lin <i>et al.</i> (2022)

TBX (tryptone bile x-glucuronide) contenant un supplément d'agar BLSE (d'agar Bile Lactose Sulfite Esculine)	Sélectif pour les bactéries productrices de β -glucuronidase	37°C - 48 H	Habib <i>et al.</i> (2023)
Agar Karmali et Columbia	Agar Karmali sélectif pour <i>Campylobacter</i>	37°C - 24 H	Ju <i>et al.</i> (2023)
Chromogène non sélectif, le CHROM agar Orientation	/	37°C-18 à 20H	Yeleussizova <i>et al.</i> (2023)
Milieu semi-solide modifié Rappaport Vassiliadis (MSRV)	Sélectif pour <i>Salmonella</i>	42°C - 24 H	Wei <i>et al.</i> (2020)
Agar sélectives xylose lysine tergite 4 (XLT4).			
Des pentes de fer triple sucre (TSI).	/	37°C- 24H	
Agar à la lysine décarboxylase.	La différenciation des espèces des <i>Enterobacteriaceae</i>		
Agar de xylose lysine désoxycholate (XLD).	la différenciation de <i>Salmonella</i>	37 °C-18 à 20 H	Teng <i>et al.</i> (2022)
		37 °C-24 H	Elnageh <i>et al.</i> (2021)
Agar Eosine-bleu de méthylène.	la différenciation des entérobactéries, en particulier <i>E. coli</i>	37°C-18H	Das <i>et al.</i> (2023)

Dans l'étude de Yousfi *et al.* (2016), les cultures ont étéensemencées en étalant 100 μ l des suspensions sur des boites de Pétri d'agar MacConkey contenant de la céfotaxime (1 mg/ml) et de la vancomycine (16 mg/ml) pour inhiber les bactéries Gram positives, puis incubées à 37°C pendant 24 heures.

D'après Yousfi *et al.* (2018), 100 µL du bouillon ont étéensemencés sur de l'agar MacConkey (Fluka) contenant de l'ertapénème (0,5 mg/L) et incubés à 37°C pendant 24 heures. Après incubation, deux à cinq colonies ont étéensemencées sur gélose MacConkey pour la purification des isolats d'Entérobactéries.

Pour Iseppi *et al.* (2020), les échantillons ont étéensemencés sur de l'agar MacConkey pour l'isolement des *Enterobacteriaceae*, puis incubés à 37 °C pendant 24 h.

Dans le cas de Wei *et al.* (2020), 800 µL de bouillon ont étéensemencés dans 15 ml de milieu semi-solide modifié Rappaport-Vassiliadis (MSRV) à 42°C pendant 24 heures. Par la suite, des boucles de cultures MSRV ont étéensemencées sur des boîtes de Pétri d'agar sélectives xylose lysine tergite 4 (XLT4) et incubées pendant 24 heures à 37°C, Les isolats présumés de *Salmonella* ont été sélectionnés sur chaque boîtes de Pétri d'agar, puisensemencés dans des pentes de fer triple sucre (TSI) et d'agar à la lysine décarboxylase et incubés pendant 24 heures à 37°C.

A l'étude d'Elnageh *et al.* (2021), Une boucle de chaque bouillon BPW (Eau Peptonée Tamponnée) a été étalée sur de l'agar Xylose Lysine Décarboxylase (XLD) et incubée à 37 °C pendant 24 heures. Les boîtes de Pétri d'agar ont ensuite été examinées à la recherche de colonies présumées de *Salmonella*, et une seule colonie typique de chaque boîte de Pétri a été transférée sur un agar nutritif et incubée à 37 °C pendant 24 heures.

D'autre part, selon Teng *et al.* (2022), La culture enrichie a été transférée sur un agar semi-solide modifié Rappaport-Vassiliadis (MSRV) et incubée à 42 °C pendant 24 heures. Ensuite, les colonies positives sur l'agar MSRV ont étéensemencées sur des boîtes de Pétri d'agar de xylose lysine désoxycholate (XLD) et incubées pendant encore 18 à 20 heures à 37 °C pour isoler *Salmonella*.

Dans l'étude menée par Zhang *et al.* (2022), les échantillons collectés ont été inoculés uniformément sur un agar MacConkey inusité adonitol stérile contenant 100 mg/L de carbenicilline, puis incubés à 37°C pendant la nuit. Les clones avec un centre rouge ont été inoculés dans un volume de 1 ml de milieu de bouillon cœur-cerveau et cultivés pendant 12 heures à 37°C sous agitation (200 tours/minute).

Chez Habib *et al.* (2023), 100 µL de la suspension ont étéensemencés directement sur un milieu TBX (tryptone bile x-glucuronide) contenant un supplément d'agar BLSE pour faciliter

la récupération ciblée d'*E. coli* résistant aux BLSE. Les boîtes de Pétri ont été incubées pendant 48 h à 37 °C. Les colonies bien isolées des boîtes de Pétri positives ont été réensemencées pour purification, puis stockées dans du bouillon trypticase de soja additionné de 50 % de glycérol à -80 °C.

Cependant Cheung et Chan (2023) ont ensemencé L'écouvillon oral sur un milieu agar chocolat et deux milieux agar sang en utilisant la méthode de l'étalage. Un des écouvillons cultivés dans le milieu agar sang et l'écouvillon cultivé dans le milieu agar chocolat ont été incubés pendant 18 à 24 heures à 37°C dans un environnement riche en CO₂.

D'après Ju *et al.* (2023), Environ 300 µl du milieu d'enrichissement ont été déposés à la surface d'un filtre en membrane de cellulose de 0,45 µm provenant du kits commerciaux d'isolement de *Campylobacter*, qui a été collé sur des boîtes de Pétri d'agar Karmali et Columbia ; Après incubation pendant 24 heures à 37°C dans un environnement microaérobie, au moins quatre petites colonies rondes et blanchâtres de 2 mm de diamètre de *Campylobacter* ont été semées sur des boîtes de Pétri au sang pour obtenir une culture pure.

(Nittayasut *et al.*, 2021) n'ont pas mentionné leur méthode d'isolement.

III.6. Identification

III.6.1. Examen microscopique

L'identification des isolats suspects a été débutée par l'examen microscopique pour (Elnageh *et al.*, 2021).

La coloration de Gram a été utilisée dans certaines études (Iseppi *et al.*, 2020 ; Buranasinsup *et al.*, 2023 ; Das *et al.*, 2023 ; Yeleussizova *et al.*, 2023).

En revanche, les autres études n'ont pas cité l'examen microscopique.

III.6.2. Examen macroscopique

Pour le but de déterminer les caractères culturels des colonies comme l'aspect et la morphologie, une observation macroscopique a été adoptée dans certaines études (Iseppi *et al.*, 2020 ; Cheung et Chan., 2023 ; Das *et al.*, 2023 ; Habib *et al.*, 2023 ; Yeleussizova *et al.*, 2023).

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

III.6.3. Identification biochimique

Par la suite des analyses et des observations microscopiques et macroscopiques menées, des tests biochimiques ont été entrepris afin de confirmer et d'identifier l'espèce des échantillons isolés.

Chacune des études (Iseppi *et al.*, 2020 ; Wei *et al.*, 2020 ; Elnageh *et al.*, 2021) a utilisé le système API 20E pour confirmer l'identification biochimique.

Les tests biochimiques (catalase, indole, rouge méthyle, Vogues-Proskauer) ont été réalisés par Iseppi *et al.* (2020) et Das *et al.* (2023) et Yeleussizova *et al.* (2023).

Le test de fermentation des sucres est utilisé dans chacune des études de Das *et al.* (2023) (saccharose, maltose, lactose, mannitol, dextrose) et de Yeleussizova *et al.* (2023) (lactose, glucose). Ces derniers ont étudié la capacité à former du gaz et du sulfure d'hydrogène.

D'après les études de Buranasinsup *et al.* (2023) et Wei *et al.* (2020), des tests biochimiques bactériens conventionnels ont été utilisés, notamment l'agar triple sucre de fer, l'agar décarboxylase de l'ornithine/motilité/indole et le test de citrate pour la première étude, ainsi que de lysine pour la deuxième étude. Par ailleurs, Iseppi *et al.* (2020) ont réalisé le test de citrate et le test de l'uréase.

Pour le reste des études, ils n'ont pas mentionné leurs méthodes d'identification biochimique.

III.6.4. Autres méthodes d'identification

Le système automatisé Vitek® a été utilisé pour la confirmation et l'identification des isolats dans les études menées par Iseppi *et al.* (2020) et Nittayasut *et al.* (2021).

La spectrométrie de masse par temps de vol assistée par désorption/ionisation assistée par matrice (MALDI-TOF/MS) a été utilisée dans certains des études, notamment celles de Yousfi *et al.* (2016), Yousfi *et al.* (2018), Nittayasut *et al.* (2021), Lin *et al.* (2022), Teng *et al.* (2022), Cheung et Chan (2023), ainsi que dans celle de Ju *et al.* (2023).

D'après les études de Wei *et al.* (2020) et d'Elnageh *et al.* (2021), une méthode de sérotypage a été utilisée pour confirmer les souches selon le schéma de Kaufmann-White.

Tandis que dans l'étude de Teng *et al.* (2022), le sérotypage *in silico* a été réalisé à l'aide de SISTR v1.0.2.

Cependant, Iseppi *et al.* (2020), Wei *et al.* (2020), Zhang *et al.* (2022) et Zhou *et al.* (2022) ont utilisé la réaction de polymérisation en chaîne (PCR).

III.7. Étude de la résistance aux antibiotiques

D'après les 16 études sélectionnées, la détection de la résistance des isolats aux antibiotiques, a été effectuée par différentes méthodes, citées dans (**Tab5**).

Tableau5 . Les méthodes et les antibiotiques utilisés dans chaque étude.

Etude	La méthode	Les antibiotiques
Yousfi <i>et al.</i> (2016)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines (TIC, TZA, AMC, PIP, TZP,FOX, CTX, CAZ, FEP,ATM,IPM, ERT),Fluoroquinolones (NAL, CIP),Tétracyclines (TE),Aminoglycosides(AMK, TOB, GEN), Phénicoles (C), Sulfamides (SUL, TMP, SXT),Fosfomycines (FOS)
Yousfi <i>et al.</i> (2018)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines (AMC, TIC, TZP , CTX, CAZ, FEP , ETP, IPM), Fluoroquinolones (FQs), Aminoglycosides (AMG) , Sulfamides (TMP)
Iseppi <i>et al.</i> (2020)	CMI la méthode de micro dilution en milieu liquide	Bêta-lactamines (AMP, AMC, CTX , CAZ , FEP, IPM, MEM, CIP) , Fluoroquinolones (CIP) , Tétracyclines (TE)
Wei <i>et al.</i> (2020)	La méthode de diffusion	Beta-lactamines(AMC, AMP , CZO, CRO, ATM, MEM), Aminoglycosides(AMK, STR, GEN), Fluoroquinolones (CIP, NOR, NAL),Tétracyclines (TET),Sulfamides (SXT) ,Phénicoles (CHL),

	de disque	Macrolides (AZM)
Elnageh <i>et al.</i> (2021)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines(AMP,AMC,CTX,CAZ),Aminoglycosides(GEN),Tétracyclines(TE),Fluoroquinolones(CIP),Macrolides(AZM),Sulfamides(SXT),Phénicoles(C)
Nittayasut <i>et al.</i> (2021)	CMI la méthode de micro dilution en milieu liquide	Bêta-lactamines(AMP, AMC,CFZ, CFC, CFT, CPD, CTX, FOX,MEM),Fluoroquinolones(ENR,MRB,CIP,NAL),Aminoglycosides (GEN, AMK), Macrolides (AZM),Tétracyclines (TE, DO), Sulfamides (SMX, TMP,SXT),Phénicoles(C), Nitrofurannes(NIT)
Lin <i>et al.</i> (2022)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines(AMC,AMP,PEN,CRO),Fluoroquinolones(MXF,LVX),Tétracyclines(TE, DO),Macrolides(ERY,AZM), Phénicoles (C),Sulfamides (SXT)
Teng <i>et al.</i> (2022)	CMI la méthode de micro dilution en milieu liquide	Bêta-lactamines (AMP, AMC,CF,CRO,FOX),Aminoglycosides (KAN, GEN,STR),Phénicoles(CHL)Tétracyclines(TET),Macrolides(AZM),Sulfamides (SXT),Fluoroquinolones (NAL,CIP)
Zhang <i>et al.</i> (2022)	CMI la méthode de micro dilution en milieu liquide	Bêta-lactamines (AMC,TZP,CZA,MEM, IPM,ATM),Fluoroquinolones (CIP,ENR),Aminoglycosides(GEN,AMK),Sulfamides (SXT)

Zhou <i>et al.</i> (2022)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines(AMP,CAZ,CTX,CRO,MEM),Aminoglycosides(AMK,GEN),Sulfamides(SXT),Phénicoles(C), Tétracyclines (TE)
	CMI la méthode de micro dilution en milieu liquide	Polypeptides (COL)
	Le système automatisé BD Phoenix-100™	Bêta-lactamines(AMP,PIP,AMC,IPM,MEM,CFZ,CAZ,CTX,ATM),Aminoglycosides(AMK,GEN),Sulfamides(SXT),Tétracycline (TE)
Buranasinsup <i>et al.</i> (2023)	CMI	Bêta-lactamines(AM, AMC, TZP,LEX, KF, CPD, CAZ,IPM, MRB, OR),Aminoglycosides(AMK,GEN),Fluoroquinolones(ENR),Macrolides (CVC,CPD),Phénicoles(C),Sulfamides(SXT),Tétracyclines(DO,TE), Polymyxines (PRF)
Cheung et Chan (2023)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines (AMP, P,CRO, CTX, FOX),Fluoroquinolones (CIP), Phénicoles (C) , Tétracyclines(TE), Macrolides (E) ,Sulfamides (SXT)
Das <i>et al.</i> (2023)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines (AMP,CXM, CTX, CFM,IPM), Fluoroquinolones (NOR, CIP),Macrolides (E, AZM),Aminoglycosides(CN),Phénicoles (C, FFC)

