



N° d'ordre : 01/Doc...../2025

THÈSE

En vue de l'obtention du diplôme de **Doctorat en Sciences**

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Sciences Vétérinaires

THÈME

Isolement et caractérisation phénotypique des souches de *Salmonella* spp. isolées chez l'espèce *Gallus gallus* dans la région centre de l'Algérie

Présentée par :
Mme Guechtouli Sihem

Soutenue publiquement, le 24 / 05 /2025, devant le jury composé de :

Dr. Hani Fatima- Amira	MCA (ENSV)	Présidente
Pr. Khelef Djamel	Pr (ENSV)	Directeur de thèse
Pr. Hamdi Taha- Mossadak	Pr (ENSV)	Co- Directeur de thèse
Dr. Bouacem Khelifa	MCA (UMMTO)	Examinateur
Dr. Titouche Yacine	MCA (UMMTO)	Examinateur
Dr. Mokrani Djamel	MCA (UMBB)	Examinateur
Pr. Messai Chafik-Redha	Pr (UBBA)	Invité

Année universitaire : 2024 / 2025

Isolement et caractérisation phénotypique des
souches de *Salmonella* spp. isolées chez
l'espèce *Gallus gallus* dans la région centre de
l'Algérie

Remerciements

Puissent ces quelques mots traduire toute ma reconnaissance pour votre soutien indéfectible tout au long de cette thèse, aussi bien pour les manipulations que pour l'accompagnement et les précieux conseils qui l'ont enrichie.

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude à mon directeur de thèse, Pr. **Khelef Djamel**, qui m'accompagne dans mes recherches depuis le Magister. Son soutien, ses précieux conseils et son encadrement bienveillant ont été essentiels à l'aboutissement de cette thèse.

Ma gratitude va également à M. **Hamdi Taha Mossadak**, mon co-promoteur, pour son soutien et ses conseils tout au long de cette thèse. Son aide m'a été précieuse dans la réalisation de ce travail.

Ce travail de recherche n'aurait pas été possible sans l'aide précieuse et le soutien indéfectible de Monsieur **Messai Chafik Redha**, Professeur à l'Université de BBA. Je lui suis reconnaissante pour son accompagnement, ses encouragements et son appui, notamment durant les moments difficiles.

Je remercie chaleureusement mon collègue, Monsieur **Morsli Amirouche**, pour son aide précieuse, son soutien et ses conseils avisés, qui m'ont été d'une grande aide tout au long de ce travail de recherche.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude aux membres du jury : Madame **Hani Fatma Amira**, Professeure à l'ENSV, Monsieur **Khelifa Bouacem**, Maître de Conférences à l'Université de Tizi Ouzou, Monsieur **Titouche Yacine**, Maître de Conférences à l'Université de Tizi Ouzou, et Monsieur **Mokrani Djamel**, Maître de Conférences à l'Université de Boumerdès. Je les remercie sincèrement pour leur bienveillance et pour avoir accepté d'évaluer cette thèse.

*Je suis reconnaissante envers toutes les personnes qui ont contribué à
l'aboutissement de cette thèse.*

Merci à vous tous !

Sihem



Dédicaces

Par la grâce d'Allah, le Tout-Puissant et Miséricordieux, louanges à Lui, l'Unique, et paix et bénédictions sur Son dernier Prophète. Ce modeste travail, fruit de nombreuses années d'efforts, voit enfin le jour grâce à Sa bienveillance. Je le dédie en signe de profonde reconnaissance.

À mon père **Abd El Hamid**, que DIEU ait son âme...

Ton départ prématué a laissé un vide immense dans mon cœur. Tes précieux conseils et ton exigence du travail bien fait ont façonné la personne que je suis aujourd'hui. À travers cet humble ouvrage, je tiens à exprimer toute ma gratitude. Comme j'aurais aimé t'avoir à mes côtés en ce jour si spécial, mais le destin en a décidé autrement. Repose en paix, cher papa.

À celle qui m'a donné la vie, qui a su supporter mes égarements et qui, à chaque instant, a été un soutien indéfectible, à celle à qui je dois tant, la plus douce, la plus bienveillante et la plus aimante des personnes : ma chère mère, **OURIDA**.

Chère maman, les mots me manquent pour exprimer tout l'amour et la reconnaissance que je ressens pour toi. Ce travail, fruit de nombreuses années de persévérance, est bien plus qu'une simple réalisation académique; qu'il puisse t'apporter réconfort et fierté, mais surtout témoigner de mon immense amour pour toi.

À mon époux **Redha**, ainsi qu'à mes filles **Mélina**, **Nélia** et ma petite **Emilia** :

REDHA, ton amour, ta patience et ton soutien sans faille ont été une force précieuse tout au long de ce parcours. Merci d'avoir toujours cru en moi et de m'avoir accompagnée avec bienveillance à chaque étape de cette aventure. Ce travail, fruit de tant d'efforts et de sacrifices, vous est également dédié, avec tout mon amour.

Mélina, **Nélia** et **Emilia**, mes trésors, vous êtes ma plus belle source de motivation et d'inspiration. Votre présence illumine ma vie et me donne chaque jour la force d'avancer.

À mes chers frères, Nabil et Mounir, ainsi qu'à ma précieuse sœur, Nabila :

Vos encouragements constants tout au long de ce parcours ont été une source inestimable de motivation. **Nabila**, ma chère sœur, tu as été bien plus qu'un simple pilier dans ma vie ; ta bienveillance, tes paroles réconfortantes et ta présence ont allégé bien des épreuves. En ce jour si significatif, je tiens à vous exprimer, toute ma gratitude et mon affection. Merci du fond du cœur pour votre amour et votre soutien inestimables.

À mes belles-sœurs, ainsi qu'à mes neveux, et mes nièces votre bienveillance et votre soutien m'ont été précieux. Merci pour votre présence et votre affection.

À mes beaux-parents, à mes belles-sœurs ***Fatma Zohra*** et ***Wissame***, ainsi qu'à toute ma belle-famille : je vous remercie sincèrement pour votre soutien, votre affection et votre présence tout au long de ce parcours. Votre bienveillance m'a été d'un grand réconfort, en particulier mon beau-père Hacene, dont le soutien et l'encouragement m'ont profondément touchée.

À mon amie de cœur, ***Fatima El Zahra***, pour ton amitié sincère, ton soutien indéfectible et ta présence précieuse qui ont illuminé mon chemin.

À tous ceux qui occupent une place précieuse dans mon cœur et qui me sont chers, ainsi qu'à ceux qui m'ont soutenu et ont cru en moi.

Sihem

الملخص

أظهرت الدراسات على السالمونيلا معدلات تلوث مثيرة للقلق في المزارع الجزائرية. يهدف هذا العمل إلى عزل سلالات السالمونيلا من الكبد والطحال لدجاج التسمين ودجاج التبييض، لتحديد أنماطها المصلبية ودراسة ملف مقاومتها تم جمع مجموعة 270 عينة سريرية بما في ذلك الكبد والطحال من 26 مزرعة دجاج تسمين و25 مزرعة دجاج تبييض تشمل هذه العينات 140 عينة دجاج تسمين و130 عينة دجاج تبييض تم جمعها من مزارع دواجن مختلفة في وسط الجزائر بين عامي 2018 و2020 تظهر عليها آفات السالمونيلا مع علامات سريرية وحالات تفوق مسجلة من العينات التي تم جمعها، تم عزل سلالات السالمونيلا وتحديدها وفقاً لخصائصها العيانية والمجهرية والكيميائية الحيوية تبع تحديد السلالات المعزولة تحديد النمط المصلبي للعزلات أجريت دراسة مقاومة العزلات لـ 12 جزيء مضاد حيوي بطريقة إنتشار القرص على أحار مولر هينتون من بين 270 عينة كانت 80 عينة إيجابية للسالمونيلا (29.63 %) في دجاج التسمين، تم تأكيد إيجابية 34 عينة (24.28 %) لسلالات السالمونيلا، بينما في دجاج التبييض تم تأكيد إيجابية 46 عينة (35.38 %) تم تحديد نمطين مصليين من 80 سلالة من السالمونيلا مع غلبة النمط المصلبي *Salmonella Galliarum* بنسبة إنتشار 100 % في دجاج التبييض و79 % في دجاج التسمين يليه النمط المصلبي *Salmonella Enteritidis* تسجيل أعلى مقاومة لحمض الناليديكسيك NA % 100 % 79.41 وانروفوكساسين ENR % 41.18 TEY % 54.35 ، 8.82 % وتيتراسيكلين 73.91 % على التوالي في دجاج التسمين ودجاج التبييض ومع ذلك لم يتم تسجيل أي مقاومة للكوليستين في أي من النوعين كانت 48 عزلة 60 % مقاومة متعددة، وتم تسجيل 3 أنماط مقاومة للمضادات الحيوية، مع مؤشر مقاومة متعددة للمضادات الحيوية (MARI) من 0.2 إلى 0.6 أظهرت هذه النتائج الدور الخطير لإنتاج الدواجن في إنتشار واستمرار سلالات السالمونيلا المتعددة المقاومة.

الكلمات الدالة: السالمونيلا، دجاج التسمين، دجاج التبييض، مقاومة متعددة للأدوية، النمط المصلبي.

Résumé

La salmonellose aviaire constitue une menace pour l'industrie avicole, notamment en Algérie, où des taux élevés de contamination par *Salmonella* ont été rapportés. Cette étude vise à isoler et identifier les souches de *Salmonella* spp. à partir du foie et de la rate de poulets de chair et de poules pondeuses, à déterminer leurs sérotypes et à analyser leur résistance aux antibiotiques.

Un total de 270 prélèvements (140 de poulets de chair, 130 de poules pondeuses) a été collecté entre 2018 et 2020 dans 51 élevages du centre de l'Algérie. L'isolement, l'identification biochimique et le sérotypage ont été réalisés, suivis d'une étude de la résistance à 12 antibiotiques.

Les analyses ont révélé un taux de contamination de 29,63 %, avec une prédominance de *Salmonella Gallinarum* (100 % chez la poule pondeuse et 79 % chez le poulet de chair), suivie de *Salmonella Enteritidis*. Les taux de résistance les plus élevés ont concerné l'acide nalidixique (79,41 % / 100 %), l'enrofloxacine (41,18 % / 73,91 %) et la tétracycline (8,82 % / 54,35 %), sans résistance à la colistine. Au total, 60 % des isolats étaient multirésistants, avec un indice de multi-résistance de 0,2 à 0,6 .

Ces résultats soulignent l'urgence d'un renforcement des mesures de biosécurité pour limiter la dissémination des souches multirésistantes de *Salmonella* dans la filière avicole.

Mots-clés : *Salmonella*, poulet de chair, poule pondeuse, multirésistance, sérotype.

Abstract

Salmonella contamination in poultry farms poses a significant public health risk. This study aims to isolate *Salmonella* strains from broiler chickens and laying hens, identify their serotypes, and assess their antibiotic resistance profiles.

A total of 270 clinical samples, including liver and spleen, were collected from 26 broiler farms and 25 laying hen farms in central Algeria between 2018 and 2020. These samples comprised 140 broiler samples and 130 laying hen samples from poultry exhibiting clinical signs of *Salmonella* infection and recorded mortality cases. The isolation and identification of *Salmonella* strains were performed based on their macroscopic, microscopic, and biochemical characteristics, followed by serotyping of the isolates. Antibiotic resistance was evaluated using the disk diffusion method on Mueller-Hinton agar against 12 antibiotic compounds.

Among the 270 samples analyzed, 80 (29.63%) tested positive for *Salmonella*. In broiler chickens, 34 samples (24.28%) were positive, whereas 46 samples (35.38%) were positive in laying hens. Two serotypes were identified, with *Salmonella* Gallinarum being the most prevalent (100% in laying hens and 79% in broiler chickens), followed by *Salmonella* Enteritidis.

The highest resistance rates were observed for nalidixic acid (NA) (79.41% in broilers and 100% in laying hens), enrofloxacin (ENR) (41.18%/73.91%), and tetracycline (Tcy) (8.82%/54.35%). However, no resistance to colistin was detected in any isolates. Additionally, 48 isolates (60%) exhibited multidrug resistance (MDR), with three distinct resistance profiles and a multidrug resistance index (MARI) ranging from 0.2 to 0.6.

These findings highlight the significant role of poultry farming in the persistence and dissemination of multidrug-resistant *Salmonella* strains, emphasizing the urgent need for enhanced biosecurity measures and prudent antibiotic use in poultry production.

Keywords: *Salmonella*; broiler chicken; laying hen; multidrug resistance; serotype.

Table des matieres

ملخص

ABSTRACT

RÉSUMÉ

LISTE DES ABRÉVIATIONS.....	I
LISTE DES ANNEXES.....	II
LISTE DES FIGURES.....	III
LISTE DES TABLEAUX.....	IV
Introduction.....	1

Chapitre I: Synthèse bibliographique

I. Généralité sur les salmonelles.....	3
1. Historique.....	3
2. Classification et taxonomie des Salmonelles.....	4
2.1 Classification des <i>Salmonella</i> selon leur adaptation aux hôtes.....	5
2.2 Classification des Souches : Typage Phagique.....	6
3. Caractéristiques biologiques.....	6
3.1 Caractéristiques morphologiques.....	6
3.2 Caractères culturaux.....	7
3.3 Caractères biochimiques	7
3.4 Caractères antigéniques.....	9
3.4.1 Antigènes O : antigènes de paroi ou antigènes somatiques.....	10
3.4.2 Antigènes flagellaires ou antigènes H.....	10
3.4.3 Antigènes capsulaires.....	10
4. Spécificité d'hôte des espèces de <i>Salmonella</i>	11
5. Risques Zoonotiques Associés à <i>Salmonella</i>	11
6. La Salmonellose : Aperçu général et impact sur la santé humaine.....	12
II. La Salmonellose aviaire.....	13
1. Incidence de la maladie.....	13
2. Étiologie et principales sérovars impliqués.....	13
2.1 Répartition, importance et classification des Sérovars de <i>Salmonella</i> en Élevage avicole.....	13
2.2 Principaux sérovars spécifiques aux oiseaux.....	14
2.3 Principaux sérovars zoonotiques de <i>salmonella</i> et leur importance épidémiologique.....	14
3. Physiopathologie de la salmonellose chez les oiseaux.....	15
3.1 Pathogénicité et facteurs de virulence associés.....	15
3.1.1 Pathogénicité.....	15
3.1.2 Facteurs de virulence.....	16
3.2 Sources de contamination par <i>Salmonella</i> dans les élevages avicoles.....	17
3.3 Facteurs prédisposants.....	17
3.4 Voies de transmission des salmonelles.....	18
3.4.1 Transmission verticale : contamination des œufs par <i>Salmonella</i>	18
3.4.2 Transmission horizontale : contact direct et environnement.....	18

3.5 Pathogénie des infections à <i>Salmonella</i>.....	20
3.6 Signes cliniques et lésions associées à <i>Salmonella</i>.....	20
3.6.1 Infections dues aux salmonelles paratyphoïdes.....	20
3.6.2 Pullorose : Symptômes et lésions cliniques.....	21
3.6.3 Typhus aviaire: Manifestations cliniques et conséquences pathologiques.....	21
4. Réponse immunitaire.....	22
5. Approches diagnostiques des infections à <i>Salmonella</i>.....	23
5.1 Isolement et Identification de l'Agent Causal.....	23
5.1.1 Sélection des échantillons pour l'isolement de <i>Salmonella</i>.....	23
5.1.2 Techniques basées sur la culture.....	23
5.1.3 Tests sérologiques.....	24
5.2 Tests diagnostiques indépendants de la culture	24
5.2.1 Tests moléculaires.....	25
5.2.2 Tests immunologiques.....	25
5.3 Diagnostique différentiel.....	26
6. Impact de la salmonellose aviaire.....	26
6.1 Conséquences sur la production avicole.....	26
6.2 Importance pour la santé publique.....	27
7. Stratégies de contrôle de <i>Salmonella</i> en aviculture.....	28
7.1 Biosécurité et gestion des élevages.....	28
7.2 Vaccination contre <i>Salmonella</i> chez la volaille.....	28
7.2.1 Vaccins vivants atténués.....	29
7.2.2 Vaccins tués ou inactivés.....	29
7.2.3 Vaccins sous-unitaires.....	29
7.2.4 Vaccin fantôme.....	30
III. Résistance bactérienne aux antibiotiques chez <i>Salmonella</i> et mécanismes génétiques associés.....	31
1. Définition de l'antibiorésistance.....	31
2. Historique et chronologie de l'émergence de la résistance aux antibiotiques.....	31
3. Utilisation des antibiotiques dans la production avicole.....	32
3.1 Rôle des antibiotiques dans les élevages industriels.....	32
3.2 Impact de l'utilisation des antimicrobiens sur la résistance de <i>Salmonella</i>.....	32
4. Mécanismes de résistance aux antimicrobiens et gènes associés chez <i>Salmonella</i>.....	33
4.1 Mécanismes d'acquisition de résistance aux antibiotiques.....	33
4.1.1 Résistance intrinsèque (naturelle).....	33
4.1.2 Résistance extrinsèque (acquise).....	34
4.2 Gènes de résistance aux antimicrobiens couramment retrouvés chez <i>Salmonella</i>.....	34
5. Résistance aux antibiotiques des souches de <i>Salmonella</i> en élevage avicole : enjeux et défis.....	35

5.1 Émergence et prévalence des souches multirésistantes de <i>Salmonella</i> dans les élevages avicoles.....	35
5.2 Antibiotiques concernés par la résistance des souches de <i>Salmonella</i>.....	35
6. Transmission des souches résistantes aux antibiotiques à l'Homme.....	36
6.1 Propagation des <i>Salmonella</i> multirésistantes via la chaîne alimentaire.....	36
6.2 Impacts de la Résistance Antimicrobienne sur la santé publique.....	37
7. Stratégies de lutte contre l'antibiorésistance chez <i>Salmonella</i> en élevage avicole.....	37
7.1 Méthodes de détection de la résistance aux antibiotiques.....	38
7.2 Réglementation et surveillance de l'usage des antimicrobiens en élevage avicole	38
7.3 Alternatives aux antibiotiques.....	38
7.3.1 Prébiotiques.....	39
7.3.2 Probiotiques.....	39
7.3.3 Les symbiotiques	39
7.3.4 Phytobiotiques.....	40
7.3.5 Bactériophages.....	40
<i>Chapitre II: Matériel et Méthodes</i>	
1.	41
Objectif	
2. Cadre spatio-temporel de l'étude.....	42
3. Echantillonnage et prélèvement.....	43
3.1 Sélection des oiseaux.....	43
3.2 Transport et stockage.....	43
3.3 implications des éleveurs	43
4. Méthodes.....	44
4.1 Autopsie.....	44
4.2 Bactériologie.....	45
4.2.1 Préparation de l'échantillon.....	45
4.2.2 Culture bactériologique.....	45
4.3 Confirmation biochimique.....	48
4.3.1 Test sur TSI et Urée indole.....	48
4.3.2 Identification par la galerie API 20E.....	49
4.4 Caractérisation sérologique des bactéries, ou la sérotypie par méthode d'agglutination rapide sur lame.....	50
4.4.1 Préparation des souches.....	51
4.4.2 Contrôle des réactifs.....	51
4.4.3 Test d'agglutination.....	51
4.4.4 Lecture des résultats	52
4.5 Détermination de la sensibilité aux antibiotiques.....	53
4.5.1 Choix des antibiotiques.....	53
4.5.2 Application des disques d'antibiotiques.....	54
4.5.3 Lecture des résultats de l'antibiogramme.....	55

4.5.4 Indice de Multirésistance aux Antibiotiques (MARI).....	56
4.5.5 Détection des β-lactamases à spectre étendu (BLSE) chez les entérobactéries.....	56
4.6 Analyse statistique.....	56

Chapitre III: Résultats et discussion

1. Résultats	58
nécropsiques.....	
1.1 Diarrhée jaunâtre collante au cloaque chez la poule pondeuse.....	61
1.2 Foyers nécrotiques dans la rate des poulets de chair.....	62
1.3 Foies hypertrophiés avec foyers nécrotiques.....	62
1.4 Foie élargi et coloration bronze-verdâtre.....	62
2. Fréquence d'isolement des souches de <i>salmonella</i> chez les poulets de chair et la poule pondeuse	63
2.1 Taux d'Isolement chez le Poulet de Chair	63
2.2 Taux d'Isolement chez la poule pondeuse.....	65
2.3 Comparaison entre le taux d'isolement chez le poulet de chair et la poule pondeuse.....	66
3. Sérotypage des souches isolées.....	67
3.1 Sérotypes isolé chez la poule pondeuse.....	69
3.2 Sérotype isolé chez le poulet de chair.....	70
4. Profil de résistance aux antibiotiques.....	72
4.1 Profil de résistance aux antibiotiques chez le poulet de chair.....	72
4.2 Profil de résistance aux antibiotiques chez la poule pondeuse	75
4.3 Comparaison entre les taux d'antibiorésistance dans les deux types d'élevage.....	77
5. Phénotypes de multi-résistance chez les poulets de chair et les poules pondeuses.....	79
5.1 Profils de multi-résistance aux antibiotiques chez les isolats de <i>salmonella</i> provenant de poulets de chair.....	79
5.2 Profils de multi-résistance aux antibiotiques chez les isolats de <i>salmonella</i> provenant des poules pondeuses.....	80
Conclusion, recommandations & perspectives.....	83
Références bibliographiques	86
Annexes.....	116
Productions scientifiques	

I. Liste des abbreviations

BAM : Bacteriological Analytical Manual

BN : Bouillon Nutritif

CDC : Centers for Disease Control and Prevention

CE : Communauté Européenne (ancien terme)

CHU : Centre Hospitalier Universitaire

D.A.O.A: Denrées Alimentaires d'Origine Animale

EFSA : European Food Safety Authority.

EPT : Eau peptonée Tamponnée.

FDA : Food and Drug Administration

H₂S : Sulfure d'hydrogène

ISO : International Organization for Standardization

MH : Müller-Hinton

MKTTn : Müller-Kauffmann Tétrathionate-Novobiocine

NPIP : National Poultry Improvement Plan

NTS : Salmonelloses non typhoïdiennes ;souches non typhoïdales

OIE : Office Internationale des Epizooties.

OMS : Organisation Mondiale de la Santé.

RAM : Résistance aux antimicrobiens.

RV : Bouillon Rappaport-Vassiliadis.

SC : Bouillon d'enrichissement au sélénite-cystéine.

T.S.I : Signifie Triple Sugar Iron (Agar)

TSA : Tryptone soja agar

U.S. D.A : United States Department of Agriculture

UE: Union Européenne

XDR : Extensively drug-resistant

XLD : Gélose Xylose-Lysine-Désoxycholate.

XLT-4: Agar Xylose Lysine Tergitol-4

II. Liste des annexes

Annexe 1: Liste des milieux de culture et produits de laboratoire utilisés.....	116
Annexe 2: Description des tests biochimiques de la galerie API 20 E.....	118
Annexe 3: Valeurs critiques des diamètres des zones d'inhibition et des CMI selon le CLSI 2020 – Institut Pasteur d'Algérie.....	120
Annexe 4: Traitement des données	121

III. Liste des figures

Figure 1: Différentes voies de transmission de <i>Salmonella</i>.....	19
Figure 2: Carte de la région centre montrant les quatre wilayas concernées par l'étude.....	42
Figure 3 : Prélèvements d'organes (foie et rate) dans les pots stériles	44
Figure 4: Stérilisation par flambage de la surface du foie.....	45
Figure 5: Tubes de pré-enrichissement en eau peptonée tamponnée	46
Figure 6: Enrichissement sélectif des échantillons dans le bouillon Rappaport-Vassiliadis.....	46
Figure 7 : Colonies de <i>Salmonella</i> sur gélose Hektoën	47
Figure 8: Colonies de <i>Salmonella</i> sur gélose XLD	48
Figure 9 : <i>Salmonella Enteritidis</i> et <i>Salmonella gallinarum</i> sur gélose TSI.....	49
Figure 10 : Test de sérotypage de <i>Salmonella</i> par agglutination sur lame.....	52
Figure 11 : Diarrhée jaunâtre collante au cloaque de la poule pondeuse.....	59
Figure 12 : Foie élargi et coloration bronze-verte caractéristique de la fièvre typhoïde chez une poule pondeuse.....	59
Figure 13 : Foies élargis présentant des foyers nécrotiques dans le cas de la pullorose chez une poule pondeuse.....	60
Figure 14 : Foyers nécrotiques dans la rate des poulets de chair	61
Figure 15 : Hypertrophie hépatique associée à des foyers hémorragiques chez un poulet de chair.....	61
Figure 16 : Taux d'isolement chez le Poulet de Chair.....	64
Figure 17 : Taux d'isolement chez la poule pondeuse.....	65
Figure 18: Comparaison entre le taux d'isolement chez le poulet de chair et la poule pondeuse.....	66

Figure 19 : Sérotypes isolés chez la poule pondeuse.....	69
Figure 20 : Sérotype isolé chez le poulet de chair.....	71
Figure 24 : Comparaison des taux de résistance aux antibiotiques entre poulets de chair et poules pondeuses.....	77

IV. Liste des tableaux

Tableau 1 : La nomenclature de <i>Salmonella</i> utilisée au CDC.....	5
Tableau 2 : caractéristiques biochimiques différentielles des espèces et sous espèces du genre <i>Salmonella</i>.....	8
Tableau 3 : Caractéristiques biochimiques communes aux salmonelles.....	9
Tableau 4: Disque antibiotique retenue pour l'Antibiogramme.....	54
Tableau 5: Pourcentage d'échantillons positifs collectés dans les fermes avicoles	63
Tableau 6 : Répartition des sérotypes de <i>Salmonella</i> isolés	68
Tableau 7: Taux de résistance aux antibiotiques chez les poulets de chair.....	73
Tableau 8 : Taux de résistance aux antibiotiques chez la poule pondeuse.....	75
Tableau 10 : Profils de multi-résistance aux antibiotiques des isolats de <i>Salmonella</i> chez les poulets de chair	80
Tableau 11 : Profils de multi-résistance aux antibiotiques des isolats de <i>Salmonella</i> chez les poules pondeuses.....	81

Introduction

Introduction

Dans certains pays émergents ou en développement, la demande en protéines animales est directement influencée par la croissance démographique et l'augmentation des revenus. En Algérie, la consommation annuelle de viande a connu une augmentation significative, ayant presque doublé entre 1980 et 2020 (FAOSTAT, 2023). Cette augmentation a entraîné une expansion de la production avicole, qui est passée de 60 150 tonnes en 1980 à 284 020 tonnes en 2020.

Les politiques de développement mises en place dans les années 1980 ont joué un rôle crucial dans cette augmentation en favorisant une production intensive basée sur des intrants importés (Alloui et Bennoune, 2013). Toutefois, cette intensification s'accompagne de l'émergence de troubles pathologiques chez les volailles (Berghiche et al., 2018).

Selon Ramtahal et al. (2022), la volaille joue un rôle essentiel dans l'alimentation en Afrique en tant que source de protéines animales. Cependant, elle constitue également un réservoir pour *Salmonella*, un agent pathogène responsable d'infections d'origine alimentaire chez l'Homme. La contamination par *Salmonella* représente un coût économique considérable pour l'industrie avicole. En particulier, les sérotypes de *S. Gallinarum* peuvent entraîner la mortalité des volailles ou une baisse de leur productivité. Certains sérovars, comme *S. Enteritidis*, *S. Heidelberg*, *S. Kentucky* et *S. Gallinarum*, peuvent se propager aux organes reproducteurs et contaminer la génération suivante, ce qui justifie la nécessité de leur éradication (Foley et al., 2013).

Par ailleurs, les infections à *Salmonella* non typhoïde constituent une cause majeure de maladies invasives graves, notamment chez les enfants, les adultes immunodéprimés et les personnes vulnérables en Afrique (El-Tayeb et al., 2017). La présence de *Salmonella* chez les animaux destinés à l'alimentation représente un problème majeur de santé publique à l'échelle mondiale. En raison de la consommation élevée de volaille, ces infections sont fréquemment associées à des épidémies alimentaires humaines (Ramtahal et al., 2022). Elles entraînent des pertes économiques significatives pour les producteurs et nécessitent des investissements considérables, tant publics que privés, pour leur surveillance et leur contrôle (Gast et Porter, 2020).

Les antimicrobiens sont souvent utilisés dans les systèmes de production avicole pour préserver la santé et la productivité des troupeaux (Alhaji et al., 2018). Toutefois, leur usage prophylactique, métaphylactique ou comme facteur de croissance favorise

Introduction

l'apparition et la propagation de souches bactériennes résistantes, telles que *Salmonella enterica* (Adesiyun et al., 2020). Cette pression de sélection engendre la diffusion de gènes de résistance pouvant circuler entre les écosystèmes humain, animal et environnemental (OIE, 2019).

En Afrique, l'utilisation excessive des antimicrobiens dans l'élevage avicole est une préoccupation majeure, exacerbée par un manque de formation des éleveurs, des contraintes financières, une réglementation insuffisante et un accès non contrôlé à ces produits (Oloso et al., 2019).

Le nombre d'études publiées sur l'infection à *Salmonella* chez la volaille reste limité dans de nombreux pays africains, en raison de ressources de laboratoire restreintes et de contraintes financières (Kagambèga et al., 2021).

Cette étude a pour objectif d'évaluer l'ampleur de la contamination par *Salmonella* chez les volailles en Algérie, en se concentrant particulièrement sur les poulets de chair et les poules pondeuses, principales sources de protéines aviaires dans le pays. Elle vise à identifier les sérotypes circulants et à analyser les profils de résistance aux antibiotiques. Étant donné les répercussions importantes de *Salmonella* sur la productivité avicole, la sécurité alimentaire et la santé publique, cette recherche fournira des données clés pour renforcer les stratégies de contrôle et de prévention, réduire les pertes économiques du secteur, et limiter les risques de transmission à l'Homme, notamment face à l'émergence préoccupante de souches multirésistantes. Pour répondre à cette problématique, notre travail est structuré en trois parties :

Revue de la littérature : analyse des connaissances actuelles sur la contamination par *Salmonella* en aviculture et ses conséquences sur la santé publique et l'économie.

Matériels et méthodes : présentation des techniques de prélèvement, d'isolement et d'identification de *Salmonella* ainsi que des tests de résistance aux antibiotiques.

Résultats et discussion : interprétation des données obtenues et comparaison avec les résultats d'études antérieures.

Synthèse Bibliographique

I. Généralités sur les salmonelles

1. Historique

Le genre *Salmonella* joue un rôle crucial en santé publique, étant une des principales causes de maladies d'origine alimentaire, responsables de milliers de décès chaque année dans le monde (Odoch et al., 2017).

