



Université Mohamed Khider de Biskra
Faculté des sciences exactes et des sciences de la nature
et de la vie et des sciences de la terre et de l'univers
Département des sciences de la nature et de la vie
Filière : Sciences biologiques

Référence / 2025

MÉMOIRE DE MASTER

Spécialité : Microbiologie Appliquée

Présenté et soutenu par :
Ghedhaifi Nesrine et Gamoula Rofaida Fatma Zahra

Le : lundi 26 mai 2025

Etude de la résistance aux antibiotiques des bactéries à Gram positif isolées des bovins

Jury :

Mme. Yamina BOUATROUS	Pr	Université de Biskra	Président
Dr. Widad Bouguenoun	MCA	Université de Biskra	Rapporteur
Mme. Samia CHARIFI	MCB	Université de Biskra	Examineur

Année universitaire : 2025/2024

Remerciment

Nous exprimons notre profonde gratitude à Allah, source de toute force et sagesse, qui nous a guidés avec bienveillance tout au long de ce parcours, transformant chaque défi en une étape vers la réalisation de nouveaux rêves et ambitions.

Nous adressons nos plus sincères remerciements à notre encadreur, Dr. Widad Bouguenoun, dont l'expertise, la bienveillance et les conseils éclairés ont été une lumière précieuse dans la conduite et l'aboutissement de ce travail. Sa patience et son engagement ont été pour nous une source constante de motivation.

Nous remercions également avec respect et reconnaissance les membres du jury, pour le temps et l'attention qu'ils ont consacrés à l'évaluation de ce travail, contribuant ainsi à notre enrichissement académique.

Un remerciement tout particulier à nos enseignants, amis et collègues du département des Sciences de la Nature et de la Vie à l'Université Mohammed Khider, dont le soutien indéfectible et la camaraderie ont rendu cette aventure humaine et scientifique inoubliable. Leur présence a été un véritable moteur dans cette étape déterminante de notre vie.

Dédicaces

Louange à Dieu, à qui je dois tout, et par qui les rêves prennent forme.
Le voyage touche à sa fin. Il n'a été ni court ni facile, et le rêve a souvent semblé lointain. Mais par la grâce
de Dieu, le voilà accompli.

À celui dont je porte le nom avec fierté, pilier de ma force et exemple de droiture —
Mon père, qu'Allah bénisse ta vie pour que tu puisses voir les fruits que tu as semés.

À celle dont l'amour inconditionnel m'a enveloppée, et dont les prières ont illuminé mon chemin —
Ma mère, source de tendresse et symbole de générosité, qu'Allah te fasse miséricorde et t'accorde le plus
haut des paradis.

À mon soutien le plus proche, complice de chaque pas dans ce parcours :
Ma sœur *Randa*, moitié de mon âme, souffle de mon ascension.

À la lumière de ma vie, mes petits trésors : *Tarek et Maria*, mes chers frères, vous êtes ma joie pure.

À la fleur de mon chemin, ce cadeau inattendu de la vie — *Zineb*, merci pour ta douceur.

À mes amies sincères, éclats de bonheur dans les moments de doute :
Samah, Manar, Rafäda, Manar, Radhia, Nour El Huda, vous avez illuminé cette route.

À notre précieuse enseignante *Widad Bougnoun*, pour son soutien constant et ses encouragements
— votre présence a profondément marqué cette réussite.

Et à moi-même, qui ai cru, persévéré et tenu bon malgré les vents contraires.

Louange à Dieu pour cette belle fin et cet accomplissement béni.

..*Nesrine*..

Celui qui a dit : "Je suis à elle", l'a eue.
Et s'il a refusé d'être contre elle, je l'ai amené.
Le voyage n'était pas court, et il ne devait pas l'être.
Le rêve n'était pas proche, ni la route facile. Mais je suis arrivé, et je l'ai accompli.

Je consacre mon succès :
À celui qui a orné mon nom des plus beaux titres , à celui qui m'a soutenu sans limites et m'a tant donné,
à celui qui m'a appris que le monde est une lutte, qu'il n'y a pas de place pour l'abandon,
et que le savoir est une arme . À celui qui m'a inculqué les valeurs,
mon soutien et mon refuge : *mon père.*

À celle sous les pieds de qui Dieu a placé le paradis,
celle dont le cœur m'a embrassé avant même sa main , qui a facilité l'adversité pour moi,
et qui a été la flamme de ma bougie dans l'obscurité,
le secret de ma force et la lumière de ma vie : *ma mère bien-aimée.*

Et à mes sœurs *Roeja, Rayhana, Rokaya, Aisha*, Et à mon ami, que ma bien-aimée *Shaima*
Et à mes sœurs que ma mère n'a pas enfantées, mes compagnons d'étude *Nesrine, Samah, Manar,*
Nour Al-Houda, et Radia

Je n'oublierai jamais l'être le plus aimé de mon cœur, mon chat *Mimo*

Et à tous les membres de ma famille

Comme on dit , conclusion est musquée, c'est grâce à Dieu d'abord et mon honorable professeur *Widad*
Bouguenoun. Je m'excuse pour mes erreurs et vous remercie de tous vos efforts . Que Dieu vous
récompense et vous honore

..Rofaida..

Table de matières

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

Première partie : Synthèse bibliographique

Chapitre I. Les bovins et les bactéries à Gram positif

I.1. Les bovins	3
I.2. La microflore des bovins	3
I.3. Les bactérie à Gram positif.....	4
I.4. Les principales bactéries pathogènes pour l'homme.....	4
I.4.1. <i>Staphylococcus aureus</i>	4
I.4.2. <i>Listeria monocytogenes</i>	5
I.4.3. <i>Streptococcus agalactiae</i>	5
I.4.4. <i>Streptococcus dysgalactiae</i>	5
I.4.5. <i>Staphylococcus epidermidis</i>	5
I.4.6. <i>Staphylococcus simulans</i>	5
I.4.7. <i>Enterococcus faecalis</i>	5

Chapitre II. Les antibiotiques et l'antibiorésistance

II.1. Les antibiotiques	6
II.1.1. Définition	6
II.2. Classification des antibiotiques	6
II.3. Modes d'action des antibiotiques sur les bactéries Gram positives	7
II.3.1. Action au niveau de la paroi bactérienne	7
II.3.2. Action au niveau de la membrane	7
II.3.3. Action au niveau des processus cytoplasmiques	7
II.4. La résistance aux antibiotiques des bactérie Gram positives	8
II.4.1. La résistance naturelle	8
II.4.2. Les résistances acquises	8
II.5. Les mécanismes de la résistance.....	9
II.5.1. Mécanismes enzymatiques.....	9

II.5.2. Mécanismes non enzymatiques	9
II.6. La résistance des bactéries à Gram positif aux antibiotiques	9

Deuxième partie :Analyse des articles

Chapitre III. Matériel et méthodes

III.1. Choix des données	11
III.2. Selection des articles.....	11
III.3. Échantillonnage	13
III.4. Préparation de la suspension bactérienne.....	14
III.5. Isolement	14
III.5.1. Enrichissement	14
III.5.2. Mise en culture.....	14
III.6. Identification	16
III.6.1. Examen microscopique.....	16
III.6.2. Examen macroscopique	16
III.6.3. Identification biochimique	16
III.6.4. Autres méthodes d'identification	18
III.7. Étude de la résistance aux antibiotiques	19
III.8. Etude phénotypique des mécanismes de résistance	21

Chapitre IV. Résultats et discussion

IV.1. Isolement.....	24
IV.2. Identification	25
IV.4. La répartition des bactéries Gram positives selon l'état clinique des bovins	30
IV.5. L'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries Gram positives	32
IV.5.1. La résistance des bactéries Gram positives aux différentes classes d'antibiotiques.....	32
IV.5.2. Etude phénotypique des mécanismes de résistance	34
Conclusion	36
Références.....	37
Résumé.....	

Liste des tableaux

Tableau 1. Aperçu des antibiotiques sélectionnés.....	6
Tableau 2. Les conditions et la zone de sélection des bovins.....	11
Tableau 3. Échantillonnage.....	13
Tableau 4. Les milieux d'enrichissement.	14
Tableau 5. Les milieux de culture utilisés.	15
Tableau 6. Les antibiotiques et la méthode utilisés dans chaque étude.....	19
Tableau 7. Les isolats des bactéries Gram positives identifiés dans chaque étude.....	27

Liste des figures

Figure 1. Schéma simplifié d'une cellule bactérienne présentant les différents modes d'action des antibiotiques (Munck & Sommer, 2014).....	8
Figure 2. Le taux d'isolement des bactéries à Gram positives dans chaque étude.....	24
Figure 3. Répartition proportionnelle des espèces de bactéries à Gram positif identifiées dans 20 études scientifiques.....	29
Figure 4. La répartition des bactéries Gram positives selon le type de prélèvement	30
Figure 5. Pourcentages des bactérie Gram positives dans les bovins malades et sains.....	31
Figure 6. La résistance des bactéries Gram positives aux antibiotiques.....	34

Liste des abbreviations

API 20 Strep /Staph : Analytical Profile Index 20Strep /Staph (Système d'identification microbienne)

ADN : Acide désoxyribonucléique

ARN : Acide ribonucléique

ARN 23S : Composant de la sous-unité 50S du ribosome bactérien

CMI : Concentration Minimale Inhibitrice

CLSI: Clinical and Laboratory Standards Institute

ERV : *Enterococcus* résistance à la vancomycine

MLSB : Type de mécanisme associe une résistance croisée aux macrolides, aux lincosamides et aux streptogramines B.

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

ONPG : Ortho-Nitrophenyl- β -galactopyranoside

PBP2a : Protéine de liaison à la pénicilline 2a protéine impliquée dans la résistance aux bêta-lactamines

SARM : *Staphylococcus aureus* résistance à la méthicilline

SCN : Staphylocoques à Coagulase Négative

Introduction

Introduction

L'élevage bovin constitue l'un des piliers fondamentaux de la production animale, en raison des produits essentiels qu'il fournit tels que le lait et la viande. Toutefois, ces animaux restent exposés à des infections bactériennes pouvant affecter leur santé et leur productivité, notamment dans le contexte des systèmes agricoles intensifs (Chen *et al.*, 2021). Ces dernières années, plusieurs études ont mis en évidence une inquiétude croissante concernant la résistance de certains agents pathogènes notamment le SARM et les ERV aux antibiotiques couramment utilisés, ce qui complique les traitements vétérinaires et menace leur efficacité (Silva *et al.*, 2022 ; Valeanu *et al.*, 2024).

Le contact direct entre les bovins et les travailleurs, ainsi que la circulation des produits animaux au sein de la chaîne alimentaire, favorisent le risque de transmission de bactéries résistantes de l'animal à l'homme, augmentant ainsi la probabilité d'infections zoonotiques (Reis *et al.*, 2022). En raison de l'importance économique de ces animaux, les éleveurs déploient de grands efforts pour préserver leur santé, ce qui se traduit parfois par une utilisation excessive ou inappropriée des antibiotiques, à des fins curatives ou préventives, entraînant une pression de sélection et l'émergence de souches résistantes (Mulchandani *et al.*, 2023).

Certaines études ont d'ailleurs révélé des indices de transmission de ces agents résistants entre les bovins et le personnel des exploitations, ce qui constitue un enjeu sanitaire dépassant le cadre des élevages eux-mêmes (Silva *et al.*, 2022). De plus, la forte densité animale dans les étables, combinée à l'insuffisance des mesures de biosécurité, contribue à la propagation des gènes de résistance au sein des troupeaux (Valeanu *et al.*, 2024).

La résistance aux antibiotiques représente ainsi l'un des défis majeurs contemporains touchant à la fois la santé animale et humaine. L'usage inapproprié des antimicrobiens en constitue un facteur clé, qu'il s'agisse d'un usage excessif, d'un sous-dosage ou du non-respect des protocoles thérapeutiques. Ces pratiques perturbent l'équilibre microbien et facilitent la transmission de gènes de résistance, d'où la nécessité d'adopter des stratégies précises telles que les systèmes de surveillance intelligente et l'agriculture de précision, tout en renforçant le cadre réglementaire et la sensibilisation des éleveurs (Reis *et al.*, 2022 ; Fuller *et al.*, 2022).

Dans ce contexte, notre étude vise à analyser le niveau de la résistance aux antibiotiques, des différentes bactéries à Gram positif, isolées à partir des bovins sains et malades. En s'intéressant aussi à faire le lien avec les pratiques vétérinaires et d'élevage, dans le but de proposer des solutions pour limiter la propagation de la résistance, en s'appuyant sur le concept One Health

qui est une approche intégrée et unificatrice qui vise à comprendre et à gérer les interactions complexes entre la santé humaine, la santé animale et la santé des écosystèmes.

Ce travail est structuré en deux grandes parties :

La première partie de la revue bibliographique présentant des généralités sur les bovins et les infections bactériennes qui les affectent ainsi que l'homme, en s'intéressant particulièrement aux mécanismes de résistance aux antibiotiques.

La deuxième partie repose sur l'analyse d'articles scientifiques, qui décrit le matériel et les méthodes utilisés pour isoler les bactéries à Gram positif chez les bovins et évaluer leur profil de résistance. Les résultats issus des différentes études seront ensuite exposés, avant de faire l'objet d'une discussion mettant en lumière l'évolution de la résistance bactérienne chez les bovins. Et enfin, une conclusion viendra clore cette synthèse.

Première partie :

Synthèse bibliographique

Chapitre I.

Les bovins et les bactéries à Gram positif

I.1. Les bovins

Le terme bovin désigne un groupe de mammifères ruminants appartenant à la famille des bovidés, et plus précisément à la sous-famille des bovinæ. Ce groupe comprend notamment :

Les bovins domestiques (*Bos taurus* et *Bos indicus*)

Les taureaux sauvages (comme les bisons d'Amérique et d'Europe)

Les buffles (notamment le buffle d'eau asiatique)

Les bovins sont principalement élevés pour la production de lait, de viande, de cuirs, ainsi que pour leur utilisation comme force de travail en agriculture. Ils se distinguent par un système digestif complexe composé de quatre compartiments stomacaux, qui leur permet de digérer efficacement les végétaux riches en fibres (Merck., 2020 ; FAO., 2018).