Habib <i>et al.</i> (2023)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines (AMP, CTX, CRO, FOX, FEP, IPM), Fluoroquinolones (CIP) , Aminoglycosides (CN),Tétracyclines (TE),Macrolides (AZM),Sulfamides (SXT),Phénicoles (C)
Ju <i>et al.</i> (2023)	CMI	Macrolides (ERY, AZM, TEL),Fluoroquinolones (CIP, NAL), Tétracyclines (TE),Phénicoles (CHL, FFC) ,Aminoglycosides (GEN, STR),Lincosamides (CL)
Yeleussizova <i>et al.</i> (2023)	La méthode de diffusion de disque	Bêta-lactamines (AMC, AMP,CPZ, CPD, FOX,MEM), Aminoglycosides (STR, KAN, GEN),Lincosamides (L) ,Tétracyclines (TE, DO),Fluoroquinolones (ENR, CIP, NOR, OFL, GEM, NAL) , Sulfamides(SXT) , Nitrofurannes (FUR, FU)

NE: non enregistrée

AM:Amoxicilline;**AMC** :Amoxicilline-acideclavulanique ; **AMG:** Aminoglycosides ; **AMK:** Amikacine ;**AMP** :Ampicilline ;**AMS:** Amoxicilline/Sulbactam ;**ATM** : Aztréonam ;**AZM** :Azithromycine ;**C/CFT:**Ceftiofur;**CAZ:**Ceftazidime;**CF:**Céfalexine;**CFC/CFM/CX M:**Céfuroxime ;**CFZ/CZO:**Cefazoline;**CHL/CL/C*:**Chloramphénicol;**CIP/CPZ:**Ciprofloxacine ; **COL:** Colistine ; **CPD:** Cépodoxime ; **CRO** : Céftriaxone ; **CTX:** Céfotaxime; **CVC:** Céfuroximeaxétil ;**CZA:** Ceftazidime avibactam ; **DO/DOX** :Doxycycline ; **ENR:** Enrofloxacin ; **ERT/ETP** : Ertapénème ;**ERY/E** : Erythromycine ; **FEP** : Céfépime ;**FFC:** Florfenil ;**FOS:** Fosfomycine ;**FOX:** Céfoxitine ;**FQs:** Fluoroquinolones ; **FUD:** Fucidine ; **FUR:** Furadantine ;**GEN/CN:** Gentamicine ;**IPM:** Imipénème ; **KAN/KF:** Kanamycine ;**L:** Lincomycine ;**LEX/LVX:** Lévofloxacine ; **MEM:** Méropénème ; **MRB:** Marbofloxacine ; **MXF:** Moxifloxacine ;**NAL** : Nalidixique ; **NIT** : Nitrofurantoïne ;**NOR:** Norfloxacine ;**OFL:** Ofloxacine ;**OP:** Oxacilline ;**PEN /P:** Pénicilline ;**PIP** : Pipéracilline ;**PRF:** Pristinamycine ;**SMX:** Sulfaméthoxazole ;**STR:** Streptomycine ;**SUL:** Sulfamides ; **SXT:** Triméthoprime/Sulfaméthoxazole ;**SXT*:** Cotrimoxazole ;**TCC** : Ticarcilline acide clavulanique ; **TE/TET/TEL:** Tétracycline ;**TIC:** Ticarcilline ;**TMP** : Triméthoprime ; **TOB** : Tobramycine ; **TZA:** Tazobactam ;**TZP:** Pipéracilline-tazobactam.

Dans la majorité des études, le test de sensibilité aux antibiotiques a été réalisé en utilisant le milieu de culture Müller-Hinton.

D'après l'étude d'Elnageh *et al.* (2021), les isolats qui ont présenté une résistance à l'ampicilline lors du test de diffusion sur disque ont été ensuite soumis à un test à l'aide de disques d'imipenème, afin d'évaluer initialement la production de carbapénémases.

Les souches bactériennes présentant des phénotypes de résistance à plusieurs médicaments (≥ 3 classes d'antibiotiques), incluant la Ciprofloxacine, l'ampicilline et l'imipenème, ont été ensuite évaluées par une méthode de dilution pour déterminer leur gamme de concentrations minimales inhibitrices (CMI).

Selon Teng *et al.* (2022), l'essai de concentration minimale inhibitrice (CMI) a été réalisé dans des conditions aérobies et anaérobies.

Pour l'étude de Zhou *et al.* (2022), l'antibiogramme des isolats d'*E. coli* en 2013 a été réalisé en utilisant la méthode de diffusion sur disque, tandis que les CMI des souches suspectées de résistance à la colistine ont été évaluées par la méthode de micro dilution en bouillon.

Le système automatisé BD Phoenix-100™ a été utilisé pour retester les souches d'*E. Coli* productrices de BLSE de 2012 à 2013 sans mentionner les antibiotiques, ainsi que pour identifier les phénotypes de résistance d'*E. coli* isolés entre 2015 et 2021.

III.8. Etude phénotypique des mécanismes de résistance

Dans les études de Yousfi *et al.* (2016), Nittayasut *et al.* (2021), Zhou *et al.* (2022), Cheung et Chan (2023), Das *et al.* (2023), et Habib *et al.* (2023), la production de BLSE a été évaluée par des tests de disques combinés.

D'autre part, selon Yousfi *et al.* (2018), la production de carbapénémases a été détectée en utilisant le test de Hodge modifié, le test Carba NP modifié, et l'inhibition par l'acide éthylène diamine tétra-acétique (EDTA).

Chapitre IV.

Résultats et discussion

IV.1. Isolement

Selon les études, un large éventail de bactéries Gram négatives a été isolé à partir de divers échantillons collectés et cultivés dans différents milieux de culture. La figure 3 illustre le pourcentage de ces bactéries.

Premièrement, la variabilité des pourcentages d'isolement observée entre les différentes études met en évidence la complexité de la microbiologie féline. Certaines études ont rapporté des pourcentages relativement faibles d'isolement, comme c'est le cas pour Yousfi *et al.* (2016) et Yousfi *et al.* (2018), Wei *et al.* (2020), Nittayasut *et al.* (2021), Teng *et al.* (2022) et Zhang *et al.* (2022). Les pourcentages les plus faibles ont été observés chez Wei *et al.* (2020) avec 1,77 % et Zhang *et al.* (2022) avec 2,4 %.

D'autres études ont observé des pourcentages beaucoup plus élevés, suggérant une prévalence significative de ces bactéries chez les chats. Ainsi, Zhou *et al.* (2022) ont rapporté environ 59,66 % d'isolement. De même, Cheung et Chan (2023) ont isolé 65 % de bactéries Gram négatives.

Cependant, certaines études ont obtenu des pourcentages avec un intervalle moyen de bactéries Gram-négatives, entre 40 % et 50 %. Dont on cite 42,30 % dans l'étude d'Iseppi *et al.* (2020), 48,38 % chez Lin *et al.* (2022) et 49,52 % dans l'étude de Das *et al.* (2023).

Il faut noter que la prévalence de ces bactéries peut être affectée par l'état clinique de l'animal testé. Par exemple, la prévalence des souches était significativement plus élevée chez les animaux souffrant de différentes maladies par rapport aux animaux en bonne santé.

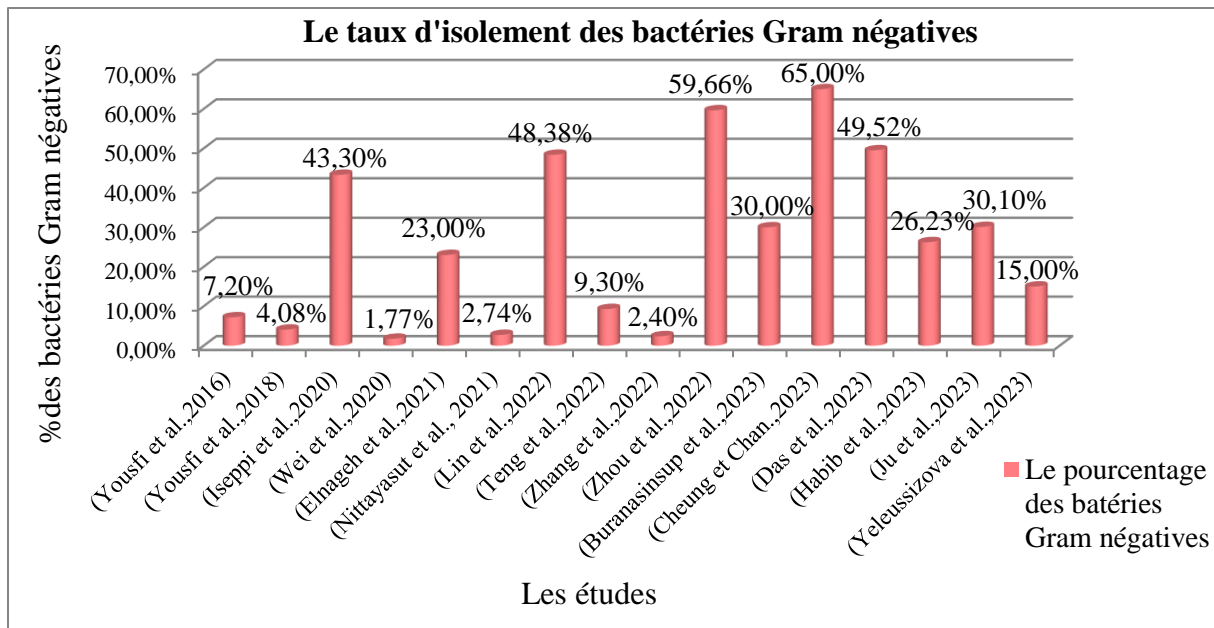


Figure 3 . Le taux d'isolement des bactéries à Gram négatif dans chaque étude.

IV.2. Identification

Les résultats du tableau 6 mettent en évidence une prédominance variable des genres et des espèces bactériens. Dont *E. coli* a été fréquemment isolée dans les prélèvements rectaux des chats et plus fréquemment chez les femelles, ce qui suggère une libération de ces bactéries par leurs selles. Dans l'étude d'Iseppi *et al.* (2020), *E. coli* était l'espèce la plus fréquemment isolée de tous les échantillons. Cette observation est cohérente avec l'ubiquité d'*E. coli* dans l'environnement, ainsi que son potentiel pathogène.

D'autres espèces telles que *Salmonella sp.*, *K. pneumoniae* et diverses espèces de *Pasteurella*, *Citrobacter* et *Campylobacter* ont été également identifiées.

Certaines études ont observé une diversité plus large d'espèces, comme le montre l'étude de Cheung et Chan (2023), qui a noté une prédominance des souches isolées de la flore buccale des chats. Parmi ces bactéries isolées, la famille des *Enterobacteriaceae* comprenant *E. coli*, *K. pneumoniae* et *S. marcescens* faisant partie de la flore intestinale normale des animaux (Guentzel, 1996), la présence de ces isolats peu communs dans la flore buccale peut être attribuée à l'habitude qu'ont les chats de se toiletter eux-mêmes, notamment en léchant leurs parties génitales ou leurs régions anales après l'urination et l'élimination, comme procédure de nettoyage (Cheung et Chan, 2023).

Dans l'étude de Wei *et al.* (2020), qui a identifié deux sérotypes de *Salmonella*, *S. Indiana* et *S. Derby*, on a mis en évidence que les animaux de compagnie, qui semblent en bonne santé ou qui présentent des signes de maladie, peuvent être porteurs de ces bactéries. Cette constatation est cohérente avec les résultats de l'étude d'Elnageh *et al.* (2021), qui a identifié, par sérotypage, 24 souches de *Salmonella*. Parmi celles-ci, la grande majorité (23 sur 24) a été isolée de chats en bonne santé, tandis qu'une seule provenait d'un chat présentant des symptômes de diarrhée.

Salmonella est connue pour être une bactérie colonisatrice chez les chats, ce qui signifie que la plupart de ces animaux peuvent devenir des porteurs asymptomatiques de la bactérie (Elnageh *et al.*, 2021). Cependant, certains chats peuvent présenter des signes cliniques, comme le cas du chat diarrhéique dans l'étude d'Elnageh *et al.* (2021). Les chats sont souvent nourris avec des aliments non commerciaux, principalement des restes de volaille crus, ce qui est fortement associé à une augmentation de l'excrétion de *Salmonella* chez les chats.

D'autre part, Teng *et al.* (2022) ont identifié des isolats de *Salmonella Dublin* et de *Salmonella Typhimurium* dans les excréments des chats. *Salmonella Dublin*, principalement associée au bétail, a été détectée, ce qui pourrait être lié à l'ingestion de régimes alimentaires à base de bœuf. Ces résultats s'alignent avec des recherches antérieures attribuant la prévalence de *Salmonella* à des facteurs tels que l'immaturité du microbiote intestinale ou des systèmes immunitaires, ainsi qu'à l'exposition à des aliments crus ou au contact avec des animaux d'élevage. (Teng *et al.*, 2022)

Tableau 6 .Les isolats des bactéries Gram négatives identifiés dans chaque étude.