En 1839, *Salmonella* a été identifiée pour la première fois par Soholerin, et en 1880, Karl Joseph Eberth, médecin pathologiste à l'Université de Zurich, a découvert un pathogène de type bacille dans la rate et les plaques de Peyer des patients atteints de typhoïde. Ainsi que dans la rate d'un patient atteint de fièvre typhoïde (Rahman et al., 2018; Popa et Papa, 2021). Ce bacille fut d'abord nommé « Bacille d'Eberth » (Gryglewski et Chlipała, 2020). Sa relation avec la fièvre typhoïde humaine fut confirmée en 1884 par George Gaffky (Popa et Papa, 2021).

En 1886, Theobald Smith, travaillant sous la direction de Daniel Elmer Salmon à la division vétérinaire du Département de l'Agriculture des États-Unis (USDA), fut le premier à découvrir ce qui serait plus tard connu sous le nom de *Salmonella enterica* (var. Choleraesuis). À l'origine, on pensait que la fièvre porcine, ou choléra porcin, était causée par *Salmonella Choleraesuis*, ce qui amena Salmon et Smith à nommer la bactérie "Hog-cholerabacillus". Bien que la peste porcine classique soit aujourd'hui reconnue comme causée par un virus, cette découverte constitua une avancée majeure dans l'étude des agents pathogènes bactériens. Le genre *Salmonella* fut officiellement nommé en 1900 par Lignières en hommage à Elmer Salmon pour sa contribution à la microbiologie vétérinaire (Mohammed, 2019; Popa et Papa, 2021).

Des historiens et des scientifiques ont suggéré que certaines épidémies majeures de l'Antiquité, notamment celle survenue en 430 av. J.-C. à Athènes, qui décima environ un tiers de la population, pourraient avoir été causées par des infections à *Salmonella* (Barnett, 2016).

Aujourd'hui, la majorité des centres de référence pour *Salmonella* dans le monde, y compris les CDC (Centers for Disease Control), adoptent le système de nomenclature de *Salmonella* recommandé par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) (Yao, 2019).

2. Taxinomie des Salmonelles

Salmonella spp. est une bactérie entérique intracellulaire à Gram négatif, reconnue pour son importance majeure en santé publique (Li et al., 2018). Elle appartient au règne des **Monères**, également appelées **Eubactéries**, au phylum des Protéobactéries, à la classe des Gamma-Protéobactéries, à l'ordre des *Enterobacteriales*, à la famille des *Enterobacteriaceae* et au genre *Salmonella* (Adeolu et al., 2016).

Pour caractériser le genre bactérien *Salmonella*, les scientifiques ont élaboré une nomenclature complète. Historiquement, les souches de *Salmonella* étaient classées selon leur épidémiologie, leur spectre d'hôtes, les symptômes cliniques, les réactions biochimiques et les motifs antigéniques de surface. Les noms de certaines souches dérivaient de la localisation géographique de leur première isolation, comme *S. Heidelberg*, *S. Derby* ou *S. London*. D'autres souches portaient un nom reflétant des conditions cliniques ou une spécificité hôte, telles que *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis*, *S. Typhi*, *S. Gallinarum*, *S. Abortusovis* ou *S. Choleraesuis*. Cependant, il a rapidement été constaté que ces "espèces" étaient ubiquistes, ce qui a mené à une révision de la classification (Grimont et al., 2000).

Pour simplifier, les Centers for Disease Control and Prevention (CDC) ont proposé une classification réduite à deux espèces principales : *Salmonella enterica* et *Salmonella bongori*. *Salmonella enterica* est ensuite subdivisée en six sous-espèces, identifiées par des chiffres romains : *S. enterica* ssp. *enterica* (I) ; *S. enterica* ssp. *salamae* (II) ; *S. enterica* ssp. *arizona* (IIIa) ; *S. enterica* ssp. *diarizonae* (IIIb) ; *S. enterica* ssp. *Houtenae* (IV) ; *S. enterica* ssp. *indica* (Boubendir, 2019). La nomenclature est résumée dans le **tableau 1**.

Ces sous-espèces sont classées en plusieurs sérotypes selon le schéma White–Kauffmann–Le Minor, régulièrement mis à jour par le Centre Collaborateur de l'OMS pour la référence et la recherche sur *Salmonella* à l'Institut Pasteur de Paris (Cazals, 2021).

Le genre *Salmonella* comprend environ 2600 sérotypes, déterminés par des variations dans les antigènes O somatiques (lipopolysaccharides), H flagellaires (protéines) et Vi capsulaires (polysaccharides) (Tabo, 2013). La majorité de ces sérotypes appartient à *S. enterica* ssp. *enterica* (I), avec une prédominance des sérogroupes A, B, C1, C2, D et E (Teklemariam et al., 2023).

Selon les conventions actuelles, la nomenclature scientifique doit mentionner le genre, l'espèce, le terme « sérovar » (abrégé en « ser.»), et le nom spécifique du sérovar. Par exemple, *Salmonella enterica* ssp. *enterica* ser. Typhimurium. Pour simplifier, on peut abréger en mentionnant uniquement le genre et le sérovar, comme dans *Salmonella* Typhimurium (Naushad et al., 2024).

Tableau1: Nomenclature de *Salmonella* utilisée au CDC (CDC, 2013)

Position taxonomique de <i>Salmonella</i>	Nomenclature
Genre (en italique)	<i>Salmonella</i>
Espèces (en italique)	<ul style="list-style-type: none"> ● <i>enterica</i> (sous-espèces I, II, IIIa, IIIb, IV et VI) ● <i>bongori</i> (anciennement sous-espèce V)
Sérotype (mot non italicisé, première lettre en majuscule)	Le nom d'un sérotype doit être précédé par le mot « sérotype » ou l'abréviation « séro. » la première fois qu'il est mentionné dans un texte.
Sérotypes de la sous-espèce I	Ces sérotypes sont nommés par leur nom propre.
Sérotypes des sous-espèces II, III, IV, VI et de <i>S. bongori</i>	Sont désignés par leurs formules antigéniques.
Noms des sérotypes avant 1966	Les membres des sous-espèces II, IV, VI et de <i>S. bongori</i> conservent leur nom d'origine s'ils ont été nommés avant 1966

2.1 Classification des *Salmonella* selon leur adaptation aux hôtes: groupe antigénique

La classification épidémiologique de *Salmonella* repose sur les préférences des hôtes et se divise en trois groupes principaux (Talib et al., 2022).

- ❖ **Groupe 1** : les sérotypes restreints à l'hôte, comme *Salmonella* Typhi, qui infecte uniquement les humains, et d'autres sérotypes comme *Salmonella* Paratyphi A, B, C et *Salmonella* Sendai adaptés aux humains et aux primates supérieurs (Bäumler et Fang, 2013).
- ❖ **Groupe 2** : les sérotypes adaptés à des hôtes spécifiques mais pouvant également causer des maladies chez d'autres hôtes, tels que *Salmonella* Dublin (bovins), *Salmonella* Gallinarum (volailles), *Salmonella* Abortusequi (chevaux), *Salmonella* Abortusovis (moutons) et *Salmonella* Choleraesuis (porcs) (Lamichhane et al., 2024) .

- ❖ **Groupe 3 :** les sérotypes à large spectre d'hôtes, comprenant les humains, les animaux et l'environnement, comme *Salmonella* Typhimurium et *Salmonella* Enteritidis, qui sont les sérotypes les plus fréquemment transmis à l'Homme dans le monde, ainsi que *Salmonella* Heidelberg, également courant chez l'humain chaque année (Talib et al., 2022). Un exemple de sérotype adapté est *Salmonella* Pullorum, découvert initialement chez un oiseau (Talib et al., 2022).

2.2 Classification des Souches : Typage phagique

La différenciation des souches épidémiologiquement pertinentes au sein des sérovars repose souvent sur leurs profils de lyse avec un ensemble défini de bactériophages. Le typage phagique a parfois permis une meilleure discrimination des souches par rapport aux tests de sensibilité aux antimicrobiens, à l'analyse des plasmides, au ribotypage ou à l'électrophorèse en champ pulsé (Ferrari et al., 2017).

Les différents types phagiques de *Salmonella* Enteritidis ont servi de base pour établir des liens entre les isolats provenant de diverses sources (Mottawea et al., 2018). Cependant, la fiabilité du typage phagique est limitée en raison de la possibilité de conversion des isolats en différents types phagiques par mutation ou par l'introduction de plasmides ou de phages tempérés (Ferrari et al., 2017).

3. Caractéristiques biologiques

3.1 Caractéristiques morphologiques

Salmonella est une bactérie de la famille des *Enterobacteriaceae*. Il s'agit de bâtonnets Gram-négatifs mesurant environ 0,7 à 1,5 µm de diamètre et 2 à 5 µm de longueur (Popoff et Le Minor, 2015). Ces organismes sont mobiles grâce à des flagelles périthriches, sauf *Salmonella* Gallinarum (SG) et *Salmonella* Pullorum (SP) (Julia et al., 2019).

Sur le plan moléculaire, *Salmonella* est classée dans les Gamma-protéobactéries, comme le confirment les analyses des séquences du gène 16S rDNA (Cosby et al., 2015). Le génome de *Salmonella* est relativement petit, avec une taille variant de 4,7 à 5,3 millions de paires de bases (Lee et al., 2022). Il se compose d'un seul chromosome circulaire qui code pour une large gamme de protéines impliquées dans divers processus cellulaires, y compris le métabolisme, la régulation et la pathogénicité (Sherry et al., 2023).

La paroi cellulaire de *Salmonella* est composée de lipides, de lipopolysaccharides, de protéines et de lipoprotéines (Krzyszewska-Dudek et al., 2022). Le lipopolysaccharide et la portion lipidique de la paroi cellulaire contiennent l'endotoxine, qui est responsable des effets biologiques de la bactérie (Yavari, 2012).

3.2 Caractères culturaux

La plupart des souches de *Salmonella* sont prototrophes et peuvent se développer dans des milieux minimaux, utilisant le glucose comme unique source de carbone et d'énergie, ainsi que l'ion ammonium comme source d'azote. En revanche, certains sérovars adaptés à des hôtes spécifiques (par exemple Typhi, Paratyphi A, Gallinarum, Sendai, et Abortusovis) sont auxotrophes et nécessitent des facteurs de croissance supplémentaires (Talib et al., 2022).

Cette capacité d'adaptation est complétée par la tolérance de *Salmonella* à des plages de température variées. Bien qu'elle pousse de manière optimale entre 35 °C et 40 °C, la bactérie peut se développer entre 2 °C et 54 °C selon les conditions environnementales et les sérovars impliqués (Cosby et al., 2015). Cependant, bien que les températures très basses inhibent sa croissance, la congélation ne suffit pas toujours à l'éliminer en raison de sa grande résistance (Marmion et al., 2022).

Par ailleurs, *Salmonella* présente une résistance notable à la déshydratation et peut survivre dans des environnements acides, avec un pH compris entre 1 et 4,6 (Seeras, 2017). Elle est également capable de tolérer des températures élevées, l'alcool et les acides dilués (He et al., 2021).

Cette robustesse biologique se reflète aussi dans sa capacité à croître sur divers milieux de culture. Les milieux généraux comme l'agar-sang et l'agar MacConkey favorisent sa croissance (Topić Popović et al., 2023), tandis que des milieux sélectifs comme l'agar au sulfate de bismuth (BSA), l'agar *Salmonella-Shigella* (SSA), et l'agar xylose lysine désoxycholate (XLD) sont essentiels pour son isolement (Oludairo et al., 2022a). Dans ces environnements, *Salmonella* fermente le glucose et le mannose, mais pas le lactose ni le saccharose (Addis et Sisay, 2015).

3.3 Caractères biochimiques

Salmonella est une bactérie peu exigeante, capable de se développer et de se reproduire dans divers environnements, y compris en dehors des hôtes vivants. Bien qu'elle puisse se développer avec une concentration de 0,4 à 4 % de chlorure de sodium, ce dernier n'est pas nécessaire à son développement. Les six sous-espèces de *Salmonella*

enterica peuvent être identifiées par leurs caractéristiques biochimiques spécifiques, comme indiqué dans le **tableau 2**. La majorité des espèces de *Salmonella* produisent de l'hydrogène sulfuré, qui peut être détecté en les cultivant sur des milieux contenant du sulfate ferreux, comme le milieu TSI (triple sugar iron). Toutefois, certains sérovars, comme *S. Typhi*, ne produisent jamais de gaz à partir du glucose (Grimont, 2000; Talib et al., 2022).

Tableau 2 : caractéristiques biochimiques différentielles des espèces et sous espèces du genre *Salmonella* (Grimont, 2000; Talib et al., 2022).

Caractères biochimiques	<i>S.enterica</i>						<i>S.bongori</i>
	Sous espèce						
	<i>Enterica</i> I	<i>Salamae</i> II	<i>Arizonae</i> IIIa	<i>Diarizonaе</i> IIIb	<i>houtteanae</i> IV	<i>Indica</i> VI	V
ONPG	-	-	+	+	-	variable	+
Gelatinase	-	+	+	+	+	+	-
Culture sur milieu + KCN	-	-	-	-	+	-	+
Dulcitol (fermentation)	+	+	-	-	-	variable	+
Malonate (utilisation)	-	+	+	-	-	-	-
Sorbitol (fermentation)	+	+	+	+	+	+	-
Glucuronidase	variable	variable	-	+	-	variable	-
Glutamyl transferase	variable	+	-	+	+	+	+
Lyse par le phage O1	+	+	-	+	-	+	+

V: variable ou plus tardivement ; +: plus de 90% des souches positives; -: moins de 10 % des souches positives; **ONPG** : ortho-nitrophénol-β-D-galactopyranoside.

La plupart des sérovars de *Salmonella* sont aérogènes, et ont des caractéristiques biochimiques communes à l'espèce (voir **tableau 3**)

Tableau 3: Caractéristiques biochimiques communes aux salmonelles (Khaki et al., 2015)

Salmonelles	Caractéristiques biochimiques	Expression
Toutes	Uréase	-
	Tryptophane désaminase	+
En majorité	O.N.P.G	-
	Gaz en présence de glucose	+
	H ₂ S	+
	Lactose	-
	L.D.C	+
	Indole	-
	Citrate de Simmons	+
	Gélatine	-
	D-tartrate (en plusieurs jours)	+

Sauf, *Salmonella* Typhimurium: agazogène, H₂S + faible et Citrate de Simmons -
Salmonella Paratyphi: L.D.C. -, Citrate de Simmons - et H₂S - le plus souvent.

Salmonella Abortus equi: H₂S -

Salmonella Abortus ovis: H₂S -

Salmonella Senftenberg: Lactose +.

3.4. Caractères antigéniques

Un grand nombre de sérovars de *Salmonella* ont été décrits grâce à l'analyse des antigènes O et H, initiée par White en 1926 et poursuivie par Kauffmann en 1941, menant à la création de plus de 2000 noms de sérovars (Talib et al., 2022). La classification en sérotypes repose sur une mosaïque de gènes recombinants codant pour les antigènes capsulaires de surface, acquis par transfert de gènes spécifique entre bactéries (Switt et al., 2015). Ces antigènes, identifiés par des numéros (Liu et al., 2014), permettent de diviser les bactéries en groupes à l'aide de sérums spécifiques (Yavari, 2012).

Selon Jajere (2019), la classification en sérotypes repose sur trois principaux déterminants antigéniques: l'antigène somatique (O), l'antigène flagellaire (H) et l'antigène capsulaire de virulence (Vi) (K). Le schéma White-Kauffmann-Le Minor, précédemment désigné sous le nom de schéma Kauffman-White, est un document établi qui liste tous les sérovars identifiés (Oludairo et al., 2022).

3.4.1 Antigènes O : antigènes de paroi ou antigènes somatiques

L'antigène somatique « O », situé sur la membrane externe de la bactérie, constitue la portion oligosaccharidique du lipopolysaccharide (LPS) et est thermorésistant. Chez *Salmonella*, environ 60 antigènes O ont été identifiés (Liuet et al., 2014). Les sérotypes sont définis par différents antigènes O, classés en sérogroupes (lettres majuscules). La majorité des isolats de *Salmonella* issus de volailles appartiennent aux sérogroupes B, C ou D (Gast et Porter ,2020).

Les isolats de *S. Pullorum* se divisent en trois groupes distincts, exprimant différentes variantes de l'antigène O12. Cela complique l'utilisation des tests sérologiques pour détecter l'infection (Markos, 2016).

3.4.2 Antigènes flagellaires ou antigènes H

Salmonella possède des antigènes flagellaires « H », thermolabiles, localisés dans les flagelles et activant les réponses immunitaires. Environ 114 antigènes H, codés par deux gènes, permettent à *Salmonella* d'exprimer une seule protéine à la fois, conférant un caractère diphasique (phases I et II). Les antigènes H spécifiques (phase I) et non spécifiques (phase II) déterminent, en combinaison avec les antigènes O, le sérovar de l'isolat (Yavari, 2012).

3.4.3 Antigènes capsulaires

Certains sérovars de *Salmonella* produisent des antigènes de surface « K », thermosensibles, localisés sur la capsule bactérienne. Parmi eux, l'antigène de virulence (Vi), un sous-type d'antigène K, est spécifique aux sérotypes Typhi, Paratyphi C, et Dublin (Jajere, 2019). En fonction des réactions antigéniques, environ 3 000 sérotypes ont été décrits, dont 1 600 appartiennent à la sous-espèce enterica (El-Sharkawy et al., 2017; Elnekave et al., 2020). Plus de 200 sérotypes sont pathogènes pour l'Homme (Xu et al., 2021).

Les sérovars sont désignés par des formules antigéniques précisant: la sous-espèce, les antigènes somatiques O, et les antigènes flagellaires H (phases 1 et 2, si présents), comme dans *Salmonella* sérovar II 39:z10:- (Shimizu et al., 2014).

4. Spécificité des hôtes pour les sérovars de *Salmonella*

Certains sérovars présentent une spécificité d'hôte marquée, comme *Salmonella* Typhi et Paratyphi A, qui colonisent exclusivement les humains et provoquent des infections systémiques telles que la fièvre typhoïde. D'autres, tels que Abortusovis et Gallinarum, sont respectivement spécifiques aux moutons et à la volaille, tandis que *Salmonella* Dublin, initialement adapté au bétail, peut causer des infections graves chez les humains, bien que ces cas soient rares (Talib et al., 2022; Amagliani et al., 2022).

Les sérovars non spécifiques à un hôte, comme Typhimurium, provoquent des gastro-entérites aiguës, appelées salmonelloses non typhoïdiennes (NTS), qui affectent tant les humains que divers animaux (Khan et Chousalkar, 2020). Par ailleurs, certaines infections animales, comme celles causées par Abortusovis, entraînent des conséquences économiques importantes, notamment des avortements chez les petits ruminants (Amagliani et al., 2022).

La compréhension de la spécificité d'hôte et de l'adaptation de *Salmonella* repose sur des études *in vitro* et *in vivo* portant sur sa capacité à proliférer et survivre dans les macrophages de divers hôtes (Jajere, 2019).

5. Risques zoonotiques associés à *Salmonella*

Salmonella spp. est une bactérie entérique intracellulaire d'importance majeure pour la santé publique (Li et al., 2018). Elle constitue un pathogène zoonotique majeur, responsable de maladies chez l'homme et les animaux, et représente la cause la plus fréquente de maladies bactériennes d'origine alimentaire, tant dans les pays développés que dans les pays en développement (Wibisono et al., 2020).

Les salmonelloses, qu'elles soient typhoïdiques ou non typhoïdiques, sont causées par *Salmonella* spp, avec des millions de cas rapportés chaque année, entraînant des pertes économiques importantes et des décès humains (Luvsansharav et al., 2020). La majorité des infections non typhoïdiques (*Salmonella* NTS) sont liées à des aliments d'origine animale contaminés, notamment la viande de volaille et, dans certains cas, des légumes (Pandey et Goud, 2021).

Après la toxoplasmose, la salmonellose est signalée comme la deuxième zoonose la plus importante par les vétérinaires et les médecins (Chlebicz et Śliżewska, 2018).

6. La Salmonellose : Aperçu général et impact sur la santé humaine

La salmonellose désigne les infections causées par des bactéries du genre *Salmonella*, qui se divisent en deux types principaux: la salmonellose typhoïdique et la salmonellose non typhoïdique. La salmonellose typhoïdique, causée par *Salmonella Typhi*, se manifeste par de la fièvre, des douleurs abdominales et une perte d'appétit. Elle est généralement transmise par des aliments ou de l'eau contaminés, surtout dans les pays en développement (Barnett, 2016; Eng et al., 2015).

La salmonellose non typhoïdique, causée par divers sérotypes, provoque des symptômes d'intoxication alimentaire, tels que diarrhée, douleurs abdominales et vomissements. Elle dure généralement plusieurs jours (Eng et al., 2015).

Selon l'OMS, *Salmonella* est responsable d'environ un quart des 2 milliards de cas de maladies diarrhéiques annuels, dont 11 à 20 millions évoluent en formes graves, causant environ 161 000 décès chaque année (WHO, 2018).

En Europe, en 2021, la salmonellose représentait la deuxième infection bactérienne d'origine alimentaire la plus fréquemment signalée, avec environ 60 050 cas estimés (ECDC et EFSA, 2022). En Afrique, l'incidence élevée est liée principalement à des pratiques alimentaires inadéquates (Oludairo et al., 2022).

Ces dernières années, *Salmonella* cause environ 93 millions de cas de gastro-entérite et 155 000 décès annuels dans le monde (Castro-Vargas et al., 2020). Ces infections entraînent des taux élevés d'hospitalisations, d'échecs thérapeutiques et des coûts médicaux considérables (Jajere, 2019).

Les chercheurs estiment que d'ici 2050, les pathogènes résistants aux antimicrobiens, dont *Salmonella*, pourraient provoquer jusqu'à 10 millions de décès annuels à l'échelle mondiale (Marquardt et Li, 2018).

II. La Salmonellose aviaire

1. Incidence de la maladie

L'incidence de l'infection à *Salmonella* chez les volailles varie considérablement à travers le monde. Chez les poulets de chair, les taux d'infection varient de 9 % à 57 %, et jusqu'à 47 % des troupeaux reproducteurs sont également identifiés comme positifs (Ramtahal et al., 2022). Les taux d'infection dans les élevages de poules pondeuses varient de 12 % à 65 %, et jusqu'à 26 % des troupeaux reproducteurs sont positifs (Pitesky et al., 2013; EFSA et al., 2019).

La prévalence de *Salmonella* dans les troupeaux de poules pondeuses est généralement bien inférieure à l'incidence globale observée parmi l'ensemble des troupeaux. Cette prévalence varie considérablement d'une région à l'autre. Par exemple, une étude récente a révélé une prévalence de seulement 0,1 % dans les exploitations avicoles en Estonie, soulignant les différences régionales dans les stratégies de contrôle et de gestion de *Salmonella* (Kuus et al., 2021).

2. Étiologie et principales sérovars impliqués

2.1 Répartition, Importance et Classification des Sérovars de *Salmonella* en Élevage avicole

Les sérotypes de *Salmonella* ne sont pas spécifiques à l'Afrique et sont retrouvés à l'échelle mondiale, leur grande répartition étant facilitée par la mondialisation, les voyages et les échanges (Ferrari et al., 2019). Ces bactéries, omniprésentes, sont particulièrement endémiques dans les régions à élevage intensif. Parmi les sérovars les plus répandus, on retrouve *Salmonella Typhimurium* (ST) et *Salmonella Enteritidis* (SE), responsables de nombreuses infections affectant aussi bien les élevages que la santé publique (CDC, 2024). En outre, les impacts des infections à *Salmonella* ne se limitent pas à la production avicole. Les poulets peuvent également agir comme réservoirs pour des agents pathogènes transmissibles à divers hôtes, notamment d'autres animaux d'élevage. Cette transmission interespèces accroît les risques pour la santé animale et humaine (Farahani et al., 2023). Ces pathogènes représentent donc une menace majeure pour la sécurité alimentaire mondiale.

Pour mieux comprendre les risques associés à ces pathogènes, il est essentiel de considérer la classification des souches de *Salmonella*. Ces souches se divisent en deux catégories principales, des souches typhoïdales, responsables d'infections spécifiques aux hôtes, telles

que la typhoïde aviaire causée par *S. Gallinarum* et des souches non typhoïdales (NTS), ou paratyphoïques généralement adaptées à des hôtes non humains mais capables d'infecter un large éventail d'hôtes, y compris les humains (Ogu et AkinniIbosun, 2019).

Cette distinction est cruciale pour la mise en place de stratégies de prévention et de contrôle adaptées dans les élevages et pour limiter les risques pour la santé publique.

2.2 Principaux Sérovars spécifiques aux oiseaux (*S. Gallinarum*, *S. Pullorum*)

Salmonella enterica subsp. *enterica* comprend plus de 1 400 sérovars, dont environ 10 % sont signalés chez le poulet (Popoff, 2000). Parmi ceux-ci, *S. Gallinarum* et *S. Pullorum*, bien qu'étroitement apparentés, sont principalement adaptés à la faune aviaire et ne peuvent être distingués par sérotypage classique (Haque et al., 2021). Cependant, des tests moléculaires comme la PCR multiplex permettent de les différencier des autres sérovars de *S. enterica* (Xiong et al., 2018).

Actuellement, ces deux sérovars sont classés comme des biotypes de *S. Gallinarum* (Song et al., 2023). Le sérotype *S. Gallinarum* est responsable de la typhoïde aviaire, affectant principalement les poulets adultes et se propageant horizontalement (Berhanu et Fulasa, 2020). Cette maladie cause d'importantes pertes économiques, notamment dans les pays en développement où les mesures de contrôle sont limitées (Xiong et al., 2018). Tandis que *S. Pullorum* et *S. Gallinarum* sont rares dans les régions économiquement développées, avec des cas sporadiques observés dans les volailles de basse-cour (Julianingsih et al., 2024), ils restent largement répandus en Asie et en Amérique latine, représentant une menace continue pour la santé publique et l'industrie avicole (Tadele et al., 2014).

2.3 Principaux sérovars zoonotiques de *salmonella* et leur importance épidémiologique

Les salmonelles non typhoïdiennes, responsables de millions de cas de gastro-entérite chaque année, sont principalement associées à la consommation de volaille contaminée (CDC, 2013).

Parmi les sérotypes les plus fréquents dans les infections humaines, on trouve *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis*, *S. Heidelberg* et *S. Newport* (Eguale, 2018).

En Afrique, *S. Enteritidis*, *S. Kentucky* et *S. Typhimurium* sont largement répandus, représentant un risque majeur pour la santé publique (Ramtahal et al., 2022). Ces mêmes sérotypes continuent de dominer les cas de salmonellose humaine dans de nombreuses régions du monde, en particulier en Amérique du Nord (Rajan et al., 2017).

Cependant, de nouveaux sérotypes, tels que *S. Heidelberg* et *S. Infantis*, émergent et deviennent de plus en plus fréquents dans la chaîne de production avicole, posant de nouveaux défis pour la santé publique et l'industrie (Donado-Godoy et al., 2012).

En 2014, aux États-Unis, les sérotypes les plus fréquents chez les volailles étaient *S. Senftenberg*, *S. Kentucky* et *S. Mbandaka*, et une corrélation épidémiologique entre les sérotypes aviaires et humains a été observée (Morningstar-Shaw et al., 2015). Cela montre l'importance de renforcer les mesures de surveillance et de contrôle tout au long de la chaîne de production pour prévenir les risques pour la santé publique.

3. Physiopathologie de la salmonellose chez les oiseaux

3.1 Pathogénicité et facteurs de virulence associés

3.1.1 Pathogénicité

La pathogénicité de *Salmonella* varie selon le sérovar et l'hôte, bien que les mécanismes spécifiques restent mal compris (Foley et al., 2013). Chez la volaille, *S. Pullorum* et *S. Gallinarum* provoquent des infections systémiques accompagnées d'une forte mortalité (Berhanu et Fulasa, 2020). En revanche, *S. Enteritidis* est principalement associé à l'invasion des organes reproducteurs et à la contamination des œufs (Putturu et al., 2015).

Des variations intra-sérovares, comme entre les phagotypes de *S. Enteritidis*, influencent la colonisation et l'invasion. Par exemple, le phagotype 4 peut être plus invasif chez les poussins, bien que ses effets soient similaires à d'autres phagotypes chez les poules adultes (Pang et al., 2006). Ces différences sont liées à des gènes spécifiques, notamment ceux des îlots de pathogénicité 1 et 2, essentiels pour l'invasion et la survie intracellulaire (Kombade et Kaur, 2021).

Les réponses adaptatives de *S. Enteritidis* à des conditions stressantes, comme des environnements osmotiques ou pauvres en fer, favorisent sa persistance dans le tractus reproducteur et sa survie dans le blanc d'œuf (Shah, 2014).

Enfin, la contamination des œufs semble liée à des polymorphismes nucléotidiques spécifiques (Deng et al., 2014). Ces facteurs, combinés aux variations génétiques et phénotypiques, augmentent la pathogénicité de *Salmonella* et son impact sur la santé humaine (El-Saadony et al., 2022).

3.1.2 Facteurs de virulence

❖ Toxines

Les endotoxines, associées au lipopolysaccharide (LPS) de la paroi cellulaire des Salmonelles, jouent un rôle majeur dans leur pathogénicité. Elles peuvent induire de la fièvre lorsqu'elles sont libérées dans le sang après la lyse des bactéries. Par exemple, une endotoxine de *S. Enteritidis* administrée par voie intraveineuse a provoqué des lésions hépatiques et spléniques chez des poulets de deux semaines (Wang et al., 2003). De plus, le LPS protège la paroi bactérienne contre les phagocytes de l'hôte, et l'incapacité de *S. Typhimurium* à produire un LPS complet réduit sa colonisation des cœcums et son invasion de la rate chez les poussins de chair (Shaji et al., 2023).

❖ Adhérence et Invasion

L'adhérence aux cellules intestinales est essentielle à la pathogénicité des salmonelles, impliquant des flagelles, fimbriae et LPS, bien que leur rôle ne soit pas toujours indispensable (Quan et al., 2019). Les mutants dépourvus de flagelles ou de fimbriae présentent une colonisation réduite des cœcums (Westerman et al., 2021).

L'invasion des muqueuses, régulée séparément de l'adhérence, dépend de gènes de l'île de pathogénicité 1 pour envahir les tissus internes comme le foie et la rate (Worley, 2023). Les flagelles favorisent cette invasion, tandis que les fimbriae de type 1 ciblent les oviductes (Abdulla et al., 2014). Les sérovars *S. Pullorum* et *S. Gallinarum* compensent l'absence de flagelles par une multiplication accrue dans les tissus internes (Tang, 2016).

❖ Les plasmides

Les plasmides sont des éléments d'ADN extrachromosomique associés à la virulence des *Salmonella*. Des plasmides spécifiques aux sérovars, tels que ceux de *S. Pullorum* et *S. Gallinarum*, sont essentiels à la pathogénicité (Farhat et al., 2023). Des gènes favorisant la survie dans les macrophages sont souvent présents sur ces plasmides (Braukmann et al., 2015).