I.2. La microflore des bovins

Le microbiome intestinal représente un système multicomposant de micro-organismes qui colonisent l'intestin des bovins. Des études ont montré que le microbiome intestinal participe à plusieurs processus physiologiques essentiels à la santé de l'hôte. (Ungerfeld *et al.*, 2022). De nombreux chercheurs ont utilisé des méthodes basées sur la culture pour observer la composition bactérienne dans des échantillons intestinaux et fécaux chez les bovins. Les groupes cultivables les plus abondants étaient *Lactobacillus*, *Clostridium*, *Staphylococcus* et *Streptococcus*. Le microbiome intestinal des bovins devient plus abondant à mesure qu'on progresse dans le tractus digestif. La portion proximale contient une distribution presque égale de bactéries aérobies et anaérobies, tandis que les parties distales sont principalement colonisées par des groupes bactériens anaérobies (FAO., 2018).

Les populations bactériennes présentes sur la peau et le pis sont classées en deux catégories : la flore résidente et la flore transitoire. La flore résidente comprend des espèces telles que *Staphylococcus spp.* et *Streptococcus spp.*, tandis que la flore transitoire inclut des bactéries comme *Escherichia coli* et *Staphylococcus aureus*. *Staphylococcus aureus* et *Streptococcus uberis* sont souvent retrouvés en abondance sur la peau normale du pis chez les bovins (FAO., 2018).

L'intestin des bovins constitue un environnement complexe contenant plus de 10^{10} bactéries et plus de 700 espèces différentes, localisées dans le rumen, l'estomac, et réparties sur différentes zones. Cette flore est dominée principalement par des bactéries à Gram positif telles que *Lactobacillus spp* et *Clostridium spp*, qui participent à la fermentation des glucides et à la

production d'acides gras volatils comme l'acétate et le butyrate, source principale d'énergie chez les bovins (Smith *et al.*, 2020).

Plusieurs facteurs influencent l'équilibre de la microflore chez les bovins, tels que le régime alimentaire, où une augmentation des fibres favorise la croissance de *Lactobacillus*, tandis que l'usage excessif d'antibiotiques réduit la diversité bactérienne bénéfique. La microflore varie également selon l'âge et la génétique entre les veaux et les bovins adultes (Johnson *et al.*, 2021). En pratique, des probiotiques contenant des souches de *Lactobacillus* et de *Bacillus* sont utilisés pour améliorer la digestion. En parallèle, la surveillance des souches de *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline (SARM) est essentielle dans les exploitations pour contrôler les affections du pis (Gupta *et al.*, 2021).

I.3. Les bactérie à Gram positif

Les bactéries à Gram positif sont des micro-organismes reconnaissables à leur paroi cellulaire épaisse, riche en peptidoglycane, ce qui leur permet de retenir le colorant violet lors de la coloration de Gram. Elles sont souvent responsables d'infections chez les bovins, pouvant nuire à leur santé, réduire leur productivité et compromettre la sécurité des produits d'origine animale tels que le lait et la viande (Quinn *et al.*, 2011 ; Songer *et al.*, 2005 ; Whitman, 2015).

I.4. Les principales bactéries pathogènes pour l'homme

Mammite est une inflammation de la glande mammaire, généralement causée par une infection bactérienne, virale ou fongique. Elle touche principalement les vaches laitières, mais peut également affecter d'autres espèces de mammifères (Radostits *et al.*, 2007 ; Seegers *et al.*, 2003).

I.4.1. *Staphylococcus aureus*

Staphylococcus aureus est une bactérie Gram positive d'origine bovine, souvent transmise à l'homme par la consommation de lait cru non pasteurisé ou par contact direct avec des animaux infectés (CDC., 2019). Elle est responsable de diverses pathologies telles que les infections cutanées, les intoxications alimentaires et les septicémies. Les signes cliniques varient selon la forme de l'infection, mais incluent généralement rougeur, gonflement, douleur, fièvre, ainsi que diarrhée en cas d'intoxication alimentaire. Environ 70 à 80 % des souches de *S. aureus* sont capables de produire des exotoxines, notamment des entérotoxines (A, B, C1, C2, C3, D, E, H), la toxine du choc toxique ainsi que les toxines exfoliatives A et B. La contamination de la viande peut survenir au moment de l'abattage, en particulier lors du dépeçage ou de l'ablation de la mamelle, surtout si un contact direct s'établit entre les travailleurs et la carcasse. L'ingestion d'aliments contaminés par ces toxines peut entraîner des

troubles gastro-intestinaux tels que nausées, vomissements et diarrhées. Ces entérotoxines staphylococciques sont réputées pour leur résistance élevée à la chaleur (Salifou *et al.*, 2013).

I.4.2. *Listeria monocytogenes*

Provenant de l'intestin des bovins, elle est transmise à l'homme par les fromages à pâte molle ou le lait cru contaminé. Elle cause la listériose, surtout chez les femmes enceintes et les personnes âgées et immunodéprimées. Les symptômes incluent fièvre, vomissements, diarrhée et douleurs musculaires (WHO., 2023).

I.4.3. *Streptococcus agalactiae*

Originnaire de bovins atteints de mammite, elle peut être transmise à l'homme et provoquer des infections graves chez les nouveau-nés, notamment une méningite. Les symptômes incluent fièvre, raideur de la nuque et léthargie (Nizet *et al.*, 2015).

I.4.4. *Streptococcus dysgalactiae*

Originnaire des bovins, cette bactérie est responsable de la mammite et peut être transmise à l'homme par des plaies contaminées, et elle provoque des infections cutanées et musculaires (Said *et al.*, 2017).

I.4.5. *Staphylococcus epidermidis*

Cette bactérie est isolée du lait des vaches atteintes, et peut être transmise à l'homme par le lait cru non pasteurisé ou par des plaies contaminées. Chez l'homme, elle représente une cause fréquente d'infections associées aux dispositifs médicaux, tels que les cathéters et les valves artificielles, et peut entraîner une septicémie chez les personnes immunodéprimées (CDC., 2023).

I.4.6. *Staphylococcus simulans*

Staphylococcus simulans est impliquée dans les cas de mammite et peut être transmise à l'homme, provoquant des infections des plaies ou des infections dans le contexte de greffes d'organes (Merck., 2023).

I.4.7. *Enterococcus faecalis*

Cette bactérie peut provoquer chez l'homme des infections des voies urinaires, des septicémies et des infections de plaies. Certaines souches sont résistantes à la vancomycine (ERV), ce qui complique le traitement (CDC., 2020).

Chapitre II.

Les antibiotiques et l'antibiorésistance

II.1. Les antibiotiques

II.1.1. Définition

Les antibiotiques (du grec "anti" signifiant "contre" et "bios" signifiant "la vie") désignent des composés chimiques, soit d'origine naturelle, produits par des micro-organismes tels que des bactéries ou des champignons, soit obtenus par synthèse, imitant les dérivés naturels. Ces substances agissent en inhibant la croissance des bactéries de manière bactériostatique ou en les éliminant de manière ciblée, avec un effet bactéricide (Gandhi, 2018).

II .2. Classification des antibiotiques

Le tableau1 ci-dessous présente les classes d'antibiotiques sélectionnées et leur cible (Munck & Sommer, 2014)

Tableau 1. Aperçu des antibiotiques sélectionnés

Classe des antibiotiques	Exemple	Cible
Beta-lactame	Penicillins (ampicillin), Cephalosporins (cefotaxime), Carbapenems (meropenem)	Synthèse de la paroi cellulaire Les enzymes transpeptidases (PLP)
Quinolone	Nalidixic acid, Ciprofloxacin	Gyrase / topoisomérase IV / topoisomerase II
Aminoglycoside	Streptomycin, Gentamicin, Amikacin	Sous-unité ribosomique 30S / membrane cellulaire
Macrolide	Erythromycin, Azithromycin	Tunnel de sortie du peptide dans la sous-unité ribosomique 50S
Tetracycline	Tetracyclin, Tigecycline	Liaison d'ARNt dans la sous-unité ribosomique 30S
Oxazolidinones	Linezolid	Centre de peptidyl transférase dans la sous- unité ribosomique 50S
Phenicol	Chloramphenicol	Centre de peptidyl transférase dans la sous- unité ribosomique 50S
Licosamide	Clindamycin, Lincomycin	Tunnel de sortie du peptide dans la sous-unité ribosomique 50S
Sulfonamides	Sulfamethoxazole	Synthèse du tétrahydrofolate
Benzylpyrimidine	Trimethoprim	Synthèse du tétrahydrofolate
Rifamycin	Rifampicin	ARN polymérase
Nitroimidazoles	Metronidazole	Dommages généraux à l'ADN

Nitrofurans	Nitrofurantoin	Dommages généraux à l'ADN
Lipopeptide	Daptomycin	Membrane cellulaire
Glycopeptide	Vancomycin	Synthèse de la paroi cellulaire

II.3. Modes d'action des antibiotiques sur les bactéries Gram positives

II.3.1. Action au niveau de la paroi bactérienne

Certains antibiotiques, notamment les β -lactames (pénicilline, céphalosporines, carbapénèmes) et les glycopeptides (vancomycine), agissent en inhibant la synthèse du peptidoglycane, un constituant clé de la paroi cellulaire bactérienne. Cette action compromet l'intégrité de la paroi, rendant les bactéries sensibles à la pression osmotique et à l'autolyse, ce qui entraîne leur destruction (figure 2) (Gandhi, 2018).

II.3.2. Action au niveau de la membrane

Certaines bactéries sont affectées par des antibiotiques qui ciblent l'intégrité de leur membrane plasmique. Cette membrane est cruciale car elle permet de maintenir dans le cytoplasme les éléments nécessaires à leur survie et de préserver un gradient chimioosmotique. Les antibiotiques peuvent altérer cette membrane de deux manières : en perturbant sa structure ou en formant des canaux, ce qui provoque des fuites de composants vitaux pour la cellule. Les daptomycine, par exemple, agissent de cette manière (Opatowski, 2021).

II.3.3. Action au niveau des processus cytoplasmiques

L'inhibition de la synthèse protéique bactérienne : est un mécanisme d'action central de divers antibiotiques, tels que les tétracyclines, macrolides, aminosides, phénicolés, acide fusidique et oxazolidinones. Ces antibiotiques ciblent les ribosomes des bactéries, perturbant ainsi leur capacité à produire les protéines nécessaires à leur croissance et à leur multiplication (Gandhi, 2018).

L'inhibition de la synthèse des acides nucléiques : Les antibiotiques peuvent aussi bloquer la réplication de l'ADN bactérien ou la transcription de l'ADN en ARN, suivant différents mécanismes. Pour cela, ils doivent pénétrer dans la cellule et interrompre un élément de la chaîne de réplication. Ce processus concerne les quinolones ou la rifamycine.

Certains antibiotiques inhibent la synthèse des folates, éléments essentiels à la formation de constituants nécessaires à la survie cellulaire : lipides, acides aminés, nucléotides. Ce mécanisme concerne les sulfamides par exemple (figure 3) (Opatowski, 2021).

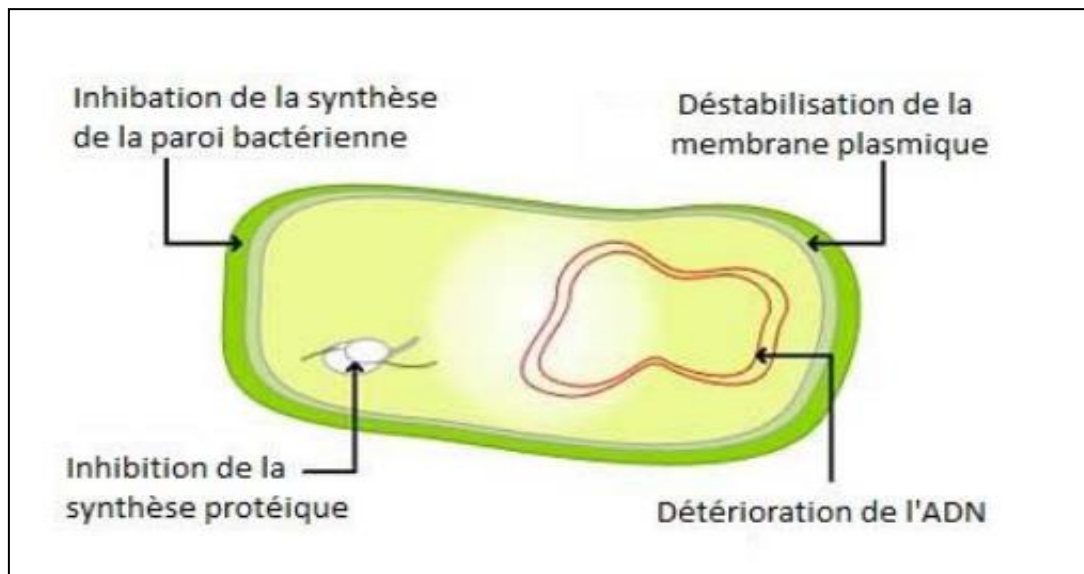


Figure 1. Schéma simplifié d'une cellule bactérienne présentant les différents modes d'action des antibiotiques (Munck & Sommer, 2014).

II.4. La résistance aux antibiotiques des bactérie Gram positives

II.4.1. La résistance naturelle

La résistance naturelle désigne le phénomène où certaines bactéries sont intrinsèquement résistantes à un antibiotique donné, car elles sont insensibles à son mode d'action. Par exemple, le bacille de la tuberculose est naturellement résistant à de nombreux antibiotiques. Le spectre d'activité d'un antibiotique regroupe les bactéries qu'il peut éliminer. En plus de la résistance naturelle, d'autres mécanismes permettent aux bactéries de devenir résistantes à plusieurs antibiotiques (Kamoun., 2016).

II.4.2. Les résistances acquises

La résistance aux antibiotiques se développe quand des bactéries, au départ sensibles, changent grâce à une mutation génétique qui leur permet de résister au traitement. Cette mutation est rare, mais elle arrive régulièrement. Quand un antibiotique est utilisé, il tue les bactéries sensibles, mais celles qui ont cette mutation survivent et se multiplient. En plus, ces gènes de résistance peuvent se transmettre facilement entre bactéries, même entre espèces différentes, grâce à un mécanisme appelé transfert horizontal. Ce transfert se fait par des éléments mobiles comme des plasmides, des transposons ou des phages, qui transportent les gènes résistants d'une bactérie à une autre (Lina *et al.*, 2014).

II .5. Les mécanismes de la résistance

Malgré les méthodes et les moyens de défiance des bactéries résistantes contre les antibiotiques peuvent différer, le principal but reste toujours le même, qui est de se débarrasser des attaques des antimicrobiens et protéger leur intégrité cellulaire.