Les bactéries Gram négatives isolées	Les études	Le pourcentage
<i>Escherichia coli</i>	Yousfi <i>et al.</i> (2016)	7,2 %
	Iseppi <i>et al.</i> (2020)	96.3%
	Nittayasut <i>et al.</i> (2021)	2.74%
	Zhou <i>et al.</i> (2022)	59,66 %
	Buranasinsup <i>et al.</i> (2023)	29.4 %
	Cheung et Chan (2023)	3.7%
	Das <i>et al.</i> (2023)	49,52 %
	Habib <i>et al.</i> (2023)	26,23 %
	Yeleussizova <i>et al.</i> (2023)	15%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Yousfi <i>et al.</i> (2018)	4.1%
	Zhang <i>et al.</i> (2022)	2.4%
	Cheung et Chan (2023)	1.85%
<i>Salmonella</i>	Wei <i>et al.</i> (2020)	1.77%
	Elnageh <i>et al.</i> (2021)	23%
	Teng <i>et al.</i> (2022)	9.3%
<i>Pasteurella spp</i>	Lin <i>et al.</i> (2022)	48.38%
	Cheung et Chan (2023)	35.19%
<i>Citrobacter freundii</i>	Iseppi <i>et al.</i> (2020)	36.3%
<i>Neisseria spp</i>	Cheung et Chan (2023)	14.81%
<i>Pseudomonas spp</i>		5.56%
<i>Fusobacterium nucleatum</i>		3.7%
<i>Serratia marcescens</i>		1.85%
<i>Inquilinus limosus</i>		1.85%
<i>Acinetobacter baumannii</i>		1.85%
<i>Bacteroides pyogenes</i>		1.85%
<i>Campylobacter upsaliensis</i>	Ju <i>et al.</i> (2023)	21.35%
<i>Campylobacter helveticus</i>		5.82%
<i>Campylobacter jejuni</i>		2.91%

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

Le diagramme de la figure 4 montre la répartition en pourcentage des bactéries Gram négatives selon les types de prélèvements des 14 études qui ont mentionné le pourcentage de ces bactéries en fonction du type de prélèvement dans leurs résultats (Yousfi *et al.*, 2016 ; Yousfi *et al.*, 2018 ; Iseppi *et al.*, 2020 ; Wei *et al.*, 2020 ; Elnageh *et al.*, 2021 ; Nittayasut *et al.*, 2021 ; Lin *et al.*, 2022 ; Teng *et al.*, 2022 ; Zhou *et al.*, 2022 ; Buranasinsup *et al.*, 2023 ; Cheung et Chan, 2023 ; Das *et al.*, 2023 ; Habib *et al.*, 2023 ; Ju *et al.*, 2023).

En revanche, dans les études menées par Zhang *et al.* (2022) et Yeleussizova *et al.* (2023), plusieurs types de prélèvements ont été analysés. Bien qu'ils n'aient pas mentionné la répartition des bactéries Gram négatives selon chaque type de prélèvement, ils ont juste indiqué le pourcentage d'une manière général.

On peut remarquer que le taux de bactéries Gram négatives est plus élevé dans les prélèvements de cavité buccale, avec 65 % selon Cheung et Chan (2023) et 48,38 % selon Lin *et al.* (2022), suivis par des taux moyennement élevés présents dans les prélèvements fécaux, avec 59,66 % dans l'étude de Zhou *et al.* (2022), comparé aux études d'Iseppi *et al.* (2020), Ju *et al.* (2023) et Elnageh *et al.* (2021) avec 33,33 %, 30,08 % et 23 % respectivement. Le taux le plus faible est de 1,77 % rapporté dans l'étude de Wei *et al.* (2020). Puis on retrouve les prélèvements rectaux chez Das *et al.* (2023) avec le taux 49,52 %, tandis que des taux plus faibles ont été rapporté dans les études de Buranasinsup *et al.* (2023), Habib *et al.* (2023), Yousfi *et al.* (2016) et Yousfi *et al.* (2018), avec des pourcentages respectifs de 29,40 %, 26,23 %, 7,20 % et 4,10 %. De plus, Nittayasut *et al.* (2021) ont trouvé un pourcentage de 43,90 % dans les prélèvements urinaires.

Cependant, dans les prélèvements provenant d'abcès, du tractus gastro-intestinal et de la peau, le taux de bactéries Gram négatives a été plus faible, inférieur à 20 %. La valeur la plus basse a été observée dans les échantillons cutanés avec 1,33 % selon l'étude de Buranasinsup *et al.* (2023).

Ces résultats indiquent que la majorité des bactéries Gram négatives ont été isolées des prélèvements de cavités buccales et fécales, en soulignant la prédominance de ces souches dans la flore buccale des chats. Cette observation a également été notée dans d'autres études concernant les infections des plaies causées par des morsures de chat (Cheung et Chan, 2023). Ainsi, les chats peuvent acquérir des bactéries intestinales dans leurs parties buccales lors de leur toilette oro-fécale. De cette façon, les bactéries issues des matières fécales peuvent être

transmises à la cavité buccale des chats, où elles peuvent subsister et faire partie de leur flore (Cheung et Chan, 2023). De plus, le comportement de toilettage corporel des chats peut également entraîner l'ingestion de poils et d'autres matières étrangères, influençant la composition de leur flore intestinale.

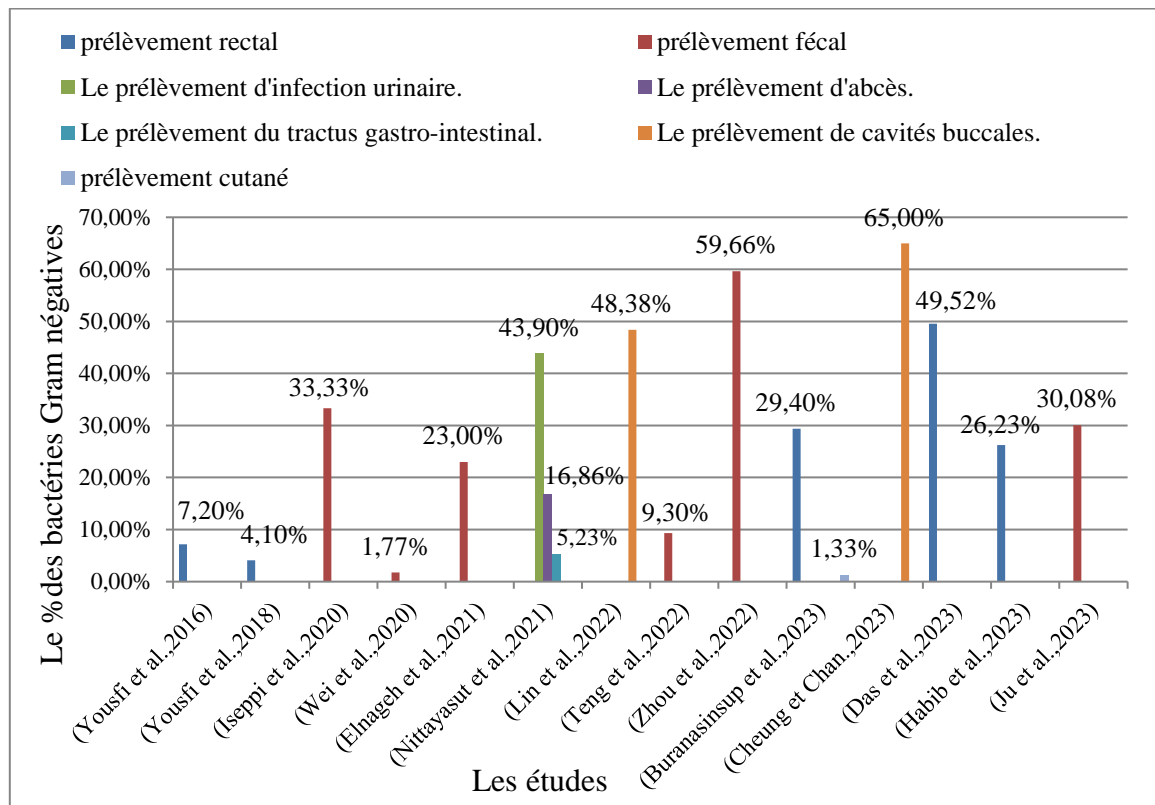


Figure 4 . La répartition des bactéries Gram négatives selon le type de prélèvement.

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

Selon les résultats de la figure 5, les études de Wei *et al.* (2020), Teng *et al.* (2022) et Zhou *et al.* (2022) ont enregistré une répartition plus élevée des bactéries Gram-négatives chez les chats malades par rapport aux chats en bonne santé, dont Zhou *et al.* (2022) ont rapporté le taux le plus élevé avec 70 %. Cela suggère que la présence de ces bactéries pourrait être liée à l'état de santé du chat (Teng *et al.*, 2022). En revanche, les études d'Elnageh *et al.* (2021) et de Ju *et al.* (2023) ont montré une répartition beaucoup plus élevée chez les chats en bonne santé par rapport aux chats malades, dont Ju *et al.* (2023) ont trouvé le taux le plus élevée de 70,80 %. Cela pourrait être dû à la colonisation de certaines bactéries chez l'animal, le rendant ainsi porteur asymptomatique (Elnageh *et al.*, 2021). Cependant, l'étude de Yeleussizova *et al.* (2023) a révélé des résultats très

proches pour cette répartition des bactéries Gram-négatives chez les chats en bonne santé et ceux malades 28,50 % et 24,90 % respectivement.

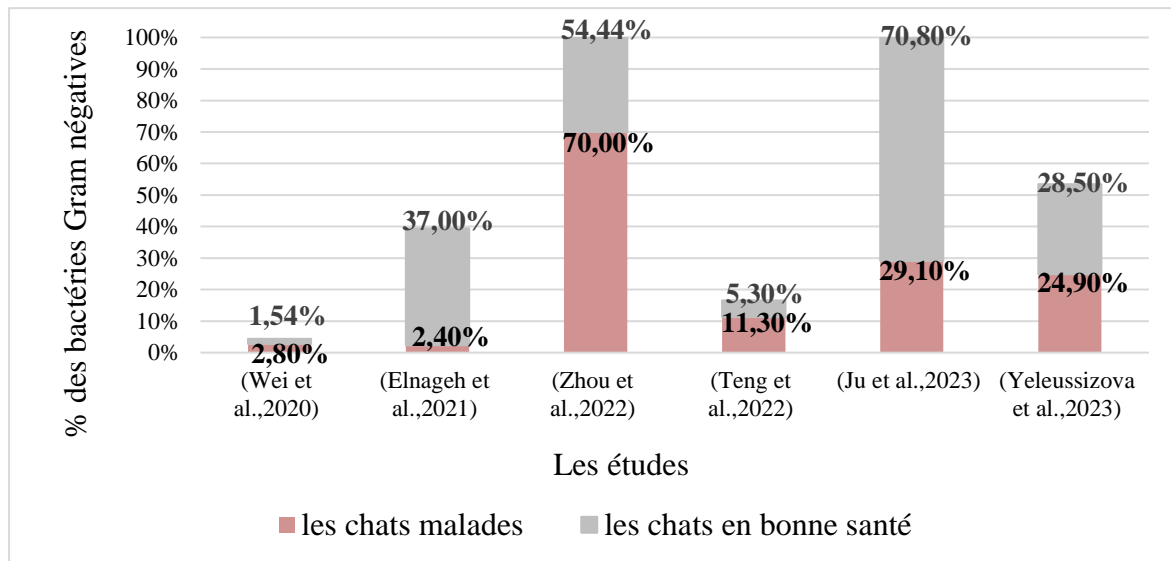


Figure 5. La répartition des bactéries Gram négatives selon l'état clinique des chats.

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 résultats de la Figure 6 mettent en évidence les pourcentages de résistance aux antibiotiques chez les entérobactéries dans diverses régions. Révélant que ces bactéries présentent une multirésistance aux antibiotiques, dont le taux de résistance le plus élevé a été observée vis-à-vis la classe des tétracyclines, atteignant 71,80 %. Il est donc possible de suggérer un lien entre cette forte résistance aux tétracyclines chez les chats domestiques et la présence de ces antibiotiques dans leur sang. D'ailleurs plusieurs rapports ont souligné une concentration élevée d'oxytétracycline dans les os de poulet, utilisés dans une proportion de 20 % à 30 % dans la fabrication d'aliments secs pour animaux. Par conséquent, une consommation excessive de ce type d'aliment pourrait contribuer à accroître la résistance des bactéries du microbiote intestinale aux tétracyclines chez les chats (Iseppi *et al.*, 2020). Pour ce qui est des autres classes d'antibiotiques, comme les sulfamides, les bêta-lactamines, les fluoroquinolones, les macrolides et les pénicillines, des pourcentages de résistance non négligeables, allant de 40 % à 65 % ont été observés. En revanche, la résistance aux aminosides était la moins élevée, avec un pourcentage de 37,28 %. Cette différence de

résistance aux antibiotiques peut être attribuée aux variations dans les espèces et les sérotypes, ainsi qu'à l'utilisation d'antibiotiques chez les animaux de compagnie dans différents pays et régions (Wei *et al.*, 2020).