L'acquisition de plasmides a amélioré la colonisation des cœcums chez *S. Kentucky* et la virulence de *S. Typhimurium* et *S. Enteritidis* (Cheng et al., 2015). Certains plasmides portent également des gènes de résistance aux antimicrobiens et de transfert conjugal (McMillan et al., 2020).

3.2 Sources de contamination par *Salmonella* dans les élevages avicoles

Au cours du cycle de production, les volailles sont exposées à *Salmonella* par divers vecteurs biologiques et environnementaux. Parmi les porteurs, on identifie fréquemment les rongeurs, les chats et les insectes. Parallèlement, des sources inanimées telles que l'eau, l'alimentation, la litière et les aérosols constituent également des voies majeures de dissémination de cette bactérie dans les élevages (O'Bryan et al., 2022).

Une étude récente (Gosling et al., 2022) met en évidence que les contaminations par l'eau, la nourriture et la litière représentent des facteurs déterminants dans la propagation du pathogène au sein des systèmes de production avicole. Ces contaminations sont particulièrement préoccupantes en raison des implications pour la santé publique, notamment les zoonoses alimentaires affectant les consommateurs humains.

En outre, les oiseaux sauvages ainsi que d'autres espèces animales jouent un rôle clé dans l'introduction de *Salmonella* dans les exploitations agricoles. Ces vecteurs externes contribuent à la contamination des ressources essentielles, telles que l'alimentation et l'eau, ainsi qu'à l'altération de l'environnement global des élevages (Brobey et al., 2017). Ces contaminations primaires agissent souvent comme point d'entrée pour la dissémination systématique du pathogène au sein des cheptels.

3.3 Facteurs prédisposants

Les infections à *Salmonella* chez les volailles peuvent être aggravées par des infections préexistantes, notamment celles causées par *Eimeria tenella* ou par des virus immunosuppressifs. Ces co-infections augmentent la sensibilité des oiseaux à cette bactérie, ce qui entraîne une hausse de la mortalité. L'utilisation de vaccins anticoccidiens, combinée à des programmes de vaccination contre certains virus immunosuppressifs, pourrait indirectement réduire le risque de colonisation par *Salmonella* en maintenant une meilleure santé globale des volailles (Arczewska-Włosek et al., 2022).

Les salmonelles paratyphoïdes, comme *S. Enteritidis*, sont capables de persister jusqu'à 26 mois dans l'environnement, particulièrement dans des conditions humides qui facilitent leur transmission. En revanche, *S. Pullorum* et *S. Gallinarum* sont moins résistantes aux variations de température et aux agents chimiques (Gast et Porter, 2020).

Les facteurs de stress, notamment les variations thermiques (chaleur ou froid), la privation d'eau, le début de la ponte ou encore le transport, augmentent la prévalence de *Salmonella* chez les volailles (Quinteiro-Filho et al., 2017).

Par ailleurs, des pratiques telles que la restriction alimentaire avant l'abattage ou l'induction de la mue favorisent la colonisation intestinale et la sensibilité à *S. Enteritidis*. Cependant, des régimes alimentaires enrichis en fibres peuvent limiter ce risque (Ricke et al., 2013).

Les caractéristiques des infrastructures avicoles, comme la taille et l'âge des troupeaux, l'ancienneté des bâtiments ou les systèmes de logement (en cages ou sans cages), influencent également la prévalence des Salmonelles. Toutefois, aucun consensus clair n'existe quant au risque relatif associé aux différents types de logement (Pitesky et al., 2013). Enfin, la surpopulation constitue un facteur de risque important, car elle augmente la susceptibilité à *S. Enteritidis* et affaiblit l'immunité des oiseaux (Gast et al., 2017).

3.4 Voies de transmission des Salmonelles

Les infections à *Salmonella* chez les volailles se propagent par deux principales voies, verticale et horizontale, chacune jouant un rôle crucial dans la dissémination de la bactérie au sein des élevages (Shaji et al., 2023).

3.4.1 Transmission verticale : contamination des œufs par *Salmonella*

La transmission verticale désigne le passage direct du pathogène des oiseaux parents à leur descendance. Ce mode de transmission est particulièrement préoccupant pour *S. Enteritidis*, un sérovar capable de cibler spécifiquement les organes reproducteurs des poules. Lorsqu'une infection systémique se développe chez les oiseaux reproducteurs, *S. Enteritidis* peut coloniser les ovaires et les œufs en formation dans les oviductes, entraînant une contamination transovarienne et infectant directement la descendance (Zamora-Sanabria et Alvarado, 2017).

Une autre voie d'infection est la migration des bactéries du cloaque vers les organes reproducteurs (Hanson et al., 2016).

Dans le cas de la transmission transovarienne, la contamination survient avant la formation de la coquille, lorsque *S. Enteritidis* colonise les organes reproducteurs, tels que l'ovaire et l'oviducte. Les bactéries peuvent alors infecter le jaune, la membrane vitelline et l'albumine, contaminant ainsi l'œuf avant sa ponte (Upadhyaya, 2015).

3.4.2 Transmission horizontale : contact direct et environnement

La contamination des œufs par *Salmonella* peut survenir à différentes étapes du cycle de production. Pendant ou juste après la ponte, les matières fécales en contact direct avec les œufs constituent une source majeure de contamination, notamment lorsque les

cuticules sont encore immatures et que certains pores de la coquille restent ouverts (Kulshreshtha et al., 2022). Dans les nids ou couvoirs contaminés, la contamination externe est courante. Bien que l'épaisseur de la coquille n'influence pas directement l'intrusion bactérienne, les œufs à coquille de gravité spécifique élevée semblent mieux résister à *S. Enteritidis* (Gradl, 2016).

Dans les élevages, d'autres vecteurs, comme les lézards et les rongeurs fréquents dans les poulaillers, contribuent à la propagation de *Salmonella* en contaminant la nourriture et la litière. En Afrique, les sérotypes *S. Kentucky* et *S. Enteritidis* ont été majoritairement isolés chez ces animaux. Leurs excréments peuvent contaminer la nourriture et la litière, constituant une menace pour la biosécurité (Raufu et al., 2019).

Par ailleurs, les oiseaux migrateurs sont également des acteurs clés de la transmission. En transportant des sérotypes de *Salmonella*, ces oiseaux peuvent contaminer les volailles et les humains lors de leurs déplacements saisonniers et de leur alimentation (Fu et al., 2022).

Enfin, les interactions humaines dans les fermes ne doivent pas être négligées. Une étude a montré une corrélation entre la fréquence des visiteurs dans les exploitations avicoles et une augmentation de la prévalence de *Salmonella*, soulignant leur rôle potentiel dans l'introduction ou la dissémination du pathogène (Ramtahal et al., 2022). **La figure 1** illustre les principales voies de transmission et les vecteurs impliqués dans la dissémination de *Salmonella* chez les volailles.

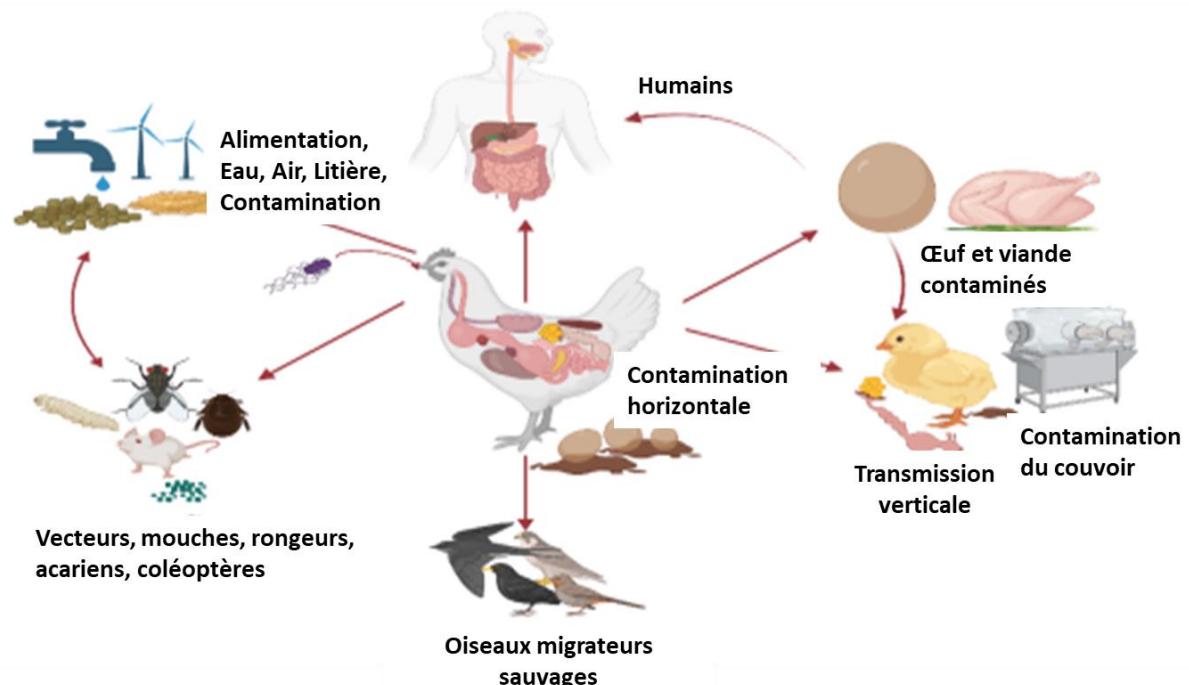


Figure 1: Différentes voies de transmission de *Salmonella* (Shaji et al., 2023)

3.5 Pathogénie des infections à *Salmonella*

Salmonella commence par coloniser l'épithélium intestinal, en particulier les cœcum et la jonction iléo-cœcale, avant de se propager via la circulation sanguine vers les organes internes comme le foie, la rate et la vésicule biliaire. Cette dissémination provoque des lésions dues à l'action des toxines (Palmer et Slauch, 2017).

Chez les jeunes oiseaux, un pic d'excrétion fécale est observé à 14 jours chez les poulets de chair (Sharma et al., 2017), tandis que 55 % des dindonneaux sont colonisés entre 1 et 9 jours (Bearson et al., 2017). *S. Pullorum* se distingue des souches paratyphoïdes en ciblant spécifiquement la bourse de Fabricius (Berhanu et Fulasa, 2020). La dissémination systémique est particulièrement marquée chez les poussins d'un jour, ce qui souligne l'importance de mesures préventives dès la naissance (Addwebi et al., 2014).

La contamination des œufs par *Salmonella*, notamment *S. Enteritidis*, résulte de l'invasion des ovaires et de l'oviducte, bien que *S. Heidelberg* et *S. Typhimurium* soient également impliquées, mais de manière moins fréquente (Gast et al., 2024). Bien que l'incidence de la contamination soit généralement faible dans les élevages commerciaux, des pics transitoires peuvent provoquer des épidémies humaines (Gast et al., 2024). Après ingestion, *S. Enteritidis*, présente en faibles quantités dans le jaune et l'albumine des œufs, peut proliférer rapidement lorsque les températures sont favorables (Li et al., 2024).

3.6 Signes cliniques et lésions associées à *Salmonella*

3.6.1 Infections dues aux salmonelles paratyphoïdes

Les infections à *Salmonella enterica* touchent fréquemment les volailles sans provoquer de problèmes graves, sauf chez les jeunes oiseaux soumis à un stress (Yue et Groves, 2024). Chez les poussins et dindonneaux, ces infections entraînent léthargie, diarrhée et une forte mortalité. Les adultes montrent rarement des signes cliniques, mais *S. Enteritidis* peut réduire la production d'œufs. *S. Arizona*, principalement chez les jeunes dindonneaux, cause dépression et paralysie, avec une mortalité pouvant atteindre 50 % (Gast et Porter, 2020).

Les infections par *Salmonella* paratyphoïdes, telles que celles causées par *S. Arizonae*, peuvent entraîner des lésions graves, comme des accumulations de fibrine ou d'excavations sur les organes internes, les articulations et les yeux. *S. Arizonae* provoque également des infections comme l'omphalite, une hépatosplénomégalie, et des excavations casseuses dans les cœcum. Les dindonneaux présentant des signes neurologiques peuvent montrer des

exsudats fibrinopurulents dans l'œil et les méninges, entraînant une ophtalmite et une méningoencéphalite (Gast et Porter, 2020).

Dans ce contexte, les sérotypes *S. Pullorum* et *S. Gallinarum* sont responsables de la pullorose et du typhus aviaire, deux maladies qui affectent principalement les jeunes volailles (Farhat et al., 2023).

3.6.2 Pullorose : Symptômes et lésions cliniques

La pullorose, identifiée pour la première fois par Rettger en 1909, comme une "septicémie fatale" ou une "diarrhée blanche", se transmet par les œufs et affecte principalement les poussins et dindonneaux. Les signes cliniques incluent une perte d'appétit, une dépression, des difficultés respiratoires, une diarrhée avec un noyau caséux, et une mortalité précoce, souvent survenant quelques jours après l'éclosion (Berhanu et Fulasa, 2020). Le pourcentage de décès causé par la pullorose varie, mais il peut atteindre jusqu'à 100 % dans les cas graves (Andino et Hanning, 2015).

Chez les poules pondeuses, la pullorose se manifeste par une baisse de la production d'œufs, de la fertilité et de l'éclosabilité (Niu et al., 2023). Les infections sévères à *S. Pullorum* chez les jeunes volailles peuvent provoquer une septicémie rapide avec une forte mortalité et des lésions visibles. Elles sont souvent associées à des infections du sac vitellin, avec une peau ombilicale rouge ou croûteuse, et un sac vitellin contenant du sang ou du liquide jaune. Lorsque l'infection persiste, des lésions intestinales, ainsi que des foyers de nécrose dans le foie et la rate, peuvent être observés. Chez les jeunes oiseaux, des foyers nécrotiques blancs peuvent également apparaître, tandis que des anomalies de couleur et de forme sont parfois notées au niveau des ovaires chez les oiseaux adultes (Gast et Porter Jr, 2020).

3.6.3 Typhus aviaire : Manifestations cliniques et conséquences pathologiques

Le **typhus** aviaire est causé par *Salmonella Gallinarum* et affecte diverses espèces de volailles, y compris les poulets, les dindes, les pintades et d'autres oiseaux, quel que soit leur âge ou leur race (Shivaprasad et al., 2013). La première épidémie documentée a été caractérisée par une forte mortalité, des symptômes cliniques tels que la diarrhée jaune à verte, suivis de la mort des oiseaux quelques jours après l'infection (Shivaprasad et Barrow, 2008).

Contrairement à *S. Pullorum*, *S. Gallinarum* touche généralement plus les oiseaux adultes que les jeunes. Les premiers signes cliniques du typhus aviaire incluent une augmentation

du taux de mortalité, suivie d'une baisse de la consommation alimentaire, ce qui entraîne une réduction de la production d'œufs et une perte de poids (Chiroma et al., 2018). Les lésions histologiques typiques comprennent une dégénérescence graisseuse du foie, parfois accompagnée de zones de nécrose, ainsi que des anomalies dans les reins, avec congestion et infiltration de cellules mononucléaires (Islam, 2023).

Bien que *S. Gallinarum* et *S. Pullorum* aient été éliminées dans des régions développées telles que les États-Unis, le Canada et l'Europe occidentale, ces souches demeurent problématiques dans d'autres parties du monde (Julianingsih, 2023).

Toutefois, l'élimination de ces deux sérovars a favorisé l'émergence de *S. Enteritidis*, qui, dans les années 1990, est devenu le sérovar le plus fréquemment signalé aux États-Unis, en raison de la disparition des deux précédents (Wright et al., 2016). *S. Enteritidis* et *S. Gallinarum* appartiennent au même sérogroupe (D1) et partagent des antigènes similaires (Andino et Hanning, 2015).

4. Réponse immunitaire

Les volailles développent une réponse immunitaire qui limite la gravité des infections à *Salmonella* et protège contre les réinfections, constituant la base des stratégies vaccinales. Chez les poules pondeuses infectées par *S. Enteritidis*, des anticorps sériques apparaissent dès une semaine après l'infection, atteignent un pic à deux semaines et restent élevés plus de six mois (Gast et Porter, 2020). Ces anticorps sont également transférés via le jaune d'œuf, conférant une immunité partielle aux poussins (Fontanot et al., 2014).

Certaines souches comme *S. Pullorum* et *S. Gallinarum*, dépourvues de flagelles immunostimulants, échappent aux réponses inflammatoires, favorisant des infections chroniques (Abreu et al., 2023). Les infections par *Salmonella* peuvent provoquer une immunosuppression, caractérisée par une déplétion lymphocytaire et une atrophie des organes lymphoïdes, facilitant un état de porteur chronique (Kogut et al., 2016).

Enfin, des variations dans les réponses immunitaires sont observées en fonction de la virulence des souches de *Salmonella* Pullorum, les souches plus virulentes induisant des réponses en anticorps plus faibles que les souches moins virulentes (Gast et Porter, 2020).

5. Approches diagnostiques des infections à *Salmonella*

5.1 Isolement et identification de l'agent causal

La détection précise, sensible et spécifique de *Salmonella* est essentielle pour garantir la sécurité alimentaire à l'échelle mondiale (Awang et al., 2021). Cependant, les signes cliniques et les lésions macroscopiques associés à ces infections, similaires à ceux provoqués par d'autres bactéries, rendent le diagnostic final tributaire de l'isolement et de l'identification des organismes responsables.

Les méthodes de culture conventionnelles, nécessitant généralement entre 48 et 96 heures ou davantage selon les protocoles, restent couramment utilisées, tout comme des sondes ciblant des séquences spécifiques d'ADN, qui améliorent la fiabilité des résultats (Gast et Porter, 2020).

5.1.1 Sélection des échantillons pour l'isolement de *Salmonella*

La détection de *Salmonella* dans les élevages avicoles repose sur la collecte de divers échantillons, tels que des tissus, œufs, fèces, et échantillons environnementaux. La quantité d'échantillons à analyser dépend de la taille du troupeau et de la prévalence estimée de l'infection. Dans les grands troupeaux à faible prévalence, le regroupement d'échantillons avant la culture améliore l'efficacité de la détection (Pacholewicz et al., 2023).

Les sérovars invasifs, tels que *S. Enteritidis*, ont la capacité de se propager à divers tissus internes, notamment le foie, la rate et les ovaires, ce qui rend l'analyse de plusieurs organes essentielle pour maximiser les chances de détection. En raison de leur rôle de filtration, les foies et les rates sont particulièrement recommandés. Par ailleurs, la culture des œufs est fréquemment utilisée pour évaluer les risques associés aux sérovars invasifs, qui peuvent être déposés dans les œufs avant l'oviposition (Gast et Porter , 2020).

5.1.2 Techniques basées sur la culture

Les techniques traditionnelles basées sur la culture, sont considérée comme la méthodes de référence (gold standard) pour le diagnostic de *Salmonella*, suivent plusieurs étapes normalisées. Tout d'abord, un **pré-enrichissement** non sélectif est effectué avec un volume spécifique de l'échantillon dans un milieu comme l'eau peptonée tamponnée (EPT), pour favoriser la croissance initiale des bactéries. Cette étape est suivie d'un **enrichissement** sélectif dans des bouillons spécifiques tels que le Rappaport-Vassiliadis

soja (RVS) ou le Müller-Kauffmann Tétrathionate-Novobiocine (MKTn), qui inhibent la croissance des microorganismes indésirables. Ensuite, les cultures enrichies sont inoculées sur au moins deux milieux sélectifs et différentiels, comme l'agar Brilliant Green Sulfa (BGS), l'agar au Bismuth Sulfite (BS), l'agar Brilliance™ *Salmonella*, l'agar Xylose Lysine Deoxycholate (XLD) et l'agar Xylose Lysine Tergitol-4 (XLT-4), permettant de distinguer *Salmonella* des autres flores bactérienne. Finalement, les colonies suspectes sont soumises à des tests de **confirmation biochimiques et sérologiques**.

Ces méthodes, normalisées par des organismes tels que l'ISO (ISO 6579:2002) et le Bacteriological Analytical Manual (BAM) de la FDA (Food and Drug Administration), sont largement utilisées dans les centres de référence et les agences réglementaires du monde entier (ISO, 2017; Mooijman, 2018). Cependant, bien que fiables, ces méthodes restent lentes, exigeantes en main-d'œuvre et peu adaptées aux besoins de tests rapides ou à haut débit.

5.1.3 Tests sérologiques

Comme l'agglutination et les dosages immuno-enzymatiques (EIA), permettent une détection sensible des anticorps spécifiques contre *Salmonella* chez les volailles. Ils sont essentiels dans des programmes de contrôle tels que le NPIP (National Poultry Improvement Plan), aux États-Unis, où les résultats positifs sont confirmés par des cultures bactériologiques des organes internes (U.S. D.A, 2017).

Cependant, ces tests présentent des limites, comme l'absence de réponse immunitaire chez les jeunes oiseaux, les réactions croisées entre sérovars apparentés, et les interférences dues aux vaccins, compliquant la distinction entre vaccination et infection (Shivaprasad et Barrow, 2008). Les agglutinations détectent efficacement les infections, qu'elles soient naturelles ou expérimentales, en utilisant des cellules de *Salmonella* fixées et colorées pour une meilleure visualisation (Gast et Porter, 2020).

5.2 Tests diagnostiques indépendants de la culture

Ces approches se distinguent par leur capacité à détecter *Salmonella* de manière directe, sans recourir à des étapes d'enrichissement en milieu de culture, tout en assurant une identification à la fois sensible et sélective. Parmi ces innovations, un test rapide et performant reposant sur l'analyse du génome complet a été développé : le Whole Genome Culture-Independent Diagnostic Test (WG-CIDT). Initialement conçu pour la détection de *Salmonella* dans la laitue, ce test offre un potentiel d'adaptation à une large gamme

d'aliments périssables, élargissant ainsi ses applications possibles dans le domaine de la sécurité alimentaire (Ogunrem et al., 2020).

5.2.1 Tests moléculaires

Ces méthodes incluent plusieurs technologies avancées, chacune présentant des avantages spécifiques pour la détection de *Salmonella*. Parmi elles, la réaction en chaîne par polymérase (PCR), couramment utilisée, cible principalement le gène de l'invasine A (*invA*), garantissant ainsi une détection précise et fiable. D'autres approches innovantes comprennent l'amplification isotherme en boucle (LAMP), l'amplification basée sur les séquences d'acides nucléiques (NASBA) et l'amplification par polymérase à recombinase (RPA), qui se distinguent par leur rapidité et leur simplicité. Les technologies de pointe, telles que les micropuces ADN, permettent également une analyse multiplexée et une détection à haut débit. Ces techniques représentent des outils puissants pour le contrôle et la surveillance de *Salmonella* dans divers contextes (Awang et al., 2021).

5.2.2 Tests immunologiques

Ces méthodes diagnostiques incluent plusieurs approches immunologiques avancées, telles que le test ELISA (enzyme-linked immunosorbent assay), qui est largement reconnu pour sa sensibilité et sa spécificité, ainsi que des techniques comme l'agglutination au latex, le test de flux latéral et les tests d'immunochromatographie. Ces outils offrent des solutions rapides et pratiques pour la détection de *Salmonella* (Bergwerff et Debast, 2021; Younes et al., 2024).

Chez les oiseaux adultes, les infections peuvent être détectées par des tests sérologiques, des analyses nécropsiques, des cultures microbiologiques, et, si nécessaire, par un typage spécifique pour confirmation (Tariq et al., 2022).

Bien que les tests biochimiques soient couramment utilisés pour différencier les biovars *Salmonella* Gallinarum et Pullorum, certains biovars atypiques demeurent difficiles à distinguer, comme l'ont noté Farahani et al. (2023). Cela met en évidence la nécessité de méthodes de diagnostiques plus avancées pour garantir une identification précise.

En somme, le choix des outils diagnostiques dépend des objectifs spécifiques, des ressources disponibles et du contexte épidémiologique ou sanitaire. Cela peut concerner l'identification d'une souche particulière de *Salmonella* ou l'évaluation de l'étendue de l'infection. Ces progrès contribuent de manière significative à améliorer la sécurité sanitaire et la gestion des élevages, comme le soulignent Naushed et al. (2023).

5.3 Diagnostique différentiel

Dans le cadre de la gestion de la salmonellose chez la volaille, il est essentiel d'intégrer une approche rigoureuse qui tient compte de diagnostics différentiels afin de distinguer cette maladie d'autres pathologies présentant des symptômes similaires (Tariq et al., 2022). Parmi les principales affections à considérer figurent :

- ❖ **Coccidiose** : Caractérisée par une diarrhée hémorragique souvent moins abondante que celle observée dans les cas de salmonellose. La présence d'oocystes de **coccidia** dans les fèces constitue un indicateur clé pour différencier cette pathologie.
- ❖ **Infestation par des douves (vers du foie)** : Les signes distinctifs incluent une anémie, des œufs de parasites détectés dans les fèces, et une constipation, ce qui contraste avec les symptômes gastro-intestinaux plus généralisés de la salmonellose.
- ❖ **Pasteurellose** : Cette maladie cible principalement le système respiratoire des oiseaux, provoquant des symptômes tels que la toux, les écoulements nasaux et des difficultés respiratoires, différant ainsi des manifestations intestinales de la salmonellose.
- ❖ **Empoisonnement** : Les toxines peuvent induire une diarrhée accompagnée de signes cliniques spécifiques, comme des tremblements et des troubles neurologiques, nécessitant une attention particulière pour écarter cette cause.

Pour établir un diagnostic précis et différencier ces maladies de la salmonellose, des tests spécifiques sont indispensables. Ces analyses incluent l'examen des selles pour la recherche d'oocystes ou d'œufs de parasites, les prélèvements d'organes pour la culture microbiologique et les analyses sanguines pour détecter des marqueurs spécifiques.

L'intégration de ces approches diagnostiques, combinée à une compréhension approfondie des symptômes et des contextes cliniques, permet d'améliorer la précision du diagnostic, d'optimiser les interventions thérapeutiques et de réduire les pertes économiques liées à des traitements inappropriés. Une telle démarche souligne l'importance d'une surveillance vétérinaire rigoureuse et d'un diagnostic différentiel structuré pour la santé et la productivité des élevages avicoles.

6. Impact de la salmonellose aviaire

6.1 Conséquences sur la production avicole

Dans les années 1950, l'organisation mondiale de la santé et l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) ont identifié *Salmonella* comme une bactérie zoonotique grave ayant des répercussions économiques significatives (Marouf

et al., 2022). Les infections à *Salmonella* dans les troupeaux, qu'elles soient verticales ou horizontales, peuvent causer une réduction de la croissance ou la mortalité des jeunes volailles.

Les adultes, soumis à d'autres maladies ou stress, sont également plus vulnérables aux infections graves (Sanni, 2024). En outre, *Salmonella* peut accroître la susceptibilité à d'autres pathogènes (Jajere, 2019).

Les mesures de réduction des risques pour maîtriser les infections à *S. Enteritidis* dans les troupeaux de pondeuses, telles que la biosécurité, le nettoyage et la désinfection des installations, le contrôle des rongeurs, la vaccination et les tests, ont été estimées à environ un centime par douzaine d'œufs produits (Andres et Davies, 2015).

Dans la plupart des pays économiquement développés, les coûts régulièrement attribués aux pathogènes spécifiques de la volaille, *S. Pullorum* et *S. Gallinarum*, sont principalement liés à l'administration de programmes de tests généralisés pour les troupeaux de reproduction commerciaux. Cependant, dans de nombreux pays en développement, la typhoïde aviaire reste une cause de pertes économiques importantes liées aux maladies (Gast et Porter Jr, 2020).

6.2 Importance pour la santé publique

Les salmonelles figurent parmi les principales causes de maladies d'origine alimentaire dans le monde (El-Saadony et al., 2022). Aux États-Unis, elles causent 208400 infections annuelles liées à la consommation de produits avicoles, tels que la viande de volaille et les œufs, responsables de plus de 70 % des cas humains (Hsi et al., 2015).

Les œufs et leurs dérivés sont des vecteurs majeurs des infections à *S. Enteritidis*, tandis que les poules pondeuses, identifiées comme réservoir principal, sont impliquées dans 42 % des cas européens (Gast et al., 2024). De nombreux sérovars prévalents chez l'homme, tels que *S. Enteritidis* et *S. Typhimurium*, sont communs dans les élevages avicoles (Tariq et al., 2022).

En tant que réservoirs primaires, les volailles jouent un rôle central dans la propagation des salmonelles, rendant leurs produits et leur manipulation des sources significatives de risques sanitaires mondiaux (Hald et al., 2016).

7. Stratégies de contrôle de *Salmonella* en aviculture

Des méthodes de contrôle telles que la surveillance, les mesures d'hygiène, les traitements médicamenteux et les vaccins doivent être mises en œuvre pour limiter l'infection des poulets et des œufs, réduisant ainsi le risque qu'ils représentent pour la santé publique (Elsayed et al., 2024). La mise en œuvre de mesures rigoureuses à chaque étape de la production avicole est essentielle pour réduire efficacement la présence de *Salmonella* et minimiser les risques de contamination (Liljebjelke et al., 2017).

7.1 Biosécurité et gestion des élevages

La gestion optimale des exploitations avicoles joue un rôle clé dans le contrôle de la propagation de la salmonellose. La mise en place de protocoles de biosécurité rigoureux est primordiale pour restreindre cette propagation (Tariq et al., 2022). La biosécurité repose sur plusieurs pratiques essentielles, notamment un nettoyage régulier et une désinfection efficace des installations, particulièrement entre les lots, pour réduire les agents pathogènes. Limiter l'accès aux zones sensibles aux seuls personnels autorisés, renforcer les pratiques d'hygiène, comme l'utilisation de pédiluves, et mettre en œuvre des mesures rigoureuses contre les nuisibles, tels que les rongeurs, les mouches et les acariens rouges, contribuent également à limiter la transmission de *Salmonella* (Collett et al., 2020).

Le contrôle de *Dermanyssus gallinae*, un vecteur biologique de la bactérie, nécessite des mesures renforcées (Sylejman et al., 2016). Par ailleurs, l'utilisation de vaccins spécifiques et de désinfectants performants permet de prévenir l'introduction et la propagation des infections (Abdulghaffar et al., 2016). Il est également recommandé d'utiliser des litières recyclées, comme celles traitées par compostage, qui présentent un risque moindre de contamination par rapport aux copeaux de bois frais (Eid et al., 2023).

Enfin, la prévalence de *Salmonella* étant plus élevée en été qu'en hiver, il est crucial d'adapter les mesures de biosécurité aux variations climatiques pour réduire les risques (Meher et al., 2022). En somme, une stratégie de biosécurité intégrée et bien conçue est essentielle pour protéger les élevages, maîtriser la propagation de *Salmonella* et garantir la sécurité alimentaire.

7.2 Vaccination contre *Salmonella* chez la volaille

Les vaccins jouent un rôle essentiel dans la prévention des infections à *Salmonella* chez les volailles (Tariq et al., 2022). L'administration de vaccins, qu'ils soient inactivés ou vivants atténus, diminue considérablement la vulnérabilité des volailles à ces infections.