II.5.1. Mécanismes enzymatiques

Certaines bactéries peuvent produire des enzymes qui neutralisent les antibiotiques en les détruisant ou en les modifiant. *Staphylococcus aureus* produit des β -lactamases qui détruisent les pénicillines, comme la pénicillinase. d'autres enzymes, comme les acétyltransférases ou phosphotransférases, modifient les aminoglycosides (ex. résistance à la gentamicine chez les entérocoques).

La méthylation de l'ARNr 23S, due au gène *erm* chez *Streptococcus pneumoniae*, empêche l'action des macrolides (Bush *et al.*, 2010 ; Ramirez *et al.*, 2010).

II.5.2. Mécanismes non enzymatiques

Certaines bactéries deviennent résistantes en modifiant les protéines ou structures que les antibiotiques visent. *Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline (SARM) produit une protéine spéciale, PBP2a, qui empêche les β -lactamines de bien se fixer. Les entérocoques résistants à la vancomycine (ERV) changent un élément du peptidoglycane (Arthur.,1993 ; Hiramatsu *et al.*, 2001).

II.6. La résistance des bactéries à Gram positif aux antibiotiques

Chez les bovins, la résistance aux antibiotiques des bactéries à Gram positif représente un enjeu critique, tant pour la santé animale que pour la santé publique. Cette résistance est en grande partie alimentée par une utilisation inadéquate des antibiotiques, qu'il s'agisse d'une administration à visée prophylactique ou comme promoteurs de croissance pratiques encore observées malgré les restrictions en vigueur dans certaines régions. L'usage à des doses insuffisantes ou l'interruption prématurée des traitements favorise également la sélection de souches résistantes. Les classes d'antibiotiques le plus souvent impliquées incluent les β -lactamines (telles que les pénicillines), les macrolides, les tétracyclines et, dans le cas des entérocoques résistants, la vancomycine.

Par ailleurs, les pratiques d'élevage intensif constituent un facteur aggravant. La forte densité des animaux dans les exploitations facilite la transmission des agents pathogènes, tandis qu'une hygiène déficiente et des mesures de biosécurité insuffisantes compromettent le contrôle

des infections. Ainsi, les conditions d'élevage et les usages vétérinaires inappropriés créent un terrain favorable à l'émergence et à la diffusion de la résistance antimicrobienne au sein des populations bovins (Economou., 2015 ; Gautier., 2012).

Deuxième partie :
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 bovins ont été téléchargés et examinées en détail, cela à partir de divers sites Web tels que Google Scholar, des sites scientifiques, Pub Med, Web of Science, Science Direct, Elsevier

Un total de 20 articles scientifiques a été sélectionné pour faire notre analyse dont on cite

(Klimienė *et al.*, 2011; Minst *et al.*, 2012; Kateete *et al.*, 2013 ; Overesch *et al.*, 2013 ; Sfaciotte *et al.*, 2015; Tanzin *et al.*, 2016; Freitas *et al.*, 2018; Haggag *et al.*, 2018 ; Balemi *et al.*, 2021; Yapić *et al.*, 2021; Regecová *et al.*, 2021 ; Arbab *et al.*, 2021; Hassani *et al.*, 2022; Selim *et al.*, 2022 ; Boukhalfa *et al.*, 2022; Svennesen *et al.*, 2022; Vollenweider *et al.*, 2023; Wang *et al.*, 2024; Yousfi *et al.*, 2024; Islam *et al.*, 2025).

III.2. Selection des articles

Le nombre des bovins étudiés à partir de différentes zones de collecte et les conditions de sélection varient d'une étude à l'autre (tableau 2).

Tableau 2. Les conditions et la zone de sélection des bovins.

Etude	Nbr des bovins	Les conditions	Pays	Période
Klimiene <i>et al</i> .,2011	34	Mammites subcliniques ou cliniques.	Lituanie	Janvier 2008 à novembre 2010
Klimienė <i>et al.</i> ,2011	34troupeauxbovinslaitiers			Janvier 2007 et décembre 2009.
Minst <i>et al.</i> , 2012	NE	Mammite clinique. Absence traitement antibiotique pendant 4 semaines avant le prélèvement.	Allemagne	Juillet à décembre 2009
Kateete <i>et al</i> .,2013	97	Mammite cliniques.	Ouganda	Février 2010 à mars 2011
Overesch <i>et al</i> .,2013	NE		Suisse	2010 et 2012
Sfaciotte <i>et al.</i> ,2015		NE	Brésil	NE
Tanzin <i>et al.</i> ,2016	17	Des animaux sains sans signes cliniques de maladie.	Bangladesh	De 2015 à 2016
Freitas <i>et al.</i> ,2018	11fermeslaitières	Mammites subcliniques.	Brésil	NE
Haggag <i>et al.</i> ,2018	NE	Des vaches atteintes de mammite clinique et subcliniques.	Égypte	Décembre 2017 à juillet 2018
Balemi <i>et al</i> .,2021	60	Vaches laitières.	l'Éthiopie	D'août 2017 à février 2018

		Femelles en période de lactation. Élevées dans un système de gestion traditionnelle, en milieu pastoral ou agro-pastoral.		
Yapicier <i>et al.</i> ,2021	31	étaient atteints de mammite clinique ou subclinique.	Turquie	Janvier 2015 et janvier 2017
Arbab <i>et al.</i> .,2021	35	Les bovins sains, sans aucun symptôme de maladie.	Chine	NE
Boukhalfa <i>et al.</i> ,2021	224	Mammites subcliniques ou cliniques	Algérie	Novembre 2018 à septembre 2019
Selim <i>et al.</i> ,2022	350	Les animaux sains à l'examen clinique (ne présentant pas de signes cliniques de mammite). L'étude s'est concentrée sur les cas de mammite subclinique qui ne sont détectables que par des examens de laboratoire	Égypte	En 2021
Hassani <i>et al.</i> ,2022	NE	NE	Iran	NE
Svennesen <i>et al.</i> ,2023	12 fermes laitières	Mammite clinique légère à modérée.	Danemark	Mai 2020 à juin 2021
Vollenweider <i>et al.</i> .,2023	297	Vaches mères en lactation.	Suisse	Novembre 2018 à novembre 2019
Yousfi <i>et al.</i> ,2024	677	Présence d'abcès visibles et intacts (non rompus) dans des sites sélectionnés (poumons, foie) et autres zones (péritoine, ganglions lymphatiques, péricarde).	Algérie	Février 2019 à mars 2020
Wang <i>et al.</i> .,2024	530	Ferme familiale de petite taille. Exclusion des vaches dans les 14 premiers jours de lactation.Exclusion des vaches atteintes de mammite clinique.	Chine	Août 2021 et juillet 2022
Islam <i>et al.</i> .,2025	120	Mammite clinique. Aucun traitement antibiotique préalable administré aux vaches. Prélèvement des échantillons dans de petites fermes (10-20 vaches)	Bangladesh	Juillet 2022 à juin 2023.

NE : non enregistré / Nbr : Nombre

III.3. Échantillonnage

tableau 3 indique les différents échantillons qui ont été prélevés sur les bovins pour chaque étude.

Tableau 3. Échantillonnage

Type des échantillons	Échantillonnage	Études
Le lait	Des échantillons de lait, prélevés de manière aseptique sur des vaches atteintes de mammites ou en bonne santé, ont été immédiatement refroidis et transportés au laboratoire. Ils ont ensuite été conservés au réfrigérateur à une température de 4 ± 1 °C jusqu'à leur analyse.	(Balemi <i>et al.</i> .,2021 ; Vollenweider <i>et al.</i> .,2023 ; Hassani <i>et al.</i> .,2022 ; Freitas <i>et al.</i> .,2018 ; Klimiene <i>et al.</i> .,2011 ; Wang <i>et al.</i> .,2024 ; Islam <i>et al.</i> .,2025 ; Yapiçier <i>et al.</i> .,2021 ; Kateete <i>et al.</i> .,2013 ; Selim <i>et al.</i> .,2022 ; Klimienė <i>et al.</i> .,2011 ; Tanzin <i>et al.</i> .,2016 ; Boukhalfa <i>et al.</i> .,2022 ; Haggag <i>et al.</i> .,2018 ; Svennesen <i>et al.</i> .,2022; Minst <i>et al.</i> .,2012)
Lésions cutanées	Blessures , infections de l'oreille	Sfaciote et al.,2015
Viande (abcès pulmonaire et Hépatique)	Les abcès intacts prélevés sur les poumons, le foie, le péritoine, les ganglions lymphatiques et le péricarde des bovins abattus ont été excisés individuellement. Chaque abcès a été placé dans un sac en plastique stérile, étiqueté, puis conservé dans une glacière remplie de glace pour son transport vers le laboratoire de microbiologie	(Yousfi <i>et al.</i> .,2024)
Matière fécales	Des échantillons fécaux ont été prélevés sur des animaux sains, ne présentant aucun symptôme de maladie. Les prélèvements, réalisés à l'aide d'écouvillons stériles, ont ensuite été transportés au laboratoire.	(Arbab <i>et al.</i> .,2021)

III.4. Préparation de la suspension bactérienne

Parallèlement, des dilutions décimales en série des échantillons de lait cru ont été préparées, conformément à la méthode décrite par Hassani *et al.*(2022).

D'autre part, les autres chercheurs ont transféré les échantillons au laboratoire, où ils ont isolé les bactéries sur un milieu au sang de mouton.

III.5. Isolement

III.5.1. Enrichissement

Des étape d'enrichissement ont été utilisées (tableau 4).

Tableau 4. Les milieux d'enrichissement.

Milieu	Incubation	Etude
Bouillon nutritive	37 °C pendant 18 à 24 heures.	Haggag <i>et al.</i> ,2018 ;Arbab <i>et al.</i> ,2021
	Nm	Tanzin <i>et al.</i> ,2016

Nm: non mentionné

III.5.2. Mise en culture

Arbab *et al.*,2021 , ont utilisé plusieurs milieux de culture dont on cite : le gélose nutritive, gélose au bleu de méthylène éosine (EMB), gélose Salmonella/Shigella, gélose au sel de mannitol (MSA) et gélose au sang. Les échantillons prélevés à l'aide d'écouvillons ont été cultivés à la fois en aérobie et en anaérobie sur ces milieux, puis incubés à 37 °C pendant 24 heures. pour Wang *et al.* ,2024 , Chaque échantillon de lait a été inoculé séparément sur des plaques de gélose au sang de mouton à 5 %, de milieu Edwards modifié EDM, puis incubé pendant 24 à 36 h à 37 °C.

Dans l'étude de Islam *et al.* ,2025 ,Les colonies ont été transférées sur la gélose au sel de mannitol (MSA) puis conservées à 37 °C

Pour l'étude de Haggag *et al.*,2018, Les colonies suspectes apparaissant sur les boîtes incubées ont été prélevées et transférées sur des tubes de gélose nutritive en pente, puis incubées à 37 °C pendant 24 heures avant d'être stockées au réfrigérateur pour une identification plus approfondie.

Pour Hassani *et al.*,2022, *Staphylococcus aureus* a été recherché sur la gélose Baird-Parker à 37 °C pendant 48 jours, les colonies de bactéries typhoïdes dans une zone claire ont été considérées comme *S. aureus*.

Mais D'autre etudes ils se sont contentés d'étudier les isolats bactériens dans chaque échantillon de lait a été inoculé séparément sur des plaques de gélose au sang de mouton à 5 %, puis incubés à une température de 36 °C pendant 24 à 48 heures. (Klimienė *et al.*, 2011 ; Minst *et al.*, 2012; Kateete *et al.*, 2013; Overesch *et al.*, 2013; Sfaiotte *et al.*, 2015; Freitas *et al.*, 2018; Balemi *et al.*, 2021; Yapićier *et al.*, 2021; Regecová *et al.*, 2021; Boukhalfa *et al.*, 2022; Svennesen *et al.*, 2022; Vollenweider *et al.*, 2023; Yousfi *et al.*, 2024), Tableau 5 suivant indique ça :

Tableau 5. Les milieux de culture utilisés.

Les milieux	Conditions d'incubation	Etudes
Gélose nutritive, gélose EMB, gélose Salmonella/Shigella, gélose au sel de mannitol (MSA), gélose au sang	Aérobiose et anaérobiose, 37 °C, 24 h	Arbab <i>et al.</i> , 2021
Gélose au sang de mouton à 5 %, milieu Edwards modifié (EDM)	37 °C, 24 à 36 h	Wang <i>et al.</i> , 2024
Gélose au sang de mouton à 5 %	36 °C, 24 à 48 h	Klimienė <i>et al.</i> , 2011 ; Minst <i>et al.</i> , 2012; Kateete <i>et al.</i> , 2013; Overesch <i>et al.</i> , 2013; Sfaiotte <i>et al.</i> , 2015; Freitas <i>et al.</i> , 2018; Balemi <i>et al.</i> , 2021; Yapićier <i>et al.</i> , 2021; Regecová <i>et al.</i> , 2021 ; Boukhalfa <i>et al.</i> , 2022 ; Selim <i>et al.</i> , 2022 Svennesen <i>et al.</i> , 2022 ; Vollenweider <i>et al.</i> , 2023; Yousfi <i>et al.</i> , 2024
Gélose au sel de mannitol (MSA)	37 °C (durée non précisée)	Islam <i>et al.</i> , 2025
Gélose nutritive	37 °C, 24 h, puis stockage au réfrigérateur	Haggag <i>et al.</i> , 2018
Gélose Baird-Parker	37 °C, 48 heures	Hassani <i>et al.</i> , 2022

III.6. Identification

III.6.1. Examen microscopique

Dans l'ensemble des recherches, la technique de coloration de Gram a été pour différencier les bactéries sur la base de leur morphologie et de leur affinité pour le colorant. (Boukhalfa *et al.*, 2021 ; Klimiené *et al.*, 2021). Cette méthode a également servi à écarter les souches à Gram négatif des échantillons analysés (Yapıcıer *et al.*, 2021).

III.6.2. Examen macroscopique

Dans certaines études, l'observation macroscopique a été utilisée pour déterminer les caractères culturels des colonies, tels que l'aspect et la morphologie (Yapıcıer *et al.*, 2021 ; Selim *et al.*, 2022 ; Tanzin *et al.*, 2016 ; Haggag *et al.*, 2018 ; Minst *et al.*, 2012).

En revanche, d'autres études n'ont pas mentionné l'examen macroscopique.

III.6.3. Identification biochimique

À la suite des analyses ainsi que des observations macroscopiques et microscopiques réalisées, des tests biochimiques ont été effectués afin de confirmer l'identité et déterminer l'espèce des échantillons isolés.