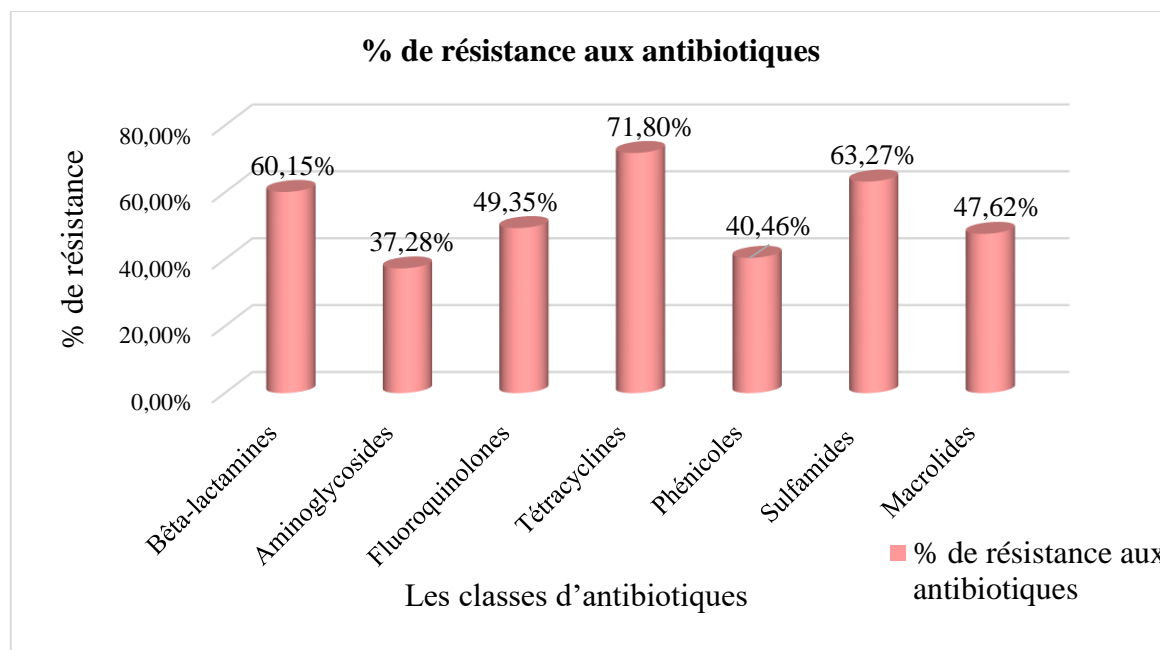


Figure 6. La résistance des entérobactéries aux antibiotiques.

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

Selon les résultats de la Figure 7, il est possible de conclure que les entérobactéries sont résistantes aux antibiotiques de la classe des bêta-lactamines à travers le monde. Les résultats des entérobactéries montrent des taux de résistance élevés, avec 76,84 % selon l'étude de Das *et al.* (2023) au Bangladesh, comparé à d'autres études en Asie de l'Est, comme celles de Nittayasut *et al.* (2021) et Buranasinsup *et al.* (2023) en Thaïlande, et Yeleussizova *et al.* (2023) au Kazakhstan. En revanche, les pays arabes ont enregistré des taux de résistance similaires, avec 49,37 % en Algérie selon Yousfi *et al.* (2016) et 52,38 % aux Émirats arabes unis selon Habib *et al.* (2023) cela concerne les isolats d'*E. coli*. Concernant la résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines en Chine, les études de Wei *et al.* (2020) et Teng *et al.* (2022) sur *Salmonella* ont montré des taux de résistance de 36,62 % et 87,18 % respectivement et pour l'étude de Zhang *et al.* (2022), le pourcentage de résistance de *K. pneumoniae* était de 55,94 %. Malgré les mesures visant à contrôler l'usage des antibiotiques chez les animaux, la résistance aux antibiotiques chez les chats reste un problème significatif en Chine, comme le montrent les résultats de l'étude de Zhou *et al.* (2022). Pour l'étude

d'Iseppi *et al.* (2020) en Italie, le taux de résistance pour les isolats d'*E. coli* et de *C. freundii* était de 43,71 %.

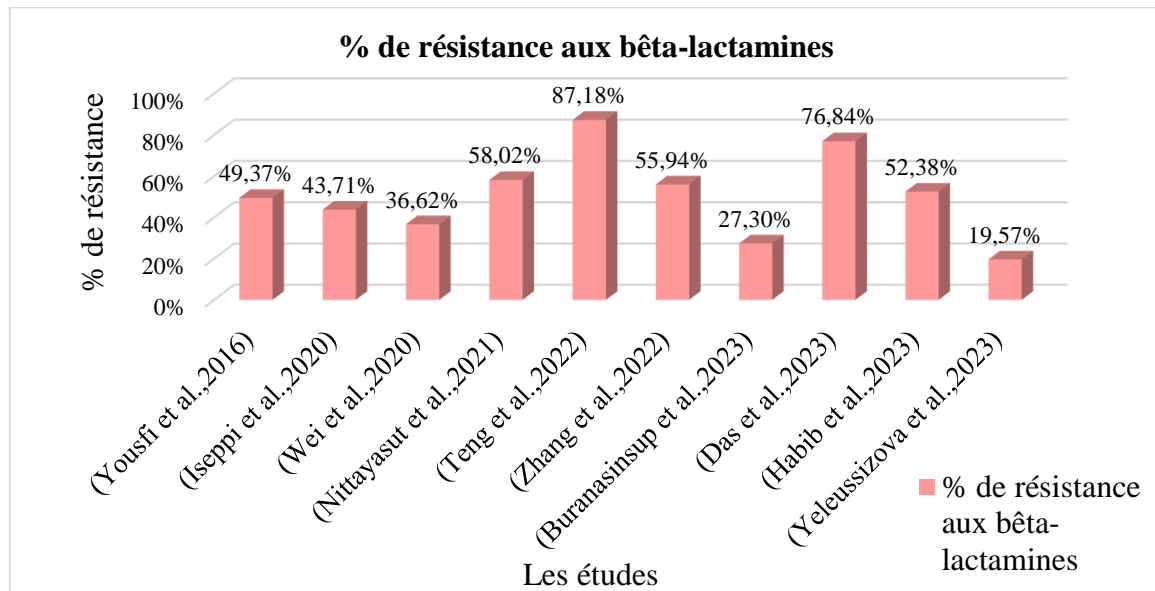


Figure 7. La résistance des entérobactéries aux bêta-lactamines.

IV.5.1.3. La résistance des entérobactéries aux aminoglycosides

Les résultats de la figure 8 montrent une diversité dans les taux de résistance des entérobactéries aux aminoglycosides à travers différents pays, où les taux de résistance étaient relativement faibles mais non négligeables dans les pays arabes : selon Yousfi *et al.* (2016), le taux de résistance des souches d'*E. coli* était de 22,50 % en Algérie, tandis qu'il était de 35,06 % aux Émirats arabes unis selon Habib *et al.* (2023), ce qui indique l'efficacité de ces antibiotiques dans la région arabe. Alors qu'il y a eu une variation dans les taux de résistance des entérobactéries entre les études dans la région d'Asie de l'Est, en Thaïlande, les taux de résistance des souches d'*E. coli* variaient selon les études : 43,05 % selon Nittayasut *et al.* (2021), et 27,30 % selon Buranasinsup *et al.* (2023). En revanche, au Bangladesh, l'étude de Das *et al.* (2023) a révélé un taux de résistance de 45,83 %, et au Kazakhstan, l'étude de Yelessizova *et al.* (2023) a rapporté un taux de résistance très faible de 6,83 %. En Chine, les isolats de *Salmonella* dans les études de Wei *et al.* (2020) et Teng *et al.* (2021), ainsi que les isolats de *K. pneumoniae* dans l'étude de Zhang *et al.* (2022), ont montré des taux de résistance compris entre 50 % et 65 %.

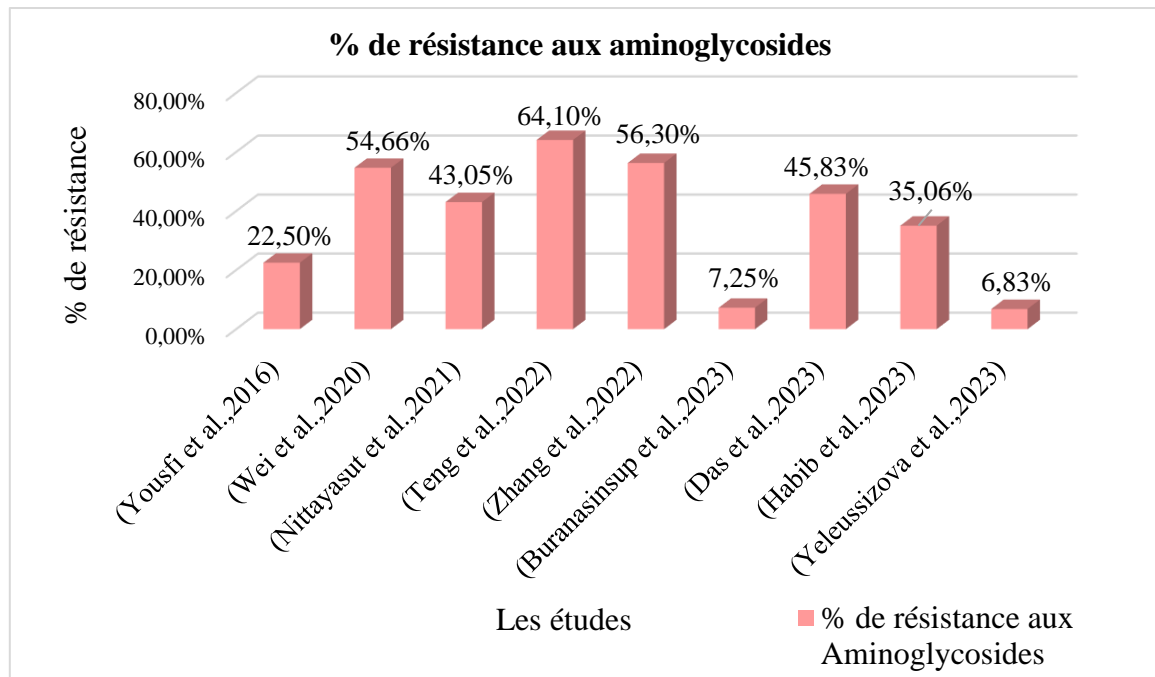


Figure 8. La résistance des entérobactéries aux aminoglycosides.

IV.5.1.4. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones

Les résultats de la résistance aux fluoroquinolones, illustrés dans la figure 9, montrent une résistance élevée des entérobactéries, notamment d'*E. coli*, dans les pays arabes. En Algérie, un taux de résistance de 67,50 % a été observé selon Yousfi *et al.* (2016), tandis qu'aux Émirats arabes unis, ce taux atteint 54,14 % selon Habib *et al.* (2023). Et dans les pays d'Asie de l'Est, on observe une variation significative des taux de résistance. En Thaïlande, ces taux varient de 16 % à 91,20 % selon les études de Nittayasut *et al.* (2021) et Buranasinsup *et al.* (2023), tandis qu'au Bangladesh, le taux est de 53,75 % selon Das *et al.* (2023), et au Kazakhstan, il est de 26,41 % selon Yeleussizova *et al.* (2023). En Chine, les souches de *Salmonella* montrent des écarts notables entre les études de Wei *et al.* (2020) et Teng *et al.* (2021), avec des taux de résistance de 72 % et 9,62 % respectivement. En Italie, selon Iseppi *et al.* (2020), la résistance des souches d'*E. coli* et de *C. freundii* était faible, avec 14,15 %.

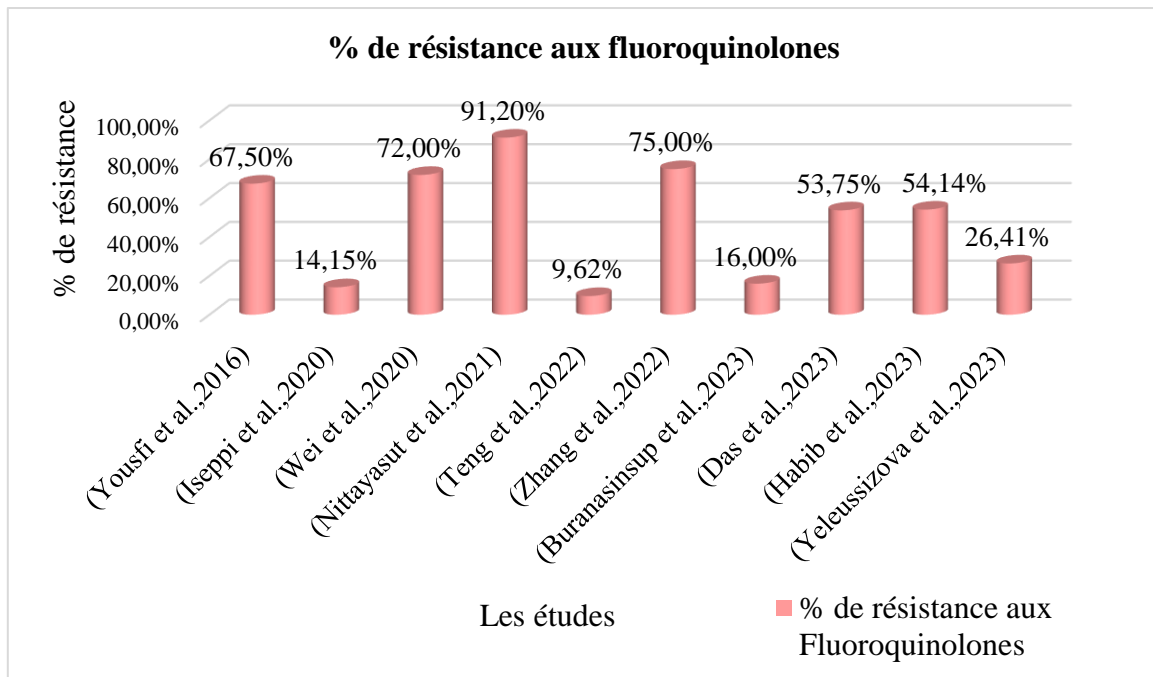


Figure 9. La résistance des entérobactéries aux fluoroquinolones.