La vaccination des troupeaux de pondeuses, utilisant différentes combinaisons de vaccins tués et vivants, a permis de réduire la contamination des œufs par *S. Enteritidis*, bien qu'un effet moindre ait été observé sur l'excrétion fécale et la contamination de l'environnement des poulaillers (Arnold et al., 2014). L'introduction à grande échelle de programmes de vaccination pour les pondeuses a contribué à une baisse des infections humaines à *S. Enteritidis* (Gast et Porter , 2020).

7.2.1 Vaccins vivants atténusés

Les vaccins vivants atténusés, obtenus par mutagenèse chimique ou génétique, simulent l'infection naturelle en se fixant sur la muqueuse intestinale, ce qui déclenche des réponses immunitaires humorales et cellulaires. Chez les poussins dont le système immunitaire est encore immature, ces vaccins renforcent la résistance à l'infection et empêchent la colonisation intestinale par *Salmonella* (Jia et al., 2020). Toutefois, bien qu'ils induisent des réponses immunitaires variées, notamment humorales, cellulaires et muqueuses, leur principal inconvénient réside dans le risque que la souche vaccinale retrouve sa virulence, posant ainsi un défi majeur pour la biosécurité (Kang et al., 2022).

7.2.2 Vaccins tués ou inactivés

Les vaccins bactériens inactivés, élaborés à partir de bactéries entières, sont couramment utilisés pour contrôler les infections à *Salmonella* chez la volaille (Crouch et al., 2020). L'inactivation des bactéries est réalisée à l'aide d'agents tels que la chaleur, le formaldéhyde, l'acétone, l'oxyde d'éthylène ou les radiations. Ces vaccins, qui ciblent des sérovars spécifiques, induisent principalement une immunité humorale et nécessitent des rappels pour garantir une protection à long terme, bien qu'ils ne stimulent pas de fortes réponses immunitaires cellulaires (Jia et al., 2020).

La combinaison de vaccins vivants atténusés et inactivés a démontré son efficacité en stimulant la production d'anticorps IgA et IgY, réduisant ainsi la colonisation par *S. Typhimurium* et *S. Infantis* chez les jeunes poules pondeuses, offrant une protection étendue (Huberman et al., 2022).

7.2.3 Vaccins sous-unitaires

Les vaccins sous-unitaires, qui sont constitués d'antigènes spécifiques, sont de plus en plus utilisés en aviculture en raison de leur sécurité supérieure par rapport aux vaccins vivants atténusés ou inactivés (Kang et al., 2022).

Ces vaccins, souvent formulés à partir de protéines de la membrane externe (OMPs) et de protéines flagellaires (FliC) de *Salmonella enterica* sérovar Enteritidis, associées à des adjuvants, ont montré leur efficacité pour réduire l'excrétion bactérienne chez les volailles tout en stimulant une réponse immunitaire spécifique contre *Salmonella* (Acevedo-Villanueva et al., 2022).

Une étude expérimentale a mis en évidence une corrélation directe entre l'augmentation des anticorps sériques et la réduction des charges bactériennes dans les intestins des oiseaux vaccinés (Sáenz et al., 2022). Le vaccin testé n'a pas affecté les performances de production des oiseaux. Toutefois, la durée de la protection et l'immunité croisée induite par ces vaccins restent incertaines, et les recherches sur leur impact sur les performances des poules pondeuses sont encore limitées (Hofacre et al., 2021).

7.2.4 Vaccin Fantôme

Les vaccins fantômes à base de *Salmonella* ont été largement étudiés sur des modèles de rats (Al-Qarraawi et Al-Awade, 2021). Ces "fantômes bactériens" sont des structures cellulaires inertes qui conservent les antigènes de surface, comme les LPS, mais sont dépourvues de contenu cytoplasmique. Ils sont produits à partir de bactéries à Gram négatif, grâce à la lyse induite par la protéine phagique E (Lagzian et al., 2016).

Récemment, des formulations utilisant *S. Enteritidis* et adjuvées avec l'antigène flagelline de *S. Typhimurium* (ST FliC) ont été développées. Ces vaccins ont montré une efficacité marquée chez les volailles en réduisant la charge de *S. Enteritidis* sauvage dans la rate et le foie, tout en stimulant la production d'anticorps IgY et en renforçant la réponse immunitaire à médiation cellulaire (Senevirathne et al., 2021).

Cependant, leur principale limitation réside dans le fait qu'en tant que cellules inertes, elles ne peuvent pas traverser l'épithélium intestinal pour induire une réponse immunitaire efficace au niveau des muqueuses, ce qui constitue un obstacle potentiel à leur utilisation optimale pour le contrôle de *Salmonella* chez les volailles (Shaji et al., 2023).

L'épidémiologie de la Salmonellose chez les volailles reste complexe et le contrôle de sa propagation demeure aussi captivant (Ramtahal et al., 2022).

III. Résistance bactérienne aux antibiotiques chez *Salmonella* et mécanismes génétiques associés

1. Définition de l'antibiorésistance

L'antibiorésistance est définie comme la capacité d'un micro-organisme à survivre ou à se multiplier malgré la présence d'une concentration d'un agent antibiotique normalement efficace pour inhiber ou tuer des micro-organismes de la même espèce. Elle constitue une problématique majeure de santé publique, mobilisant les acteurs des secteurs de la santé humaine et animale à l'échelle mondiale, conformément au règlement (UE) n°2019/6 sur les médicaments vétérinaires, qui remplace la directive 2001/82/CE (Oswald et al., 2023).

2. Historique et chronologie de l'émergence de la résistance aux antibiotiques

L'ère des antibiotiques a débuté en 1928 lorsque le scientifique écossais Alexander Fleming (1881-1955) a découvert par hasard que la moisissure *Penicillium notatum* pouvait inhiber la croissance de la bactérie *Staphylococcus aureus*. Cette découverte a initié une période de recherches intensives dans le domaine pharmaceutique pour identifier de nouveaux composés aux propriétés antibactériennes similaires (Uddin et al., 2021).

Entre 1941 et 1950, les premiers antibiotiques, tels que la streptomycine, le chloramphénicol et la tétracycline, ont été découverts. Ces avancées ont élargi le spectre d'action des antibiotiques et renforcé la lutte contre les infections bactériennes (Guillot, 1989).

Cependant, l'âge d'or des antibiotiques a été de courte durée. Conformément à la théorie de l'évolution, les bactéries, comme tout organisme vivant, évoluent face à une pression sélective telle que l'utilisation des antibiotiques. Ainsi, l'emploi intensif et généralisé des antibiotiques en médecine humaine, en agriculture et en élevage a favorisé l'émergence, la sélection et la propagation de bactéries résistantes à ces substances (Alonso, 2018).

L'histoire de la résistance aux antibiotiques chez *Salmonella* remonte à plus d'un siècle, cette bactérie étant reconnue comme une cause majeure de maladies (Aminov, 2010). L'utilisation des antibiotiques pour traiter les infections associées à *Salmonella* a débuté dans les années 1940 (Davies et Davies, 2010). Cependant, dès les années 1950, des souches de *Salmonella* résistantes, notamment à la streptomycine, ont été signalées

(Aminov, 2010). Par la suite, des résistances à d'autres antibiotiques, tels que la tétracycline et l'ampicilline, ont été observées (Ingle et al., 2021).

Aujourd'hui, certaines souches de *Salmonella* présentent une multi-résistance (MDR), c'est-à-dire qu'elles résistent à plusieurs classes d'antibiotiques. Ces souches multirésistantes, en particulier celles résistantes à des antibiotiques de dernière génération, sont en augmentation, notamment dans les pays en développement (Wang et al., 2022).

La situation est encore plus préoccupante avec l'apparition de souches XDR (extensively drug-resistant), car ces dernières nécessitent des traitements complexes et sont associées à des infections plus graves, voire mortelles (Patra et al., 2021).

3. Utilisation des antibiotiques dans la production avicole

3.1 Rôle des antibiotiques dans les élevages industriels

Depuis les années 1940, les antibiotiques sont utilisés dans l'alimentation animale, principalement pour améliorer la croissance, l'efficacité alimentaire et contrôler les infections, en particulier chez les volailles, les porcs et les bovins (Alagawany et al., 2018). À des doses sub-thérapeutiques, des antibiotiques comme la pénicilline, la tétracycline et le chloramphénicol ont montré qu'ils pouvaient favoriser une prise de poids rapide tout en réduisant les pertes dues aux maladies bactériennes (Radwan et al., 2020). Cependant, leur usage prolongé comme promoteurs de croissance est de plus en plus critiqué. Il contribue à l'émergence de bactéries résistantes, notamment des souches de *Salmonella* résistantes aux quinolones, au chloramphénicol et aux céphalosporines (Eckert et al., 2010).

3.2 Impact de l'utilisation des antibiotiques sur la résistance de *Salmonella*

L'usage excessif et inapproprié des antibiotiques constitue un facteur majeur dans l'émergence de la résistance aux antibiotiques (RAM) chez les bactéries. Ce phénomène est particulièrement préoccupant dans le cas de *Salmonella*, car la résistance de certaines souches complique considérablement le traitement des infections humaines. Cela entrave le contrôle des maladies associées et représente une menace importante pour la santé publique mondiale (Pan et al., 2018).

Face à cette crise, l'Organisation mondiale de la santé (OMS) a classé *Salmonella* parmi les « pathogènes prioritaires », dans le but d'encourager la recherche et le développement de nouveaux antibiotiques efficaces contre ce pathogène (WHO, 2017).

4. Mécanismes de résistance aux antimicrobiens et gènes associés chez *Salmonella*

À l'échelle mondiale, la résistance de *Salmonella* aux antimicrobiens constitue une crise majeure. Des cas de résistance à des antibiotiques spécifiques, ainsi que de multi-résistance (MDR), ont été largement documentés dans de nombreux pays, soulignant l'urgence de mieux comprendre les mécanismes de résistance et les gènes impliqués (Raji et al., 2021).

4.1 mécanismes d'acquisition de résistance aux antibiotiques

Actuellement, le processus par lequel les bactéries acquièrent des gènes de résistance est complexe et varié, notamment en raison de la pression sélective exercée par les antibiotiques. Cette évolution, bien qu'avantageuse pour les bactéries, a des conséquences néfastes pour les humains, car elle leur permet de mieux s'adapter à leur environnement (Horn et Bhunia, 2018).

Dans ce contexte, il est essentiel de comprendre la résistance bactérienne aux antibiotiques, un concept relatif dont la définition peut varier selon le domaine d'étude (clinique, épidémiologique, biochimique, microbiologique ou génétique). Néanmoins, la définition la plus couramment acceptée repose sur des critères microbiologiques (résistance *in vitro*) et cliniques (résistance *in vivo*) (Muylaert et Mainil, 2013). Cette résistance peut avoir deux origines distinctes, à savoir la transmission horizontale et verticale des gènes de résistance.

4.1.1 Résistance intrinsèque

Il s'agit d'un phénomène d'une importance capitale, résultant d'une caractéristique fonctionnelle ou structurelle inscrite dans le patrimoine génétique de certaines bactéries. Cette particularité leur confère une tolérance, voire une insensibilité totale, à des antibiotiques autrefois efficaces. Sous l'effet de la pression sélective exercée par l'utilisation des antibiotiques, ces populations résistantes sont favorisées, leur permettant non seulement de survivre, mais aussi de se propager à grande échelle. Ce processus, bien documenté, suscite de sérieuses préoccupations quant à son impact futur sur la santé publique et la gestion des infections bactériennes (Muylaert et Mainil, 2013; Uddin et al., 2021).

4.1.2 Résistance extrinsèque

Ce phénomène survient lorsqu'une bactérie sensible acquiert des mécanismes de résistance absents dans la population normale. Cette évolution génétique résulte principalement de mutations chromosomiques ou de l'échange horizontal de gènes par transformation, transduction ou conjugaison. Des éléments génétiques mobiles, comme les plasmides, intégrons et transposons, jouent un rôle clé dans la propagation de ces gènes de résistance (Sagar et al., 2019).

4.2 Gènes de résistance aux antimicrobiens couramment retrouvés chez *Salmonella*

Chez *Salmonella*, plusieurs gènes de résistance aux antimicrobiens (AMR) sont fréquemment observés, ce qui rend le traitement des infections de plus en plus difficile. Ces gènes sont responsables de la résistance de la bactérie à une large gamme d'antibiotiques utilisés pour contrôler les infections humaines et animales. Parmi les gènes les plus courants, on retrouve les suivants :

- ❖ **Le gène *blaTEM*** : code pour une bêta-lactamase, une enzyme capable d'hydrolyser les β-lactamines, qui sont des antibiotiques largement utilisés dans le traitement des infections bactériennes (Nai et al., 2018).
- ❖ **Les gènes *sul1* et *sul2*** : codent pour des dihydropteroate synthases, qui confèrent une résistance aux sulfonamides, des antibiotiques inhibiteurs de la synthèse de l'acide folique, essentiel à la croissance bactérienne (Wang et al., 2019).
- ❖ **Les gènes *tetA* et *tetB*** : ces gènes codent pour des pompes d'efflux spécifiques à la tétracycline, permettant aux bactéries de rejeter activement cet antibiotique de l'intérieur de la cellule, limitant ainsi son action (Pavelquesi et al., 2021).
- ❖ **Le gène *qnr*** : responsable de la résistance aux quinolones, une classe d'antibiotiques couramment utilisée dans le traitement de diverses infections, en ciblant la réPLICATION de l'ADN bactérien (Song et al., 2018).
- ❖ **Le gène *mcr*** : ce gène code pour une phosphoéthanolamine transférase, qui modifie la structure de la membrane externe de la bactérie, conférant ainsi une résistance à la colistine, un antibiotique de dernier recours pour les infections multirésistantes de *Salmonella* (Monte et al., 2019)

5. Résistance aux antibiotiques des souches de *Salmonella* en élevage avicole : enjeux et défis

La résistance aux antimicrobiens de *Salmonella* représente un défi majeur pour la santé publique à l'échelle mondiale, notamment dans les pays en développement (Rahman et al., 2018). Cette résistance, en particulier celle observée dans les souches multirésistantes (MDR), constitue une menace importante, affectant tant la santé des populations humaines que l'industrie avicole. Les souches multirésistantes proviennent principalement des environnements avicoles, ce qui complique davantage le contrôle et le traitement des infections (Sarker et al., 2021; Castro-Vargas et al., 2020).

5.1 Émergence et prévalence des souches multirésistantes de *Salmonella* dans les élevages avicoles

L'émergence de la résistance aux antibiotiques chez *Salmonella* remonte à 1948, lorsque le premier cas de *Salmonella* Typhi résistant au chloramphénicol a été rapporté, seulement deux ans après l'introduction de cet antibiotique sur le marché. En 1961, un nouveau tournant a été observé avec le premier transfert de résistance médié par un plasmide chez *Salmonella* Typhimurium en Allemagne. Ces premiers cas ont marqué le début de l'apparition de souches multirésistantes (MDR), qui se sont progressivement répandues à l'échelle mondiale, accentuant la résistance de *Salmonella* aux antibiotiques (Tadesse et al., 2016).

Au fil des décennies, les données de surveillance ont montré une augmentation notable de la résistance antimicrobienne chez *Salmonella*, en particulier face aux quinolones et aux céphalosporines, des médicaments de première ligne pour traiter les infections humaines (Punchihewage-Don et al., 2022). Cette tendance s'explique en grande partie par l'utilisation excessive et inappropriée d'antimicrobiens dans les secteurs agricoles, notamment dans l'élevage, ainsi qu'en médecine, contribuant à l'accélération de la propagation de cette résistance (Jajere, 2019).

5.2 Antibiotiques concernés par la résistance des souches de *Salmonella*

Les isolats de *Salmonella* non typhoïdique (NTS) d'origine aviaire présentent une prévalence élevée de résistance à des antibiotiques clés, notamment les sulfonamides, l'acide nalidixique et la tétracycline. Ces résistances, également observées chez les souches humaines, menacent l'efficacité des traitements classiques, avec une résistance notable aux sulfonamides, tétracycline et ampicilline (Voss-Rech et al., 2017).

Un phénomène préoccupant est la multi-résistance, particulièrement contre des antibiotiques de première importance, tels que les fluoroquinolones et les céphalosporines de troisième génération, ce qui représente une menace pour la santé publique mondiale (Glenn et al., 2013).

Des données récentes montrent que plusieurs sérotypes de *Salmonella* alimentaires possèdent des gènes de résistance aux bêta-lactamines, fluoroquinolones, aminoglycosides, tétracyclines et chloramphénicol. Cette diversité de mécanismes complique le traitement des infections et facilite la propagation des résistances à travers les chaînes alimentaires. Face à ces défis, il est crucial d'intensifier la surveillance et de promouvoir une utilisation responsable des antibiotiques dans l'élevage et les traitements cliniques humains (Marouf et al., 2022).

6. Transmission des souches résistantes aux antibiotiques à l'Homme

En raison de la similitude entre les antibiotiques utilisés chez les animaux et ceux administrés aux humains, le risque d'émergence de souches multirésistantes est élevé, représentant une menace importante pour la santé publique. Ainsi, l'utilisation des antibiotiques en médecine vétérinaire doit être strictement réglementée (Farahani et al., 2018). Cette résistance est principalement due à l'usage excessif des antibiotiques comme promoteurs de croissance et à leur surutilisation dans les traitements vétérinaires. Cela entraîne la sélection de souches résistantes, facilitant leur transmission à l'homme (Salem et al., 2023).

6.1 Propagation des *Salmonella* multirésistantes via la chaîne alimentaire

L'utilisation intensive d'antibiotiques dans l'élevage avicole a conduit à l'apparition de souches multirésistantes (*Salmonella* MDR), qui représentent une menace majeure pour la santé publique. Ces bactéries, sélectionnées par l'utilisation excessive d'antimicrobiens pour promouvoir la croissance des animaux et traiter les infections, persistent dans l'environnement et se transmettent à travers des vecteurs alimentaires tels que la viande de poulet et les œufs (Nabil et al., 2023; Penha Filho et al., 2023).

Ces souches multirésistantes se propagent via la chaîne alimentaire, en partie grâce à leur capacité à s'adapter à divers hôtes, ce qui facilite leur diffusion à l'échelle mondiale (Monte et al., 2019).

Les infections humaines sont principalement contractées par la consommation de produits avicoles contaminés, ce qui augmente le risque d'échec des traitements conventionnels (Jajere, 2019; Kumar et al., 2019).

La résistance de ces souches inclut des antibiotiques de première intention, comme l'ampicilline et le chloramphénicol, compliquant les traitements. Cette situation accentue le risque d'échec des traitements, complique la prise en charge des infections chez l'homme et engendre une hausse des dépenses en santé publique. (Smith et al., 2016; Marouf et al., 2022).

6.2 Impacts de la résistance antimicrobienne sur la santé publique

La multi-résistance aux antibiotiques constitue une menace croissante pour la santé humaine et animale, en rendant les traitements des infections bactériennes plus difficiles et en augmentant les risques de propagation de bactéries résistantes au sein des populations (Abd El-Hack et al., 2022a,b). Les infections alimentaires, souvent associées à la consommation de produits d'origine animale contaminés, comme la viande de poulet et les œufs, engendrent une hausse des risques sanitaires, des coûts de soins, ainsi que des complications graves pour les patients (Barreto et al., 2016).

Cette résistance compromet également les traitements vétérinaires et humains, réduisant l'efficacité des antimicrobiens disponibles et facilitant la dissémination de pathogènes résistants à l'échelle mondiale (PenhaFilho et al., 2023). Elle représente un défi majeur pour les systèmes de santé publique, nécessitant une surveillance accrue, une meilleure gestion des antibiotiques, et des stratégies globales pour limiter son impact croissant.

7. Stratégies de lutte contre l'antibiorésistance chez *Salmonella* en élevage avicole

Pour répondre à ces préoccupations, des stratégies alternatives sont mises en avant. L'union européenne a interdit l'utilisation des antibiotiques comme promoteurs de croissance, et les États-Unis ont restreint leur usage en aviculture. En conséquence, l'attention se porte sur des substituts tels que les probiotiques, les prébiotiques, les symbiotiques et les postbiotiques. Ces alternatives favorisent l'équilibre du microbiote tout en réduisant le recours aux antibiotiques, ce qui limite le risque de résistance et préserve les bactéries bénéfiques capables de combattre les agents pathogènes (Rahman et al., 2022).

7.1 Méthodes de détection de la résistance aux antibiotiques

Les technologies génotypiques et phénotypiques, y compris les antibiogrammes, sont couramment utilisées pour détecter la résistance aux antibiotiques chez *Salmonella*. Des outils automatisés, tels que le Crystal Diagnostics Xpress System® (CDx), approuvé par la FDA, apportent des avancées importantes. Toutefois, il n'existe pas encore de norme universelle permettant de prédire de manière fiable la résistance des souches hétéro-réistantes, même avec des techniques avancées comme le séquençage génomique complet (WGS) (Zwe et al., 2020).

Les systèmes automatisés récents, comme FASTinov®, montrent un potentiel prometteur pour améliorer la précision des tests de sensibilité aux antibiotiques (Andrade et al., 2020). Cependant, de nombreux biosenseurs conçus pour des tests rapides sur le terrain attendent encore une approbation réglementaire. Par ailleurs, des approches combinées intégrant antibiogrammes, technologies avancées, probiotiques et vaccins sont cruciales pour contrôler la propagation de *Salmonella* multirésistante (Wu et Hulme, 2021).

7.2 Réglementation et surveillance de l'usage des antimicrobiens en élevage avicole

Entre novembre 2016 et décembre 2018, le Pakistan a signalé environ 5 274 cas de fièvre typhoïde multirésistante (XDR) (Butt et al., 2022), mettant en lumière l'ampleur croissante de la résistance antimicrobienne. En réponse à cette montée en flèche de la résistance, l'Organisation mondiale de la santé (OMS) a émis des recommandations visant à encadrer l'utilisation des antimicrobiens dans les animaux producteurs de denrées alimentaires (Ramtahal et al., 2022). Parallèlement, la FDA (Food and Drug Administration) des États-Unis a mis en place des mesures strictes pour limiter l'utilisation des antibiotiques en agriculture, réduire leur présence dans les animaux d'élevage et la volaille, et instaurer une surveillance vétérinaire pour garantir un usage thérapeutique approprié (Elsayed et al., 2024).

7.3 Alternatives aux antibiotiques

La résistance antimicrobienne (RAM) constitue un problème de santé mondial croissant, compliquant le traitement des infections bactériennes, notamment celles causées par *Salmonella* (Rodrigues et al., 2020). Face à ce défi, plusieurs alternatives aux antibiotiques sont activement étudiées, telles que les probiotiques, les prébiotiques, les

phytobiotiques, ainsi que d'autres solutions innovantes, afin de lutter contre les micro-organismes résistants (Abd El-Hack et al., 2022a, b).

7.3.1 Prébiotiques

Les prébiotiques et les probiotiques jouent un rôle essentiel dans le soutien de la santé intestinale et le maintien de l'équilibre de la flore intestinale bénéfique chez les volailles. Selon l'Association scientifique internationale pour les probiotiques et les prébiotiques, les prébiotiques sont définis comme « des substrats exploités sélectivement par les micro-organismes de l'hôte, apportant un avantage pour la santé » (Gibson et al., 2017).

7.3.2 Probiotiques

Les probiotiques, également appelés microorganismes administrés directement (Direct-Fed Microbial ou DFM), sont définis par la FAO comme « des micro-organismes vivants qui, lorsqu'ils sont administrés en quantités adéquates, confèrent un bénéfice pour la santé de l'hôte » (Leistikow et al., 2022). Ce terme a été introduit par Lilly et Stillwell, qui les ont décrits comme « des facteurs de croissance produits par des micro-organismes » (Jasim, 2020).

En aviculture, les probiotiques couramment utilisés incluent des *Bacillus* spp. sporulants, des levures *Saccharomyces* et diverses bactéries telles que *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Lactobacillus* et *Bifidobacterium* spp. (Popov et al., 2021). Les formulations multi-espèces sont privilégiées pour leur effet synergique (Krysiak et al., 2021).

7.3.3 Symbiotiques

Les symbiotiques représentent une association synergique de prébiotiques et de probiotiques, conçue pour améliorer la santé intestinale de manière plus efficace qu'une utilisation séparée de ces deux éléments. Définis pour la première fois par Gibson et Roberfroid en 1995 (Kolida et Gibson, 2011), les symbiotiques permettent aux prébiotiques de nourrir et de soutenir les probiotiques, favorisant ainsi leur survie tout en empêchant les pathogènes de coloniser la paroi intestinale. Cette combinaison offre des avantages significatifs pour l'hôte en optimisant les effets bénéfiques des probiotiques (Khomayezi et Adewole, 2022). Selon la FAO, il ne doit être utilisé que si l'effet sur la santé résulte véritablement d'une action synergique entre les deux composants (Kumar et al., 2015).

7.3.4 Phytobiotiques

Les phytobiotiques, également appelés phytogéniques ou phytocomposés, sont des substances biologiquement actives dérivées des plantes, utilisées comme additifs alimentaires dans la production animale, notamment en aviculture. Elles sont appréciées pour leurs bienfaits pour la santé et leurs propriétés favorisant la croissance. Parmi ces substances bioactives, on trouve les saponines, les flavonoïdes, les terpénides et les alcaloïdes (Yang et al., 2015). Ces composés possèdent des propriétés antioxydantes, antivirales, antimicrobiennes, anticoccidiennes, antiparasitaires, immunomodulatrices, anti-inflammatoires, et stimulent le système endocrinien (Arain et al., 2022).

7.3.5 Bactériophages

Les bactériophages, virus qui ciblent spécifiquement les bactéries, injectent leur ADN dans l'hôte pour se multiplier, provoquant ainsi la lyse bactérienne. Dans le cycle lysogénique, leur ADN peut s'intégrer au génome bactérien et rester dormant sans causer de lyse immédiate (Sharma, 2022). Utilisés comme alternatives aux antibiotiques, les bactériophages se distinguent par leur spécificité, leur innocuité pour la flore intestinale normale et leur faible potentiel allergisant. Par exemple, un traitement par bactériophages a permis de réduire de 93 % la quantité de *Salmonella Enteritidis* sur des carcasses de volaille contaminées (Iqbal et al., 2016).

Ces approches présentent plusieurs avantages : elles n'entraînent pas de résidus dans les produits animaux, favorisent une flore intestinale bénéfique, réduisent les micro-organismes nuisibles, optimisent la croissance animale et minimisent l'impact environnemental (Abd El-Hack et al., 2022a, 2022b). Cependant, il est crucial qu'elles ne contribuent pas à la résistance aux antibiotiques (Salem et al., 2023). Bien que prometteuses, ces méthodes nécessitent encore des recherches approfondies pour combler les lacunes et atteindre une efficacité comparable à celle des antibiotiques traditionnels (Elsayed et al., 2024).

Partie expérimentale

Matériel et méthodes

II. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1. Objectifs

Devant l'absence de données épidémiologiques qui autorisent une étude de la résistance bactérienne à plusieurs antibiotiques, le choix de ces derniers est tout à fait arbitraire. Cela mène à un usage anarchique des antibiotiques, qui se traduit par l'inefficacité des traitements et l'apparition de souches multirésistantes. Il convient de rappeler que les objectifs de cette étude sont les suivants :

- ❖ Évaluer la prévalence des salmonelloses aviaires, l'une des principales pathologies en élevage avicole.
- ❖ Mettre en évidence les principales lésions macroscopiques associées aux différentes formes de salmonelloses (Pullorose, Typhose, Parathyphose, Arizonose) chez les sujets suspects, à travers un examen nécropsique approfondi.
- ❖ Procéder à l'isolement et à l'identification microbiologique de *Salmonella* spp. à partir d'une analyse bactériologique du foie et de la rate, organes filtres où le germe se concentre, chez des sujets autopsiés atteints d'une des formes de salmonellose mentionnées précédemment.
- ❖ Compléter l'analyse bactériologique par la détermination du sérotype des isolats à l'aide de sérum de groupe O (LPS) et flagellaires H, selon le schéma conventionnel, afin d'identifier précisément le sérovar.
- ❖ Déterminer la sensibilité de ces souches aux douze molécules antibiotiques couramment employées en médecine vétérinaire et humaine, afin d'évaluer leur efficacité et de mieux appréhender les profils de résistance éventuels.
- ❖ Identifier les souches multirésistantes et analyser le profil de résistance (antibiotype) des isolats de *Salmonella* spp., en mettant l'accent sur le risque potentiel de transmission à l'Homme.
- ❖ Déetecter, parmi ces isolats, les souches dites rebelles, productrices de β-lactamases à spectre élargi (BLSE).

2. Cadre spatio-temporel de l'étude

L'étude s'est étalée sur une période de deux ans, de juin 2018 jusqu'à juillet 2020. Elle comprends 51 élevages, dont 26 élevages de poulets de chair de type industriel et 25 élevages de poule pondeuse. Leurs capacités d'élevage varient de 2400 à 10 000 oiseaux par bâtiment, situés dans la région Centre et Nord-Est d'Algérie (wilayas de Bordj Bou Arréridj, Bouira, Boumerdes et Alger), ayant bien voulu participer volontairement au travail. Cinq à dix poulets ont été sélectionnés dans chaque élevage. Notre choix s'est porté sur cette région car on y trouve la plus grande partie de la production intensive de volailles. Elle nous a donc semblé être une zone potentiellement à risque pour la circulation et la transmission des agents pathogènes chez les volailles, et donc particulièrement adaptée pour réaliser notre étude. Les élevages où nous avons effectué les prélèvements ont été ciblés. Ces élevages sont répartis dans quatre wilayas de l'Est et du Centre algérien (voir **figure2**).