Le test de la catalase a été utilisé pour différencier les staphylocoques, catalase positifs, des streptocoques, catalase négatifs (Klimiené *et al.*, 2011 ; Klimiené *et al.*, 2011 ; Minst *et al.*, 2012 ; Sfaiotte *et al.*, 2015 ; Tanzin *et al.*, 2016 ; Haggag *et al.*, 2018 ; Freitas *et al.*, 2018 ; Arbab *et al.*, 2021 ; Boukhalfa *et al.*, 2021 ; Balemi *et al.*, 2021 ; Yapıcıer *et al.*, 2021 ; Hassani *et al.*, 2022 ; Selim *et al.*, 2022 ; Vollenweider *et al.*, 2023 ; Yousfi *et al.*, 2024 ; Wang *et al.*, 2024 ; Islam *et al.*, 2025).

Le test de la coagulase a permis de confirmer l'identité de *Staphylococcus aureus* (Klimiené *et al.*, 2011 ; Klimiené *et al.*, 2011 ; Sfaiotte *et al.*, 2015 ; Tanzin *et al.*, 2016 ; Freitas *et al.*, 2018 ; Arbab *et al.*, 2021 ; Boukhalfa *et al.*, 2021 ; Balemi *et al.*, 2021 ; Yapıcıer *et al.*, 2021 ; Hassani *et al.*, 2022 ; Selim *et al.*, 2022 ; Vollenweider *et al.*, 2023 ; Yousfi *et al.*, 2024 ; Wang *et al.*, 2024 ; Islam *et al.*, 2025).

Le test CAMP, un test hémolytique permettant de détecter la production d'un facteur synergique par certaines bactéries, a été utilisé pour identifier *Streptococcus agalactiae*, une

espèce appartenant au groupe B de Lancefield (Klimienė *et al.*, 2011 ; Haggag *et al.*, 2018 ; Yapiçier *et al.*, 2021 ; Hassani *et al.*, 2022 ; Wang *et al.*, 2024).

L'hydrolyse de l'esculine a été utilisée pour distinguer les espèces de streptocoques telles que *S. uberis* et *S. dysgalactiae* (Minst *et al.*, 2012 ; Haggag *et al.*, 2018 ; Yapiçier *et al.*, 2021 ; Hassani *et al.*, 2022).

Les tests de fermentation des sucres, incluant le mannitol, le sorbitol et le lactose, ont servi à évaluer la capacité métabolique des souches à fermenter différents substrats (Klimienė *et al.*, 2011 ; Kateete *et al.*, 2013 ; Balemi *et al.*, 2021 ; Selim *et al.*, 2022).

Le test de la DNase a permis de détecter la production d'endonucléases chez certains staphylocoques (Klimienė *et al.*, 2011 ; Hassani *et al.*, 2022).

Le test de l'oxydase a été appliqué pour exclure les bactéries à Gram négatif, souvent oxydase positives (Klimienė *et al.*, 2011 ; Kateete *et al.*, 2013 ; Haggag *et al.*, 2018 ; Balemi *et al.*, 2021).

Les tests Voges-Proskauer (VP) détecte la production d'acétoïne, un produit de la fermentation du glucose et ONPG permet de détecter l'activité β -galactosidase pour différencier les espèces fermentant le lactose ont été utilisés pour différencier certaines espèces proches de staphylocoques telles que *S. aureus* et *S. hyicus* (Balemi *et al.*, 2021).

Le test de la lécithinase a permis d'évaluer l'activité enzymatique de *S. aureus* vis-à-vis de la dégradation des phospholipides (Hassani *et al.*, 2022).

Le test de sensibilité à la lysostaphine a servi à confirmer l'identité de *S. aureus* (Hassani *et al.*, 2022).

Les systèmes API ont été utilisés pour l'identification rapide des bactéries, notamment API 20 Strep pour les streptocoques (Klimienė *et al.*, 2011) et API Staph pour les staphylocoques (Minst *et al.*, 2012 ; Arbab *et al.*, 2021).

Une diversité importante des tests a été observée selon les genres bactériens étudiés, notamment *Staphylococcus*, *Streptococcus* et *Listeria*.

Les approches biochimiques ont été souvent associées à des méthodes microscopiques et moléculaires afin d'augmenter la fiabilité de l'identification.

Les tests les plus fréquemment rapportés sont ceux de la catalase et de la coagulase pour les staphylocoques, ainsi que les tests CAMP et d'hydrolyse de l'esculine pour les streptocoques.

III.6.4. Autres méthodes d'identification

Les méthodes d'identification bactérienne utilisées dans les études récentes, autres que les méthodes biochimiques, sont variées et reposent sur des approches moléculaires, des techniques de typage génétique, des systèmes automatisés, des méthodes sérologiques.

La spectrométrie de masse MALDI-TOF MS s'est également imposée comme un outil de référence pour l'identification rapide et précise des espèces bactériennes à partir de leurs profils protéiques, selon Oversch *et al.*, 2013 ; Svennesen *et al.*, 2023.

Parmi les approches moléculaires, la réaction en chaîne par polymérase (PCR) est couramment utilisée pour détecter des gènes spécifiques associés à la virulence. En matière de typage génétique, plusieurs techniques sont mises en œuvre, telles que le spa typing, qui cible le gène codant la protéine A de *Staphylococcus aureus*, ou encore le MLST (Multi-Locus Sequence Typing), basé sur le séquençage de sept gènes de ménage. Ces méthodes sont bien documentées dans les travaux de Kateete *et al.*, 2013 ; Oversch *et al.*, 2013 et Sfaciotte *et al.*, 2015.

Par ailleurs, des systèmes automatisés, comme le Vitek® 2 Compact, sont largement utilisés pour l'identification rapide des streptocoques et des staphylocoques. Ces outils, reposant sur des bases de données biochimiques étendues, offrent un diagnostic fiable et rapide, comme le montrent les études de Klimienė *et al.*, 2011 ; Freitas *et al.*, 2018 ; Arbab *et al.*, 2021.

Les méthodes sérologiques, notamment le groupage de Lancefield, permettent d'identifier les groupes sérologiques des streptocoques (tels que les groupes B ou F), comme rapporté par Yapıcıer *et al.*, 2021.

Ces différentes études mettent en évidence la diversité des technologies diagnostiques disponibles, qui combinent fréquemment méthodes moléculaires et systèmes automatisés afin d'optimiser la précision et la rapidité des analyses. L'intégration d'approches telles que la PCR, le séquençage génétique et la spectrométrie de masse (MALDI-TOF), comme le souligne Oversch *et al.*, 2013, représente une avancée majeure dans l'identification bactérienne.

III.7. Étude de la résistance aux antibiotiques

D'après les 20 études sélectionnées, la détection de la résistance des isolats aux antibiotiques, a été effectuée par différentes méthodes (tableau 6).

Tableau 6. les antibiotiques et méthode utilisée dans chaque étude.

Etude	La méthode	Les antibiotiques
Klimienè <i>et al.</i> , 2011	La méthode de diffusion de disque.	Pénicilline, Ampicilline, Amoxicilline, Céphalotine (de la première génération des céphalosporines), Céphalexine (de la première génération des céphalosporines), (Amoxicilline + Acide clavulanique)
Klimienè <i>et al.</i> , 2011		Pénicilline, Ampicilline, Amoxicilline, Céphalothine, Céfalexine, (Amoxicilline + acide clavulanique)
Minst <i>et al.</i> , 2012	la méthode de la concentration minimale inhibitrice (CMI) par microdilution en bouillon.	Ampicilline, Pénicilline, (Amoxicilline/Acide clavulanique), Céfazoline, Gentamicine, Érythromycine, Tétracycline, Pirlémicine, Vancomycine
Kateete <i>et al.</i> , 2013	Système Phoenix™ 100 AST	- Ampicilline, Pénicilline, Vancomycine, Gentamicine, Daptomycine, Triméthoprim-sulfaméthoxazole, Tétracycline, Ciprofloxacine
Oversch <i>et al.</i> , 2013	La méthode Microdilution en bouillon avec des plaques Sensititre EUST - Détermination de la concentration minimale inhibitrice (CMI)	Pénicilline, Céfoxitine, Kanamycine, Gentamicine, Streptomycine, Érythromycine, Clindamycine, Ciprofloxacine, Tétracycline, Sulfaméthoxazole, Triméthoprim, Chloramphénicol, Tiamuline, Acide fusidique, Rifampicine, Vancomycine, Quinupristine/Dalfopristine, Linézolide, Mupirocine.
Sfaciotte <i>et al.</i> , 2015	La méthode de diffusion de disque	β-lactamines, Oxacilline, Céfoxitine, Glycopeptides, Vancomycine, Teicoplanine, Macrolides, Érythromycine, Lincosamides, Clindamycine, Rifamycines, Rifampicine
Tanzin <i>et al.</i> , 2016		Gatifloxacine, Ofloxacine, Ciprofloxacine, Lévofloxacine
Haggag <i>et al.</i> , 2018		Amoxyclav, Pénicilline-G, Chloramphénicol, Cotrimoxazole, Amoxicilline, Gentamicine, Céfotaxime, Streptomycine, Spiramycine, Norfloxacine.
Freitas <i>et al.</i> , 2018		Ampicilline, Amoxicilline, Bacitracine, Céphalexine, Ceftiofur, Enrofloxacine, Gentamicine, Néomycine, Norfloxacine, Pénicilline, Tétracycline, Triméthoprim.

Balemi <i>et al.</i> , 2021		Pénicilline G, Spectinomycine, Nitrofurantoïne, Polymyxine B, Vancomycine, Ceftriaxone, Chloramphénicol , Doxycycline, Clindamycine.
Yapicier <i>et al.</i> , 2021	La méthode de diffusion de disque sur gélose Mueller-Hinton avec 5% de sang de mouton	Amoxicilline , Amoxicilline-acide clavulanique , Céfopérazone ,Céphalexine , Ciprofloxacine , Enrofloxacin , Érythromycine , Gentamicine , Lincomycine , Néomycine ,Oxytétracycline , Pénicilline , Triméthoprim-sulfaméthoxazole.
Arbab <i>et al.</i> , 2021	La méthode de diffusion de disque	Ampicilline, (Amoxicilline/acide clavulanique), Amoxicilline, Céfoxitine, Cefpodoxime, Ceftazidime, Ciprofloxacine, Tétracycline, Gentamicine, Streptomycine,Érythromycine, Chloramphénicol, Nitrofurantoïne, Cotrimoxazole, Céfuraxime.
Boukhalfa <i>et al.</i> , 2021		Pénicilline G , (Amoxicilline/Acide clavulanique),Oxacilline ,Céfuxitine,Érythromycine,Néomycine,Gentamicine, Enrofloxacin Triméthoprim/Sulfaméthoxazole,,Tétracycline,Vancomycine,Bacitracine,Clindamycine
Selim <i>et al.</i> ,2022		Oxytétracycline, Ciprofloxacine, Gentamicine, Pénicilline G, Ampicilline, Amikacine, Linézolide, Lévofloxacine, Céfoxitine, Tylosine, Triméthoprim-Sulfaméthoxazole.
Hassani <i>et al.</i> , 2022		Amoxicilline, Pénicilline , Céphalexine , Ceftriaxone , Azithromycine , Gentamicine ,Tétracycline , Chloramphénicol
Svennesen <i>et al.</i> ,2023		Ampicilline , Augmentin (Amoxicilline/Acide clavulanique) ,Amoxicilline, Céfoxitine, Cefpodoxime, Ceftazidime, Ciprofloxacine ,Tétracycline, Gentamicine, : Streptomycine, Érythromycine, Chloramphénicol, Nitrofurantoïne,Cotrimoxazole, Céfuraxime, Pénicilline G,Pénétamatehydroiodide ,Benzylpénicilline procaine
Vollenweider <i>et al.</i> ,2023	La méthode de diffusion de disque - Microdilution en utilisant le système Micronaut-S	Pénicilline G ,Céfazoline ,Érythromycine ,Marbofloxacine
Yousfi <i>et al.</i> ,2024		β -lactamines, Oxacilline ,Céfoxitine , Glycopeptides , Vancomycine , Macrolides , Érythromycine ,Lincosamides,Clindamycine , Streptogramines,Quinupristine/Dalfoprastine , Oxazolidinones,Linézolide,Tétracyclines Tétracycline.

Wang <i>et al</i> .,2024	La méthode de diffusion de disque	Pénicilline, Ampicilline, Amoxicilline/Sulbactam, Céftazidime Streptomycine, Néomycine, Kanamycine, Spectinomycine ,Gentamicine, Triméthoprim/Sulfaméthoxazole, Norfloxacin, Ciprofloxacine Vancomycine, Tétracycline, Doxycycline, Érythromycine
Islam <i>et al</i> .,2025		Oxacilline , Céfoxitine, Gentamicine , Azithromycine , Chlorétracycline, Ciprofloxacine , Kanamycine, Vancomycine , Tétracycline .

Dans la majorité des travaux analysés, l'évaluation de la sensibilité aux antibiotiques a été réalisée selon les directives du CLSI , en utilisant un milieu Mueller-Hinton, enrichi avec 5 % de sang pour les streptocoques (Yapıcıer *et al.*, 2021).

La diffusion sur disque a constitué la méthode principale pour tester plusieurs familles d'antibiotiques, notamment les β -lactamines (oxacilline, céfoxitine), les glycopeptides (vancomycine), les macrolides (érythromycine), les lincosamides (clindamycine), ainsi que les streptogramines, les oxazolidinones et les tétracyclines, comme indiqué par Yousfi *et al.* , 2024.

Pour les souches montrant une résistance à plusieurs classes d'antibiotiques, des tests de concentration minimale inhibitrice (CMI) ont été effectués par microdilution en bouillon à l'aide de plaques Sensititre® EUST. Les concentrations testées allaient de 0,016 à 256 $\mu\text{g/mL}$ pour la pénicilline, et de 0,5 à 32 $\mu\text{g/mL}$ pour la vancomycine Oversch *et al.*, 2013.

Une analyse moléculaire complémentaire a été menée pour détecter la présence de gènes de résistance tels que *mecA*, *erm* et *vanA*, associés respectivement à la résistance à la méthicilline, aux macrolides et à la vancomycine (Yousfi *et al.*, 2024 ; Selim *et al.*, 2022). Le séquençage du génome entier (WGS) a également été appliqué pour affiner la compréhension des mécanismes de résistance (Yousfi *et al.*, 2024).