IV.5.1.5. La résistance des entérobactéries aux tétracyclines

La Figure 10 présente les taux de résistance des entérobactéries aux tétracyclines, révélant une résistance élevée chez la majorité des isolats dans diverses régions. Soit Pour les isolats d'*E. coli*, l'entérobactérie de l'étude de Yousfi *et al.* (2016) en Algérie et de Habib *et al.* (2023) aux Émirats arabes unis des taux de résistance très élevés ont été enregistrés, atteignant 90 % et 58,44 % respectivement, tandis qu'au Kazakhstan selon Das *et al.* (2023), un taux similaire de 58,8 % a été observé. En Thaïlande, les taux de résistance d'*E. coli* varient entre 87,5 % et 35,5 % selon Nittayasut *et al.* (2021) et Buranasinsup *et al.* (2023) respectivement. Pour les entérobactéries en Chine, les isolats de *K. pneumoniae* ont montré une résistance élevée de 75 %, tandis que les isolats de *Salmonella* ont montré des taux de résistance de 92 % selon Wei *et al.* (2020) et 96,20 % selon Teng *et al.* (2022). Par conséquent, l'efficacité de ce type d'antibiotiques est considérée très faible dans les régions arabes et en Asie de l'Est, En revanche, l'étude d'Iseppi *et al.* (2020) en Italie a enregistré le taux de résistance le plus faible, 26,40 %, pour *E. coli* et *C. freundii*.

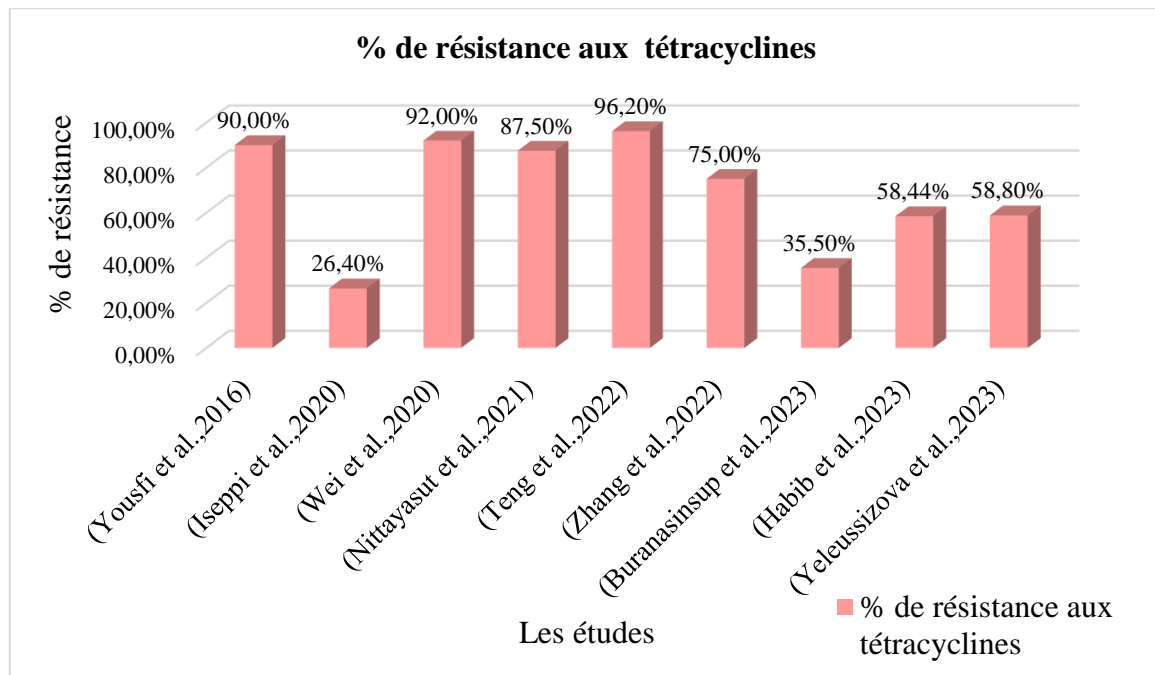


Figure 10. La résistance des entérobactéries aux tétracyclines.

IV.5.1.6. La résistance des entérobactéries aux sulfamides

Les taux de résistance aux sulfamides représentés dans la Figure 11 montrent une résistance élevée pour la majorité des isolats d'entérobactéries. Pour les isolats d'*E. coli* en Algérie et aux Émirats arabes unis, selon Yousfi *et al.* (2016) et Habib *et al.* (2023), les taux de résistance sont de 87,50 % et 79,22 % respectivement, indiquant une efficacité limitée de cet antibiotique dans la région arabe. En Thaïlande, selon Nittayasut *et al.* (2021) les isolats d'*E. coli*, ont enregistré un taux de résistance de 75,69 %, tandis que l'étude de Buranasinsup *et al.* (2023) dans le même pays a enregistré un taux de résistance relativement faible de 24 %. De même, au Kazakhstan, selon Yeleussizova *et al.* (2023), le taux de résistance est de 22,50 %. En Chine, pour les isolats de *Salmonella*, les taux de résistance varient : 36 % selon Wei *et al.* (2020) et 100 % selon Teng *et al.* (2022). Pour les isolats de *K. pneumoniae*, selon Zhang *et al.* (2022), un taux de résistance de 81,3 % a été rapporté. Sur la base de ces résultats, on peut considérer que cette classe d'antibiotiques est généralement inefficace vis-à-vis les entérobactéries dans la plupart des régions. Cela peut être dû à l'utilisation excessive et imprudente d'antibiotiques à large spectre dans les aliments des animaux, destinée au traitement et à la prévention, ce qui présente des risques pour les animaux de compagnie et entraîne la propagation de la résistance dans l'environnement (Das *et al.*, 2023).

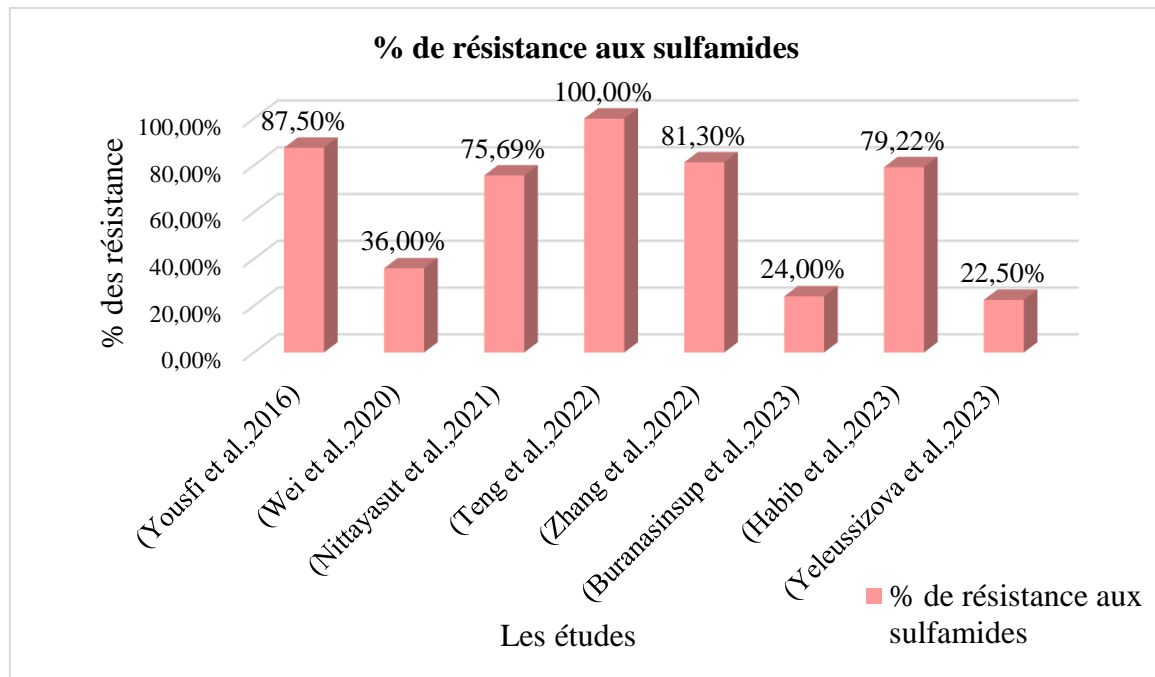


Figure 11. La résistance des entérobactéries aux sulfamides.

IV.5.1.7. La résistance des entérobactéries aux phénicoles

La Figure 12 représente la résistance des entérobactéries aux phénicoles, avec un taux de résistance très faible enregistré en Algérie à 5 % selon Yousfi *et al.* (2016). En revanche, aux Émirats arabes unis, un taux de résistance de 38,96 % selon Habib *et al.* (2023) a été observé. En Thaïlande, Nittayasut *et al.* (2021) ont trouvé des taux atteignant 61,11 %, tandis que l'étude de Buranasinsup *et al.* (2023) dans le même pays a enregistré une résistance beaucoup plus faible, évaluée à 29 %. Pour le Bangladesh, selon Das *et al.* (2023), et le Kazakhstan, selon Yeleussizova *et al.* (2023), des taux de résistance faibles ont été enregistrés, soit respectivement 16,66 % et 18,38 %. Ces résultats suggèrent une efficacité plus élevée de cette classe d'antibiotiques vis-à-vis *E. colis*. En Chine, pour les isolats de *Salmonella*, Wei *et al.* (2020) et Teng *et al.* (2022) ont enregistré des taux de résistance de 48 % et 84,6 % respectivement, tandis que pour les isolats de *K. pneumoniae*, Zhang *et al.* (2022) ont rapporté un taux de résistance de 62,5 %. Ces résultats suggèrent une efficacité relativement acceptable de cette classe d'antibiotiques contre ces espèces d'entérobactéries.

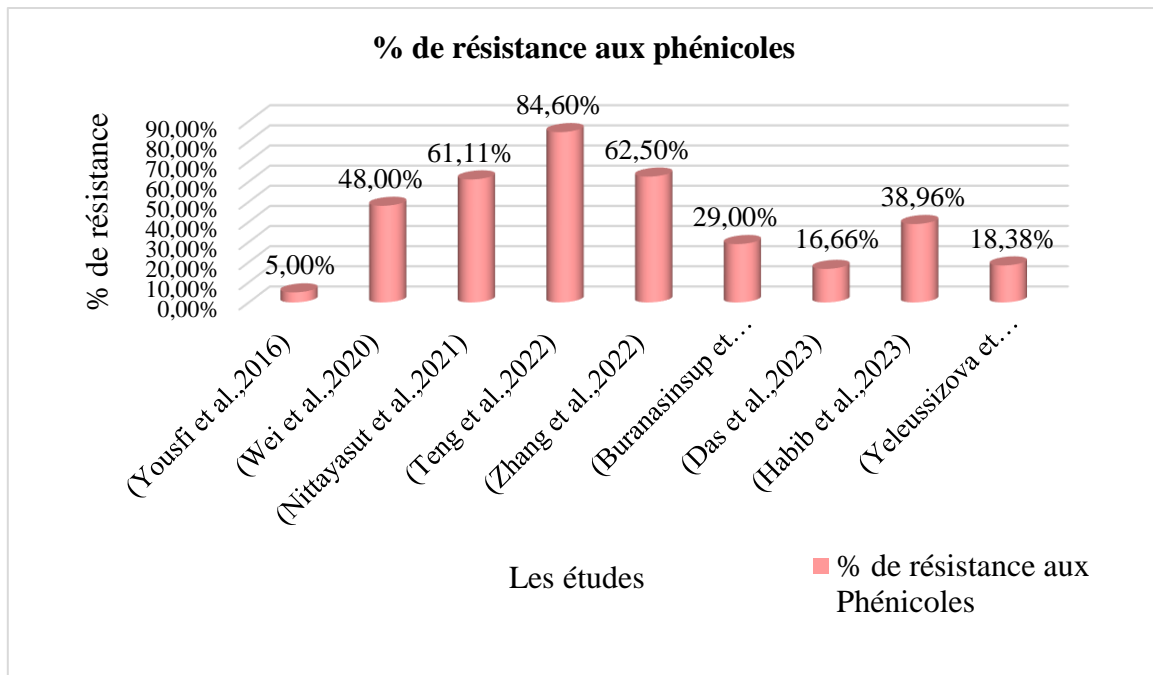


Figure 12 .La résistance des entérobactéries aux phénicoles.

IV.5.1.8. La résistance des entérobactéries aux macrolides

En ce qui concerne la résistance des entérobactéries aux macrolides, des résultats différents ont été enregistrés, comme illustré dans la Figure 13. Pour les entérobactéries dans les pays d'Asie de l'Est, les isolats de *Salmonella* en Chine ont montré des taux de résistance variables entre l'étude de Wei *et al.* (2020), qui a enregistré un taux très élevé de 88 %, et celle de Teng *et al.* (2022), qui a rapporté un taux très faible de 3,80 %. Quant aux isolats d'*E. coli* en Thaïlande, Nittayasut *et al.* (2021) ont enregistré un taux relativement bas de 37,50 %, tandis qu'un taux très élevé a été enregistré au Bangladesh selon Das *et al.* (2023) à 95,83 %. En ce qui concerne les Émirats arabes unis, selon Habib *et al.* (2023), un taux de résistance relativement faible de 12,99 % a été observé.