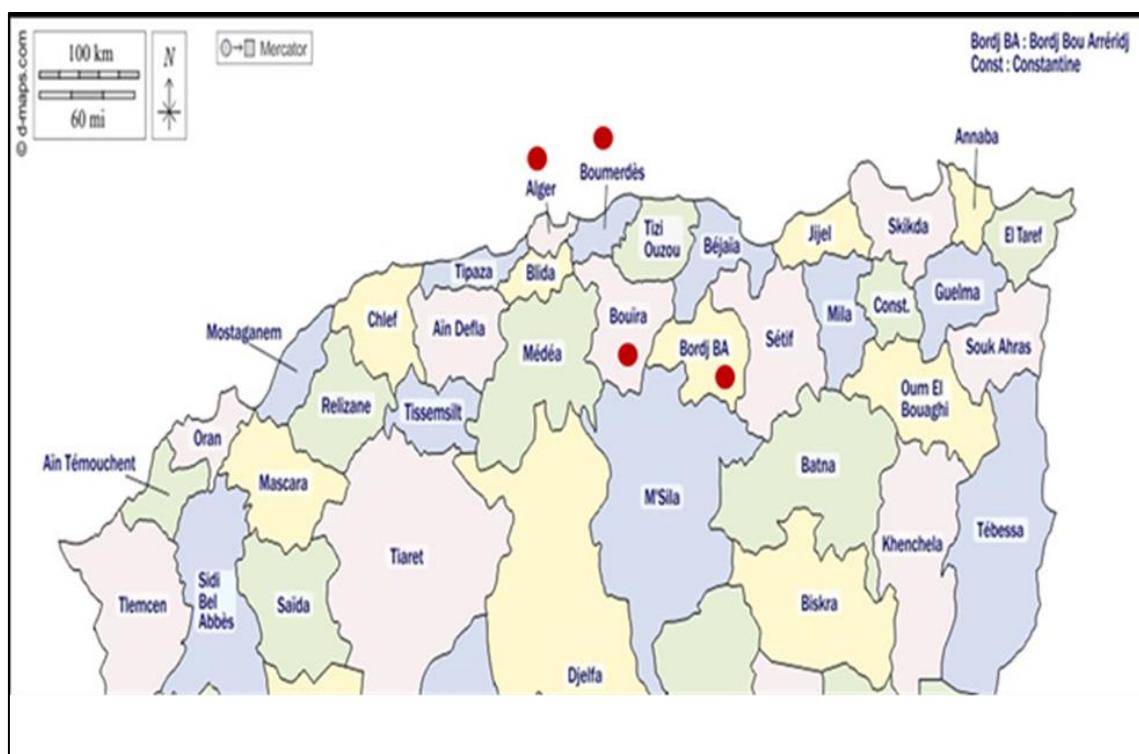


Figure 2: Carte de la région centre montrant les quatre wilayas concernées par l'étude (établie par d-maps.com)

3. Echantillonnage et prélèvement

Un total de 270 échantillons de foie et de rate a été collecté de manière aseptique à partir de poulets de chair et de poules pondeuses fraîchement morts, issus d'élevages avec une mortalité anormalement élevée. Les prélèvements ont été effectués en laboratoire, immédiatement après l'autopsie des sujets. Ces sujets présentaient des lésions macroscopiques typiques de différentes formes de la salmonellose : pullorose typhose parathyphose.., notamment des foyers nécrotiques dans le foie, un foie hypertrophié, sombre, friable, avec une teinte cuivrée et un éclat de bronze distinctifs.

3.1 Sélection des oiseaux

Les échantillons ont été collectés de manière aléatoire sur 5 à 10 oiseaux par bâtiment, ciblant ceux récemment morts ou présentant des signes cliniques évidents de maladie. Ces sujets provenaient de poulets de chair et de poules pondeuses malades, identifiés sur place par l'éleveur ou le personnel de suivi vétérinaire.

3.2 Transport et stockage

Une fois prélevés, les échantillons ont été placés dans une glacière maintenue à une température de +4°C pour garantir leur intégrité microbiologique pendant le transport jusqu'au laboratoire d'hygiène et d'inspection des D.A.O.A, et CHU de Sétif où ils ont été soumis à des analyses bactériologiques . Les réactifs ainsi que les milieux de culture utilisés pour ces analyses sont détaillés dans l'Annexe 1.

3.3 implications des éleveurs

Avant le prélèvement, la coopération des éleveurs a été sollicitée. Ceux-ci ont été informés des objectifs de l'étude et des procédures à suivre. Leur consentement verbal a été obtenu pour permettre la collecte des échantillons dans leurs élevages. Aucun des troupeaux inclus dans l'étude n'avait été vacciné contre la salmonellose, ce qui a été confirmé par les éleveurs.

Ces précautions méthodologiques ont permis d'assurer des prélèvements fiables et représentatifs, tout en respectant les conditions nécessaires pour préserver la qualité des échantillons et garantir la précision des analyses bactériologiques ultérieures.

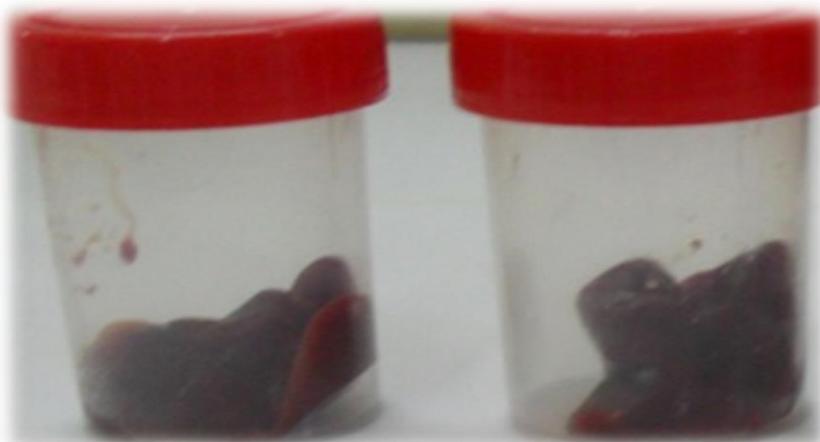
4. Méthodes

4.1 Autopsie

L'autopsie constitue une étape essentielle pour établir un diagnostic précis des pathologies aviaires. Elle nécessite non seulement une bonne maîtrise des techniques spécifiques et une connaissance approfondie de l'anatomie normale des organes, mais aussi une capacité à identifier les lésions les plus fréquemment observées. Dans ce cadre, le protocole adopté pour nos travaux, inspiré de celui décrit par Majo et Dolz (2012), suit une démarche méthodique et rigoureuse. Ce protocole assure une évaluation exhaustive et ordonnée, facilitant ainsi l'identification précise des maladies aviaires.

Les autopsies ont été réalisées dans un environnement stérile au laboratoire, garantissant des conditions optimales pour l'examen des échantillons.

Après l'ouverture des carcasses, les organes ciblés, le foie et la rate, ont été soigneusement extraits à l'aide de ces instruments préalablement stérilisés. Les échantillons prélevés ont été déposés dans des pots stériles étiquetés afin d'assurer leur traçabilité et leur identification. La figure ci-dessous illustre le prélèvement du foie et de la rate dans des pots stériles, réalisé dans le cadre de l'étude.



**Figure 3 : Prélèvements d'organes (foie et rate) dans les pots stériles
(Photo personnelle)**

4.2 Bactériologie

Les analyses bactériologiques ont été réalisées conformément à la norme EN/ISO 6579 2002/Amd1:2007, qui définit le protocole de détection des *Salmonella* spp. dans les denrées alimentaires et les aliments pour animaux (ISO, 2007).

4.2.1 Préparation de l'échantillon

Les surfaces des foies et des rates sont flambées pour garantir leur stérilité, comme illustré dans la figure 4. Ensuite, ces organes sont découpés en petits fragments de façon aseptique à l'aide d'une pince et de ciseaux stérilisés, puis regroupés dans un pot stérile.



Figure 4: Stérilisation par flambage de la surface du foie (photo personnelle)

4.2.2 Culture bactériologique

Classiquement, le processus d'isolement et d'identification des *Salmonella* spp. repose sur une succession de quatre étapes distinctes et complémentaires.

❖ Pré-enrichissement

Une quantité de 25 grammes du mélange de foie et de rate soigneusement prélevée, est pré-enrichie dans 225 millilitres d'eau peptonée tamponnée (EPT) (Bioscan, Algérie) (figure 5). Cette préparation a ensuite été placée en incubation à une température de 37 °C pendant une durée comprise entre 18 et 24 heures, afin de favoriser la croissance éventuelle des bactéries présentes .

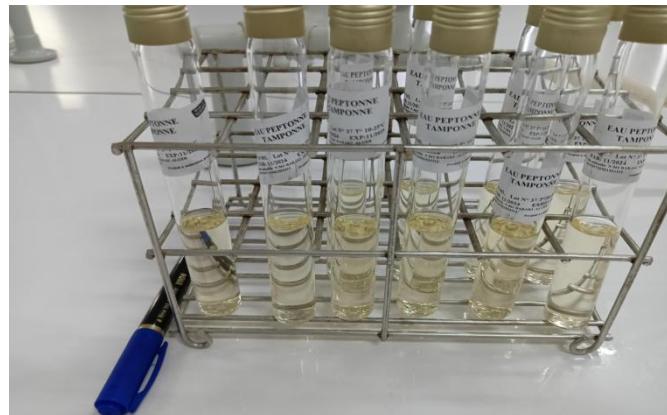


Figure 5: Tubes de pré-enrichissement en eau peptonée tamponnée (EPT) (photo personnelle)

❖ **Enrichissement**

Un double enrichissement sélectif a été réalisé en utilisant deux bouillons sélectifs à savoir : le bouillon d'enrichissement au sélénite-cystéine (SC) et le bouillon Rappaport-Vassiliadis (RV). Pour cela, 1 mL de l'EPT a été inoculé dans un tube contenant le bouillon SC, tandis que 0,1 mL de l'EPT a été inoculé dans un tube contenant le bouillon RV (Figure 6). Les tubes ont ensuite été incubés pendant 18 à 24 heures, à 37 °C pour le SC et à 41,5 °C pour le RV.



Figure 6: Enrichissement sélectif des échantillons dans le bouillon Rappaport-Vassiliadis (photo personnelle)

❖ **Isolement sélectif**

Les échantillons enrichis ont étéensemencés par la technique d'épuisement sur des milieux sélectifs, à savoir les géloses Xylose-Lysine-Désoxycholate (XLD) (Bioscan, Algérie) et Hektoën (Bioscan, Algérie). Les boîtes ont ensuite été incubées à 37 °C pendant 24 heures. Ces milieux sont utilisés pour leur capacité à favoriser la croissance des bactéries du genre *Salmonella* tout en inhibant celle des bactéries compétitrices. La gélose Hektoën contient notamment du lactose, du saccharose et de la salicine, ainsi que des indicateurs de pH et des sels de fer, permettant de différencier les entérobactéries en fonction de leur capacité à fermenter les sucres ou à produire du sulfure d'hydrogène (H_2S). De plus, une épreuve de l'oxydase peut être réalisée en parallèle pour différencier les colonies suspectes de *Salmonella* d'autres espèces comme *Pseudomonas aeruginosa* (**Figure 7**).



Figure 7: Colonies de *Salmonella* sur gélose Hektoën (photo personnelle)

Sur la gélose Xylose-Lysine-Désoxycholate (XLD), le développement de *Salmonella* est facilité par la composition spécifique du milieu, conçu pour différencier les entérobactéries sur la base de leurs activités métaboliques. Ce milieu contient du xylose, du lactose, du saccharose, de la lysine, ainsi que des sels de fer et des indicateurs de pH. *Salmonella* y est généralement différenciée des autres bactéries par son incapacité à fermenter le lactose et le saccharose, ainsi que par sa capacité à décarboxyler la lysine, entraînant une alcalinisation du milieu. Par ailleurs, la production de sulfure d'hydrogène (H_2S) en présence de sels de fer permet la formation de précipités de sulfure de fer. Ces

propriétés biochimiques sont exploitées pour la mise en évidence et l'isolement sélectif de *Salmonella*. (voir **figure 8**).

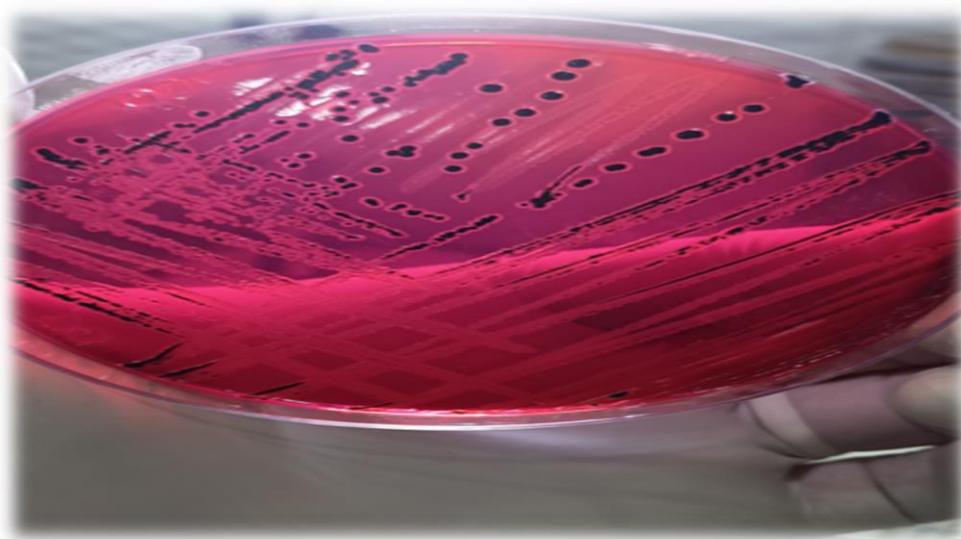


Figure 8 : Colonies de *Salmonella* sur gélose XLD (photo personnelle)

4.3 Confirmation biochimique

La confirmation biochimique des isolats a été effectuée en deux étapes :

4.3.1 Test sur TSI et Urée indole

Les isolats bactériens suspectés d'appartenir au genre *Salmonella* ont été soumis à des tests biochimiques de confirmation. Ils ont étéensemencés par strie en surface et par piqûre en profondeur dans des tubes de gélose T.S.I. (Triple Sugar Iron Agar, IPA, Algérie), puis incubés à 37 °C pendant 18 heures. Ce milieu permet d'évaluer la fermentation du glucose, du lactose et du saccharose, ainsi que la production de gaz et de sulfure d'hydrogène (H₂S). Parallèlement, des milieux spécifiques tels que l'urée et l'indole ont été utilisés afin d'examiner respectivement l'activité uréasique et la production d'indole, contribuant ainsi à l'identification biochimique des isolats suspects.

L’interprétation des résultats obtenus à partir du milieu Triple Sugar Iron (TSI) repose sur l’observation des modifications de couleur du milieu, ainsi que sur la détection éventuelle de la production de gaz et de sulfure d’hydrogène (H₂S). Ce milieu permet d’évaluer la fermentation du glucose, du lactose et du saccharose, ainsi que les réactions de décarboxylation et la capacité à produire du H₂S en présence de sels de fer. L’ensemble de ces paramètres contribue à la caractérisation biochimique des isolats (voir figure 9).

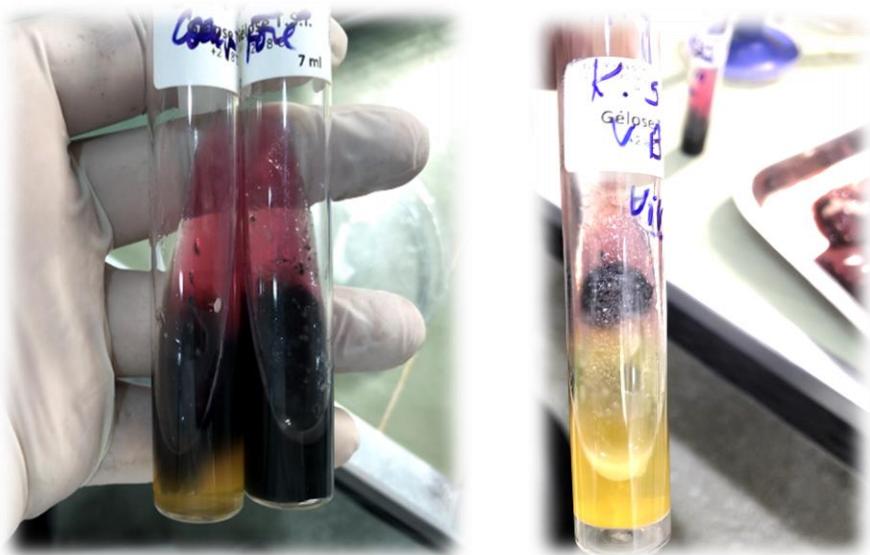


Figure 9 : *Salmonella Enteritidis* et *Salmonella Gallinarum* sur gélose TSI (Photo personnelle)

4.3.2 Identification par la galerie API 20E

L’identification des isolats bactériens a été complétée à l’aide de la galerie API 20E (BioMérieux, Marcy l’Étoile, France), conçue pour réaliser vingt tests biochimiques standards, ainsi qu’un 21^e test, l’oxydase, effectué en dehors de la galerie, détaillés en annexe 2.

Pour cela, une suspension bactérienne a été préparée à partir de colonies isolées des échantillons suspects, en utilisant de l’eau physiologique stérile. La turbidité de la suspension a été ajustée à 0,5 sur l’échelle de McFarland, correspondant à une concentration de 1×10^8 UFC/mL. La suspension bactérienne a ensuite été introduite dans les 20 microtubes de la galerie API 20E à l’aide d’une pipette Pasteur stérile, conformément aux recommandations du fabricant. La galerie a été incubée à 37 °C pendant 24 heures.

Après incubation, les résultats ont été analysés en comparant le profil biochimique des isolats avec le codage numérique fourni par le système API 20E, suivant les recommandations du fabricant.

❖ **Interprétation de la galerie**

Pour l'identification biochimique fine des isolats, la galerie API 20E (bioMérieux, France) a été utilisée. Il s'agit d'un système miniaturisé standardisé comportant 20 tests biochimiques destinés à l'identification des entérobactéries et autres bacilles à Gram négatif. Les tests sont regroupés en séries de trois, chaque test se voyant attribuer une valeur binaire (1, 2 ou 4) en fonction de sa position dans le groupe. Les réactions positives sont additionnées dans chaque groupe pour générer un chiffre, conduisant ainsi à un profil numérique codé sur 7 chiffres. Le test de l'oxydase, réalisé séparément, peut être intégré à l'interprétation selon les recommandations du fabricant, notamment en lui attribuant la valeur 4 en cas de résultat positif.

Après incubation de la galerie selon les conditions spécifiées (généralement à 37 °C pendant 18 à 24 heures), le profil obtenu est interprété à l'aide du logiciel **Apiweb™** (version API 20E V4.1, bioMérieux), par saisie manuelle du code à 7 chiffres. Ce système permet une identification rapide et fiable au niveau du genre et, dans certains cas, de l'espèce.

4.4 Caractérisation sérologique des bactéries, ou la sérotypie par méthode d'agglutination rapide sur lame.

La confirmation sérologique des isolats bactériens présumés du genre *Salmonella* a été réalisée par la technique d'agglutination sur lame. Le sérotypage a été effectué au laboratoire central du CHU de Sétif, conformément au schéma de classification de Kauffmann-White-Le Minor. Cette méthode repose sur l'utilisation de sérum monovalents anti-O et anti-H (Bio-Rad, France ; Siemens, Suède), spécifiques des antigènes (O) et (H) présents à la surface des bactéries.

Les antigènes O, constitués de lipopolysaccharides, et les antigènes H, de nature protéique, sont détectés par agglutination visible sur lame en présence du sérum correspondant. Les tests ont été réalisés selon un protocole standardisé, en utilisant des suspensions

bactériennes issues de cultures récentes. Cette approche sérologique permet de déterminer avec précision le profil antigénique des isolats et d'orienter leur identification au niveau du sérovar.

4.4.1 Préparation des souches

Les souches bactériennes conservées ont été réactivées en prélevant une petite quantité de culture à l'aide d'une anse stérile à partir du milieu de conservation. L'ensemencement a été effectué dans des tubes contenant du bouillon nutritif (BN), suivis d'une incubation à 37 °C pendant 18 heures. Par la suite, une goutte du bouillon de culture a été ensemencée sur un milieu non sélectif tel que le tryptone soja agar (TSA), en accord avec les recommandations du fabricant des sérum utilisés pour la confirmation sérologique. Les boîtes ont été incubées à 37 °C pendant 18 à 24 heures, ou plus si nécessaire, en fonction des caractéristiques de croissance de la souche.

4.4.2 Contrôle des réactifs

Pour contrôler la qualité des réactifs, une goutte de réactif (environ 30 µL) est déposée dans un puits, puis mélangeée à une goutte de sérum physiologique (environ 30 µL). L'absence d'agglutination indique que le réactif est de bonne qualité et peut être utilisé. En revanche, si une agglutination est observée, le réactif est considéré comme défectueux et doit être remplacé.

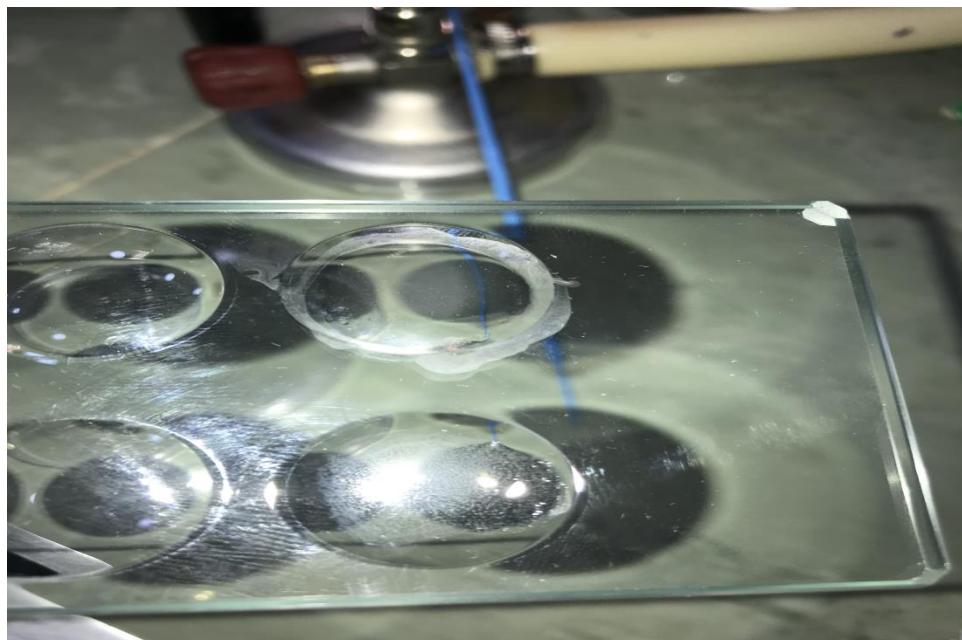
4.4.3 Test d'agglutination

Le test d'agglutination a été réalisé en mélangeant une goutte de sérum polyvalent anti-O et anti-H, correspondant aux différentes phases de *Salmonella*, avec une petite quantité de culture bactérienne fraîche prélevée à l'aide d'une anse stérile, puis déposée sur une lame de sérotypage propre et sèche. L'ensemble a été soigneusement homogénéisé afin d'observer une éventuelle réaction d'agglutination, permettant ainsi l'identification sérologique de la souche bactérienne isolée.

4.4.4 Lecture et Interprétation des résultats

Une réaction positive a été identifiée par une agglutination visible, survenant immédiatement après le mélange de la suspension bactérienne avec le sérum spécifique sur une lame de verre. Cette réaction, caractéristique d'une interaction antigène-anticorps, indique la présence des antigènes (O) ou (H) spécifiques de *Salmonella*. La manipulation a été réalisée selon les recommandations des fabricants de sérum, dans des conditions d'observation optimales (éclairage adéquat, fond sombre si nécessaire).

Une illustration de la réaction d'agglutination observée est présentée à la Figure 10, issue des manipulations réalisées dans le cadre de cette étude, et témoignant du protocole suivi pour l'identification sérologique des sérovars.



**Figure 10 : Test de sérotypage de *Salmonella* par agglutination sur lame
(photo personnelle)**

La lecture doit être effectuée immédiatement après l'agitation. Lors du test, des agglutinats colorés apparaissent en moins de 30 secondes. Le sérotypage de *Salmonella* a été réalisé selon le schéma de White-Kauffmann-Le Minor (WKLM) (Grimont et Weill, 2007). Ce tableau de référence, régulièrement mis à jour (Guibourdenche et al., 2010), permet d'attribuer un sérovar spécifique à chaque isolat en fonction des antigènes détectés.

L'absence de vaccination garantit qu'aucune interférence vaccinale n'a pu altérer les résultats des tests sérologiques, assurant ainsi une identification précise des sérovars

4.5 Détermination de la sensibilité aux antibiotiques

La sensibilité des isolats de *Salmonella* aux antibiotiques a été évaluée par la méthode standard de diffusion en gélose selon Kirby-Bauer, sur milieu Müller-Hinton (Institut Pasteur d'Algérie). Cette méthode a été appliquée conformément aux recommandations du *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI), en cohérence avec les directives de l'organisation Mondiale de la Santé relatives à la surveillance de la résistance antimicrobienne chez les zoonoses alimentaires.

Bien que le dépistage de routine des salmonelles repose généralement sur l'évaluation de la sensibilité à l'ampicilline, à une quinolone (comme la ciprofloxacine ou la nalidixique) et au triméthoprime-sulfaméthoxazole, cette étude a intégré un panel élargi d'antibiotiques, incluant à la fois des molécules d'usage humain et vétérinaire. Cette approche vise à obtenir une caractérisation plus approfondie des profils de résistance, dans un contexte de surveillance intégrée "One Health" et de lutte contre l'antibiorésistance. Les diamètres d'inhibition ont été mesurés en millimètres après 18 à 24 h d'incubation à 37 °C, puis interprétés selon les seuils cliniques définis par le CLSI (dernière version disponible au moment de l'étude).

4.5.1 Choix des antibiotiques

Les antibiotiques testés ont été rigoureusement sélectionnés sur la base des recommandations nationales en matière d'antibiogramme appliquées aux *Enterobacteriaceae* (2014), en tenant compte à la fois de leur usage en médecine humaine et vétérinaire. Ce panel a été conçu pour refléter au mieux les pressions antimicrobiennes rencontrées dans les contextes cliniques et zootechniques. Le tableau suivant (Tableau X) récapitule les molécules retenues, leurs classes pharmacologiques respectives, ainsi que les concentrations des disques utilisés.

Tableau 4 : Disque antibiotique retenue pour l'Antibiogramme

Famille	Antibiotiques testés	Charge du disque (μg)	Sigle	Origine
Bétalactamines	Amoxicilline/Ac clavulanique*	20/10	AMC	Bio-RAD France
	Cefotaxime*	30	CTX	
	Ampicilline	10	AMP	
Phénicolés	Chloramphénicol	30	CHL	
Polypeptides	Colistine sulfate	10	CS	
Aminosides	Néomycine	30	NEO	Bio-RAD France
	Gentamicine	10	GEN	
Sulfamides	Triméthoprime-sulfaméthoxazole	25	SXT	
Furanes	Nitrofurantoïne	300	NIT	
Cyclines	Tétracycline	30	TE	Bio-RAD France
Quinolones	Acide nalidixique	30	NA	
	Enrofloxacine	5	ENR	

* : Antibiotiques utilisés pour le test de dépistage des BLSE

4.5.2 Application des disques d'antibiotiques

À partir d'une culture bactérienne pure et fraîchement cultivée sur gélose BHIA, une suspension bactérienne de concentration équivalente à 0,5 McFarland a été préparée. L'écouillon stérile a été utilisé pour étaler cette suspension sur une gélose MH (IPA, Algérie). Les disques antibiotiques (Bio-Rad, France) ont ensuite été disposés sur la surface.

- ❖ Il est recommandé de ne pas placer plus de 6 disques d'antibiotiques dans une boîte de Petri de 90 mm de diamètre.
- ❖ Les disques d'antibiotiques doivent être espacés de 24 mm de centre à centre. Il est essentiel de presser chaque disque à l'aide de pinces pour assurer un contact adéquat avec la surface du milieu.

- ❖ Une fois en place, les disques ne doivent pas être déplacés afin de préserver la fiabilité des résultats.

Une fois appliqués à la surface de la gélose, les disques d'antibiotiques libèrent progressivement leur principe actif, qui diffuse de manière radiale dans le milieu solide. Cette diffusion crée un gradient de concentration décroissant à mesure que la distance par rapport au disque augmente. La concentration d'antibiotique est maximale au centre, au contact direct du disque, et diminue progressivement vers la périphérie. Si la bactérie testée est sensible à l'antibiotique, elle ne pourra pas se développer dans la zone où la concentration est suffisante pour inhiber sa croissance. Après une incubation de 18 à 24 heures à une température contrôlée de 35 ± 2 °C, des zones d'inhibition circulaires bien définies apparaissent autour des disques. Ces zones, correspondant à l'absence de croissance bactérienne, sont mesurées en millimètres et reflètent l'efficacité de l'antibiotique vis-à-vis de la souche testée.

4.5.3 Lecture des résultats de l'antibiogramme

Le diamètre des zones d'inhibition a été mesuré à l'aide d'un pied à coulisse, en prenant soin de réaliser les mesures à travers le couvercle fermé de la boîte de Pétri afin d'éviter toute contamination. Les diamètres obtenus ont ensuite été comparés aux valeurs seuils définies pour les zones d'inhibition et les concentrations minimales inhibitrices (CMI) des entérobactéries, selon les critères établis par le Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2020 ; voir annexe 3). Sur cette base, chaque isolat bactérien a été classé dans l'une des trois catégories suivantes : **Sensible (S)**, **Intermédiaire (I)** ou **Résistante (R)**. Par ailleurs, la souche de référence *Escherichia coli* ATCC 25922 a été utilisée comme contrôle qualité afin de vérifier la fiabilité de la technique et l'activité des antibiotiques testés.

4.5.4 Indice de multirésistance aux antibiotiques

L'indice de multirésistance aux antibiotiques (MARI) a été calculé selon la formule **MARI = a/b**, où **a** représente le nombre d'antibiotiques pour lesquels un isolat s'est avéré résistant, et **b** correspond au nombre total d'antibiotiques testés. Cet indice est un outil essentiel pour évaluer le niveau de multirésistance bactérienne et identifier les isolats provenant d'environnements à forte pression antibiotique, qui présentent un risque accru pour la santé publique (Krumperman, 1983).

4.5.5 Détection des β -lactamases à spectre étendu (BLSE) chez les entérobactéries

La mise en évidence des souches productrices de β -lactamases à spectre étendu (BLSE) a été réalisée selon la méthode décrite par Jarlier et al. (1988), dans les conditions standardisées de l'antibiogramme. Pour ce test, un disque d'amoxicilline-acide clavulanique (AMC, 20/10 µg) a été placé à une distance de 30 mm (de centre à centre) d'un disque de céfotaxime (CTX, 30 µg) sur une gélose Mueller-Hinton ensemencée avec la souche à tester.

Après incubation à 35 ± 2 °C pendant 18 à 24 heures, l'apparition d'une zone d'inhibition en forme de « sablier » ou d'un élargissement net entre les deux disques (effet synergique) a été considérée comme un indicateur de production de BLSE. Les souches suspectes ont été soumises à un test de confirmation utilisant la méthode du double disque, impliquant généralement l'association d'autres céphalosporines de 3^e génération (comme la ceftriaxone ou la ceftazidime) avec et sans inhibiteur de β -lactamase. L'interprétation des résultats a été réalisée selon les recommandations du CLSI (2020).

4.6 Analyse statistique

Après la création de la base de données, les analyses des résultats ont été réalisées à l'aide du logiciel Statistical Package for Social Sciences (SPSS), version 20, afin d'effectuer des analyses statistiques plus approfondies et d'extraire des tendances pertinentes à partir des données recueillies. Chaque souche isolée a été enregistrée comme une entrée distincte dans la base de données et a été soigneusement documentée avec des informations détaillées, telles que l'origine de l'échantillon, les conditions de prélèvement et les résultats des différentes analyses effectuées. Ces souches peuvent être associées à une ou plusieurs expériences, ce qui permet une exploration plus approfondie des relations entre les différentes variables étudiées.