III.8. Etude phénotypique des mécanismes de résistance

Dans le cadre de cette étude, plusieurs tests ont été réalisés afin d'identifier les mécanismes phénotypiques de résistance chez les souches isolées.

La recherche de *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) a été effectuée à l'aide du disque de céfoxitine (30 μg), avec interprétation des résultats selon les recommandations du CLSI (Sfaciote *et al.*,2015 ; Yousfi *et al.*,2024 ; Selim *et al.*, 2022 ;Balemi *et al.*, 2021).

Pour évaluer la résistance au groupe MLSB, le D-test a été mis en œuvre en positionnant un disque d'érythromycine à une distance de 15 à 20 mm d'un disque de clindamycine. Une inhibition asymétrique autour de ce dernier indiquait une résistance induite, selon les critères du CLSI (2023) (Yousfi *et al.*, 2024).

La sensibilité à la vancomycine a été déterminée à l'aide de l'Etest®, en considérant une CMI ≥ 8 µg/ml comme seuil de résistance, conformément à la méthode appliquée par (Sfaciotte *et al.*, 2015).

La présence de β -lactamases a été vérifiée par un test à la nitrocéphine, basé sur le changement de couleur du réactif (jaune $\rightarrow$ rouge) au contact de la colonie, comme il a été rapporté par (Minst *et al.*, 2012).

Enfin, la recherche d'un éventuel mécanisme d'efflux actif a été réalisée par comparaison des CMI µg/ml des fluoroquinolones en présence et en absence de CCCP (CarbonylCyanide m-Chlorophenylhydrazone). Une réduction notable des CMI en présence de cet inhibiteur a été interprétée comme un indicateur d'activité d'efflux (Freitas *et al.*, 2018 ; Balemi *et al.*, 2021).

.

Chapitre IV.

Résultats et discussion

IV.1. Isolement

Le graphique figure 2 ci-dessous montre les taux d'isolement des bactéries Gram-positives dans plusieurs études, comme l'étude de Freitas *et al.*, 2018 où les isolats ont été observés à un taux de 90 % et Svennesen *et al.*, 2022, avec 94% et Overesch *et al.*, 2013 de 99 % sont les pourcentages ce qui considéré comme la valeur la plus élevée observée. L'étude suivante de Wang *et al.*, 2024, a montré un taux significatif de 74,91%, suivi par l'étude de Kateete *et al.*, 2011, de 71% et l'étude de Islam *et al.*, 2025 de 64,66%. sorte que l'étude de Klimiené *et al.*, 2011 a obtenu 58,1%. L'étude d'Arbab *et al.*, 2021, avec un taux de 54 %, suivie de l'étude de Yapicier *et al.*, 2021, avec un taux d'environ 51 %, et de l'étude de Svennesen *et al.*, 2022, a obtenu un taux de 46,66 % d'isolats.

Les valeurs les plus faibles ont été obtenues dans les études de Hassani *et al.*, 2022, avec un taux de 42,75 %, et Haggag *et al.*, 2018, avec un taux de 40 %, tandis que l'étude de Selim *et al.*, 2022, a obtenu un taux de 35,7 %, et Vollenweider *et al.*, 2023, un taux de 33 % et Tanzin *et al.*, 2016 32,29 %, et la valeur la plus faible était de 23,68 %. Pour l'étude de Boukhalfa *et al.*, 2022

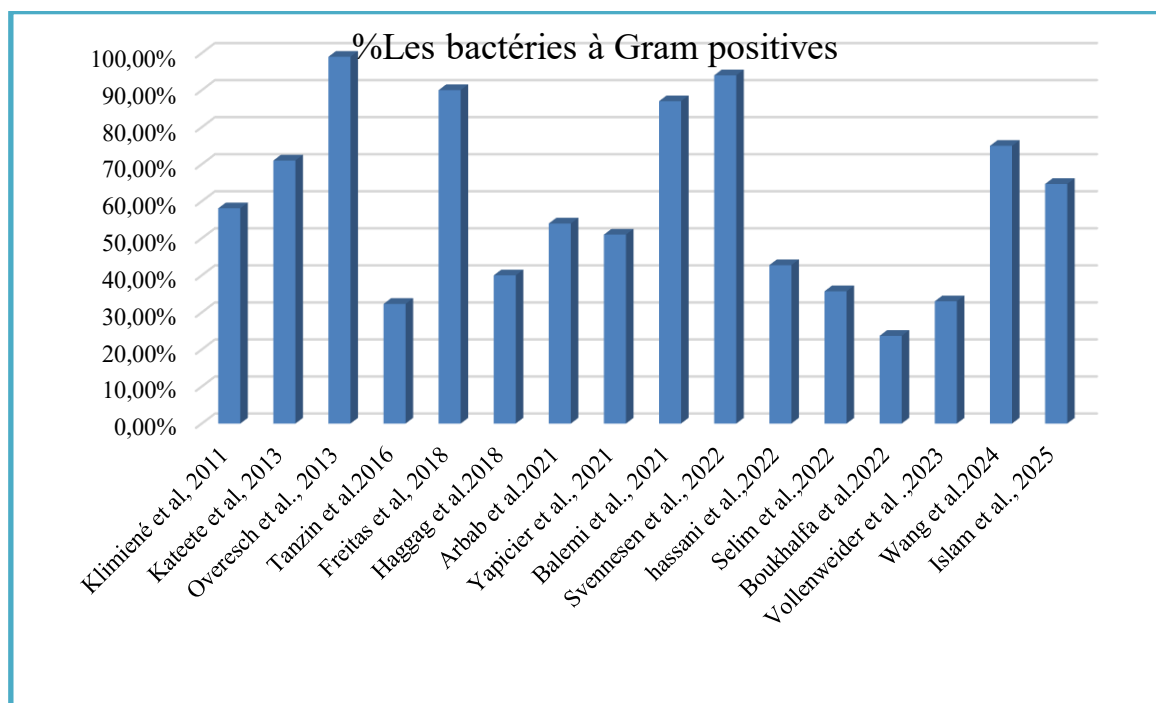


Figure 2. Le taux d'isolement des bactéries à Gram positives dans chaque étude.

IV.2. Identification

Dans le Tableau 7 et la Figure 3 et l'analyse des différentes études met en évidence une prédominance marquée de *Staphylococcus aureus* dans la majorité des échantillons examinés. Cette espèce a été isolée dans la quasi-totalité des études, confirmant son rôle central dans les infections à Gram positif, en particulier dans les cas de mammite bovine. Des taux d'isolement très élevés ont été rapportés par Freitas *et al.*, 2018 (90 %), suivis par Arbab *et al.*, 2021 (54 %) et Islam *et al.*, 2025 (46,66 %). Ces résultats traduisent une large diffusion de cette bactérie dans différents contextes cliniques, soulignant sa capacité d'adaptation aux conditions d'élevage et sa persistance malgré les mesures de contrôle. À l'inverse, des taux moyens ont été observés dans les études de Boukhalfa *et al.*, 2021 (23,68 %), Wang *et al.*, 2024 (19,43 %) et Balemi *et al.* 2021 (17,2 %), tandis que des taux plus faibles ont été relevés chez Svennesen *et al.* 2023 (6,7 %) et Kateete *et al.* 2013 (2 %). Cette variabilité peut s'expliquer par des différences dans les pratiques agricoles, les conditions sanitaires ou encore la prédominance d'autres agents pathogènes.

Les staphylocoques à coagulase négative ont également été rapportés dans plusieurs études avec des fréquences variables, ce qui témoigne de leur rôle croissant en tant que pathogènes opportunistes. Il est important de préciser que le terme « à coagulase négative » ne se limite pas à une désignation générique, mais englobe plusieurs espèces distinctes aux comportements pathogènes et fréquences différentes. Le taux le plus élevé pour l'ensemble du groupe a été observé dans l'étude de Balemi *et al.*, 2021 (39,1 %), suivi par Kateete *et al.*, 2013 (34 %), Yousfi *et al.*, 2024 (16,11 %) et Svennesen *et al.*, 2023 (13,9 %).

En analysant la répartition spécifique au sein de ce groupe, *Staphylococcus epidermidis* figure parmi les espèces les plus représentées, avec 34,8 % dans l'étude de Klimienè *et al.*, 2011 et 20 % dans celle de Yousfi *et al.*, 2024. *Staphylococcus hyicus* a également été isolée dans plusieurs travaux, notamment à 16,8 % chez Klimienè *et al.*, 2011 et 14,1 % chez Balemi *et al.*, 2021. *Staphylococcus lentus* a été identifié à 6,7 % chez Freitas *et al.* 2018 et à 6,6 % chez Yousfi *et al.*, 2024. *Staphylococcus intermedius* a été détecté à 5,5 % dans l'étude de Klimienè *et al.*, 2011 et à 9,4 % dans celle de Balemi *et al.*, 2021. D'autres espèces moins fréquentes telles que *S. colnii*, *S. simulans*, *S. pasteurii* et *S. vitulinus* ont toutes été retrouvées à 6,6 % dans la même étude Yousfi *et al.*, 2024. Cette diversité illustre la complexité de la classification des SCN et renforce la nécessité d'une identification précise au niveau de l'espèce, compte tenu de la variabilité de leur pouvoir pathogène et de leurs profils de résistance.

Concernant les streptocoques, *Streptococcus uberis* a été la plus dominante dans certaines études, avec un taux de 81,4 % chez Minst *et al.*,2012 et 40 % chez Svennesen *et al.*,2023, mettant en évidence son rôle prépondérant dans les mammites d'origine environnementale. Des fréquences modérées ont été rapportées par Haggag *et al.*,2018(15,64 %) et Wang *et al.*,2024 (6,64 %), alors que Vollenweider *et al.*,2023 n'ont observé que 2 %. Ces variations peuvent être liées à des facteurs environnementaux.

Streptococcus dysgalactiae a été isolée avec des fréquences variant de 19,7 % chez Haggag *et al.*,2018 à 17,6 % chez Minst *et al.*,2012 et 12,80 % chez Wang *et al.*,2024. Il s'agit d'un pathogène opportuniste fréquemment retrouvé dans les environnements présentant des conditions d'hygiène compromises, souvent impliqué dans des infections subcliniques ou chroniques.

Streptococcus agalactiae a été identifié dans plusieurs études à des niveaux très variables 84,13 % chez Yapicier *et al.*,2021, 65,3 % chez Klimienė *et al.*,2011, 36,02 % chez Wang *et al.*,2024 et seulement 1 % chez Minst *et al.*,2012. Ces écarts soulignent des différences en termes de surveillance, de contrôle des infections et de pratiques d'élevage.

S'agissant des entérocoques, leur présence a également été documentée avec des fréquences variées. *Enterococcus hirae/durans* a largement dominé dans l'étude de Klimienė *et al.*,2011 avec 80,5 %, tandis que *E. faecium* n'a été isolé qu'à 4,7 % selon Sfaiote *et al.*,2015. Cette hétérogénéité pourrait refléter des spécificités liées au type d'alimentation ou aux conditions sanitaires locales.

Listeria monocytogenes a été retrouvée uniquement dans l'étude de Hassani *et al.*,2022, avec une prévalence de 47 %, faisant d'elle l'espèce dominante dans ce contexte. Sa présence peut indiquer une contamination des aliments ou des équipements de traite.

Enfin, d'autres espèces rares comme *Staphylococcus colnii*, *S. simulans*, *S. pasteurii* et *S. vitulinus* ont été isolées à 6,6 % dans l'étude de Yousfi *et al.*,2024. Bien que minoritaires, ces espèces traduisent la richesse et la diversité du microbiote présent dans les élevages, et soulignent l'importance d'un diagnostic microbiologique rigoureux pour une prise en charge thérapeutique adéquate.

Tableau 7. Les isolats des bactéries Gram positives identifiés dans chaque étude.

Les bactéries Gram positives isolées	Les études	Le pourcentage
<i>Staphylococcus aureus</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Oversch <i>et al.</i> , 2013 Kateete <i>et al.</i> , 2013 Sfaciotte <i>et al.</i> , 2015 Tanzin <i>et al.</i> , 2016 Freitas <i>et al.</i> , 2018 Boukhalifa <i>et al.</i> , 2021 Balemi <i>et al.</i> , 2021 Arbab <i>et al.</i> , 2021 Selim <i>et al.</i> , 2022 Hassani <i>et al.</i> , 2022 Svennesen <i>et al.</i> , 2023 Vollenweider <i>et al.</i> , 2023 Yousfi <i>et al.</i> , 2024 Wang <i>et al.</i> , 2024 Islam <i>et al.</i> , 2025	32.8% 21.8 % 8.4 % 2% 21.42% 35,29 % 90% 23.68% 17,2 % 54% 35.7% 25% 6,7 % 8.4 % 46.6% 19.43% 46.66 %
Staphylocoques à coagulase négative (CNS)	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Kateete <i>et al.</i> , 2013 Freitas <i>et al.</i> , 2018 Balemi <i>et al.</i> , 2021 Svennesen <i>et al.</i> , 2023 Yousfi <i>et al.</i> , 2024 Wang <i>et al.</i> , 2024	NE NE 34% NE 39,1% 13,9% 25% 16,11%
<i>Staphylococcus lentus</i>	Freitas <i>et al.</i> , 2018 Yousfi <i>et al.</i> , 2024	6,7 % 6,6%
<i>Staphylococcus hyicus</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Balemi <i>et al.</i> , 2021	15,61% 16,8% 14,1%
<i>Staphylococcus intermedius</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Balemi <i>et al.</i> , 2021	5,5% 9,4%
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Minst <i>et al.</i> , 2012 Oversch <i>et al.</i> , 2013 Haggag <i>et al.</i> , 2018 Svennesen <i>et al.</i> , 2023 Wang <i>et al.</i> , 2024	NE 3,7 % 17,6 % NE 25,98% 6,1 % 12,80 %