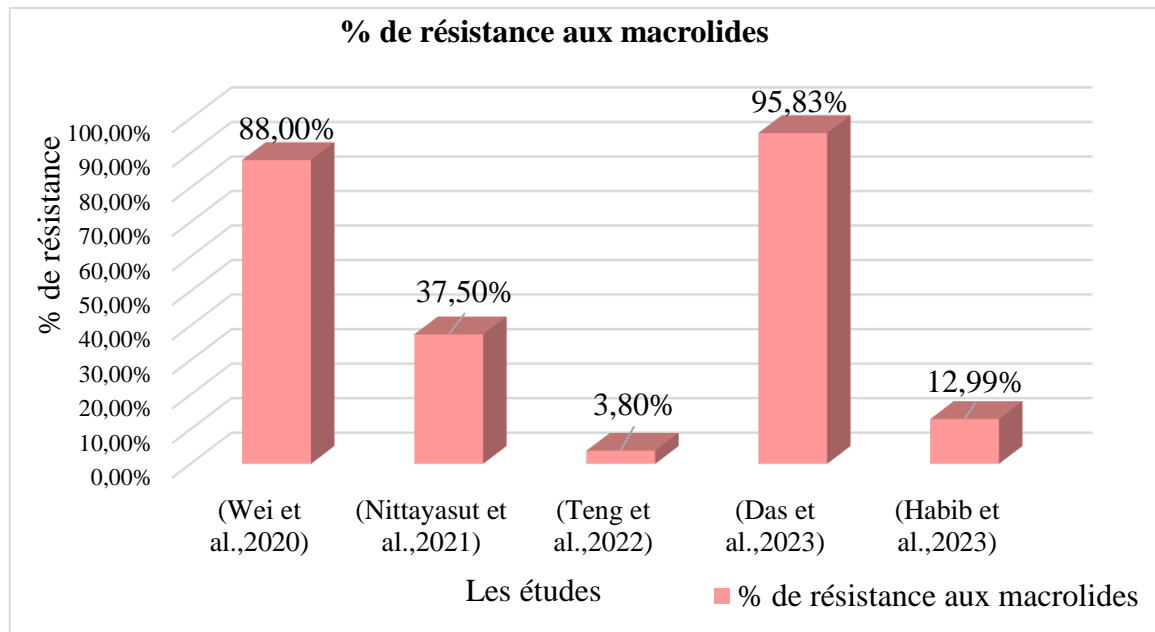


Figure 13. La résistance des entérobactéries aux macrolides.

En outre, les études de Yousfi *et al.* (2018), Elnageh *et al.* (2021) et Zhou *et al.* (2022) n'ont pas révélé les taux de résistance pour chaque antibiotiques testés, leurs résultats ont été rapportés de manière générale.

Cependant, dans l'étude de Yousfi *et al.* (2018), les souches de *K. pneumoniae* isolées à partir des chats domestiques en Algérie présentent une multirésistance considérable, en étant résistantes à plusieurs classes d'antibiotiques, notamment les bêta-lactamines, tout en restant sensibles aux aminoglycosides. Cette multirésistance observée chez les animaux de compagnie peut compromettre sérieusement l'efficacité des traitements. En raison d'une surveillance limitée et d'une sensibilisation insuffisante à la transmission zoonotique de la résistance aux antimicrobiens entre les animaux de compagnie et les humains, l'ampleur de cette transmission et son importance pour la santé publique restent mal comprises (Yousfi *et al.*, 2018).

L'étude d'Elnageh *et al.* (2021) a révélé que les souches de *Salmonella* identifiées chez les chats domestiques en Libye montrent une résistance partielle à la classe des fluoroquinolones, suggérant ainsi que l'efficacité de ces médicaments peut être compromise dans le traitement. De plus, ces souches se sont révélées résistantes à la tétracycline et aux sulfonamides, mais sensibles aux macrolides. Cette sensibilité suggère qu'il existe encore des agents antimicrobiens efficaces contre ces souches de *Salmonella*, bien que leur utilisation puisse être limitée en raison de divers facteurs tels que la disponibilité et les préoccupations concernant le développement ultérieur de la résistance.

Quant à l'étude de Zhou *et al.* (2022), les souches d'*E. coli* provenant de chats domestiques en Chine ont montré une résistance accrue à certaines classes d'antibiotiques telles que les bêta-lactamines, les aminoglycosides et les tétracyclines, tandis qu'elles restent sensibles aux nitroimidazoles, aux polymyxines et aux phénicolés. Cette résistance bactérienne est rapportée comme étant positivement corrélée à l'utilisation d'antibiotiques, soulignant ainsi la nécessité d'un strict contrôle gouvernemental sur ces médicaments pour éviter une crise sanitaire mondiale due à la propagation de la résistance (Zhou *et al.*, 2022).

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 14 révèlent des variations dans les niveaux de résistance aux différentes classes d'antibiotiques chez les non-entérobactéries isolées à partir des chats domestiques en Chine. Ces résultats mettent en évidence une préoccupation majeure concernant la résistance aux macrolides et aux fluoroquinolones, avec des taux élevés de 55,62 % et 41,34 % respectivement, ce qui pourrait réduire les options thérapeutiques disponibles pour traiter les infections causées par ces bactéries chez les chats domestiques. En revanche, une résistance modérée est observée pour les bêta-lactamines (15,99 %) et les sulfamides (13,06 %), nécessitant une attention continue. Tandis qu'une faible résistance aux tétracyclines et aux phénicoles pourrait indiquer une moindre pression sélective ou une efficacité conservée de ces médicaments.

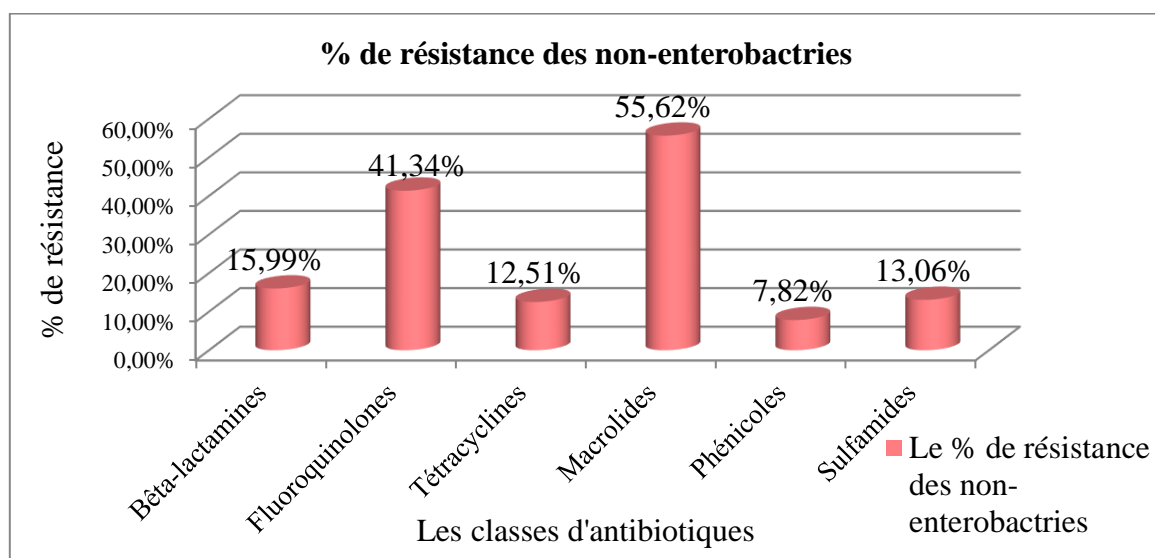


Figure 14 .La résistance des non-entérobactéries aux antibiotiques.

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

D'après les résultats de la figure 15, on observe que le taux de résistance des non-entérobactéries isolées dans l'étude de Lin *et al.* (2022) et de Cheung et Chan (2023) aux bêta-lactamines est plus faible, avec un pourcentage de 10.74% et de 21.25% respectivement. De plus, la sensibilité des souches de *P. multocida* provenant des cavités buccales isolées à partir de chats domestiques en Chine, dans l'étude de Lin *et al.* (2022) et dans l'étude de Cheung et Chan (2023), aux bêta-lactamines, les rend couramment utilisées pour traiter l'infection à *P. multocida*(Lion *et al.*,2006).

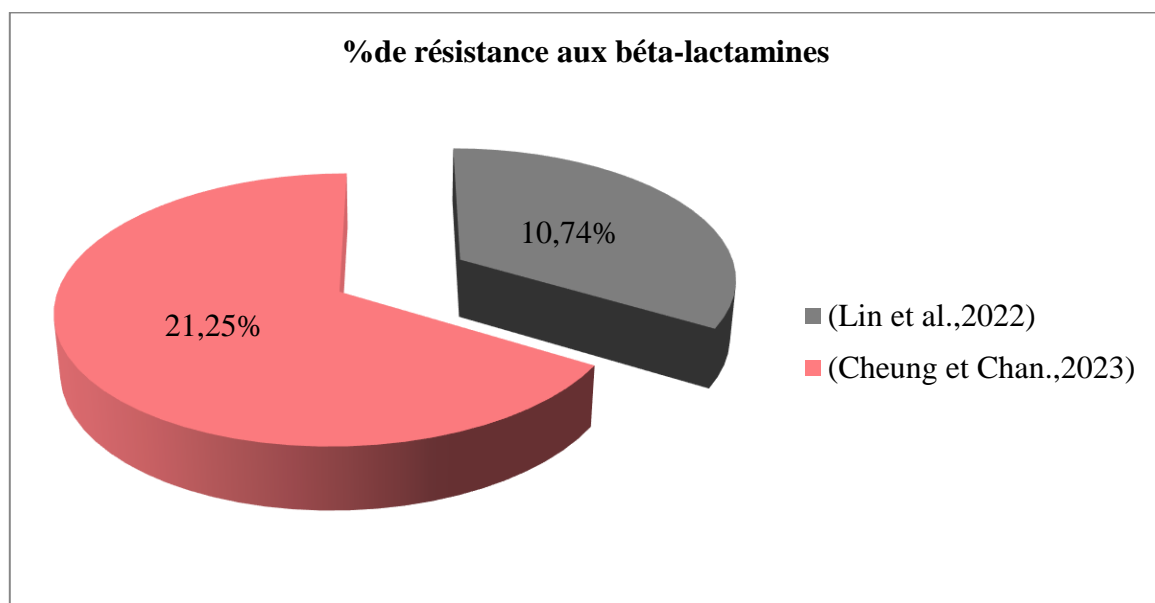


Figure 15 .La résistance des non-entérobactéries aux bêta-lactamines.

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

La figure 16 montre les résultats de la résistance aux antibiotiques des non-entérobactéries isolées chez des chats domestiques dans trois études menées en Chine. Les taux de résistance les plus élevés ont été observés vis-à-vis les macrolides, atteignant 90 % dans l'étude de Cheung et Chan (2023), suivis de 53,34 % pour les *P. multocida* dans l'étude de Lin *et al.* (2022). En revanche, l'étude de Ju *et al.* (2023) a rapporté un taux de résistance plus faible, de 23,53 %.

Pour les fluoroquinolones, l'étude de Ju *et al.* (2023) a montré un taux de résistance élevé de 86,25 % pour les *Campylobacter*, tandis que l'étude de Lin *et al.* (2022) a rapporté un taux de 37,78 %. Concernant les tétracyclines, l'étude de Lin *et al.* (2022) a révélé une

sensibilité totale des *P. multocida*, indiquant une efficacité complète de ces antibiotiques. En revanche, l'étude de Cheung et Chan (2023) a rapporté un taux de résistance relativement faible, de 10 %, pour les *P. multocida* et les *Neisseria*, ce qui reste inférieur à celui observé par Lin *et al.*(2022). Cependant, les *Campylobacter* isolés dans l'étude de Ju *et al.* (2023) ont montré un taux de résistance de 27,55 %, suggérant une tendance à l'augmentation de la résistance aux tétracyclines, préoccupante pour la santé publique.

Pour les phénicoles, l'étude de Ju *et al.* (2023) a rapporté un taux de résistance de 23,46 % pour les *Campylobacter*, alors que les autres études ont montré une sensibilité totale. Les études de Lin *et al.* (2022) et de Cheung et Chan (2023) ont indiqué une résistance aux sulfamides variant entre 11 % et 15 %.

En résumé, d'après les résultats obtenus, les antibiotiques recommandés pour le traitement de *P. multocida*, incluent les bêta-lactamines, les tétracyclines, les sulfamides et les phénicoles (Lion *et al.*, 2006). Une analyse des tests de sensibilité aux antibiotiques sur les trois dernières décennies a montré que *P. multocida* présentait un taux de résistance très faible (Mu *et al.*, 2020). En revanche, les *Campylobacter* spp. Sont souvent multirésistants, avec une résistance principalement aux fluoroquinolones, et présentent divers facteurs de virulence, suggérant leur potentiel pathogène chez les chats de compagnie en Chine.