Le logiciel SPSS offre une large gamme d'outils statistiques permettant d'examiner et de comparer les données sous divers angles. En particulier, il permet de générer des représentations graphiques sous forme de matrices visuelles, facilitant ainsi l'interprétation des résultats et l'identification d'éventuelles tendances ou regroupements.

Pour évaluer les relations entre les différentes variables quantitatives, le coefficient de corrélation de Pearson a été utilisé. Ce coefficient mesure la relation linéaire entre deux variables continues et fournit des informations précieuses sur la force et la direction de cette corrélation. Il varie entre -1 et +1, où -1 indique une corrélation négative parfaite (lorsqu'une variable augmente, l'autre diminue), +1 une corrélation positive parfaite (les deux variables évoluent dans le même sens), et une valeur proche de 0 signifie qu'il n'existe pas de relation linéaire significative entre les variables étudiées.

La significativité statistique des corrélations a été évaluée à l'aide d'un seuil de p-value inférieur à 0,05, ce qui permet d'accepter ou de rejeter l'hypothèse de corrélation en fonction du degré de confiance attribué aux résultats obtenus. L'interprétation des données a été réalisée en fonction de l'intensité de la corrélation mesurée, permettant ainsi d'identifier des associations potentiellement importantes entre les paramètres étudiés (voir Annexe 4 pour plus de détails sur les résultats des analyses statistiques).

Par ailleurs, un test de proportions à deux échantillons a été appliqué afin de comparer la prévalence de *Salmonella* entre les poulets de chair et les poules pondeuses. Ce test permet de déterminer si une différence statistiquement significative existe entre ces deux groupes en termes de taux d'infection. L'objectif de cette analyse est d'évaluer l'influence de divers facteurs, tels que les conditions d'élevage et les pratiques sanitaires, sur la fréquence d'apparition de *Salmonella* spp. dans ces populations aviaires.

Résultats et discussion

III. RESULTATS ET DISCUSSION

La surveillance des infections à *Salmonella* est cruciale pour l'industrie avicole, en raison de l'impact économique significatif de ces bactéries à l'échelle mondiale, ainsi que de leur rôle dans la transmission de maladies à l'Homme par l'alimentation et l'environnement (Farahani et al., 2023). La multirésistance microbienne représente une menace majeure pour la santé publique mondiale (El-Saadony et al., 2023 ; Marouf et al., 2023).

Dans ce contexte, la présente étude avait pour objectif d'évaluer la prévalence des espèces de *Salmonella* dans les élevages avicoles de la région centre de l'Algérie, en ciblant à la fois les poulets de chair et les poules pondeuses. Elle visait également à identifier les sérotypes circulants et à analyser leurs profils de résistance aux antibiotiques. Au total, 270 échantillons ont été prélevés dans 51 élevages, répartis en 26 élevages de poulets de chair et 25 de poules pondeuses, choisis en raison de leur poids dans la filière avicole nationale et du risque zoonotique associé aux produits d'origine aviaire.

1. Résultats nécropsiques

Lors des examens post-mortem réalisés suite à nos visites sur le terrain, nous avons observé chez les poules pondeuses et les poulets de chair plusieurs lésions caractéristiques de la salmonellose. Parmi celles-ci, une hépatomégalie marquée, une splénomégalie, ainsi que des foyers de nécrose au niveau du foie et des intestins ont été fréquemment notés. De plus, une congestion des organes internes et des lésions fibrineuses au niveau du cæcum et du péritoine ont été constatées, renforçant la suspicion d'une infection à *Salmonella*.

Chez les poules pondeuses examinées, une diarrhée jaunâtre, collante et adhérant au cloaque a été observée, comme le montre la figure ci-dessous . Cette souillure s'étend aux plumes péricloacales, formant un amas compact et desséché. La coloration jaune des fientes est marquée, et leur texture visqueuse favorise leur adhérence aux plumes environnantes. Dans certains cas, la peau autour du cloaque apparaît irritée, suggérant une possible inflammation ou irritation due à l'accumulation des excréments. Cette condition pourrait être associée à des infections bactériennes ou parasitaires, à des troubles digestifs d'origine alimentaire, ou encore à un déséquilibre de la flore intestinale.



Figure 11 : Diarrhée jaunâtre collante au cloaque de la poule pondeuse

De plus, chez cette même espèce, un foie hypertrophié avec une coloration bronze verdâtre a été observé (figure 15). Cette modification peut résulter d'une congestion sévère, d'une accumulation de pigments biliaires ou d'une nécrose hépatique, des lésions fréquemment associées aux infections systémiques comme la salmonellose.



Figure 12 : Foie élargi et coloration bronze-verte caractéristique de la fièvre typhoïde chez une poule pondeuse

De plus, chez la poule pondeuse, un foie hypertrophié de coloration brun foncé a été observé, comme le montre la figure 16. L'organe présente une surface lisse et congestionnée, avec une augmentation notable de volume. Une accumulation de graisse jaunâtre est également visible autour du foie, suggérant une possible stéatose hépatique ou un déséquilibre métabolique. Ces altérations, en complément des lésions précédemment décrites, renforcent l'hypothèse d'une atteinte systémique, probablement liée à une infection bactérienne ou à une pathologie métabolique.



Figure 13 : Foies élargis présentant des foyers nécrotiques dans le cas de la pullorose chez une poule pondeuse

En ce qui concerne les poulets de chair, nous avons également observé des foyers nécrotiques au niveau de la rate, comme l'illustre la figure 17. Ces altérations pathologiques, caractérisées par des zones blanchâtres disséminées sur le parenchyme splénique, sont évocatrices d'une infection à *Salmonella* et suggèrent une atteinte systémique.

De plus, des lésions hépatiques ont été mises en évidence, comme le montre la figure 18. Le foie présente une hypertrophie marquée, accompagnée de foyers hémorragiques sur sa surface, traduisant une atteinte hépatique sévère. Ces altérations renforcent l'hypothèse d'une infection bactérienne, telle que la salmonellose, entraînant des dommages multi-organiques.

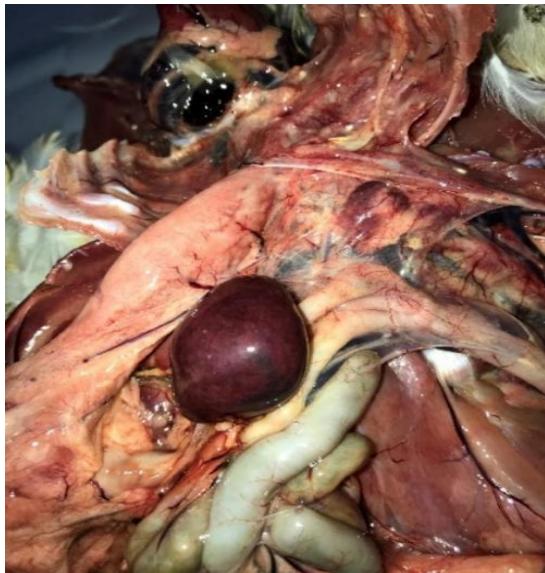


Figure 14 : Foyers nécrotiques dans la rate des poulets de chair



Figure 15 : Hypertrophie hépatique associée à des foyers hémorragiques chez un poulet de chair

1.1 Diarrhée jaunâtre collante au cloaque chez la poule pondeuse

Cette observation constitue un signe clinique fréquent et alarmant dans les infections bactériennes graves, notamment la pullorose et la fièvre typhoïde aviaire. La présence de diarrhée jaunâtre collante au niveau du cloaque est souvent le reflet d'une atteinte sévère du système digestif, accompagnée d'une septicémie généralisée causée par *Salmonella Gallinarum* ou *Salmonella Pullorum*. Ces agents pathogènes sont responsables de maladies systémiques affectant principalement les jeunes poussins dans le cas de la pullorose et les volailles adultes pour la typhose aviaire (Halder et al., 2021).

Ce symptôme clinique, bien que non spécifique, constitue un indicateur majeur du développement de ces infections bactériennes dans les élevages avicoles. Il est généralement associé à une morbidité et une mortalité élevées, compromettant ainsi la production et le bien-être des animaux. Sa détection précoce est essentielle pour la mise en place rapide de mesures sanitaires et thérapeutiques adaptées afin de limiter la propagation de l'infection et les pertes économiques associées (Hernández, 2014).

1.2 Foyers nécrotiques dans la rate des poulets de chair

Les lésions nécrotiques dans la rate sont typiques des infections systémiques graves où l'agent pathogène envahit les organes lymphoïdes, compromettant ainsi la fonction immunitaire de l'hôte (Islam, 2023). Dans ce cas, la présence de foyers nécrotiques pourrait indiquer une réponse inflammatoire intense liée à la multiplication bactérienne incontrôlée, conduisant à une destruction tissulaire massive et une altération de l'homéostasie cellulaire. Ces lésions sont souvent corrélées à des souches virulentes de *Salmonella*, en particulier *Salmonella Gallinarum* et *Salmonella Pullorum*, responsables de la fièvre typhoïde aviaire et de la pullorose, deux maladies sévères entraînant des taux de mortalité élevés dans les élevages (Julianingsih, 2023).

1.3 Foies hypertrophiés avec foyers nécrotiques

L'élargissement du foie accompagné de foyers nécrotiques est une manifestation clinique majeure de la pullorose, une infection systémique causée par *Salmonella Pullorum*. Cette affection résulte de la dissémination bactérienne *via* la circulation sanguine, entraînant une colonisation intense du foie, qui devient un site privilégié de réPLICATION bactérienne et d'accumulation de toxines. Les lésions hépatiques observées, caractérisées par des foyers nécrotiques bien délimités, traduisent une destruction tissulaire progressive due à une réponse inflammatoire exacerbée (Tiwari et al., 2021).

Ces altérations sont des marqueurs pathognomoniques essentiels, permettant de différencier la pullorose d'autres maladies hépatiques infectieuses et métaboliques affectant les volailles (Shchebentovska et al., 2021).

1.4 Foie élargi et coloration bronze-verdâtre

La coloration bronze-verdâtre du foie est une caractéristique spécifique de la fièvre typhoïde aviaire causée par *Salmonella Gallinarum*. Cette coloration est due à l'accumulation de pigments biliaires, signe de cholestase ou de nécrose hépatique avancée. Cette lésion, combinée à l'hypertrophie du foie, reflète la nature sévère et systémique de la maladie, souvent fatale si elle n'est pas traitée rapidement (Islam, 2023).

Bien que plusieurs lésions caractéristiques puissent être observées dans un tableau lésionnel de l'infection par *Salmonella*, ces signes ne sont pas suffisants pour poser un diagnostic définitif. Il est essentiel de procéder à l'isolement bactérien pour confirmer la présence de l'agent pathogène, permettant ainsi de différencier cette infection d'autres pathologies présentant des symptômes similaires.

2. Fréquence d'isolement des souches de *Salmonella* chez les poulets de chair et la poule pondeuse

Dans cette étude, un total de 270 échantillons a été analysé, parmi lesquels le genre *Salmonella* a été identifié dans 80 prélèvements, soit une fréquence de 29,63 %.

Chez les poulets de chair, sur un total de 140 échantillons, 24,28 % (n = 34) ont été confirmés positifs pour *Salmonella* spp. En revanche, parmi les 130 échantillons collectés chez les poules pondeuses, 35,38 % (n = 46) étaient contaminés par *Salmonella* spp.

Ces résultats montrent que *Salmonella* spp. est plus fréquemment isolée dans les élevages de poules pondeuses que dans ceux des poulets de chair, comme en témoigne le **tableau 5**.

Tableau 5: Pourcentage d'échantillons positifs collectés dans les fermes avicoles

Elevages	Nombre de prélèvement	Nombre de positifs	% des prélèvements positifs
Poulet de chair	140	34	24,28
Poule pondeuse	130	46	35,38
Total	270	80	29,63

2.1 Taux d'Isolement chez le Poulet de Chair

Dans le cadre de cette étude, l'isolement de *Salmonella* spp. a été réalisé à partir d'échantillons prélevés sur des poulets de chair issus des élevages étudiés. Les analyses microbiologiques ont permis de détecter la présence de la bactérie dans un pourcentage significatif des prélèvements.

La figure ci-après illustre la répartition des résultats obtenus. Un taux de **24,28 % des échantillons** s'est révélé positif à *Salmonella* spp., tandis que **75,72 % des prélèvements** étaient négatifs. Ces résultats mettent en évidence une circulation non négligeable de *Salmonella* spp. au sein des lots analysés, soulignant ainsi un risque potentiel pour la santé animale et, par extension, pour la santé publique en raison de la transmission zoonotique possible.

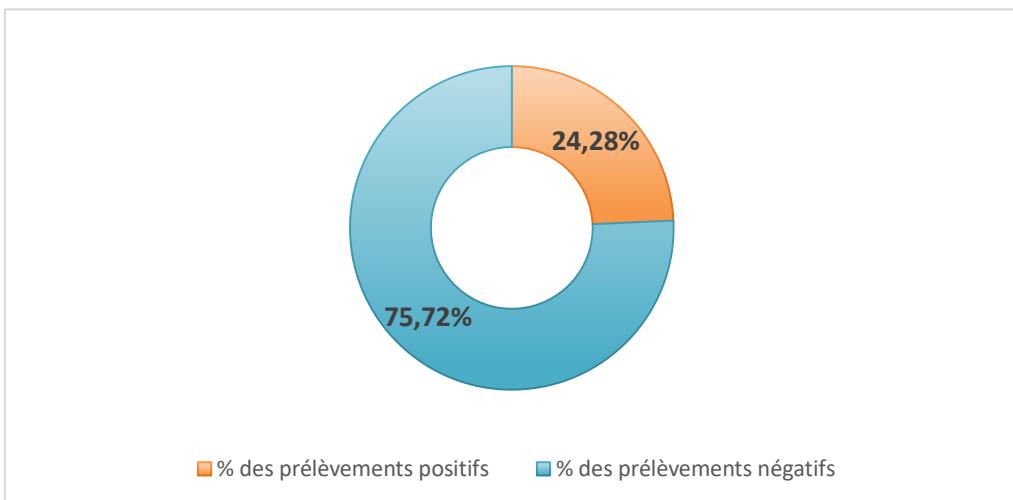


Figure 16 : Taux d'isolement chez le poulet de chair

Cette figure met en évidence un taux d'isolement de 24,28 % (34/140) chez le poulet de chair, reflétant une prévalence modérée mais significative de *Salmonella*. Ces résultats s'alignent avec des études internationales similaires, notamment en Égypte (28,6 %, 120/420) (Elkenany et al., 2019), en Libye (21 %) (Asheg et al., 2023), et en Tunisie (19,9 %) (Oueslati et al., 2021).

En revanche, ce taux est supérieur à ceux rapportés dans certaines régions, telles que Ouganda (13,46 %) (Ball et al., 2020), l'État de Kwara, au centre-nord du Nigéria (6,4 %, 58/900) (Ahmed et al., 2019), le nord-ouest de l'Espagne (1,02 %) (Lamas et al., 2016) et l'Union Européenne (1,89 %) (EFSA, 2018).

À l'inverse, des taux de prévalence plus élevés ont été signalés en Algérie (34,37 %) (Djeffal et al., 2018) et en Égypte (64 %) (Hassan et al., 2016).

Par ailleurs, Castro-Vargas et al. (2020) ont rapporté une valeur médiane mondiale de prévalence de *Salmonella* chez les poulets de chair de 40,5 %, soulignant une variabilité notable à l'échelle mondiale.

Ces résultats mettent en lumière la nécessité de renforcer les mesures de biosécurité et de surveillance dans les exploitations avicoles afin de réduire la prévalence de *Salmonella* et d'assurer une meilleure maîtrise de cette zoonose.

2.2 Taux d'Isolement chez la poule pondeuse

Les résultats obtenus montrent un taux d'isolement de *Salmonella* spp. de **35,38 %** dans les prélèvements effectués sur les poules pondeuses, tandis que **64,62 %** des échantillons se sont révélés négatifs. Ces données indiquent une prévalence non négligeable de *Salmonella* spp. au sein des élevages étudiés, mettant en évidence un risque potentiel pour la santé aviaire et la sécurité sanitaire des produits issus de ces exploitations.

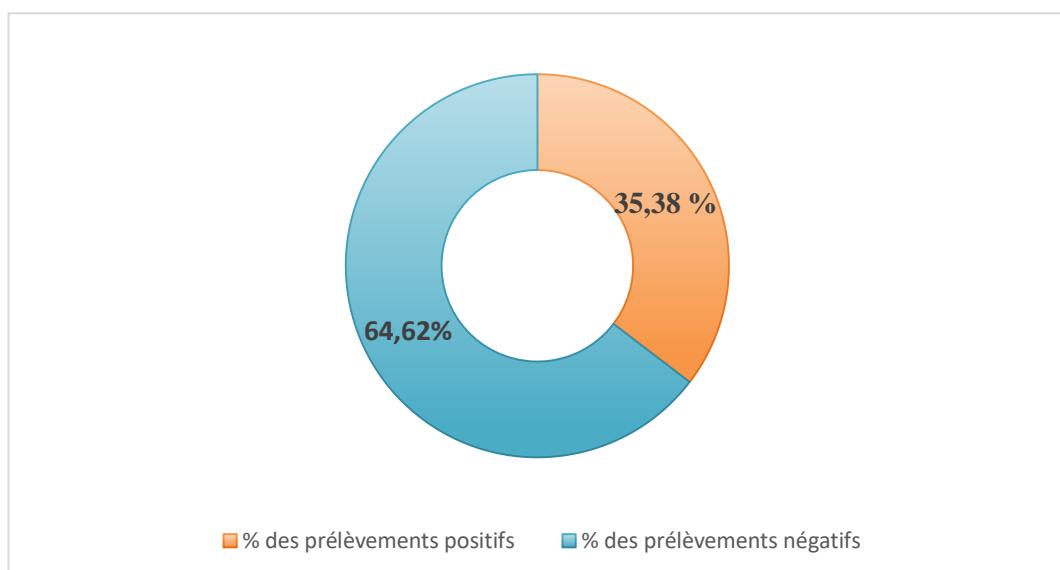


Figure 17 : Taux d'Isolement chez la poule pondeuse

L'isolement de *Salmonella* spp. a montré une fréquence élevée dans les élevages de poules pondeuses, avec un taux de contamination de 35,38 %. Cette prévalence relativement importante peut être expliquée par les conditions de stress physiologique auxquelles les poules pondeuses sont fréquemment soumises, en particulier dans les systèmes de production en cage, en milieu fermé, et durant la phase de production d'œufs.

Le taux observé dans cette étude est comparable à celui rapporté par Haque et al. (2021), qui ont trouvé une prévalence de 28 % dans leurs échantillons. Il est également en accord avec le taux trouvé en Algérie par Aboun et al. (2013), qui était de 37,5 % dans le secteur ponte, ainsi qu'avec la valeur médiane mondiale de contamination des œufs et des poules pondeuses, estimée à 40,5 % (Castro-Vargas et al., 2020).

En revanche, notre étude révèle un taux plus élevé que celui observé en Espagne, où la prévalence était inférieure à 3,5 % entre 2015 et 2020 (Samper-Cativiela et al., 2023),

et bien plus élevé que celui trouvé en Algérie par Bouzidi et *al.* (2012), où la prévalence était de seulement 0,68 % dans les élevages de poules pondeuses.

Ces résultats mettent en évidence non seulement la prévalence significative de *Salmonella* dans les élevages de poules pondeuses, mais aussi la nécessité d'une surveillance renforcée, étant donné que cet agent pathogène constitue un risque majeur pour la santé publique en raison de son caractère zoonotique.

2.3 Comparaison entre le taux d'isolement chez le poulet de chair et la poule pondeuse

Salmonella spp. a été significativement plus fréquemment isolée dans les élevages de poules pondeuses (35,38 %) que dans ceux de poulets de chair (24,28 %), avec une corrélation positive observée entre le type d'élevage et le taux d'isolement ($r = 0,321$).

Le test de comparaison des deux proportions indique une différence statistiquement significative entre les taux observés (35,38 % et 24,28 % ; $p < 0,05$). De plus, les intervalles de confiance des deux proportions sont éloignés, renforçant ainsi la robustesse de cette différence et suggérant qu'elle n'est pas due au hasard.

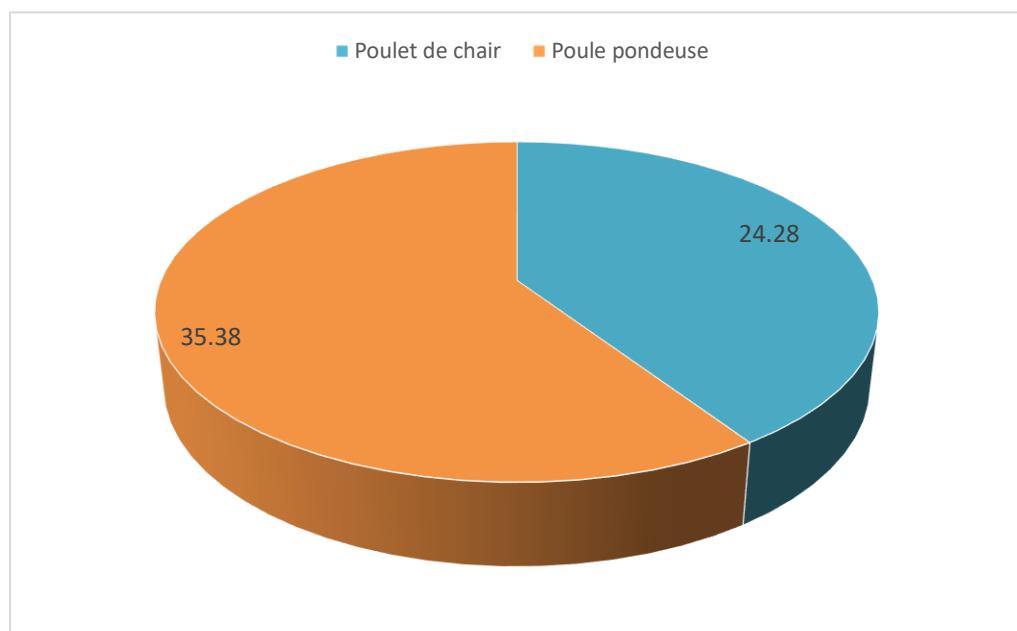


Figure 18: Comparaison entre le taux d'isolement chez le poulet de chair et la poule pondeuse

Ces résultats sont en accord avec ceux d'une étude réalisée en Bulgarie par Dimitrova (2022), qui a démontré que le pourcentage le plus élevé d'échantillons positifs concernait les poules pondeuses. De manière similaire, Elsayed et al. (2024) ont également rapporté une prévalence plus importante de *Salmonella* spp. dans les élevages de poules pondeuses par rapport aux poulets de chair. À l'inverse, des études conduites par Naurin et al. (2012) ainsi que Hasan et Lafta (2021), ont mis en évidence une prévalence significativement plus élevée de *Salmonella* chez les poulets de chair que chez les poules pondeuses.

Cette prévalence élevée dans les élevages de poules pondeuses pourrait être attribuée à l'absence de plan de contrôle rigoureux des infections à *Salmonella*, en particulier dans les élevages de poules apparemment en bonne santé (Andres et Davies, 2015).

Selon l'EFSA Panel on Biological Hazards (EFSA BIOHAZ Panel), Plusieurs facteurs peuvent directement influencer la prévalence des salmonelles, notamment les conditions environnementales, le système de gestion et la souche de poulet élevée (Koutsoumanis et al., 2019). Cette situation pourrait également s'expliquer par un niveau d'hygiène insuffisant dans les poulaillers étudiés, ainsi que par des structures de bâtiments inappropriées, certains étant construits sous forme de cerceaux et ne respectant pas les normes réglementaires.

Dans le cas des poules pondeuses, plusieurs facteurs spécifiques augmentent le risque de contamination par ce pathogène. Parmi ces facteurs figurent l'accès non contrôlé aux bâtiments de ponte, l'absence de désinfection avant le chargement des poulettes, une ventilation inadéquate, le stockage des cadavres à la ferme, la présence de rongeurs, ainsi que le nettoyage insuffisant des cages avant l'introduction de nouvelles poulettes (Bouzidi et al., 2012).

3. Sérotypage des souches isolées

L'identification des sérotypes impliqués dans les épisodes infectieux de *Salmonella* spp. est essentielle pour une compréhension précise de l'épidémiologie de cette bactérie dans les élevages avicoles. Cette étape joue un rôle clé dans l'élaboration de stratégies efficaces pour limiter la propagation de l'infection, en tenant compte des particularités des souches locales et des risques associés à leur potentiel zoonotique.

Dans la présente étude, le sérotypage des 80 souches de *Salmonella* spp. isolées a révélé leur répartition entre deux sérotypes principaux. Le sérotype Gallinarum a dominé, avec un taux de 100 % des isolats chez les poules pondeuses et 79 % chez les poulets de chair. En parallèle, le sérotype Enteritidis a été détecté exclusivement chez les poulets de chair, avec une fréquence de 18 %. Ces résultats mettent en évidence des différences importantes dans la répartition des sérotypes selon le type d'élevage. Le tableau 6 ci-dessous résume en détail la fréquence et la distribution des sérotypes isolés dans cette étude.

Tableau 6 : Répartition des sérotypes de *Salmonella* isolés

	Poule pondeuse	Poulet de chair
<i>Salmonella</i> Gallinarum	46 (100%)	26 (79%)
<i>Salmonella</i> Enteritidis	00	6 (18%)
<i>Salmonella</i> spp	00	1 (3%)

L'analyse des données présentées dans le tableau montre une prévalence élevée de *Salmonella* Gallinarum, avec une infection atteignant 100% (46/46), chez les poules pondeuses et 79% chez les poulets de chair. Cette forte prévalence souligne un problème sanitaire majeur, nécessitant des mesures strictes de prévention et de contrôle, notamment l'amélioration de la biosécurité et l'utilisation de stratégies vaccinales adaptées.

En revanche, *Salmonella* Enteritidis a été détectée uniquement chez les poulets de chair, avec une prévalence de 18%. Ce sérotype, fréquemment impliqué dans les cas de salmonellose humaine (Pardo-Roa et al., 2019), représente un risque potentiel pour la santé publique, justifiant une surveillance renforcée. De plus, la présence de *Salmonella* spp. à 3% chez les poulets de chair suggère une diversité réduite des sérotypes en circulation dans les élevages étudiés.

Ces résultats mettent en évidence la nécessité d'adopter des mesures rigoureuses de gestion sanitaire, de surveillance épidémiologique et de contrôle des infections, afin de limiter la dissémination de *Salmonella* et d'atténuer ses impacts sur la production avicole et la santé humaine.

3.1 Sérotypes isolé chez la poule pondeuse

les isolats identifiés appartiennent exclusivement au sérotype *Salmonella Gallinarum*, l'agent responsable de la **typhoïde aviaire**, une maladie **hautement contagieuse et aux conséquences économiques sévères**. Cette infection entraîne une mortalité élevée, une baisse de la production d'œufs et une altération de l'état général des volailles.

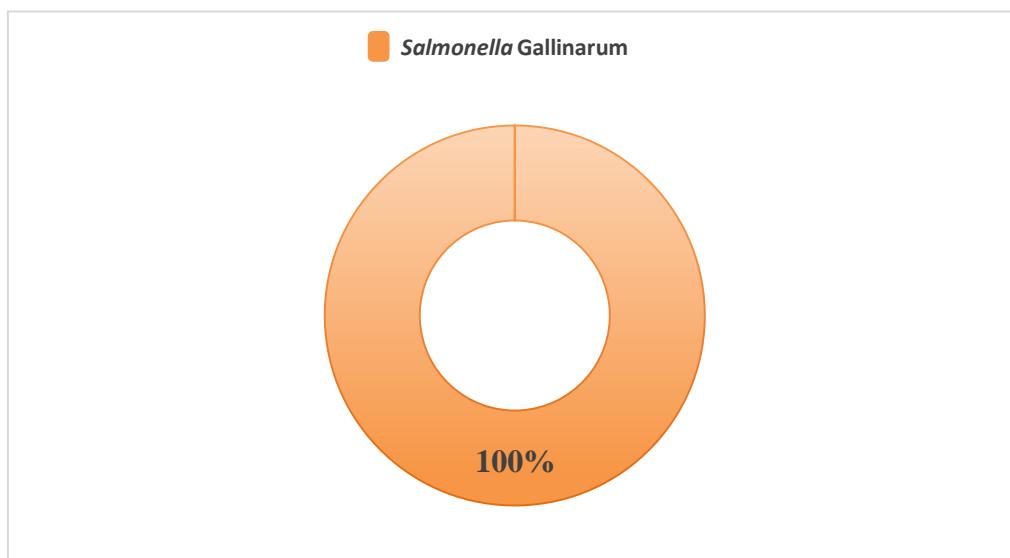


Figure 19 : Sérotypes isolés chez la poule pondeuse

Dans cette étude, *Salmonella Gallinarum* s'est avéré être le sérotype le plus fréquent parmi les deux espèces animales étudiées. Chez la poule pondeuse, ce sérotype a atteint un taux d'isolement impressionnant de 100 %, accompagné d'une corrélation négative significative entre le type d'élevage et la présence de ce sérotype ($r = -0,410$). Parmi les différents types de salmonellose chez la volaille, *S. Gallinarum* peut provoquer plus de 70 % des infections chez les poules pondeuses, comme l'indique Haque et al. (2021), qui ont également rapporté que 92,99 % des isolats étaient confirmés comme étant *S. Gallinarum*. Ces résultats ne concordent pas avec ceux rapportés précédemment en Algérie, où pas moins de six sérotypes différents ont été identifiés chez cette espèce, avec une prédominance de *S. Enteritidis* et *S. Kentucky* (Bouzidi et al., 2012). Cette disparité peut être expliquée par des différences dans les systèmes de gestion des élevages, les pratiques de biosécurité, ou encore les variations génétiques des souches locales de *Salmonella*.

De manière similaire, une étude réalisée en Égypte a révélé une diversité de sérotypes parmi les isolats, incluant *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*, et *S. Gallinarum* (Diab et al., 2019). Ces observations soulignent que les profils de *Salmonella* varient géographiquement, ce qui peut être influencé par des facteurs environnementaux et sanitaires propres à chaque région.

La forte prévalence de *S. Gallinarum* observée dans notre étude peut également être mise en perspective avec les résultats d'analyses mondiales sur l'évolution de ce sérotype au cours des dernières décennies. En effet, des recherches sur la prévalence mondiale de *S. Gallinarum* entre 1981 et 2020 ont montré une diminution progressive de sa fréquence jusqu'en 2006, suivie d'une résurgence notable de son taux de prévalence à l'échelle mondiale à partir de cette période (Zhou et al., 2022).