<i>Streptococcus agalactiae</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Minst <i>et al.</i> , 2012 Haggag <i>et al.</i> , 2018 Yapicier <i>et al.</i> , 2021 Wang <i>et al.</i> , 2024	65,3% 16,6% 1% 42,74% 84,13% 36,02%
<i>Streptococcus uberis</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Minst <i>et al.</i> , 2012 Oversch <i>et al.</i> , 2013 Haggag <i>et al.</i> , 2018 Svennesen <i>et al.</i> , 2023 Vollenweider <i>et al.</i> , 2023 Wang <i>et al.</i> , 2024	3,1% NE 81,4% NE 15,64% 40 % 2% 6,64 %
<i>Streptococcus epidermidis</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Yousfi <i>et al.</i> , 2024	34,8% 21,8% 20%
<i>Streptococcus anginosus</i>	Yapicier <i>et al.</i> , 2021	15,87%
<i>Streptococcus spp</i>	Arbab <i>et al.</i> , 2021	NE
<i>Enterococcus spp</i>	Kateete <i>et al.</i> , 2013	28%
<i>Enterococcus faecalis</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Oversch <i>et al.</i> , 2013	NE NE
<i>Enterococcus faecium</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Sfaciotte <i>et al.</i> , 2015	NE 4,7%
<i>Enterococcus hirae</i> <i>Enterococcus hirae/durans</i>	Klimienè <i>et al.</i> , 2011 Klimienè <i>et al.</i> , 2011	8,4% 80,5 %
<i>Listeria monocytogenes</i>	Hassani <i>et al.</i> , 2022	47%
<i>Lactococcus garviae</i>	Oversch <i>et al.</i> , 2013	NE

NE : non enregistré

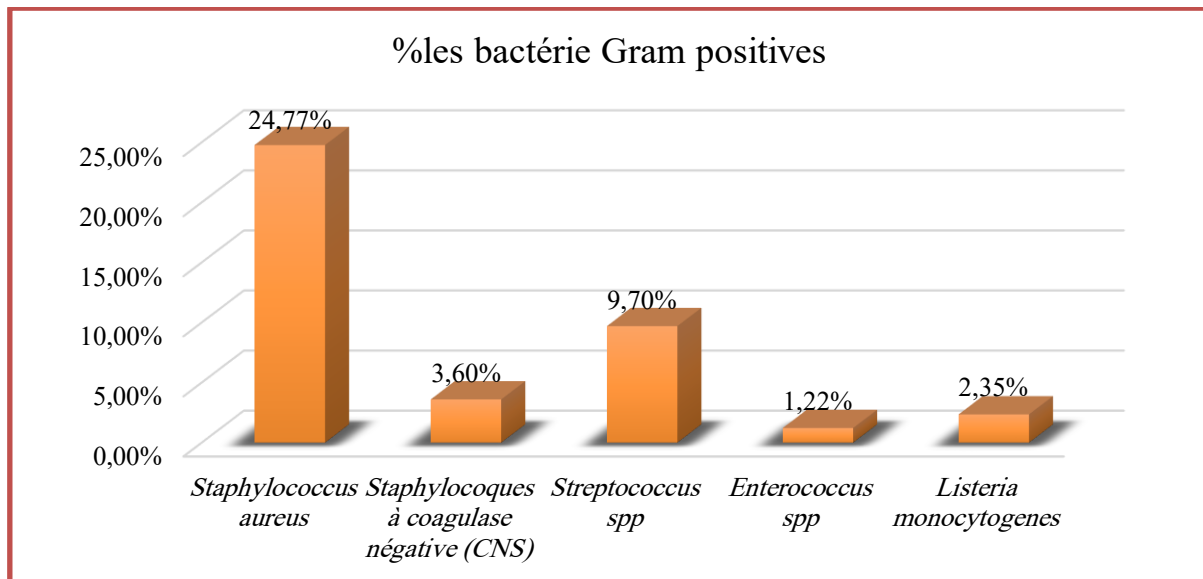


Figure 3. Répartition proportionnelle des espèces de bactéries à Gram positif identifiés dans 20 études scientifiques.

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

Le diagramme de la figure4 illustre la répartition en pourcentage des bactéries à Gram positif selon les différents types de prélèvements rapportés dans les 20 études. Ces recherches ont analysé plusieurs types d'échantillons prélevés chez les bovins, notamment le lait, la viande (les abcès), les matières fécales et d'autres tissus ou surfaces cutanées.

De manière générale, la majorité des études ont mis en évidence une prédominance marquée des bactéries à Gram positif dans les échantillons de lait. Ainsi, dans les études (Freitas *et al.*,2018; Oversch *et al.*,2013; Minst *et al.*,2012 ; Svennesen *et al.*,2023) 100 % des isolats étaient de type à Gram positif, avec une nette domination de *Staphylococcus aureus* et *Streptococcus spp.*. À l'inverse, des proportions plus faibles ont été rapportées par Boukhalfa *et al.*,2021 (12,5 %) et Islam *et al.*,2025 (46,7 %). Des résultats intermédiaires ont été observés dans les études (Kateete *et al.*,2013) (71 %) et (Yapicier *et al.*,2021) (50,8 %), ce qui traduit une variabilité selon les contextes géographiques et les méthodes d'analyse. Certaines espèces ont été particulièrement associées à ce type d'échantillon, telles que *Listeria monocytogenes*, détectée à 47 % dans le lait cru (Hassani *et al.*,2022), ou les *Streptococcus* du groupe B (Yapicier *et al.*, 2021).

Dans les échantillons prélevés à partir de tissus infectés, tels que les abcès, les résultats étaient plus hétérogènes. L'étude (Yousfi *et al.*,2024) a rapporté des taux de 77,7% de bactéries à Gram positif dans la viande (les abcès pulmonaires et les abcès hépatiques), ce qui met en évidence la capacité de *S. aureus* à coloniser différentes localisations internes. Ces résultats suggèrent une certaine spécificité anatomique des foyers infectieux.

Arbab *et al.*, 2021 ont rapporté une présence de 64,5 % de bactéries à Gram positif dans les échantillons de matières fécales, un pourcentage relativement élevé pour un type de prélèvement généralement dominé par les bactéries à Gram négatif. Cette observation suggère une flore bactérienne mixte au niveau intestinal et la persistance possible de bactéries à Gram positif dans l'environnement digestif.

D'autres types d'échantillons, notamment ceux issus de la peau ou des surfaces corporelles, ont révélé des taux plus faibles de bactéries à Gram positif, sans pour autant exclure leur présence. Les variations observées entre les types de tissus et de prélèvements soulignent l'influence des conditions locales sur la composition bactérienne.

En résumé, les bactéries à Gram positif sont largement répandues dans les élevages bovins, avec des fréquences variables selon le type de prélèvement. Ces données soulignent l'importance d'une surveillance microbiologique ciblée et adaptée au type d'échantillon, afin de mieux comprendre les dynamiques de contamination et de dissémination bactérienne dans les systèmes d'élevage.

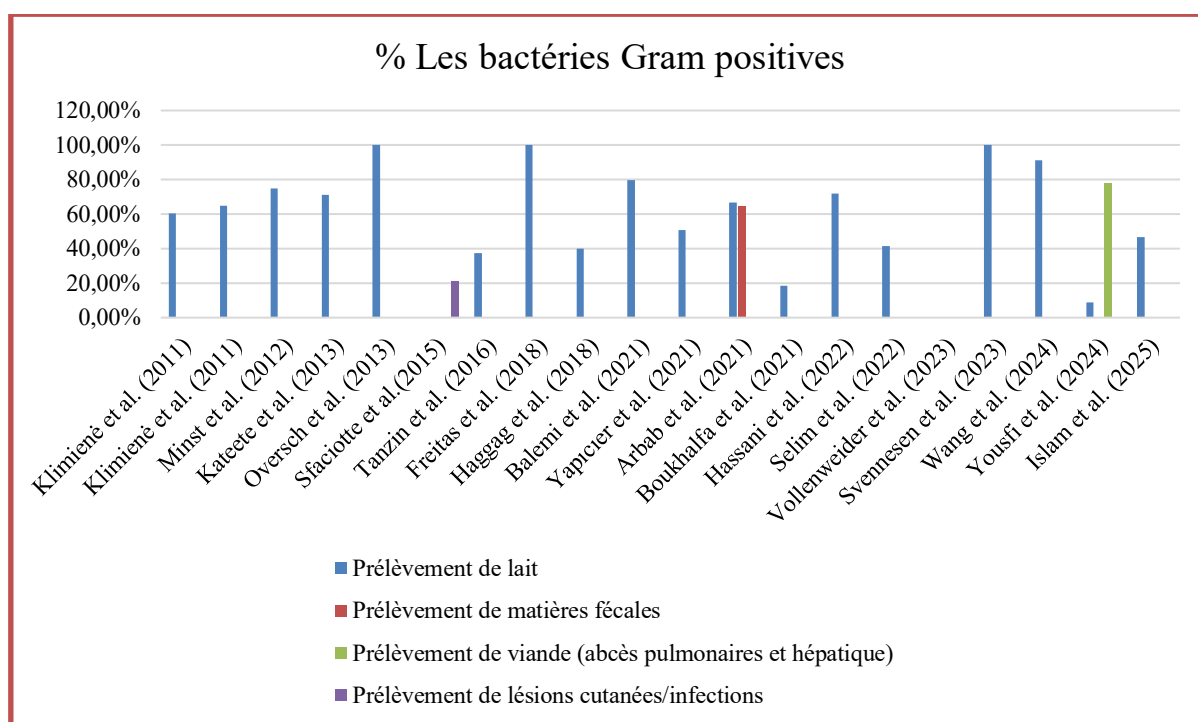


Figure 4. La répartition des bactéries Gram positives selon le type de prélèvement

IV.4. La répartition des bactéries Gram positives selon l'état clinique des bovins

Selon la Figure 5 et plusieurs études, certaines bactéries à Gram positif comme *Staphylococcus aureus* et *Streptococcus* sont plus fréquentes chez les bovins malades que chez les bovins en bonne santé. Par exemple, Boukhalfa *et al.* (2020) ont trouvé *S. aureus* chez 76,6 % des bovins malades, ce qui est beaucoup plus élevé que chez les bovins saines dans d'autres

études. Tanzin *et al.* (2022) ont montré que *S. aureus* était présente chez 62,5 % des bovins malades, contre seulement 33,3 % chez les bovins saines. Haggag *et al.* (2023) ont rapporté une forte présence de *Streptococcus spp.* chez les bovins malades. Arbab *et al.* (2021) ont enregistré *S. aureus* entre 40 et 45 %, Wang *et al.* (2022) en Chine 19,43 %, et Yapicier *et al.* (2021) en Turquie ont trouvé *Streptococcus agalactiae* à 84,13 %. D'autres études, comme celles de Vollenweider *et al.* (2023) (résistance de *Staphylococcus spp.* à l'érythromycine 48,8 %), et Hassani *et al.* (2023) (présence de *S. aureus* à 22,2 % et *Enterococcus spp.* à 8,3 %), ont aussi montré que ces bactéries peuvent être présentes chez les bovins saines, mais généralement en plus faible proportion. Cela suggère que ces bactéries sont souvent liées à la maladie, mais peuvent aussi être présentes chez des animaux porteurs asymptomatiques. Certaines bactéries comme *Staphylococcus aureus* et *Streptococcus* sont plus souvent trouvées chez les bovins malades que chez les bovins en bonne santé. Cela s'explique en partie parce que les bovins malades ont souvent un système immunitaire affaibli. Quand leur défense naturelle est faible, ces bactéries peuvent entrer plus facilement dans leur corps et se multiplier. De plus, les blessures ou infections déjà présentes chez les bovins malades peuvent servir de porte d'entrée aux bactéries. (Figure 5)

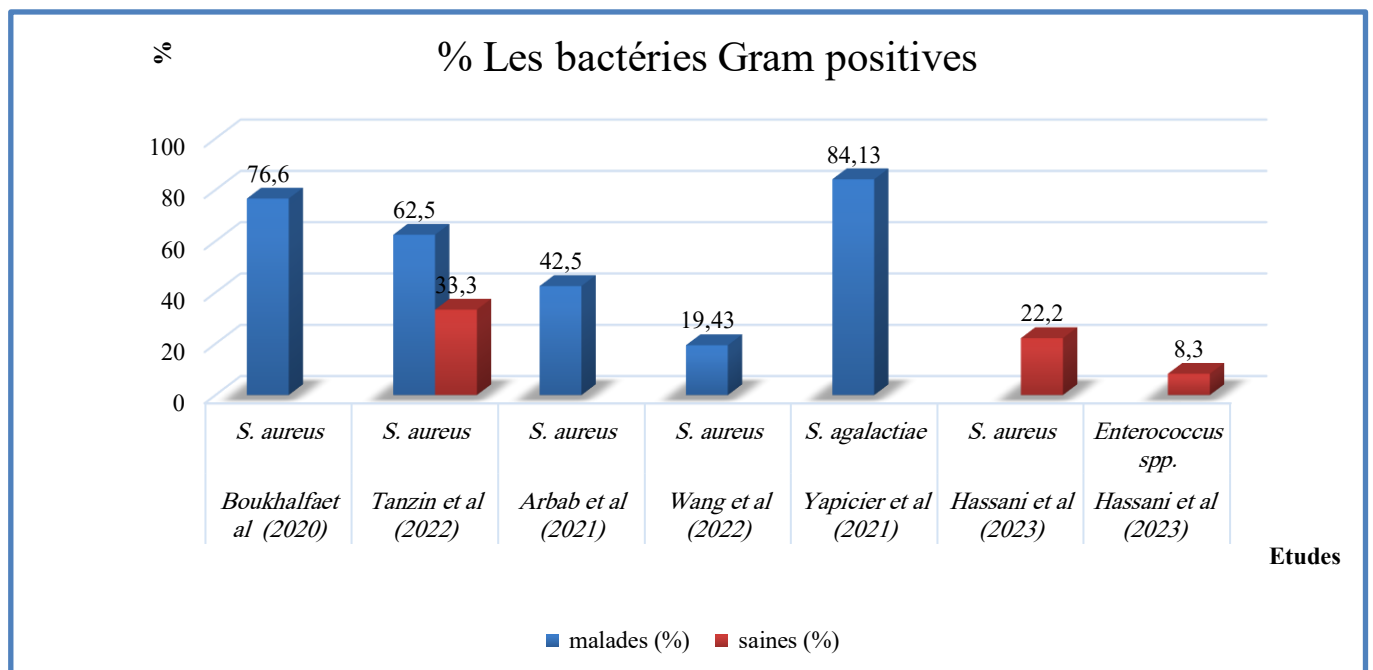


Figure 5. Pourcentages des bactérie Gram positives dans les bovins malades et sains

IV.5. L'étude de la résistance aux antibiotiques des bactéries Gram positives

IV.5.1. La résistance des bactéries Gram positives aux différentes classes d'antibiotiques

Les résultats collectés montrent une variabilité significative des profils de résistance chez les bactéries à Gram positif, avec une prévalence marquée de multirésistance dans plusieurs classes d'antibiotiques. Au sein des β -lactamines, les pénicillines telles que la pénicilline G et l'amoxicilline affichent des taux de résistance élevés, dépassant 80 % chez *Staphylococcus aureus* dans plusieurs études (Balemi *et al.*, 2021 ; Islam *et al.*, 2025 ; Hassani *et al.*, 2022). L'ampicilline présente un profil similaire (Freitas *et al.*, 2018). Quant aux céphalosporines, bien qu'en général considérées comme actives, elles montrent une importante hétérogénéité : la céphalexine et le ceftiofur enregistrent respectivement 90 % et 86,7 % de résistance (Freitas *et al.*, 2018), tandis que la céfazoline conserve une bonne sensibilité (Vollenweider *et al.*, 2023), et la céfoxitine présente une résistance intermédiaire de 57 % chez les staphylocoques à coagulase négative (Kateete *et al.*, 2013). L'association de l'acide clavulanique à l'amoxicilline améliore parfois l'activité de la molécule (Klimienė *et al.*, 2011).