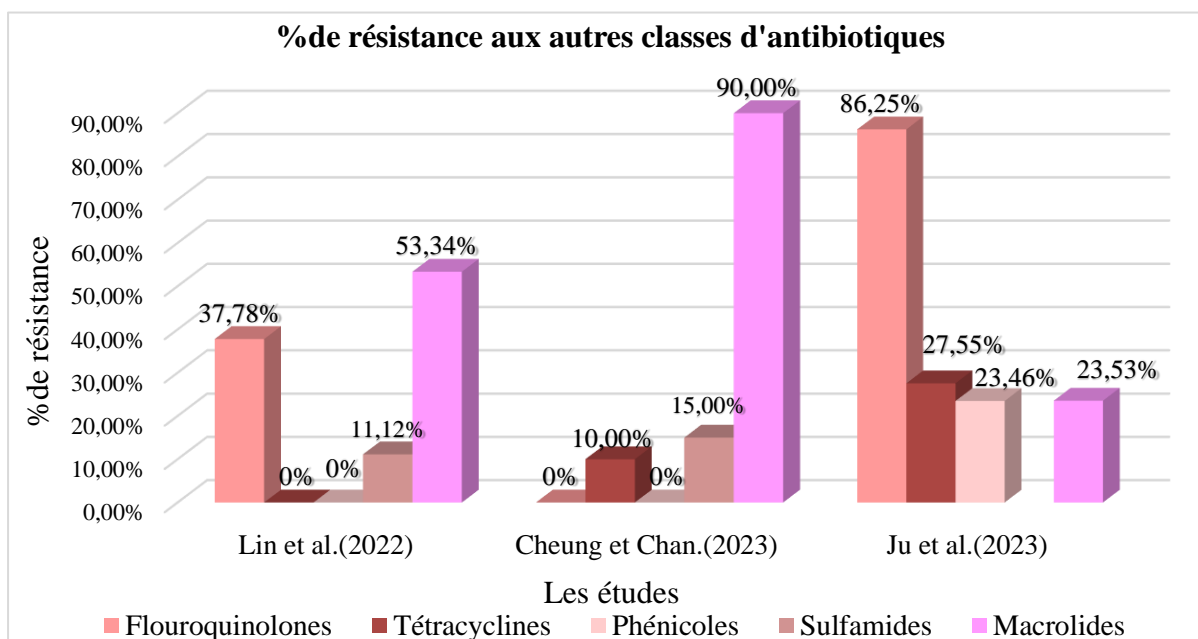


Figure 16 .La résistance des non-entérobactéries aux autres classes d'antibiotiques.

Dans l'étude de Cheung et Chan (2023), les résultats ont montré une résistance aux antibiotiques de manière générale chez les bactéries Gram négatives. Cependant, ils ont détaillé et spécifié les résultats, en mentionnant les pourcentages uniquement pour les non-entérobactéries qui ont été trouvées en proportions élevées par rapport aux autres bactéries.

IV.6. Etude phénotypique des mécanismes de résistance

Les études menées par Yousfi *et al.* (2016), Nittayasut *et al.* (2021), Zhou *et al.* (2022), Das *et al.* (2023), Habib *et al.* (2023) et Cheung et Chan (2023) ont toutes révélé la dissémination d'*E. coli* exprimant le phénotype BLSE.

De manière intéressante, l'étude de Yousfi *et al.* (2016) a montré qu'en Algérie, les chats de compagnie en bonne santé sont colonisés par des souches d'*E. coli* productrices de BLSE, avec un taux moyen de portage fécal de 11,7 %. Il s'agit du premier rapport en provenance d'Algérie (Yousfi *et al.*, 2016). Ces résultats sont relativement plus élevés que dans certaines études européennes précédentes (Costa *et al.*, 2008 ; Gandolfi-Decristophoris *et al.*, 2013), mais plus bas que ceux précédemment rapportés dans des pays en dehors de l'Europe, comme la Chine (Sun *et al.*, 2010), la Tunisie (Sallem *et al.*, 2013) et le Mexique (Rocha-Gracia *et al.*, 2015).

De plus, les *E. coli* productrices de BLSE détectés dans l'étude de Nittayasut *et al.* (2021) ont été caractérisés pour la première fois en Thaïlande, et ces isolats d'*E. coli* résistants aux céphalosporines de spectre élargi sont également largement répandus d'origine humaine (Nittayasut *et al.*, 2021). Cependant, la prévalence élevée d'*E. coli* résistants aux antibiotiques observés dans l'étude de Zou *et al.* (2022) en Chine, telles que les souches productrices de BLSE, dépasse celle de la plupart des pays développés et en développement. Malgré les politiques mises en place par le gouvernement chinois pour limiter l'utilisation abusive d'antibiotiques dans le secteur vétérinaire, la résistance aux antibiotiques chez les animaux de compagnie continue de poser un défi majeur pour la santé publique (Zou *et al.*, 2022). De plus d'*E. coli*, l'étude de Cheung et Chan (2023) a également mis en évidence la présence d'isolats de *Klebsiella* productrices de BLSE.

Cependant, les isolats d'*E. coli* produisant des enzymes BLSE trouvés dans les selles de chats dans l'étude de Das *et al.* (2023) reviennent à la relation étroite des chats avec les éléments environnementaux, en particulier l'eau contaminée, ce qui est un facteur important dans la propagation d'*E. coli* productrices de bêta-lactamases chez l'homme (Das *et al.*, 2023).

Un taux important d'*E. coli* productrices de BLSE (23,65 %) a été trouvé par Habib *et al.* (2023) chez les chats de compagnie en bonne santé aux Émirats arabes unis, et la majorité de ces isolats sont caractérisés par leur multi-résistances aux antibiotiques autre que les bêta-lactames. Ce taux est supérieur à celui trouvé dans des études menées dans des pays voisins. Par exemple, une étude récente en Arabie saoudite a identifié des *E. coli* produisant des BLSE chez 4,1 % des chats sains et 2,9 % des chats malades dans une clinique vétérinaire (Fayez *et al.*, 2023).

En outre, une prévalence de 4,1 % de la production des carbapénèmases chez les souches de *K. pneumoniae* isolées dans les prélèvements rectaux chez les chats en Algérie a été rapportée dans l'étude de Yousfi *et al.* (2018), similaire aux taux obtenus aux États-Unis (Liu *et al.*, 2016) et en France (Melo *et al.*, 2017). De plus du domaine clinique et vétérinaire, les *Enterobacteriaceae* produisant ce phénotype ont également été isolées dans des légumes et de l'eau de rivière en Algérie (Touati *et al.*, 2017 ; Tafoukt *et al.*, 2017).

Ces observations mettent en évidence le potentiel des animaux de compagnie, en particulier des chats, à servir de réservoirs de bactéries résistantes aux antibiotiques et porteuses de gènes de résistance transmissibles. Cela suggère l'existence des mécanismes de résistance complexes susceptibles de compromettre l'efficacité de plusieurs classes d'antibiotiques. De plus, il existe un risque élevé de transfert de ces gènes de résistance aux propriétaires et à d'autres personnes qui leur sont proches. (Das *et al.*, 2023)

Conclusion

Conclusion

L'adoption d'un chat offre des avantages pour la santé mentale et la vie sociale, mais il ne faut pas oublier qu'ils représentent également une source d'infections zoonotiques par morsure, griffure ou tout contact direct avec les chats ou leur environnement.

D'après les études analysées, les chercheurs ont isolé et identifié plusieurs bactéries à Gram négatif à partir de différents échantillons, notamment *E. coli*, *Salmonella*, *C. freundii*, *P. multocida*, *Neisseria spp*, *Pseudomonas spp*, *K. pneumoniae*, *F. nucleatum*, *S. marcescens*, *I. limosus*, *A. baumannii complex*, *B. pyogenes*, et *Campylobacter*.

En prenant en compte les résultats de chaque étude, il est évident que les bactéries isolées des chats présentent une multirésistance élevée aux tétracyclines, aux bêta-lactamines, aux fluoroquinolones et aux sulfamides. De plus, les résultats de certaines études ont révélé une large propagation de bactéries produisant des BLSE et des carbapénémases, avec un taux élevé de multirésistance aux antibiotiques. Ces antibiotiques sont largement utilisés pour traiter les infections bactériennes, et l'augmentation de cette résistance limite les chances de traitement de ces infections chez les chats. Cela accroît également le risque de transmission de ces bactéries des chats aux humains.

A la fin, il est crucial de sensibiliser les propriétaires de chats de compagnie aux dangers potentiels, et de leur fournir des directives pour se protéger, ainsi que leurs animaux. Il est essentiel de maintenir la propreté des chats et de leur environnement, y compris les zones de sommeil, de jeu et de repas. Les personnes doivent également se laver les mains après avoir manipulé ou touché les chats. De plus, des visites régulières chez le vétérinaire sont recommandées pour des examens de santé et la détection précoce d'infections bactériennes, avec des mesures préventives appropriées, notamment l'utilisation prudente des antibiotiques selon les directives du vétérinaire, afin de minimiser l'usage excessif contribuant à l'augmentation de la résistance bactérienne.

Références

A

Argudín M. A., Deplano A., Meghraoui A., Dodémont M., Heinrichs A., Denis O., Nonhoff C., Roisin S. 2017. Bacteria from animals as a pool of antimicrobial resistance genes. *Antibiotics* 6(2):12.

B

Berthe W. 2008. Analyse de la dispensation des antibiotiques dans trois officines de Bamako. Thèse de doctorat d'état, université de Bamako, 23p.

Balière C. 2016. Les *Escherichia coli* potentiellement pathogènes dans l'environnement littoral: cas des STEC et des EPEC. Thèse de doctorat d'état, université de Bretagne Occidentale, France, 180p.

Bojanić K. 2016. *Campylobacter* species in dogs and cats and significance to public health in New Zealand. Thèse de doctorat d'état, université de Massey, La Nouvelle-Zélande, 337p.

Brisson L. 2018. Apprivoisement de l'hôte et domestication de sa flore commensal: antibiorésistance des *E. coli* isolées des fèces d'animaux sauvages captifs et non captifs. Thèse de doctorat d'état, université Claude Bernard Lyon 1, France, 126p.

Boireau Bourély C. 2019. Antibiorésistance en santé animale en France: caractérisation à des fins d'évaluation et de lutte et mises en perspective dans un contexte One Health. Thèse de doctorat d'état, université Claude Bernard Lyon 1, France, 249p.

Brejyeh Z., Jubeh B., Karaman R. 2020. Resistance of gram-negative bacteria to current antibacterial agents and approaches to resolve it. *Molecules* 25(6): 1340.

Bugrov N., Rudenko P., Lutsay V., Gurina R., Zharov A., Khairova N., Molchanova M., Krotova E., Shopinskaya M., Bolshakova M., Popova I. 2022. Fecal microbiota analysis in cats with intestinal dysbiosis of varying severity. *Pathogens* 11(2): 234.

Buranasinsup S., Maklon K., Wiratsudakul A., Suwanpakdee S., Chantong B., Jiemtaweeboon S., Sakcamduang W. 2023. Prevalence and characterization of antimicrobial-resistant *Escherichia coli* isolated from veterinary staff, pets, and pet owners in Thailand. *Journal of Infection and Public Health* 16: 194–202.

C

Costa D., Poeta P., Sáenz Y., Coelho A. C., Matos M., Vinué L., Rodrigues J., Torres C. 2008. Prevalence of antimicrobial resistance and resistance genes in faecal *Escherichia coli* isolates recovered from healthy pets. *Veterinary microbiology* 127(1-2): 97-105.

Cheung K. T ., Chan H. Y. 2023. Oral flora of domestic cats in Hong Kong: Identification of antibiotic-resistant strains. *Veterinary Medicine and Science*9(1): 25-36.

D

Damborg P., Broens E. M., Chomel B. B., Guenther S., Pasmans F., Wagenaar J. A., Weese J.S ., Wieler L.H., Windahl U., Vanrompay D ., Guardabassi L. 2016. Bacterial zoonoses transmitted by household pets: state-of-the-art and future perspectives for targeted research and policy actions. *Journal of comparative pathology* 155(1): 27-40.

Das S., Kabir A., Chouhan C. S., Shahid M. A. H., Habib T., Rahman M., Nazir K. N. H. 2023. Domestic cats are potential reservoirs of multidrug-resistant human enteropathogenic *E. coli* strains in Bangladesh. *Saudi Journal of Biological Sciences* 30(10): 103786.

E

Epps S. V., Harvey R. B., Hume M. E., Phillips T. D., Anderson R. C., Nisbet D. J. 2013. Foodborne *Campylobacter*: infections, metabolism, pathogenesis and reservoirs. *International journal of environmental research and public health* 10(12): 6292-6304.

Elnageh H. R., Hiblu M. A., Abbassi M. S., Abouzeed Y. M., Ahmed M. O. 2021. Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* serotypes isolated from cats and dogs in Tripoli, Libya. *Veterinaria Italiana* 57(2): 111-118.

F

Fayez M., Elmoslemany A., Al Romaihi A. A., Azzawi A. Y., Almubarak A., Elsohaby I. 2023. Prevalence and Risk Factors Associated with Multidrug Resistance and Extended-Spectrum β -lactamase Producing *E. coli* Isolated from Healthy and Diseased Cats. *Antibiotics (Basel, Switzerland)* 12(2): 229.

G

Guentzel M. N. 1996. *Escherichia, klebsiella, enterobacter, serratia, citrobacter, and proteus. Medical Microbiology.4th edition.*

Guillemot D., Brisabois A., Brugere H., Guillot J.F., Laval A., Millemann Y. 2006. Usages vétérinaires des antibiotiques, résistance bactérienne et conséquences pour la santé humaine. *Agence Française de Sécurité Sanitaire des Aliments.*

Gandolfi-Decristophoris P., Petrini O., Ruggeri-Bernardi N., Schelling E. 2013. Extended-spectrum β -lactamase-producing *Enterobacteriaceae* in healthy companion animals living

in nursing homes and in the community. *American journal of infection control* 41(9): 831-835.

Goldstein E. J., Abrahamian F. M. 2016. Diseases transmitted by cats. *Microbiology Spectrum* 3(5):14.