La détection exclusive de ce sérotype met en évidence l'importance d'une **surveillance renforcée**, de **mesures de biosécurité strictes** et d'une **gestion sanitaire rigoureuse** afin de limiter sa propagation au sein des élevages avicoles. Ces résultats soulignent la nécessité d'un **suivi continu et approfondi de *S. Gallinarum***, en raison de son impact économique majeur et des risques qu'il représente pour la santé animale. Une surveillance accrue de ce sérotype est indispensable pour mieux appréhender son évolution et mettre en œuvre des stratégies de contrôle efficaces et adaptées aux élevages de poules pondeuses.

3.2 Sérotype isolé chez le poulet de chair

Dans cette étude, nous avons analysé les souches isolées afin d'évaluer leur distribution et leur prévalence chez le poulet de chair.

Les résultats obtenus révèlent une prédominance de *Salmonella Gallinarum* (79 %), un pathogène strictement aviaire responsable de la typhoïde aviaire, une maladie entraînant des pertes économiques majeures en raison de sa forte morbidité et mortalité. *Salmonella Enteritidis*, un sérotype d'intérêt en santé publique en raison de son potentiel zoonotique, a été détecté dans 18 % des isolats. Enfin, 3 % des souches n'ont pas pu être typées, ce qui pourrait être lié à des limites méthodologiques, à la présence de sérotypes atypiques ou à des variations antigéniques.

La figure 20 illustre la répartition des sérotypes isolés au sein des échantillons analysés, mettant en évidence la prévalence élevée de *Salmonella Gallinarum* par rapport aux autres sérotypes identifiés.

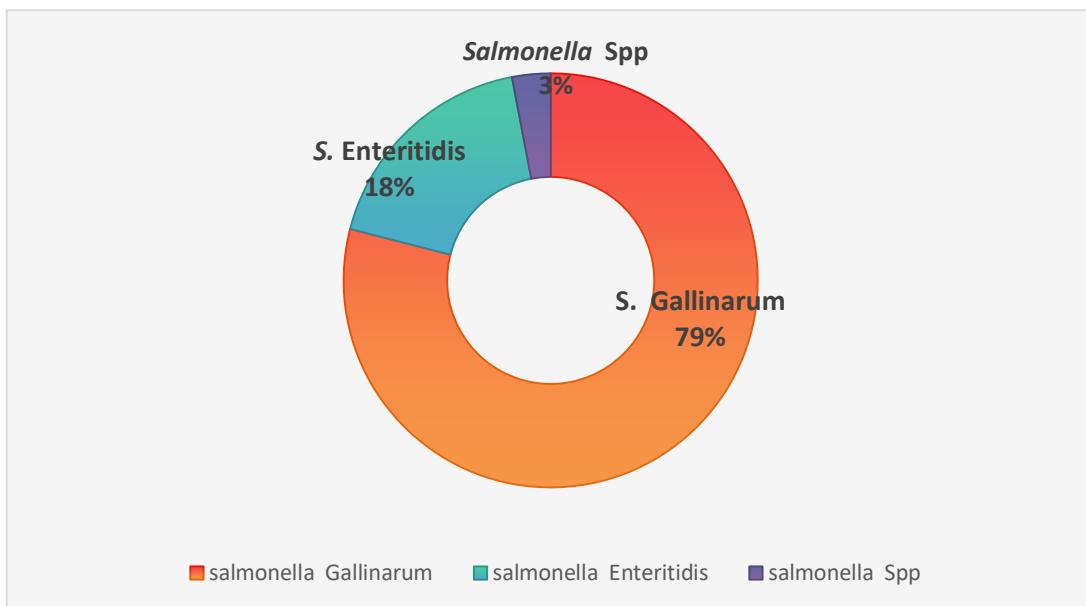


Figure 20 : Sérotype isolé chez le poulet de chair

Les résultats de cette étude mettent en évidence une nette prédominance de *Salmonella Gallinarum*, ce qui confirme son rôle prépondérant comme agent pathogène majeur dans les élevages de poulet de chair. Ce sérotype reste également le plus fréquent en Afrique du Nord, comme rapporté par Ramtahal et al. (2022).

Les données issues de la littérature mettent en évidence la diversité des sérotypes isolés dans les élevages de volaille en Algérie. Djeffal et al. (2021), ont rapporté une prédominance des sérotypes Kentucky et Enteritidis, suivis de Heidelberg, Virchow et Manhattan. De son côté, Kechih et al. (2012) ont identifié *Salmonella Heidelberg* (24 %), *S. Enteritidis* (20 %), *S. Albany* (16 %) et *S. Typhimurium* (9 %) comme étant les sérotypes dominants. Dans notre étude, *S. Enteritidis* a été détectée à un taux de 18 %, un résultat qui se rapproche de celui observé par Kechih et al. (2012) et qui dépasse celui rapporté par Djeffal et al. (2018).

À l'échelle internationale, la prévalence de *S. Enteritidis* varie également. Par exemple, en Libye, elle a été évaluée à 7 % (Asheg, 2023), tandis qu'en Égypte, ce sérotype arrive en troisième position avec une prévalence de 5,45 % (Hassan et al., 2016). En revanche, El Groud et al. (2009) n'ont pas isolé de *S. Enteritidis* ni de *S. Typhimurium* dans les élevages de poulets de chair, bien que ces sérotypes soient fréquemment retrouvés dans d'autres échantillons de volailles en Algérie.

La détection de *S. Enteritidis* dans des cas de typhoïde aviaire revêt une importance particulière en raison de son impact potentiel sur la santé publique (Pulido-Landínez et al., 2014). De nombreuses études confirment que les sérotypes prédominants isolés à partir de volailles sont généralement *S. Gallinarum* et *S. Enteritidis* (Karabasanavar et al., 2020).

Dans cette étude, un isolat (3 %) a été qualifié de non typable, car il était négatif au sérotypage. Ce phénomène pourrait être lié à la présence de souches mutantes rugueuses ou à des anomalies dans la structure centrale des antigènes, comme l'a décrit Kaushik (2014).

Enfin, les variations dans les pourcentages d'isolement et les différences entre les sérotypes rapportés dans diverses études s'expliquent par plusieurs facteurs. Parmi eux, on peut citer les localités et périodes de collecte des échantillons, les pratiques d'hygiène et de gestion appliquées dans les exploitations avicoles, ainsi que les programmes de vaccination et de traitement. D'autres éléments, tels que les races, l'âge et la densité des oiseaux élevés, ainsi que les conditions spécifiques d'isolement et d'analyse en laboratoire, jouent également un rôle déterminant dans ces variations.

4. Profil de résistance aux antibiotiques

Dans cette étude, les 80 isolats de *Salmonella* obtenus ont été soumis à un test de sensibilité antimicrobienne pour évaluer leur profil de résistance vis-à-vis de douze antibiotiques appartenant à différentes classes. Cette analyse a permis de déterminer la variabilité des résistances observées et d'identifier les souches multirésistantes (MDR). Les résultats mettent en évidence des niveaux préoccupants de résistance aux antibiotiques chez les isolats provenant aussi bien des poulets de chair que des poules pondeuses, soulignant l'impact de l'utilisation des antimicrobiens en aviculture.

4.1 Profil de résistance aux antibiotiques chez le poulet de chair

Dans cette section, nous examinons le profil de résistance aux antibiotiques des souches de *Salmonella* isolées chez les poulets de chair. L'analyse détaillée a permis de mettre en évidence le degré de sensibilité ou de résistance de ces souches vis-à-vis de différentes classes d'agents antimicrobiens. Une attention particulière a été accordée à l'identification des molécules les plus affectées par la résistance, ce qui constitue une étape essentielle dans l'élaboration de stratégies de traitement adaptées et efficaces. Ces résultats permettent également de mieux comprendre l'impact de la résistance antimicrobienne sur la gestion des infections en élevage.

Les données présentées dans le tableau suivant synthétisent les taux de résistance observés, offrant ainsi une vue d'ensemble des tendances de résistance spécifiques aux poulets de chair .

Tableau7: Taux de résistance aux antibiotiques chez les poulets de chair

Nombre de souches		N=34 (100%)		
Familles	Antibiotiques	R	I	S
Pénicillines	Amoxicillin/Ac clavulanic (AUG,20/10 µg)	0 %	0 %	100 %
	Ampicilline (AMP, 10 µg)	6 (17,64%)	5.88%	76.48%
Céphalosporines	Cefotaxime (CTX,30 µg)	0 %	0 %	100 %
Tétracyclines	Tetracycline (TE, 30 µg)	3 (8,82%)	0%	91.18%
Quinolones	Acide Nalidixique (NA, 30 µg)	27 (79,41%)	0%	20.59%
	Enrofloxacine (ENR, 10 µg)	14 (41,18%)	17.65%	41.17%
Aminoglycosides	Gentamicine (GEN, 10 µg)	0 %	0 %	100 %
	Neomycine (NEO,30 µg)	0 %	0 %	100 %
Polypeptides	Colistine Sulfate(CS, 10 µg)	0 %	0 %	100 %
Nitrofurans	Nitrofurane (NIT, 300 µg)	12 (35,29%)	8.82%	73.53%
Sulfonamides	Trimethoprim-sulfmethoxazole(SXT,1.25/23.75µg)	2 (5,88%)	0%	94.12%
Phénicolés	Chloramphénicol (CHL, 30 µg)	5 (14,71%)	0%	85.29%

R: Résistante ; **I:** Intermédiaire ; **S:** Sensible

Les résultats, présentés dans le **tableau 7**, révèlent une résistance préoccupante chez les souches de *Salmonella* isolées des poulets de chair. La plus haute résistance a été observée pour les quinolones, atteignant un taux de 79,41 %, avec une corrélation positive ($r = 0,299$) entre cet antibiotique et le type d'élevage. Ces résultats concordent avec des études similaires menées en Algérie (Kechih et al., 2012), ainsi qu'en Tunisie, en Inde et en Corée, où des taux élevés de résistance aux quinolones ont été signalés (Oueslati et al., 2021 ; Arora et al., 2013 ; Seo et al., 2019).

En revanche, en Égypte, une résistance nettement plus faible a été rapportée par Diab et al. (2019). Cette résistance accrue peut être attribuée à l'utilisation abusive des quinolones dans la production avicole, ce qui est d'autant plus alarmant qu'elles

constituent une classe essentielle de médicaments en médecine humaine, souvent utilisée en dernière ligne de traitement (Cuong et al., 2019).

Concernant les **fluoroquinolones**, une résistance significative a été enregistrée vis-à-vis de l'enrofloxacine, avec un taux de 41,18 %. Ce résultat est en accord avec les données rapportées en Algérie par Djeffal et al. (2017), mettant en évidence une problématique récurrente. L'inquiétude est d'autant plus grande que les fluoroquinolones sont largement utilisées pour traiter les cas de salmonellose chez les humains et les animaux, grâce à leur large spectre d'activité (Cuypers et al., 2018).

Pour les **β-lactamines**, la résistance observée se limitait à l'ampicilline, avec un taux de 17,64 %. Ces résultats diffèrent des études réalisées en Algérie par Djeffal et al. (2021) et au Brésil par Rodrigues et al. (2017), qui ont rapporté des taux de résistance significativement plus élevés, atteignant respectivement 47,36 % et 66,7 %. Cette disparité pourrait refléter des différences dans les pratiques d'utilisation des antibiotiques ou les protocoles de gestion des élevages.

En ce qui concerne les **sulfamides**, notre étude a révélé un taux de résistance de 7 % au sulfaméthoxazole(triméthoprime). Ce résultat est nettement inférieur à celui rapporté par Pavelquesi et al. (2021), qui était de 61,2 %, soulignant une stabilité relative et encourageante dans la prévalence de la résistance à ces molécules.

Malgré leur retrait de la nomenclature Algérienne, un taux de résistance élevé au **Nitrofurane** a été enregistré, atteignant 35,29 %. Ce niveau de résistance, bien qu'inférieur à celui rapporté en Chine (96,1 %) par Yu et al. (2021), reste supérieur aux données de Kechih et al. (2012), qui avaient signalé un taux de 22,64 %. Cette persistance pourrait être attribuée à un usage non contrôlé ou illégal de ces molécules dans certains contextes, soulignant la nécessité d'un renforcement des réglementations et des contrôles dans le secteur vétérinaire.

Enfin, une sensibilité totale a été observée pour la cefotaxime, l'amoxicilline, la gentamicine, la néomycine et la colistine, suggérant que ces antibiotiques conservent leur efficacité contre les isolats étudiés. Ces molécules pourraient ainsi être privilégiées dans la lutte contre les infections à *Salmonella* dans les élevages de poulets de chair, tout en insistant sur l'importance d'une utilisation raisonnée pour prévenir l'émergence de nouvelles résistances.

4.2 Profil de résistance aux antibiotiques chez la poule pondeuse

Dans notre étude, le profil de sensibilité aux antibiotiques sélectionnés pour les souches de *Salmonella* isolées chez la poule pondeuse a permis de mettre en évidence des variations significatives dans les taux de résistance selon les molécules testées. Ces résultats, présentés dans le tableau 8, offrent une perspective essentielle pour évaluer l'efficacité des antibiotiques couramment utilisés dans la gestion des infections à *Salmonella* dans cette catégorie spécifique de volaille.

Le tableau ci-dessous résume les taux de résistance enregistrés pour chaque antibiotique testé :

Tableau 8 : Taux de résistance aux antibiotiques chez la poule pondeuse

Nombre de souches		N=46 (100%)		
Familles	Antibiotiques	R	I	S
Pénicillines	Amoxicillin/Ac clavulanic (AUG,20/10 µg)	4 (8,7%)	2.17%	89.13%
	Ampicilline (AMP, 10 µg)	5 (10,87%)	10.87%	78.26%
Céphalosporines	Cefotaxime (CTX,30 µg)	0 %	0 %	100 %
Tétracyclines	Tetracycline (TE, 30 µg)	25 (54,35%)	4.35%	41.3%
Quinolones	Acide Nalidixique (NA, 30 µg)	46 (100 %)	0 %	0 %
	Enrofloxacine (ENR, 10 µg)	34 (73,91%)	13.04%	13.05%
Aminoglycosides	Gentamicine (GEN, 10 µg)	5 (10,87%)	0%	89.13%
	Neomycine (NEO,30 µg)	5 (10,87%)	0%	89.13%
Polypeptides	Colistine Sulfate(CS, 10 µg)	0 %	0 %	100 %
Nitrofurans	Nitrofurane (NIT, 300 µg)	1 (2,17%)	2.17%	95.66%
Sulfonamides	Trimethoprim-sulfmethoxazole(SXT,1.25/23.75µg)	3 (6,52%)	6.52%	86.96%
Phénicolés	Chloramphénicol (CHL, 30 µg)	0 %	0 %	100 %

R: Résistante ; I: Intermédiaire ; S: Sensible

Les résultats obtenus dans cette étude révèlent que la plus haute résistance a été observée vis-à-vis des quinolones, avec un taux alarmant de 100 % chez les isolats de *Salmonella* issus de poules pondeuses. Une corrélation positive significative ($r = 0,299$) a été mise en évidence entre l'espèce et la résistance à cette classe d'antibiotiques.

Ces données sont en accord avec les travaux réalisés en Algérie par Bouzidi et *al.* (2012), où les **quinolones** présentaient également les taux de résistance les plus élevés. Cependant, nos résultats surpassent nettement ceux rapportés par Farahani et *al.* (2023), qui avaient observé une résistance de 45 % à ces antimicrobiens.

Le taux de résistance aux **cyclines**, représentées par la tétracycline, était également significatif avec une valeur de 54,35 % (25 isolats), associée à une corrélation positive ($r = 0,343$). Ces résultats corroborent avec les données rapportées en Algérie par Bouzidi et *al.* (2012), confirmant l'utilisation répandue de cette classe d'antibiotiques en aviculture, souvent associée à une mauvaise gestion des pratiques d'utilisation.

La résistance aux **β -lactamines**, y compris l'ampicilline et l'amoxicilline associée à l'acide clavulanique, a également été observée. Ces résultats sont cohérents avec les travaux de Moraes et *al.* (2024), qui ont rapporté un faible taux de résistance à l'amoxicilline/acide clavulanique (7,1 %) et une sensibilité totale pour Polat et *al.* (2024). Toutefois, nos données diffèrent de celles de Farahani et *al.* (2023), où un taux de résistance plus élevé (50 %) a été enregistré. Cette divergence pourrait s'expliquer par des facteurs tels que les différences dans les méthodes de collecte des échantillons, les souches bactériennes circulantes, ou les pratiques d'utilisation des antibiotiques dans les différentes régions étudiées.

Pour les **sulfamides**, représentés par le sulfaméthoxazole/triméthoprime, le taux de résistance observé dans notre étude se rapproche de celui rapporté en Ouganda par Odoch et *al.* (2017), qui avaient noté une résistance de 7,7 %. Ce parallèle pourrait refléter des pratiques similaires dans l'utilisation de ces molécules.

Enfin, une résistance relativement faible a été constatée pour les **aminosides**, avec 10,87 % des isolats montrant une résistance à la gentamicine et à la néomycine. De plus, seulement 2,17 % des isolats ont présenté une résistance au Nitrofurane, indiquant une efficacité encore notable de cette molécule malgré son retrait de nombreux marchés.

Ces résultats soulignent l'importance de surveiller l'évolution des résistances antimicrobiennes et de renforcer les mesures de contrôle pour limiter l'émergence et la propagation de souches résistantes dans les élevages avicoles.

4.3 Comparaison entre les taux d'antibiorésistance dans les deux types d'élevage

La comparaison des taux de résistance aux antibiotiques entre les souches de *Salmonella* isolées des poulets de chair et des poules pondeuses révèle des variations significatives selon les classes d'antibiotiques. Ces différences pourraient être attribuées aux pratiques d'élevage, aux protocoles de traitement vétérinaire et aux facteurs environnementaux propres à chaque type de production avicole.

L'analyse de ces disparités permet d'identifier les traitements les plus efficaces, de mieux comprendre les mécanismes de résistance aux antimicrobiens et d'évaluer l'impact des pratiques thérapeutiques sur l'émergence de souches résistantes. Ces observations soulignent la nécessité d'une surveillance rigoureuse et d'une gestion prudente des antibiotiques afin de limiter la propagation des bactéries multi-résistantes dans les élevages avicoles.

La **figure 21** illustre ces différences de profils de résistance, apportant des informations essentielles pour une meilleure adaptation des stratégies de lutte contre la résistance aux antibiotiques en aviculture.

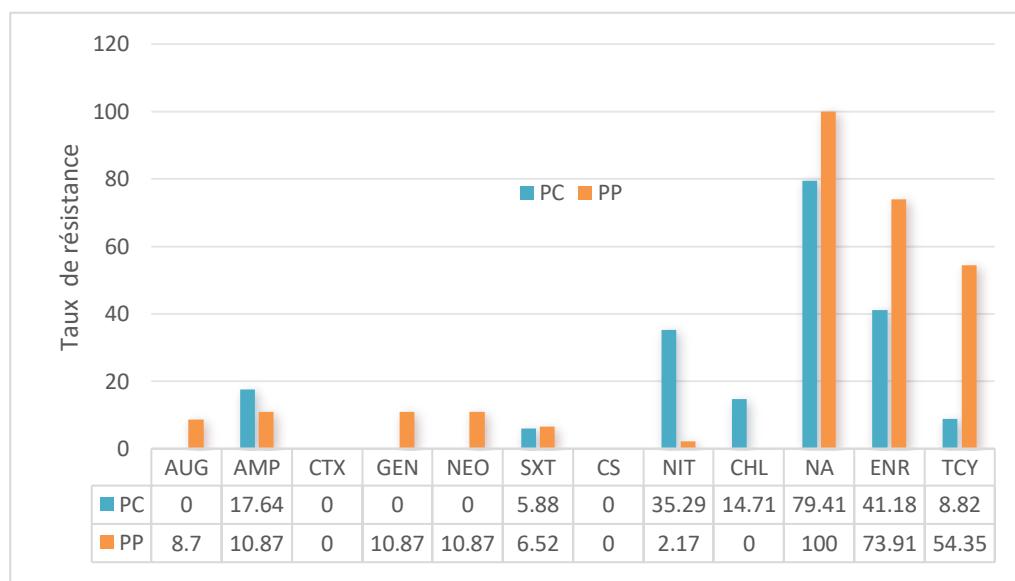


Figure 21 : Comparaison des taux de résistance aux antibiotiques entre poulets de chair et poules pondeuses

Dans cette analyse, une différence marquée est observée dans la résistance aux **cyclines**, avec un taux plus élevé chez les poules pondeuses (54,35%) par rapport aux poulets de chair (37,6%). Cette disparité pourrait être liée aux pratiques d'élevage spécifiques à chaque type de volaille, notamment l'utilisation différenciée des antibiotiques,

influençant ainsi le développement des résistances. Ces résultats concordent avec ceux rapportés par Bouzidi et *al.* (2012) en Algérie, mais diffèrent de ceux trouvés par Mendonça et *al.* (2019), qui ont observé des taux de résistance similaires entre les deux groupes. Cela pourrait être lié aux différences dans les pratiques d'élevage, où les cyclines sont souvent utilisées pour la prophylaxie dans les élevages de pondeuses.

Les sulfamides et les cyclines sont couramment utilisés pour le traitement et la prévention des maladies dans l'industrie avicole, ce qui explique probablement les taux de résistance observés dans cette étude (Jibril et *al.*, 2021). Les résultats montrent également que les souches isolées des poules pondeuses ont un taux de résistance plus élevé aux cyclines, ce qui pourrait indiquer une pression sélective accrue dans cette catégorie d'élevage.

Un autre résultat significatif est l'absence de résistance au **céfotaxime** dans les deux groupes, en accord avec les études de Odoch et *al.* (2017), ce qui suggère que cet antibiotique reste efficace contre *Salmonella* dans ces conditions. Cela pourrait également indiquer une utilisation restreinte de céphalosporines dans les élevages, comme l'ont noté Musa et *al.* (2021).

Cependant, des résistances à des antibiotiques non autorisés, tels que la **gentamicine** chez les poules pondeuses et les **furanes** chez les poulets de chair, ont été détectées, suggérant une utilisation illicite de ces substances dans les élevages. Cette situation soulève des inquiétudes, car elle peut favoriser l'apparition de résistances inattendues. Néanmoins, le taux de résistance à la gentamicine reste faible, ce qui confirme son efficacité générale contre *Salmonella*, comme l'ont rapporté Abdi et *al.* (2017) et Ramatla et *al.* (2019), ce dernier ayant relevé une résistance de seulement 4 %.

Enfin, contrairement aux études précédentes (Iwabuchi et *al.*, 2010; 2011) qui ont montré une plus grande résistance chez les poulets de chair que chez les pondeuses, nos résultats indiquent que les poules pondeuses ont montré des taux de résistance plus élevés dans certaines classes d'antibiotiques. Cette divergence peut être expliquée par des différences dans l'utilisation des antimicrobiens et les pratiques de gestion des élevages entre les différentes études.

5. Phénotypes de multi-résistance chez les poulets de chair et les poules pondeuses

Au cours de cette étude, 48 isolats de *Salmonella* (60 %) ont été identifiés comme multirésistants, définis par une résistance à au moins trois classes d'antibiotiques. Cette proportion élevée concorde avec les résultats d'Elkenany et al. (2019) et Zhang et al. (2018), qui ont également rapporté des taux significatifs de multi-résistance chez les isolats de *Salmonella* provenant de volailles. Une corrélation positive ($r = 0,249$) a été observée entre la multi-résistance et le type d'élevage, soulignant l'influence des pratiques d'élevage sur l'émergence de la résistance antimicrobienne.

L'indice de résistance multiple aux antibiotiques (MARI), calculé pour les sérovars de *Salmonella*, a révélé des valeurs comprises entre 0,2 et 0,6 (tableau 9). Ces valeurs indiquent un risque élevé de sélection et de dissémination de souches résistantes, ce qui constitue une préoccupation majeure pour la santé publique. En effet, la forte prévalence de *Salmonella* multirésistante dans les volailles pourrait contribuer à l'augmentation des infections à souches MDR chez l'Homme, comme l'ont souligné Gargano et al. (2021). Les résultats obtenus mettent en évidence l'impact des pratiques d'utilisation des antibiotiques dans les élevages avicoles sur l'émergence de la résistance antimicrobienne.

5.1 Profils de multi-résistance aux antibiotiques chez les isolats de *Salmonella* provenant de poulets de chair

Le tableau 9 présente en détail les profils de multi-résistance observés chez les isolats de *Salmonella* provenant des poulets de chair. Ces profils mettent en évidence la diversité des combinaisons de résistances aux différentes classes d'antibiotiques testées, soulignant la complexité du phénomène de résistance bactérienne dans les élevages avicoles.

L'analyse des données révèle que certains isolats présentent une résistance simultanée à plusieurs classes d'antibiotiques couramment utilisées en médecine vétérinaire, notamment les β -lactamines, les tétracyclines, les quinolones et les sulfamides. Cette situation est particulièrement préoccupante, car elle limite les options thérapeutiques disponibles et favorise la persistance de souches résistantes dans l'environnement.

Par ailleurs, l'indice de résistance antibiotique multiple (MARI), calculé pour chaque profil, varie en fonction du nombre d'antibiotiques auxquels chaque isolat est résistant. Un MARI élevé est généralement associé à une exposition prolongée et/ou

excessive aux antibiotiques, indiquant une pression de sélection importante dans ces systèmes de production.

Tableau 9: Profils de multi-résistance aux antibiotiques des isolats de *Salmonella* chez les poulets de chair

Sérovars	Profil de résistance	Nbre de souche	Nbre D'antibiotique	*MARI(%)
S.Gallinarum	SXT-NA-ENR-TCY	1	4	0.3
	NA-ENR-TCY	3	3	0.2
	AMP-SXT-NIT-NA	1	4	0.3
	NA-ENR-TCY-NIT	2	4	0.3
	AMP-ENR-CHL-NIT	2	4	0.3
	AMP-NIT-CHL	1	3	0.2
	AMP-CHL-ENR	2	3	0.2
	NIT-NA-ENR	2	3	0.2
	AMP-NIT-NA-ENR	1	4	0.3
S. Enteritidis	NIT-NA-ENR	1	3	0.2
	NIT-NA-TCY	1	3	02

* MARI: indice de résistance antimicrobienne multiple

Tous les isolats de *Salmonella* provenant de poulets de chair possédaient des systèmes de pompes à efflux multirésistants, indépendamment de leur profil de sensibilité aux antibiotiques. Ces systèmes augmentent la capacité des bactéries à expulser une large gamme d'agents antimicrobiens, réduisant ainsi leur efficacité.

Ces observations renforcent les préoccupations croissantes concernant la propagation de souches de *Salmonella* résistantes aux antimicrobiens, qui représentent une menace significative pour la santé publique. Comme souligné par Youn et al. (2017), la dissémination de ces souches peut compromettre les traitements antibiotiques standards, rendant les infections difficiles à contrôler chez les humains et les animaux.

5.2 Profils de multi-résistance aux antibiotiques chez les isolats de *Salmonella* provenant des poules pondeuses

De manière similaire, le tableau suivant présente les profils de multi-résistance observés chez les isolats de *Salmonella* isolés des poules pondeuses. Les résultats mettent en évidence des tendances spécifiques de résistance dans ce groupe, suggérant des différences potentielles dans l'exposition aux antibiotiques ou les pratiques de gestion entre les poules pondeuses et les poulets de chair. Ces données sont cruciales pour adapter les stratégies de contrôle et limiter la propagation de bactéries multirésistantes dans la chaîne de production avicole.

Tableau 10 : Profils de multi-résistance aux antibiotiques des isolats de *Salmonella* chez les poules pondeuses

Sérovars	Profil de résistance	Nbre de souches	Nbre d'antibiotiques	MARI(%)
S.Gallinarum	SXT-NA-ENR-TCY	6	4	0.3
	NA-ENR-TCY	14	3	0.2
	AUG-AMP-GEN-NEO-NA-ENR-TCY	5	7	0.6
	AMP-NA-ENR	3	3	0.2
	AMP-NA-ENR-TCY	1	4	0.3
	NIT-NA-ENR	1	3	0.2
	NIT-NA-TCY	1	3	0.2

* MARI: Multiple Antibiotic Resistance Index (Indice de Résistance Multiple aux Antibiotiques)

Chez les poules pondeuses, le taux de multirésistance observé dans cette étude est de 67,39 %, en accord avec les résultats de Haque et al. (2021), qui rapportent un taux de 66,5 %. Cependant, un taux nettement inférieur (15,4 %) a été enregistré par Odoche et al. (2017). En Algérie, Bouzidi et al. (2012) ont également constaté un nombre relativement faible d'isolats multirésistants.

En comparaison, le taux de multirésistance chez les poules pondeuses (67,39 %) est supérieur à celui observé chez les poulets de chair (50 %). Cela contredit les résultats de Jibril et al. (2021), qui montrent que les poulets de chair consomment plus d'antimicrobiens que les poules pondeuses. D'autres travaux, tels que ceux de De Moreno et al., 2019), ont également révélé des niveaux de résistance aux antimicrobiens relativement faibles chez les poules pondeuses par rapport aux poulets de chair. Cette contradiction pourrait s'expliquer par la durée d'élevage plus longue des poules pondeuses, combinée à une utilisation abusive des antibiotiques.

Dans cette étude, l'indice de multirésistance aux antibiotiques (**MARI**) variait entre 0,2 et 0,6. Selon Elkenany et al. (2019), une valeur MARI inférieure à 0,2 est considérée comme un risque faible, tandis qu'une valeur supérieure à 0,2 indique un risque élevé.

Les sérotypes de *Salmonella* isolés ont révélé 13 profils MDR différents, en accord avec les observations d'Elkenany et al. (2019). Les phénotypes MDR des *Salmonella* sont cliniquement significatifs, car des antibiotiques essentiels tels que les β-lactamines,

les tétracyclines, le triméthoprime-sulfaméthoxazole et les quinolones sont nécessaires au traitement de la salmonellose aviaire (Elkenany et al., 2018).

La résistance de *Salmonella Enteritidis* aux furanes a été confirmée en Algérie par Mezali et Hamdi (2012). Dans cette étude, *Salmonella Enteritidis* était résistante aux quinolones, furanes et cyclines, ce qui concorde avec les résultats d'Asif et al. (2017), qui ont également mis en évidence une multirésistance aux mêmes molécules. Cette multirésistance pourrait favoriser la propagation de ce sérotype et l'apparition de nouveaux mécanismes de résistance à d'autres classes d'antimicrobiens.

Bien que le traitement de la salmonellose aviaire soit interdit en Algérie par arrêté ministériel (JORA, 2003), le taux élevé de résistance aux antimicrobiens observé pourrait être attribué à l'utilisation irrationnelle et frauduleuse de ces médicaments à des fins thérapeutiques, prophylactiques ou comme promoteurs de croissance. Cette pratique favorise l'apparition de bactéries résistantes aux antibiotiques, transmissibles à l'homme tout au long de la chaîne alimentaire (Rahman et al., 2022).