Concernant les tétracyclines, et en particulier la tétracycline, les taux de résistance sont également élevés, atteignant 96,7 % chez *S. aureus* (Freitas *et al.*, 2018). D'autres espèces comme *Listeria monocytogenes* présentent aussi des résistances notables (48,93 %) (Hassani *et al.*, 2022). Ces résistances sont souvent associées aux gènes tet(B) et tet(K) (Yousfi *et al.*, 2024). Les taux rapportés varient de 28 % à 80 %, ce qui souligne l'importance du contexte local dans l'usage des antimicrobiens (Balemi *et al.*, 2021 ; Boukhalfa *et al.*, 2021).

Les macrolides tels que l'érythromycine et l'azithromycine présentent une résistance variable. Pour l'érythromycine, les taux vont de 18,5 % (Boukhalfa *et al.*, 2021) à plus de 85 % (Wang *et al.*, 2024), alors que l'azithromycine atteint 32 % dans certaines souches (Hassani *et al.*, 2022). Le gène erm(T) est fréquemment impliqué (Yousfi *et al.*, 2024). Aucune donnée spécifique n'a été trouvée concernant la spiramycine.

En ce qui concerne les fluoroquinolones, la ciprofloxacine conserve une bonne efficacité selon certaines études, avec une absence totale de résistance (Selim *et al.*, 2022), alors que la norfloxacine atteint jusqu'à 86,7 % de résistance (Freitas *et al.*, 2018). D'autres molécules, comme l'enrofloxacine, montrent des résistances intermédiaires entre 28 % et 30 % (Arbab *et al.*, 2021 ; Islam *et al.*, 2025).

Les aminoglycosides, en particulier la gentamicine, présentent des résultats très hétérogènes. La résistance varie entre 12 % (Hassani *et al.*, 2022) et 100 % (Vollenweider *et al.*, 2023), avec

des valeurs intermédiaires à 86,7 % (Freitas *et al.*, 2018) ou 17,07 % (Wang *et al.*, 2024), selon les espèces et les conditions d'isolement.

Le triméthoprim-sulfaméthoxazole, représentant principal des sulfamides, affiche les niveaux de résistance les plus élevés, souvent supérieurs à 85 %, notamment chez les streptocoques et les staphylocoques (Haggag *et al.*, 2018 ; ŞahanYapicier *et al.*, 2021).

La vancomycine, bien qu'elle soit considérée comme un traitement de dernier recours, montre dans certaines études des taux élevés de résistance chez *S. aureus*, atteignant jusqu'à 85 % (Balemi *et al.*, 2021 ; Wang *et al.*, 2024). Cependant, d'autres travaux confirment encore une efficacité conservée (Minst *et al.*, 2012 ; Overesch *et al.*, 2013 ; Boukhalfa *et al.*, 2022).

La clindamycine, principal représentant des lincosamides, affiche également des résistances variables. Certains isolats de *S. aureus* présentent une résistance de 75 % (Balemi *et al.*, 2021), tandis que d'autres études n'en rapportent aucune (Boukhalfa *et al.*, 2021).

Le linézolide, appartenant à la classe des oxazolidinones, reste hautement efficace. Aucune résistance n'a été signalée, y compris chez les souches *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline (SARM) (Selim *et al.*, 2022).

Enfin, le chloramphénicol, bien que peu documenté, montre une résistance élevée dans certaines souches comme *S. agalactiae*, avec un taux de 90 % (Selim *et al.*, 2022). Les autres résultats restent imprécis, mais suggèrent une efficacité limitée (Minst *et al.*, 2012 ; Kateete *et al.*, 2013).

L'analyse comparative montre que certaines molécules, bien qu'appartenant à des familles très touchées par la résistance, conservent une efficacité thérapeutique notable. Le linézolide, la céfazoline, la ciprofloxacine et l'amoxicilline-acide clavulanique apparaissent comme des options viables. En revanche, des molécules telles que la céphalexine, la tétracycline, l'érythromycine, la norfloxacine, la gentamicine et le triméthoprim-sulfaméthoxazole sont associées à des niveaux de résistance préoccupants, ce qui justifie un usage restreint et fondé sur des tests de sensibilité

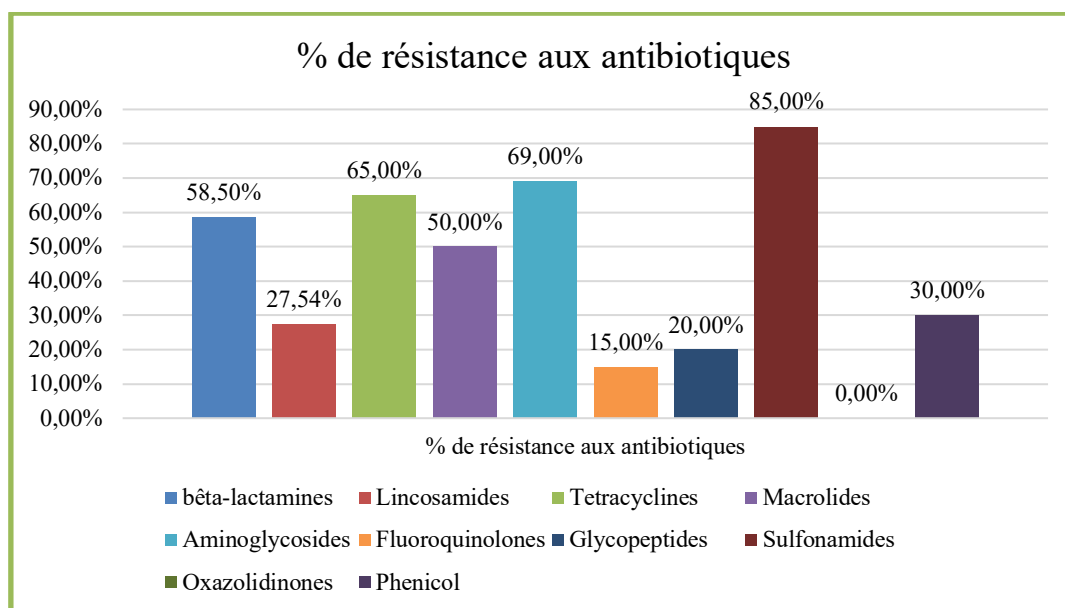


Figure 6. La résistance des bactéries Gram positives aux antibiotiques.

IV.5.2. Etude phénotypique des mécanismes de résistance

Les résultats de l'étude phénotypique ont révélé une large dissémination de souches bactériennes à Gram positif présentant des mécanismes de résistance bien caractérisés.

Chez *Staphylococcus aureus*, des taux variables de résistance à la méthicilline (SARM) ont été rapportés : 21,42 % selon Sfaciote *et al.* (2015), 35,7 % selon Selim *et al.* (2022), et jusqu'à 88,7 % selon Balemi *et al.* (2021), ce dernier utilisant le test à la céfoxitine pour la détection. Ces variations peuvent s'expliquer par plusieurs facteurs, notamment la diversité des sources d'échantillonnage (lait, viande, matières fécales, peau), les différences géographiques, les pratiques d'élevage, ainsi que les méthodes de détection utilisées.

Un profil similaire a été observé chez les staphylocoques à coagulase négative, avec une prévalence de 28,6 %, soulignant que ces espèces, bien que souvent considérées comme moins pathogènes, peuvent jouer un rôle important en tant que réservoirs de gènes de résistance, pouvant être transmis aux souches plus virulentes.

Des profils de résistance de type MLSB ont également été mis en évidence. Ce mécanisme, impliquant une résistance croisée aux macrolides, aux lincosamides et aux streptogramines B, représente l'un des principaux mécanismes acquis chez les staphylocoques. Environ 94 % des isolats de *S. aureus* ont présenté une résistance simultanée à l'érythromycine, à la clindamycine et aux streptogramines B (Yousfi *et al.*, 2024), limitant considérablement les options thérapeutiques. Cette résistance peut compromettre l'efficacité des traitements vétérinaires, en particulier dans les infections cutanées ou mammaires, où ces antibiotiques sont couramment utilisés.

Chez *Enterococcus faecium*, une résistance marquée à l'ampicilline a été signalée (Freitas *et al.*, 2018). Des cas de résistance à la vancomycine, bien que moins fréquents, ont également été rapportés (Yousfi *et al.*, 2024). Ces phénotypes posent un réel défi thérapeutique, car ils réduisent davantage le choix des antimicrobiens utilisables en médecine vétérinaire, notamment dans les infections entériques ou systémiques.

Conclusion

Conclusion

Pour obtenir de bons produits laitiers et une viande saine, il faut surveiller la santé de la vache, en particulier les mamelles, car c'est la zone sensible qui contient de nombreuses bactéries Gram-positives, ce qui est à son tour un indicateur sensible de l'état de la vache, comme des études l'ont démontré, *Streptococcus spp.* Et *Staphylococcus aureus*, étaient les plus isolés et causatifs d'infections chez les bovins, en plus des *Staphylococcus* à coagulase négative, *Enterococcus spp.* et *Listeria monocytogenes*. Cependant, d'autres études ont montré que ce type de bactéries a une légère présence qui ne provoque pas la maladie dans les cas sains.

Compte tenu de la résistance aux antibiotiques, les isolats étudiés ont montré une multi-résistance élevée aux Sulfonamides, Aminoglycosides, Tétracyclines, Béta-lactamines, Macrolides et Glycopeptides, Lincosamides, Phenicol, Ces antibiotiques sont largement utilisés pour traiter les infections bactériennes, l'augmentation de cette résistance limite les chances de traiter ces infections chez les bovins.

L'utilisation des antibiotiques sans conscience ou sans une prescription vétérinaire, ont des risques incontournables sur la santé animale et humaine, dont le premier est la résistance accrue des bactéries aux antibiotiques, qui rend le traitement difficile ou pas possible, et l'exacerbation de ce phénomène entraîne une propagation rapide à l'homme par la chaîne alimentaire. De ce fait, il est important de surveiller la santé des bovins, poursuivre les traitements d'antibiotiques, et prêter attention à la propreté de leur milieu de vie et de la nourriture pour réduire les infections.

Références bibliographique

Références

A

Arbab, S., Ullah, H., Wang, W., Li, K., Akbar, A., & Zhang, J. (2021). Isolation and identification of infection-causing bacteria in dairy animals and determination of their antibiogram. *Journal of Food Quality*, 2021(1), 2958304.

Arthur, M., & Courvalin, P. (1993). Genetics and mechanisms of glycopeptide resistance in enterococci. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 37(8), 1563–1571. <https://doi.org/10.1128/AAC.37.8.1563>

B

Balemi, A., Gumi, B., Amenu, K., Girma, S., Gebru, M. U., Tekle, M., ... & KerroDego, O. (2021). Prevalence of mastitis and antibiotic resistance of bacterial isolates from CMT positive milk samples obtained from dairy cows, camels, and goats in two pastoral districts in Southern Ethiopia. *Animals*, 11(6), 1530.)

Boukhalfa, N., Douifi, M., Berber, A., & Hakem, A. (2022). PREVALENCE AND ANTIBIOTIC SUSCEPTIBILITY OF STAPHYLOCOCCUS AUREUS ISOLATED FROM COW MASTITIS IN ALGERIA.

Bush, K., & Jacoby, G. A. (2010). Updated functional classification of β -lactamases. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 54(3), 969–976. <https://doi.org/10.1128/AAC.01009-09>

C

Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2019, April 23). *Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA): General information*. Retrieved from [

Centers for Disease Control and Prevention. (2020). Vancomycin-resistant *Enterococci* (VRE).

Centers for Disease Control and Prevention. (2023). Coagulase-negative staphylococci (CoNS). U.S. Department of Health & Human Services.

E

Economou, V., & Gousia, P. (2015). Agriculture and food animals as a source of antimicrobial-resistant bacteria. *Infection and Drug Resistance*, 8, 49–61. <https://doi.org/10.2147/IDR.S55778>

F

Food and Agriculture Organization (FAO). (2018). Microbial ecology of livestock. <https://www.fao.org/3/i3288e/i3288e.pdf>

Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2018). The role of cattle in sustainable agriculture (FAO Animal Production and Health Paper).

Freitas, C. H., Mendes, J. F., Villarreal, P. V., Santos, P. R., Gonçalves, C. L., Gonzales, H. L., & Nascente, P. S. (2018). Identification and antimicrobial susceptibility profile of bacteria causing bovine mastitis from dairy farms in Pelotas, Rio Grande do Sul. *Brazilian Journal of Biology*, 78, 661-666.

G

Gandhi, M. (2018). Influence des rejets humains et animaux sur la diffusion de l'antibiorésistance à l'homme, aux animaux et à l'environnement, en Guadeloupe.

Gupta, R., Kumar, A., & Sharma, N. (2021). Probiotic *Bacillus* and *Lactobacillus* in cattle health. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 12, Article 21.

J

Johnson, K., Miller, D., & Evans, B. (2021). Impact of diet and antibiotics on bovine gut microbiota. United States Department of Agriculture (USDA).

H

Haggag, Y. N., Nossair, M. A., Mansour, A. M., & Abd el Rahman, A. H. (2018). Streptococci in Dairy Farms: Isolation, Antibigram Pattern and Disinfectant Sensitivity. *Alexandria Journal of Veterinary Sciences*, 59(2).

Hiramatsu, K., Cui, L., Kuroda, M., & Ito, T. (2001). The emergence and evolution of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Trends in Microbiology*, 9(10), 486–493. [https://doi.org/10.1016/S0966-842X\(01\)02175-8](https://doi.org/10.1016/S0966-842X(01)02175-8)

Hassani, S., Moosavy, M. H., Gharajalar, S. N., Khatibi, S. A., Hajibemani, A., & Barabadi, Z. (2022). High prevalence of antibiotic resistance in pathogenic foodborne bacteria isolated from bovine milk. *Scientific Reports*, 12(1), 3878.