H

Habib I., Mohteshamuddin K., Mohamed M. Y. I., Lakshmi G. B., Abdalla A., Bakhit Ali Alkaabi A. 2023. Domestic Pets in the United Arab Emirates as Reservoirs for Antibiotic-Resistant Bacteria: A Comprehensive Analysis of Extended-Spectrum Beta-Lactamase Producing *Escherichia coli* Prevalence and Risk Factors. *Animals* 13(10): 1587.

I

Iseppi R., Di Cerbo A., Messi P., Sabia C. 2020. Antibiotic resistance and virulence traits in vancomycin-resistant enterococci (Vre) and extended-spectrum β -lactamase/ampc-producing (ESBL/ampc) Enterobacteriaceae from humans and pets. *Antibiotics* 9(4): 152.

J

Ju C., Ma Y., Zhang B., Zhou G., Wang H., Yu M., He J., Duan Y., Zhang M. 2023. Prevalence, genomic characterization and antimicrobial resistance of *Campylobacter spp.* isolates in pets in Shenzhen, China. *Frontiers in Microbiology* 14: 1152719.

L

Lion C., Conroy M. C., Carpentier A. M., Lozniewski A. 2006. Antimicrobial susceptibilities of *Pasteurella* strains isolated from humans. *International journal of antimicrobial agents* 27(4): 290-293.

Lotte M. 2013. Principales zoonoses bactériennes transmises par le chien et le chat à l'homme et les méthodes de prévention associées. Thèse de doctorat d'état, université Grenoble Alpes, France, 155p.

Liu X., Thungrat K., Boothe D. M. 2016. Occurrence of OXA-48 carbapenemase and other β -lactamase genes in ESBL-producing multidrug resistant *Escherichia coli* from dogs and cats in the United States, 2009–2013. *Frontiers in microbiology* 7: 1057.

Lyu Y., Su C., Verbrugghe A., Van de Wiele T., Martos Martinez-Caja A., Hesta M. 2020. Past, present, and future of gastrointestinal microbiota research in cats. *Frontiers in Microbiology* 11: 1661.

Lin H., Liu Z., Zhou Y., Lu W., Xu Q. 2022. Characterization of resistance and virulence of *Pasteurella multocida* isolated from pet cats in south China. *Antibiotics* 11(10): 1387.

M

- McCune S. (2010). *The domestic cat. The UFAW handbook on the care and management of laboratory and other research animals*. 8th ed. Chichester: Wiley-Blackwell, 453-472.
- Marks S. L., Rankin S. C., Byrne B. A., Weese J. S. 2011. Enteropathogenic bacteria in dogs and cats: diagnosis, epidemiology, treatment, and control. *Journal of veterinary internal medicine* 25(6): 1195-1208.
- Muylaert A., Mainil J. 2013. Résistance bactériennes aux antibiotiques, les mécanismes et leur "contagiosité". *In Annales de Médecine vétérinaire* 156:109- 123.
- Munck C. 2014. Antibiotic Resistance: Adaptive Evolution & Dissemination of Resistance Genes. Thèse de doctorat d'état, université technique du Danemark, Danemark, 130p.
- Munita J. M., Arias C. A. 2016. Mechanisms of antibiotic resistance. *Virulence mechanisms of bacterial pathogens* 4(2): 481-511.
- Melo L. C., Boisson M. N., Saras E., Médaille C., Boulouis H. J., Madec J. Y., Haenni M. 2017. OXA-48-producing ST372 *Escherichia coli* in a French dog. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy* 72(4): 1256-1258.
- Mazurek L., Winiarczyk S., Adaszek L. 2018. Feline bartonellosis key issues and possible vectors. *Annals of Parasitology* 64 (4): 309–315.
- Mu H., Yang M., Zhang, Y., Zhang Y., Wang J., Yuan W., Rong S. 2020. Pet-related *Pasteurella multocida* induced peritonitis in peritoneal dialysis: a case report and review of the literatures. *BMC nephrology* 21: 1-8.

N

- Nittayasut N., Yindee J., Boonkham P., Yata T., Suanpairintr N., Chanchaithong P. 2021. Multiple and High-Risk Clones of Extended-Spectrum Cephalosporin-Resistant and bla NDM-5-Harboring Uropathogenic *Escherichia coli* from Cats and Dogs in Thailand. *Antibiotics* 10(11): 1374.

O

- O'Neil J. 2018. Zoonotic infections from common household pets. *The Journal for Nurse Practitioners* 14(5): 363-370.
- Opatowski M. 2020. Résistance bactérienne aux antibiotiques, apport du système national des données de santé. Thèse de doctorat d'état, université Paris-Saclay, France, 189p.

P

Peng Z., Wang X., Zhou R., Chen H., Wilson B. A., Wu B. 2019. *Pasteurella multocida*: genotypes and genomics. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 83(4): 10-1128.

Palma E., Tilocca B., Roncada P. 2020. Antimicrobial resistance in veterinary medicine: An overview. *International Journal of Molecular Sciences* 21(6): 1914.

R

Roy A. F. 2000. Pathogenesis of *Bartonella henselae* in the domestic cat: use of a PCR-based assay for the detection and differentiation of *B. henselae* genotype I and genotype II in chronically infected cats. Thèse de doctorat d'état, université d'État de la Louisiane et Collège Agricole et Mécanique, États-Unis, 171p.

Rocha-Gracia R. C., Cortés-Cortés G., Lozano-Zarain P., Bello F., Martínez-Laguna Y., & Torres C. 2015. Faecal *Escherichia coli* isolates from healthy dogs harbour CTX-M-15 and CMY-2 β -lactamases. *The Veterinary Journal* 203(3): 315-319.

Razali K. 2020. Étude bactériologique de la flore buccale des carnivores domestiques et risques de transmission à l'homme. Thèse de doctorat d'état, université de Blida1-Saad Dahlab, Algérie, 195p.

S

Sun Y., Zeng Z., Chen S., Ma J., He L., Liu Y., Deng Y., Lei T., Zhao J., Liu J. H. 2010. High prevalence of blaCTX-M extended-spectrum β -lactamase genes in *Escherichia coli* isolates from pets and emergence of CTX-M-64 in China. *Clinical Microbiology and Infection* 16(9): 1475-1481.

Sallem R. B., Gharsa H., Slama K. B., Rojo-Bezares B., Estepa V., Porres-Osante N., Jouini A., Klibi N., Sáenz Y., Boudabous A., Torres, C. (2013). First detection of CTX-M-1, CMY-2, and QnrB19 resistance mechanisms in fecal *Escherichia coli* isolates from healthy pets in Tunisia. *Vector-borne and Zoonotic Diseases* 13(2) : 98-102.

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

Tafoukt R., Touati A., Leangapichart T., Bakour S., Rolain J. M. 2017. Characterization of OXA-48-like-producing *Enterobacteriaceae* isolated from river water in Algeria. *Water research* 120: 185-189.

Touati A., Mairi A., Baloul Y., Lalaoui R., Bakour S., Thighilt L., Gharout A., Rolain J. M. 2017. First detection of *Klebsiella pneumoniae* producing OXA-48 in fresh vegetables from Béjaïa city, Algeria. *Journal of global antimicrobial resistance*9: 17-18.

Tabey M. 2022. Le microbiote cutané bactérien de l'homme, du chien et du chat: actualité et comparaison. Thèse de doctorat d'état, université Claude Bernard Lyon 1, France ,127p.

Teng L., Liao S., Zhou X., Jia C., Feng M., Pan H., Zhengxin M ., Yue, M. 2022. Prevalence and genomic investigation of multidrug-resistant *Salmonella* isolates from companion animals in Hangzhou, China. *Antibiotics*11(5): 625.

U

Uddin T. M., Chakraborty A. J., Khusro A., Zidan B. R. M., Mitra S., Emran T. B., Dhama K., Ripon M. K. H., Gajdács M., Sahibzada M.U.K., Hossain M. J., Koirala N. 2021. Antibiotic resistance in microbes: History, mechanisms, therapeutic strategies and future prospects. *Journal of infection and public health* 14(12): 1750-1766.

Urban-Chmiel R., Marek A., Stępień-Pyśniak D., Wieczorek K., Dec M., Nowaczek A., Osek J. 2022. Antibiotic resistance in bacteria—A review. *Antibiotics* 11(8): 1079.

W

Wei L., Yang C., Shao W., Sun T., Wang J., Zhou Z., Chen C ., Zhu A., Pan, Z. 2020. Prevalence and drug resistance of *Salmonella* in dogs and cats in Xuzhou, China. *Journal of veterinary research* 64(2): 263.

Y

Yousfi M., Mairi A., Touati A., Hassissene L., Brasme L., Guillard T., De Champs C. 2016. Extended spectrum β -lactamase and plasmid mediated quinolone resistance in *Escherichia coli* fecal isolates from healthy companion animals in Algeria. *Journal of Infection and Chemotherapy* 22(7): 431-435.

Yousfi M., Touati A., Muggeo A., Mira B., Asma B., Brasme L., Guillard T., Champs C. 2018. Clonal dissemination of OXA-48-producing *Enterobacter cloacae* isolates from companion animals in Algeria. *Journal of Global Antimicrobial Resistance* 12: 187-191

Yaovi A. B., Sessou P., Tonouhewa A. B., Hounmanou G. Y., Thomson D., Pelle R., Farougou S., Mitra A. 2022. Prevalence of antibiotic-resistant bacteria amongst dogs in Africa: A meta-analysis review. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 89(1): 1-12.

Yeleussizova A., Aleshina Y., Mendybayeva A., Khassanova M., Rychshanova R. 2023. Resistance to Antibacterial Agents in *Escherichia coli* Isolated from Domestic Cats and Dogs in the Northern Region of the Republic of Kazakhstan. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences* 18 (3): 190-198.

Z

Zhang Z., Zhang L., Dai H., Zhang H., Song Y., An Q., Wang J., Xia Z. 2022. Multidrug-resistant *Klebsiella pneumoniae* complex from clinical dogs and cats in China: molecular characteristics, phylogroups, and hypervirulence-associated determinants. *Frontiers in Veterinary Science*9: 816415.

Zhou Y., Ji X., Liang B., Jiang B., Li Y., Yuan T., Zhu L., Liu J., Guo X., Sun Y. 2022. Antimicrobial resistance and prevalence of extended spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* from dogs and cats in Northeastern China from 2012 to 2021. *Antibiotics* 11(11): 1506.

المخلص

القطط المنزلية على اتصال دائم مع الإنسان وبيئته، مما يدفعنا إلى إبراز خطر انتقال البكتيريا المسببة للأمراض والمقاومة للمضادات الحيوية. يركز هذا العمل على معرفة أنواع البكتيريا سالبة الجرام الحيوانية المصدر التي تسبب العدوى السريرية للبشر، والتي تنتقلها القطط في جميع أنحاء العالم، وعلى مقاومة هذه البكتيريا لمختلف فئات المضادات الحيوية المستخدمة علاجياً. أظهرت النتائج أن هذه البكتيريا متعددة المقاومة ل- β لاكتام، والأمينوغليكوزيدات، والفلوروكينولونات، والتتراسيكلينات، والفينكول، والسلفاميدات. بالإضافة إلى ذلك، تم الإبلاغ عن بكتيريا ذات أنماط ظاهرية منتجة للـ BLSE وكاربابينيميز. تعود هذه المقاومة إلى الاستخدام العشوائي للمضادات الحيوية، مما يدفعنا إلى التأكيد على مراقبة الصفات البيطرية واتباع قواعد النظافة عند التعامل مع القطط لمنع تفاقم هذا الخطر.

الكلمات المفتاحية: القطط المنزلية، البكتيريا سالبة الجرام، العدوى الحيوانية المصدر، المضادات الحيوية، المقاومة.

Résumé

Les chats domestiques sont en contact constant avec l'homme et son environnement, ce qui nous induit à mettre en évidence le risque de transmission des bactéries pathogènes résistantes aux antibiotiques. Ce travail se focalise sur la connaissance des différentes bactéries Gram-négatives zoonotiques causant des infections cliniques humaine, transmises par les chats à travers le monde, et sur la résistance de ces bactéries à diverses classes d'antibiotiques à utilisation thérapeutique. Les résultats ont montré que ces bactéries sont multirésistantes aux β -lactamines, aux aminoglycosides, aux fluoroquinolones, aux tétracyclines, au phénicol et aux sulfamides. De plus, des bactéries de phénotypes BLSE et Carbapenemases ont été signalées. Cette résistance est due à l'utilisation aléatoire des antibiotiques, ce qui nous incite à insister sur le suivi des prescriptions vétérinaires et le respect des règles d'hygiène en étant en contact avec les chats pour éviter l'aggravation de ce risque .

Mots-clés : chats domestiques, bactéries Gram-négatives, infections zoonotiques, antibiotiques, résistance .

Summary

Domestic cats are in constant contact with humans and their environment, which highlights the risk of transmitting antibiotic-resistant pathogenic bacteria. This work focuses on understanding the various zoonotic Gram-negative bacteria causing clinical infections in humans, transmitted by cats worldwide, and on the resistance of these bacteria to various classes of therapeutic antibiotics. The results showed that these bacteria are multidrug-resistant to β -lactams, aminoglycosides, fluoroquinolones, tetracyclines, phenicols, and sulfonamides. Additionally, bacteria with ESBL (Extended-Spectrum Beta-Lactamases) and carbapenemase phenotypes have been reported. This resistance is due to the random use of antibiotics, emphasizing the need to monitor veterinary prescriptions and adhere to hygiene practices when in contact with cats to prevent the worsening of this risk .

Keywords: domestic cats, Gram-negative bacteria, zoonotic infections, antibiotics, resistance.