I

Islam, M. M., Hossain, M. I., Islam, M. S., Azam, M. G., & Sultana, S. (2025). Prevalence, Antibiotic Resistance Patterns, and Virulence Factors of *Staphylococcus aureus* Isolates Associated with Bovine Mastitis in Northern Bangladesh. *Heliyon*.

K

Kateete, D. P., Kabugo, U., Baluku, H., Nyakarahuka, L., Kyobe, S., Okee, M., ... & Joloba, M. L. (2013). Prevalence and antimicrobial susceptibility patterns of bacteria from milkmen and cows with clinical mastitis in and around Kampala, Uganda. *PloS one*, 8(5), e63413.

Klimienė, I., Ružauskas, M., Špakauskas, V., Mockeliūnas, R., Pereckienė, A., & Butrimaitė-Ambrozevičienė, Č. (2011). Prevalence of gram positive bacteria in cow mastitis and their susceptibility to beta-lactam antibiotics. *Veterinarija ir Zootechnika*, 56(78).

Klimiene, I., Ruzauskas, M., Spakauskas, V., Matusевичius, A., Mockeliunas, R., Pereckiene, A., ... & Virgailis, M. (2011). Antimicrobial resistance patterns to beta-lactams of gram-positive cocci isolated from bovine mastitis in Lithuania. *Polish journal of veterinary sciences*, 14(3).

Kamoun, salma. (2016). *LES MECANISMES DE RESISTANCE BACTERIENNE*

L

Lina, G., & Cattoir, V. (2014). Les bactéries à Gram positives multirésistantes : Probabilités de résistance ? Que craindre ? *Bulletin de l'Académie Nationale de Médecine*, 198(3), 427-438. [https://doi.org/10.1016/S0001-4079\(19\)31312-3](https://doi.org/10.1016/S0001-4079(19)31312-3)

M

Minst, K., Märklbauer, E., Miller, T., & Meyer, C. (2012). Streptococcus species isolated from mastitis milk samples in Germany and their resistance to antimicrobial agents. *Journal of dairy science*, 95(12), 6957-6962.)

Merck Veterinary Manual. (2023). The Merck veterinary manual.

Munck, C., & Sommer, M. O. (2014). Antibiotic Resistance: Adaptive Evolution & Dissemination of Resistance Genes. technical university of danmark.

N

Nizet, V., & Cole, J. N. (2015). Group B Streptococcal disease in neonates and infants. National Center for Biotechnology Information (NCBI).

O

Overesch, G., Stephan, R., & Perreten, V. (2013). Antimicrobial susceptibility of gram-positive udder pathogens from bovine mastitis milk in Switzerland. *Schweiz Arch Tierheilkd*, 155(6), 339-50.)

.Opatowski, M. (2021). Résistance bactérienne aux antibiotiques, apport du système national des données de santé.

P

Page, S. W., & Gautier, P. (2012). Use of antimicrobial agents in livestock. *Revue Scientifique et Technique de l'OIE*, 31(1), 145–188. <https://doi.org/10.20506/rst.31.1.2106>

Q

Quinn, P. J., Markey, B. K., Leonard, F. C., FitzPatrick, E. S., Fanning, S., & Hartigan, P. J. (2011). *Veterinary microbiology and microbial disease* (2nd ed.). Wiley-Blackwell

R

Radostits, O.M., Gay, C.C., Hinchcliff, K.W., & Constable, P.D. (2007). *Veterinary Medicine: A textbook of the diseases of cattle, horses, sheep, pigs and goats*. 10th Edition. Saunders Elsevier.

Ramirez, M. S., & Tolmasky, M. E. (2010). Aminoglycoside modifying enzymes. *Drug Resistance Updates*, 13(6), 151–171.

S

Said, M. S., Kavar, N. H., & Abdelaziz, D. A. (2017). *Streptococcus dysgalactiae* infections: An overview. National Center for Biotechnology Information.

Salifou, C. F. A., Boko, K. C., Ahounou, G. S., Tougan, P. U., Kassa, S. K., Houaga, I., Farougou, S., Mensah, G. A., Clinquart, A., & Youssao, A. K. I. (2013). Diversité de la microflore initiale de la viande et sécurité sanitaire des consommateurs. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 7(3), Article 3.

Seegers, H., Fourichon, C., & Beaudeau, F. (2003). Production effects related to mastitis and mastitis economics in dairy cattle herds. *Veterinary Research*, 34(5), 475–491.

Sfaciotte, R. A. P., Coronel, L. G., Osaki, S. C., & Wosiacki, S. R. (2015). Gram-positive bacterial resistant strains of interest in animal and public health. *Semina: Ciências Agrárias*, 36(4), 2693-2712.

Selim, A., Kelis, K., AlKahtani, M. D., Albohairy, F. M., & Attia, K. A. (2022). Prevalence, antimicrobial susceptibilities and risk factors of Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in dairy bovines. *BMC Veterinary Research*, 18(1), 293.

Smith, J., Thompson, R., & Lee, M. (2020). Role of Gram-Positive Bacteria in Rumen Fermentation. *Frontiers in Microbiology*, 11, 620.

Svennesen, L., Skarbye, A. P., Farre, M., Astrup, L. B., Halasa, T., Krömker, V., ... & Kirkeby, C. (2023). Treatment of mild to moderate clinical bovine mastitis caused by gram-positive bacteria: A noninferiority randomized trial of local penicillin treatment alone or combined with systemic treatment. *Journal of dairy science*, 106(8), 5696-5714.

Songer, J. G., & Post, K. W. (2005). *Veterinary microbiology: Bacterial and fungal agents of animal disease*. Elsevier Saunders

T

Tanzin, T., Nazir, K. N. H., Zahan, M. N., Parvej, M. S., Zesmin, K., & Rahman, M. T. (2016). Antibiotic resistance profile of bacteria isolated from raw milk samples of cattle and buffaloes. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, 3(1), 62-67.

U

Ungerfeld, E. M., De Souza, L. F., & Silveira, C. (2022). Diversity of Gram-Positive Bacteria in the Bovine Rumen. *Animals*, 12(19), 2567.

V

Vollenweider, A. (2023). Mastitis pathogens and antibiotic resistance in beef cows in Switzerland (Doctoral dissertation, University of Zurich).

W

Wang, L., Haq, S. U., Shoaib, M., He, J., Guo, W., Wei, X., & Zheng, X. (2024). Subclinical Mastitis in Small-Holder Dairy Herds of Gansu Province, Northwest China: Prevalence, Bacterial Pathogens, Antimicrobial Susceptibility, and Risk Factor Analysis. *Microorganisms*, 12(12), 2643.

Whitman, W. B. (Ed.). (2015). *Bergey's manual of systematics of archaea and bacteria*. Wiley.

World Health Organization. (2023). *Listeriosis*.

Y

Yapicier, Ö. Ş., Sababoglu, E., Ozturk, D., Turutoglu, H., Pehlivanoglu, F., & Kaya, M. (2021). Lancefield classification and antimicrobial resistance of hemolytic streptococci isolated from bovine mastitis. *Veterinaria Italiana*, 57(1), 41-47.

Yousfi, C., Oueslati, S., Daaboul, D., Girlich, D., Proust, A., Bentchouala, C., & Naas, T. (2024). Antibiotic Susceptibility Profiles of Bacterial Isolates Recovered from Abscesses in Cattle and Sheep at a Slaughterhouse in Algeria. *Microorganisms*, 12(3), 524.

Résumés

ملخص

تعتبر الماشية مصدرًا غذائيًا مهمًا للإنسان، بما في ذلك الحليب واللحوم. كما يؤدي تلوث هذه المصادر إلى العديد من المخاطر مثل التهاب الضرع سواء من خلال سوء التغذية أو الاتصال بالماشية، ويركز هذا العمل على تحليل الأنواع البكتيرية إيجابية الجرام التي تحملها الماشية في مختلف البلدان، وعلى مقاومة هذه البكتيريا لـ العديد من المضادات الحيوية المستخدمة في الطب البشري والحيواني. أظهرت النتائج أن البكتيريا الأكثر عزلة هي المكورات العنقودية الذهبية سلبية التخثر، والمكورات العقدية، والمكورات المعوية، والليستيريا المستوحدة مع مقاومة متعددة للسلفوناميدات، والجليكوببتيدات، والأمينوغلوكوزيدات، والتيتراسيكلين، والبيتا لكتام، والماكروليدات، والفلوروكينولونات، لينكوساميدات، أوكسازوليديمونات، فينيكول. ويجب مراقبة استخدام هذه المضادات الحيوية للحيوانات، وخاصة الماشية، مع احترام قوانين نظافة وسلامة أدوات حلب الأدوات المستخدمة في المزرعة وتغذية الماشية للحد من هذه المظاهر التي تهدد بخطر العدوى.

الكلمات المفتاحية: الماشية، البكتيريا إيجابية الجرام، التهاب الضرع، المضادات الحيوية، المقاومة

Résumés

Les bovins sont une source alimentaire importante pour l'homme, y compris le lait et la viande. La contamination de ces sources se traduit également par de nombreux dangers telle que le mastite, que ce soit par une mauvaise alimentation ou par le contact avec les bovins, ce qui entraîne la dissémination de résistance bactérienne aux antibiotiques. Ce travail se concentre sur l'analyse des espèces bactériennes à Gram positif véhiculées par les bovins dans différents pays, et sur la résistance de ces bactéries à de nombreux antibiotiques utilisés en médecine humaine et animale. Les résultats ont montré que les bactéries les plus isolées sont *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus* à coagulase négative, *Streptococcus Spp*, *Enterococcus spp*, *Listeria monocytogenes* avec une multi-résistance aux Sulfonamides, Glycopeptides, Aminoglycosides, Tetracyclines, Béta-lactamines, Macrolides, Fluoroquinolones, Lincosamides, Oxazolidinones, Phenicol. Une surveillance de l'utilisation de ces antibiotiques pour les animaux, en particulier les bovins, doit être imposée, tout en respectant les lois de propreté et de sécurité des outils de traite, des outils utilisés à la ferme et de l'alimentation des bovins afin de réduire ces manifestations qui menacent le risque d'infection.

Mot clé : bovins. bactéries Gram-positives. mastite. antibiotiques. résistance

Abstract

Cattle are an important food source for humans, including milk and meat. The contamination of these sources also results in many dangers such as mastitis, whether through poor nutrition or contact with cattle. This work focuses on the analysis of Gram-positive bacterial species carried by cattle in different countries, and on the resistance of these bacteria to many antibiotics used in human and animal medicine. The results showed that the most isolated bacteria are *Staphylococcus aureus*, coagulase-negative *staphylococcus spp*, *Streptococcus spp*, *Enterococcus spp*, *Listeria monocytogenes* with a multi-resistant to Sulfonamides, Glycopeptides, Aminoglycosides, Tetracyclines, Beta-lactams, Macrolides, Fluoroquinolones, Lincosamides, Oxazolidinones, Phenicol. monitoring of the use of these antibiotics for animals, in particular cattle, must be imposed, while respecting the laws of cleanliness and safety of milk ingtools, tools used on the farm and cattle feeding to reduce these manifestations that threaten the risk of infection.

Keywords: cattle, Gram-positive bacteria, mastitis, antibiotics, resistance



Déclaration de correction de mémoire de master 2025

Référence du mémoire N°: / 2025	PV de soutenance N°: / 2025
Nom et prénom (en majuscule) de l'étudiant (e) : Ghedhaif Nourine El Gamoula Fatma Zahra Kouda	Lقب و اسم الطالب (ة) : عبد الحفي نورين فاطمة زهراء كودا
La mention (الدرجة) : B	Note (20) (العلامة) : 13.33
L'intitulé de mémoire (عنوان المذكرة): Etude de la résistance aux antibiotiques des bactéries à Gram positif isolées des bovins	

Déclaration et décision de l'enseignant promoteur : تصريح وقرار الأستاذ المشرف

Déclaration : Je soussigné (e), <u>Dr. El Khoumri</u> (grade) <u>Professeur</u> à l'université de <u>Biskra</u>, avoir examiné intégralement ce mémoire après les modifications apportées par l'étudiant. J'atteste que : * le document a été corrigé et il est conforme au model de la forme du département SNV * toutes les corrections ont été faites strictement aux recommandations du jury. * d'autres anomalies ont été corrigées	تصريح : أنا الممضي (ة) أسفله <u>د. الخومري</u> (الرتبة) <u>أستاذ</u> بجامعة <u>بسكرة</u>، أصرح بأنني راجعت محتوى هذه المذكرة كليا مراجعة دقيقة وهذا بعد التصحيحات التي أجراها الطالب بعد المناقشة، وعليه أشهد بان : * المذكرة تتوافق بشكلها الحالي مع النموذج المعتمد لقسم علوم الطبيعة والحياة. * المذكرة صحيحة وفقا لكل توصيات لجنة المناقشة * تم تدارك الكثير من الإختلالات المكتشفة بعد المناقشة
---	---

Décision : Sur la base du contenu scientifique, de degré de conformité et de pourcentage des fautes linguistiques, Je décide que ce mémoire doit être classé sous la catégorie	قرار : اعتمادا على درجة مطابقتها للنموذج ، على نسبة الأخطاء اللغوية وعلى المحتوى العلمي أقرر أن تصنف هذه المذكرة في الدرجة :												
<table border="1"> <tr> <td>acceptable مقبول</td> <td>ordinaire عادي</td> <td>bien حسن</td> <td>très bien جيد جدا</td> <td>excellent ممتاز</td> <td>exceptionnel متميز</td> </tr> <tr> <td>E</td> <td>D</td> <td>C</td> <td>B</td> <td>A</td> <td>A+</td> </tr> </table>	acceptable مقبول	ordinaire عادي	bien حسن	très bien جيد جدا	excellent ممتاز	exceptionnel متميز	E	D	C	B	A	A+	
acceptable مقبول	ordinaire عادي	bien حسن	très bien جيد جدا	excellent ممتاز	exceptionnel متميز								
E	D	C	B	A	A+								



الأستاذ المشرف

(Signature)

التاريخ
2025 / 05 / 23

NB : Cette fiche doit être collée d'une façon permanente derrière la page de garde sur les copies de mémoire déposées au niveau de la bibliothèque universitaire