Dans de nombreux pays, les programmes de contrôle et de prévention de la salmonellose restent inefficaces en raison de l'utilisation d'antibiotiques comme facteurs de croissance dans l'élevage avicole (El-Saadony et al., 2022). La résistance élevée aux antibiotiques observée dans cette étude pourrait résulter de ce phénomène et entraîner des conséquences désastreuses.

*Conclusion
Recommandations &
perspsepectives*

L'étude que nous avons menée sur les salmonelles aviaires isolées dans la région centre de l'Algérie a pleinement atteint ses objectifs. Elle fournit des données essentielles sur les **caractéristiques** des élevages de poulet de chair et de poules pondeuses dans cette région, caractérisés en grande majorité par des établissements de petite taille et à faible investissement.

Nos résultats révèlent un taux de contamination élevé par *Salmonella spp.* dans les deux filières étudiées, atteignant 24,28 % en élevages de poulet de chair et 35,38 % en élevages de poules pondeuses. Cette situation alarmante pourrait être attribuée aux conditions précaires d'élevage ainsi qu'aux lacunes en matière de gestion et d'hygiène dans ces établissements. Ces constats soulignent un risque significatif pour la santé publique.

La mise en évidence de deux sérotypes, dont l'un des plus courants et pathogènes, *Salmonella Enteritidis*, met en exergue le danger potentiel d'épidémies d'origine alimentaire. Par ailleurs, la détection de souches multirésistantes aux antibiotiques, conséquence d'une utilisation abusive de ces molécules sans prescription médicale, constitue une menace supplémentaire en compromettant l'efficacité des traitements chez l'homme. Malheureusement, aucune donnée publiée n'est actuellement disponible sur l'usage des antimicrobiens dans les exploitations agricoles algériennes, ce qui limite la compréhension et la gestion de ce problème.

Ces résultats mettent en évidence la nécessité d'intensifier les enquêtes épidémiologiques sur les infections à *Salmonella* et d'approfondir les recherches sur les mécanismes sous-jacents à l'émergence de la multirésistance aux antibiotiques. De plus, l'exploration d'alternatives naturelles et sûres aux antibiotiques devient essentielle pour faire face à la crise des bactéries multirésistantes, en particulier *Salmonella*.

Il apparaît également primordial de mener des études d'envergure nationale afin d'établir une prévalence plus représentative à l'échelle du pays et d'élaborer un plan de lutte global via un réseau national de surveillance. L'association de techniques phénotypiques et génotypiques complémentaires s'avère indispensable pour tracer avec précision la diffusion et la persistance des sérotypes identifiés, en particulier les souches multirésistantes et entéro-invasives, afin de mieux contrôler leur impact sur la santé publique.

Conclusion générale

Enfin, bien que de nombreuses stratégies soient proposées pour réduire la présence de *Salmonella* en élevage avicole, il est crucial d'adopter une approche prudente avant leur application à grande échelle. Des recherches continues doivent être entreprises pour garantir l'efficacité et la sécurité des nouvelles stratégies de contrôle disponibles.

Recommandations

- ❖ Améliorer les pratiques d'hygiène et renforcer les mesures de biosécurité dans les élevages pour réduire les risques de contamination.
- ❖ Installer les unités dans des zones à faible densité de cheptel et séparer les secteurs propres des secteurs sales.
- ❖ Mettre en place des mesures rigoureuses de protection et de contrôle des nuisibles, incluant insectes, rongeurs, oiseaux et autres animaux sauvages.
- ❖ Assurer le suivi sanitaire du personnel et des visiteurs, et respecter des protocoles stricts d'hygiène comme le lavage des mains et l'usage de vêtements dédiés.
- ❖ Collecter fréquemment les œufs directement dans les nids pour prévenir leur contamination et utiliser des boîtes et papiers neufs pour les poussins.
- ❖ Mettre en place un programme de surveillance des usages d'antibiotiques en Algérie, en complément des programmes de surveillance de la résistance aux antibiotiques et des résidus de médicaments vétérinaires.
- ❖ Rendre obligatoire la réalisation d'un antibiogramme avant toute administration d'antibiotiques, en particulier chez les volailles.

Perspectives.....

- ❖ Mettre en place un cadre d'évaluation et de gestion des risques afin d'évaluer la gravité et les risques associés à la mise en place d'interventions adaptées.
- ❖ Recruter du personnel formé et certifié pour mener des expériences et des analyses en laboratoire.
- ❖ Intégrer dans le système de surveillance les éléments suivants : recherche de l'agent pathogène, suivi de la source, analyse des niveaux de résistance, création et diffusion d'isolats résistants, étude des mécanismes de résistance, et analyse des résidus dans la viande et les produits avicoles.
- ❖ Étudier l'efficacité de certains extraits de plantes médicinales et de probiotiques comme alternative aux antibiotiques pour lutter contre la résistance antimicrobienne.
- ❖ Analyser les taux de prévalence, identifier les sérotypes et réaliser le typage des souches afin de déterminer si la propagation est clonale ou non lors des épidémies.
- ❖ Explorer des stratégies de vaccination alternatives pour promouvoir une immunité durable et approfondir la compréhension des mécanismes de virulence des bactéries zoonotiques susceptibles de compromettre l'efficacité de la réponse immunitaire chez les oiseaux.

Références bibliographiques

.....A.....

- Abd El-Hack, M. E., El-Saadony, M. T., Elbestawy, A. R., Gado, A. R., Nader, M. M., Saad, A. M., Taha, A. E., Tiwari, R., Yatoo, M. I., Alagawany, M., & El-Tarabily, K. A. (2022). Hot red pepper powder as a safe alternative to antibiotics in organic poultry feed: An updated review. *Poultry Science*, 101(4), 101684. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101684>
- Abd El-Hack, M. E., El-Saadony, M. T., Salem, H. M., El-Tahan, A. M., Soliman, M. M., Youssef, G. B., ... & Swelum, A. A. (2022a). Alternatives to antibiotics for organic poultry production: Types, modes of action, and impacts on bird's health and production. *Poultry Science*, 101(4), 101696. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.101696>
- Abdi, R. D., Mengstie, F., Beyi, A. F., et al. (2017). Determination of the sources and antimicrobial resistance patterns of *Salmonella* isolated from the poultry industry in Southern Ethiopia. *BMC Infectious Diseases*, 17, 352. <https://doi.org/10.1186/s12879-017-2437-2>
- Abdulghaffar, T. A., & El Bahgy, H. E. (2016). Effect of some disinfectants on some pathogenic microorganisms isolated from poultry farm. *Benha Veterinary Medical Journal*, 31(1), 154-158. Retrieved from <http://www.bvmj.bu.edu.eg>
- Abdulla, A. A., Arshad, M., & Saeed, A. M. (2014). *Salmonella* Enteritidis flagella may enhance attachment and invasion of hen ovarian granulosa cells and induce protective immune response in egg-laying hens. *British Microbiology Research Journal*, 4(4), 418-427. <https://doi.org/10.9734/BMRJ/2014/8181>
- Aboun, A., Bouzagh-Belazouz, T., Ben-Mahdi, M. H., & Razkallah, M. (2013). A comparative study of different serotypes *Salmonella* isolated in poultry meat and laying sectors of Algeria center region.
- Abreu, R., Semedo-Lemsaddek, T., Cunha, E., Tavares, L., & Oliveira, M. (2023). Antimicrobial drug resistance in poultry production: Current status and innovative strategies for bacterial control. *Microorganisms*, 11(4), 953. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040953>
- Acevedo-Villanueva, K., Akerele, G., Al-Hakeem, W., Adams, D., Gourapura, R., & Selvaraj, R. (2022). Immunization of broiler chickens with a killed chitosan nanoparticle *Salmonella* vaccine decreases *Salmonella enterica* serovar Enteritidis load. *Frontiers in Physiology*, 13, 920777. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.920777>
- Addis, M., & Sisay, D. (2015). A review on major food borne bacterial illnesses. *Journal of Tropical Diseases*, 3(4), 1-7.
- Addwebi, T. M., Call, D. R., & Shah, D. H. (2014). Contribution of *Salmonella* Enteritidis virulence factors to intestinal colonization and systemic dissemination in 1-day-old

- chickens. Poultry Science, 93(4), 871-881. <https://doi.org/10.3382/ps.2013-03710>
- Adeolu, M., Alnajar, S., Naushad, S., & Gupta, R. S. (2016). Genome-based phylogeny and taxonomy of the ‘Enterobacteriales’: Proposal for *Enterobacterales* ord. nov. divided into the families *Enterobacteriaceae*, *Erwiniaceae* fam. nov., *Pectobacteriaceae* fam. nov., *Yersiniaceae* fam. nov., *Hafniaceae* fam. nov., *Morganellaceae* fam. nov., and *Budviciaceae* fam. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 66(12), 5575–5599. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001485>
- Adesiyun, A. A., Nkuna, C., Mokgoatlheng-Mamogobo, M., Malepe, K., & Simanda, L. (2020). Food safety risk posed to consumers of table eggs from layer farms in Gauteng province, South Africa: Prevalence of *Salmonella* species and *Escherichia coli*, antimicrobial residues, and antimicrobial-resistant bacteria. Journal of Food Safety, 40(1), e12783. <https://doi.org/10.1111/jfs.12783>
- Ahmed, A. O., Raji, M. A., Mamman, P. H., Raufu, I. A., Aremu, A., Akorede, G. J., & Kwanashie, C. N. (2019). Salmonellosis: Serotypes, prevalence and multi-drug resistant profiles of *Salmonella enterica* in selected poultry farms, Kwara State, North Central Nigeria. Onderstepoort Journal of Veterinary Research, 86(1), 1–8. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v86i1.1667>
- Alagawany, M., Abd El-Hack, M. E., Farag, M. R., Sachan, S., Karthik, K., & Dhama, K. (2018). The use of probiotics as eco-friendly alternatives for antibiotics in poultry nutrition. Environmental Science and Pollution Research, 25, 10611–10618. <https://doi.org/10.1007/s11356-018-1687-x>
- Alhaji, N. B., Haruna, A. E., Muhammad, B., Lawan, M. K., & Isola, T. O. (2018). Antimicrobial usage assessments in commercial poultry and local birds in North-central Nigeria: Associated pathways and factors for resistance emergence and spread. Preventive Veterinary Medicine, 154, 139-147. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.04.001>
- Alloui, N., & Bennoune, O. (2013). Poultry production in Algeria: Current situation and future prospects. World's Poultry Science Journal, 69(3), 613-620. <https://doi.org/10.1017/S0043933913000615>
- Alonso, C. A. (2018). Epidemiología molecular en *Escherichia coli* procedente de fauna salvaje: resistencia antimicrobiana, virulencia y diversidad genética (Tesis doctoral). Departamento de Agricultura y Alimentación, Universidad de La Rioja, Logroño.
- Al-Qarraawi, R., & Al-Awade, H. A. R. (2024). Improved histological effect of *Salmonella Typhimurium* ghost vaccine used in the treatment of colon cancer induced in male albino rats. Central Asian Journal of Medical and Natural Science, 5(2), 172-185. <https://cajmns.centralasianstudies.org/index.php/CAJMNS/article/view/2411>
- Amagliani, G., La Guardia, M. E., Dominici, S., Brandi, G., & Omiccioli, E. (2022).

Références bibliographiques

- Salmonella* Abortusovis: An epidemiologically relevant pathogen. Current Microbiology, 79(1), 3. <https://doi.org/10.1007/s00284-021-02689-1>
- Aminov, R. I. (2010). A brief history of the antibiotic era: Lessons learned and challenges for the future. Frontiers in Microbiology, 1, 134. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2010.00134>
- Ammar, A., Alloui, N., Bennoune, O., & Kassah-Laouar, A. (2010). Survey of *Salmonella* serovars in broilers and laying breeding reproducers in East of Algeria. The Journal of Infection in Developing Countries, 4(2), 103–106. <https://doi.org/10.3855/jidc.562>
- Andino, A., & Hanning, I. (2015). *Salmonella enterica*: Survival, colonization, and virulence differences among serovars. The Scientific World Journal, 2015(1), Article 520179. <https://doi.org/10.1155/2015/520179>
- Andrade, F. F., Gomes, R., Martins-Oliveira, I., Dias, A., Rodrigues, A. G., & Pina-Vaz, C. (2020). A rapid flow cytometric antimicrobial susceptibility assay (FASTvet) for veterinary use—preliminary data. Frontiers in Microbiology, 11, 1944. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01944>
- Andres, V. M., & Davies, R. H. (2015). Biosecurity measures to control *Salmonella* and other infectious agents in pig farms: A review. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 14(4), 317-335. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12137>
- Arain, M. A., Nabi, F., Shah, Q. A., Alagawany, M., Fazlani, S. A., Khalid, M., ... & Farag, M. R. (2022). The role of early feeding in improving performance and health of poultry: herbs and their derivatives. World's Poultry Science Journal, 78(2), 499-513. <https://doi.org/10.1080/00439339.2022.2043133>
- Arczewska-Włosek, A., Świątkiewicz, S., Ognik, K., & Józefiak, D. (2022). Effects of a dietary multi-strain probiotic and vaccination with a live anticoccidial vaccine on growth performance and haematological, biochemical and redox status indicators of broiler chickens. Animals, 12(24), 3489. <https://doi.org/10.3390/ani12243489>
- Arnold, M. E., Gosling, R. J., La Ragione, R. M., Davies, R. H., & Martelli, F. (2014). Estimation of the impact of vaccination on faecal shedding and organ and egg contamination for *Salmonella* Enteritidis, *Salmonella* Typhimurium, and monophasic *Salmonella* Typhimurium. Avian Pathology, 43(2), 155–163. <https://doi.org/10.1080/03079457.2014.896990>
- Arora, D., Kumar, S., Singh, D., Jindal, N., & Mahajan, N. K. (2013). Isolation, characterization and antibiogram pattern of *Salmonella* from poultry in parts of Haryana, India. Advances in Animal and Veterinary Sciences, 1(5), 161–163. Retrieved from <http://www.nexusacademicpublishers.com/journal/4>
- Asheg, A. A., Otman, M. F., Benlashehr, I. A., Kraim, E. F., Almashri, R. A., & Kammon, A. M. (2023). Prevalence of *Salmonella* in poultry slaughterhouses located in Tripoli, Libya. Open Veterinary Journal, 13(5), 638–644.

Références bibliographiques

<https://doi.org/10.5455/OVJ.2023.v13.i5.17>

Asif, M., Rahman, H., Qasim, M., Khan, T. A., Ullah, W., & Jie, Y. (2017). Molecular detection and antimicrobial resistance profile of zoonotic *Salmonella* Enteritidis isolated from broiler chickens in Kohat, Pakistan. Journal of the Chinese Medical Association, 80(5), 303-306. <https://doi.org/10.1016/j.jcma.2016.11.007>

Awang, M. S., Bustami, Y., Hamzah, H. H., Zambry, N. S., Najib, M. A., Khalid, M. F., ... & Abd Manaf, A. (2021). Advancement in *Salmonella* detection methods: From conventional to electrochemical-based sensing detection. Biosensors, 11(9), 346. <https://doi.org/10.3390/bios11090346>

.....**B**.....

Ball, T., Monte, D., Aidara-Kane, A., Matheu, J., Ru, H., Thakur, S., ... & Fedorka-Cray, P. (2020). International lineages of *Salmonella enterica* serovars isolated from chicken farms, Wakiso District, Uganda. PLoS One, 15(1), e0220484. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0220484>

Barnett, R. (2016). Case histories Typhoid fever. Lancet, 388(10059), 2467-2467.

Barreto, M., Castillo-Ruiz, M., & Retamal, P. (2016). *Salmonella enterica*: A review of the trilogy agent, host, and environment and its importance in Chile. Revista Chilena de Infectología: Organo Oficial de la Sociedad Chilena de Infectología, 33(5), 547–557. <https://doi.org/10.4067/s0716-10182016000500010>

Bäumler, A., & Fang, F. C. (2013). Host specificity of bacterial pathogens. Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine, 3(12), a010041. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a010041>

Bearson, B. L., Bearson, S. M., Looft, T., Cai, G., & Shippy, D. C. (2017). Characterization of a multidrug-resistant *Salmonella enterica* serovar Heidelberg outbreak strain in commercial turkeys: Colonization, transmission, and host transcriptional response. Frontiers in Veterinary Science, 4, 156. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00156>

Berghiche, A., Khenenou, T., Kouzi, A., & Labiad, I. (2018). An investigation on the predominant diseases, its diagnosis, and commonly used drugs in the poultry farms in the North-Eastern regions of Algeria. Veterinary World, 11(7), 986-989. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.986-989>

Bergwerff, A. A., & Debast, S. B. (2021). Modernization of control of pathogenic micro-organisms in the food-chain requires a durable role for immunoaffinity-based detection methodology—a review. Foods, 10(4), 832.

Références bibliographiques

- <https://doi.org/10.3390/foods10040832>
- Berhanu, G., & Fulasa, A. (2020). Pullorum disease and fowl typhoid in poultry: A review. *British Journal of Poultry Science*, 9, 48-56.
<https://doi.org/10.5829/idosi.bjps.2020.48.56>
- Boubendir, S. (2019). Étude de la contamination des carcasses de poulets de chair par *Salmonella* aux différentes étapes du procédé d'abattage et dans l'environnement de deux abattoirs au Québec.
- Bounar-Kechih, S., Hamdi, T. M., Mezali, L., Assaous, F., & Rahal, K. (2012). Antimicrobial resistance of 100 *Salmonella* strains isolated from *Gallus gallus* in 4 wilayas of Algeria. *Poultry Science*, 91(5), 1179-1185.
<https://doi.org/10.3382/ps.2011-01620>
- Bouzidi, N., Aoun, L., Zeghdoudi, M., Bensouilah, M., Elgroud, R., Oucief, I., Granier, S. A., & Millemann, Y. (2012). *Salmonella* contamination of laying-hen flocks in two regions of Algeria. *Food Research International*, 45(2), 897–904.
<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.05.027>
- Braukmann, M., Methner, U., & Berndt, A. (2015). Immune reaction and survivability of *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Infantis after infection of primary avian macrophages. *PLoS One*, 10(3), e0122540.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122540>
- Brobey, B., Kucknoor, A., & Armacost, J. (2017). Prevalence of *Trichomonas*, *Salmonella*, and *Listeria* in wild birds from Southeast Texas. *Avian Diseases*, 61(3), 347-352.
<https://doi.org/10.1637/11607-020617-RegR>
- Butt, M. H., Saleem, A., Javed, S. O., Ullah, I., Rehman, M. U., Islam, N., Ashraf, S., & Misbah, S.** (2022). Rising XDR-typhoid fever cases in Pakistan: Are we heading back to the pre-antibiotic era? *Frontiers in Public Health*, 9, 794868.
<https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.794868>
- C
- Castro-Vargas, R. E., Herrera-Sánchez, M. P., Rodríguez-Hernández, R., & Rondón-Barragán, I. S. (2020). Antibiotic resistance in *Salmonella* spp. isolated from poultry: A global overview. *Veterinary World*, 13(10), 2070.
<https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.2070>
- Cazals, A. (2021). Étude de l'impact de la génétique de l'hôte et de la composition du microbiote intestinal sur le portage de *Salmonella* Enteritidis chez la souris et la poule (Thèse de doctorat, Université Paris-Saclay).
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2013). Antibiotic resistance threats in

Références bibliographiques

the United States, 2013. Retrieved January 20, 2019, from <https://www.cdc.gov/drugresistance/pdf/ar-threats-2013-508.pdf>

Centers for Disease Control and Prevention. (2024). *Salmonella*. Retrieved from <https://www.cdc.gov/Salmonella/index.html>

Cheng, Y., Pedroso, A. A., Porwollik, S., McClelland, M., Lee, M. D., Kwan, T., McDonough, P. L., & Maurer, J. J. (2015). rpoS-regulated core genes involved in the competitive fitness of *Salmonella enterica* serovar Kentucky in the intestines of chickens. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(2), 502–514. <https://doi.org/10.1128/AEM.03219-14>

Chiroma, M. A., Adamu, S., Gadzama, J. J., Esievo, K. A. N., Hassan, A., Balami, A. G., Ayo, J. O., & Madaki, L. Y. (2018). Determination of egg production and weight in layers experimentally infected with *Salmonella gallinarum*. *African Journal of Cellular Pathology*, 10(1), 10–15. <https://doi.org/10.5897/AJCPATH2018.0006>

Chlebicz, A., & Śliżewska, K. (2018). Campylobacteriosis, salmonellosis, yersiniosis, and listeriosis as zoonotic foodborne diseases: A review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 15(5), 863. <https://doi.org/10.3390/ijerph15050863>

Collett, S. R., Smith, J. A., Boulian, M., Owen, R. L., Gingerich, E., Singer, R. S., Schukken, Y. H., & Stewart-Brown, B. (2020). Principles of disease prevention, diagnosis, and control. In D. E. Swayne (Ed.), *Diseases of poultry* (14th ed., pp. 1–78). Wiley Blackwell. <https://doi.org/10.1002/9781119371199.ch1>

Cosby, D. E., Cox, N. A., Harrison, M. A., Wilson, J. L., Buhr, R. J., & Fedorka-Cray, P. J. (2015). *Salmonella* and antimicrobial resistance in broilers: A review. *Journal of Applied Poultry Research*, 24(3), 408–426. <https://doi.org/10.3382/japr/pfv038>

Crouch, C. F., Pugh, C., Patel, A., Brink, H., Wharmby, C., Watts, A., Jones, T., & de Vries, S. P. (2020). Reduction in intestinal colonization and invasion of internal organs after challenge by homologous and heterologous serovars of *Salmonella enterica* following vaccination of chickens with a novel trivalent inactivated *Salmonella* vaccine. *Avian Pathology*, 49(6), 666–677. <https://doi.org/10.1080/03079457.2020.1814200>

Cuong, N. V., Phu, D. H., Van, N. T. B., Dinh Truong, B., Kiet, B. T., Hien, B. V., Thu, H. T. V., & Carrique-Mas, J. (2019). High-resolution monitoring of antimicrobial consumption in Vietnamese small-scale chicken farms highlights discrepancies between study metrics. *Frontiers in Veterinary Science*, 6, 174. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00174>

Cuypers, W. L., Jacobs, J., Wong, V., Klemm, E. J., Deborggraeve, S., & Van Puyvelde, S. (2018). Fluoroquinolone resistance in *Salmonella*: Insights by whole-genome sequencing. *Microbial Genomics*, 4(7), e000195.

Références bibliographiques

<https://doi.org/10.1099/mgen.0.000195>

D

Davies, J., & Davies, D. (2010). Origins and evolution of antibiotic resistance. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 74(3), 417–433. <https://doi.org/10.1128/mmbr.00016-10>

Deng, X., Desai, P. T., den Bakker, H. C., Mikoleit, M., Tolar, B., Trees, E., Vora, G., & McClelland, M. (2014). Genomic epidemiology of *Salmonella enterica* serotype Enteritidis based on population structure of prevalent lineages. *Emerging Infectious Diseases*, 20(9), 1481–1489. <https://doi.org/10.3201/eid2009.131095>

Dhanani, A. S., Block, G., Dewar, K., Forgetta, V., Topp, E., Beiko, R. G., & Diarra, M. S. (2015). Genomic comparison of non-typhoidal *Salmonella enterica* serovars Typhimurium, Enteritidis, Heidelberg, Hadar, and Kentucky isolates from broiler chickens. *PLoS ONE*, 10(6), e0128773. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128773>

Diab, M. S., Zaki, R. S., Ibrahim, N. A., & Abd El Hafez, M. S. (2019). Prevalence of multidrug resistance non-typhoidal *Salmonellae* isolated from layer farms and humans in Egypt. *World's Veterinary Journal*, 9(4), 280-288. <https://doi.org/10.36380/scil.2019.wvj35281>

Dimitrova, A. (2022, September). Prevalence of *Salmonella* spp. in breeding flocks, laying hens, and broilers in different regions of Bulgaria in 2016. *Proceedings of the Bulgarian Academy of Sciences*, 75(9), 1364-1371. <https://doi.org/10.7546/CRABS.2022.09.15>

Djeffal, S., Mamache, B., Elgroud, R., Hireche, S., & Bouaziz, O. (2018). Prevalence and risk factors for *Salmonella* spp. contamination in broiler chicken farms and slaughterhouses in the northeast of Algeria. *Veterinary World*, 11(8), 1102–1108. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.1102-1108>

Donado-Godoy, P., Gardner, I., Byrne, B. A., León, M., Pérez-Gutierrez, E., Ovalle, M. V., Arévalo, A., & Miller, W. (2012). Prevalence, risk factors, and antimicrobial resistance profiles of *Salmonella* from commercial broiler farms in two important poultry-producing regions of Colombia. *Journal of Food Protection*, 75(5), 874–883.

<https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-11-458>.

E

ECDC, & EFSA. (2022). The European Union one health 2021 zoonoses report. *EFSA Journal*, 20, e07666. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2022.e07666>

Eckert, N. H., Lee, J. T., Hyatt, D., Stevens, S. M., Anderson, S., Anderson, P. N., Beltran, R., & Caldwell, D. J. (2010). Influence of probiotic administration by feed or water on

- growth parameters of broilers reared on medicated and nonmedicated diets. *Journal of Applied Poultry Research*, 19(1), 59–67. <https://doi.org/10.3382/japr.2009-00084>
- Eguale, T. (2018). Non-typhoidal *Salmonella* serovars in poultry farms in central Ethiopia: Prevalence and antimicrobial resistance. *BMC Veterinary Research*, 14(1), 1–8. <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1539-4>
- Eid, S., Hassan, H. M., Al-Atfeehy, N. M., Selim, K. M., & El Oksh, A. S. (2023). Composting: A biosecurity measure to maximize the benefit of broilers' litter. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, 10(3), 458. <https://doi.org/10.5455/javar.2023.j699>
- Elgroud, R., Zerdoumi, F., Benazzouz, M., Bouzitouna-Bentchouala, C., Granier, S. A., Frémy, S., & Millemann, Y. (2009). Characteristics of *Salmonella* contamination of broilers and slaughterhouses in the region of Constantine (Algeria). *Zoonoses and Public Health*, 56(2), 84-93. <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2008.01164.x>
- Elkenany, R. M., Eladl, A. H., & El-Shafei, R. A. (2018). Genetic characterisation of class 1 integrons among multidrug-resistant *Salmonella* serotypes in broiler chicken farms. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 14, 202-208. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.04.009>
- Elkenany, R., Elsayed, M. M., Zakaria, A. I., El-Sayed, S. A. E. S., & Rizk, M. A. (2019). Antimicrobial resistance profiles and virulence genotyping of *Salmonella enterica* serovars recovered from broiler chickens and chicken carcasses in Egypt. *BMC Veterinary Research*, 15(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12917-019-1867-z>
- Elnekave, E., Hong, S. L., Lim, S., Johnson, T. J., Perez, A., & Alvarez, J. (2020). Comparing serotyping with whole-genome sequencing for subtyping of non-typhoidal *Salmonella enterica*: A large-scale analysis of 37 serotypes with a public health impact in the USA. *Microbial Genomics*, 6(9), e000425. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000425>
- El-Saadony, M. T., Saad, A. M., Yang, T., Salem, H. M., Korma, S. A., Ahmed, A. E., El-Tahan, A. M., & Ibrahim, S. A. (2023). Avian campylobacteriosis, prevalence, sources, hazards, antibiotic resistance, poultry meat contamination, and control measures: A comprehensive review. *Poultry Science*, 102(9), 102786. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.102786>
- El-Saadony, M. T., Salem, H. M., El-Tahan, A. M., Abd El-Mageed, T. A., Soliman, S. M., Khafaga, A. F., Arif, M., & Abd El-Hack, M. E. (2022). The control of poultry salmonellosis using organic agents: An updated overview. *Poultry Science*, 101(4), 101716. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.101716>
- Elsayed, M. M., El-Basrey, Y. F., El-Baz, A. H., Dowidar, H. A., Shami, A., Al-Saeed, F. A., Elmonem, M. A., & Khedr, M. H. (2024). Ecological prevalence, genetic diversity,

Références bibliographiques

- and multidrug resistance of *Salmonella enteritidis* recovered from broiler and layer chicken farms. *Poultry Science*, 103(2), 103320. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103320>
- El-Sharkawy, H., Tahoun, A., El-Gohary, A. E. G. A., El-Abasy, M., El-Khayat, F., Gillespie, T., Kitade, Y., & El-Adawy, H. (2017). Epidemiological, molecular characterization, and antibiotic resistance of *Salmonella enterica* serovars isolated from chicken farms in Egypt. *Gut Pathogens*, 9(1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/s13099-017-0157-1>
- El-Tayeb, M. A., Ibrahim, A. S., Al-Salamah, A. A., Almaary, K. S., & Elbadawi, Y. B. (2017). Prevalence, serotyping, and antimicrobial resistance mechanisms of *Salmonella enterica* isolated from clinical and environmental samples in Saudi Arabia. *Brazilian Journal of Microbiology*, 48, 499–508. <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.09.021>
- Eng, S. K., Pusparajah, P., Ab Mutalib, N. S., Ser, H. L., Chan, K. G., & Lee, L. H. (2015). *Salmonella*: A review on pathogenesis, epidemiology, and antibiotic resistance. *Frontiers in Life Science*, 8(3), 284–293. <https://doi.org/10.1080/21553769.2015.1051243>
- European Food Safety Authority, & European Centre for Disease Prevention and Control. (2018). Multi-country outbreak of *Salmonella Agona* infections possibly linked to ready-to-eat food (Vol. 15, No. 7, p. 1465E).
-F.....
- Fallah, S. H., Asgharpour, F., Naderian, Z., & Moulana, Z. (2013). Isolation and determination of antibiotic resistance patterns in nontyphoid *Salmonella* spp. isolated from chicken. *International Journal of Enteric Pathogens*, 1(1), 5–9. <https://doi.org/10.17795/ijep9416>
- Farahani, R. K., Ebrahimi-Rad, M., Shahrokhi, N., Farahani, A. H. K., Ghafouri, S. A., Rezaei, M., Shokoohzadeh, L., & Ehsani, P. (2023). High prevalence of antibiotic resistance and biofilm formation in *Salmonella Gallinarum*. *Iranian Journal of Microbiology*, 15(5), 631–638. <https://doi.org/10.18502/ijm.v15i5.13869>
- Farahani, R. K., Ehsani, P., Ebrahimi-Rad, M., & Khaledi, A. (2018). Molecular detection, virulence genes, biofilm formation, and antibiotic resistance of *Salmonella enterica* serotype Enteritidis isolated from poultry and clinical samples. *Jundishapur Journal of Microbiology*, 11(10). <https://doi.org/10.5812/jjm.69504>
- Farhat, M., Khayi, S., Berrada, J., Mouahid, M., Ameur, N., El-Adawy, H., & Fellahi, S. (2023). *Salmonella enterica* Serovar Gallinarum Biovars Pullorum and Gallinarum in Poultry: Review of Pathogenesis, Antibiotic Resistance, Diagnosis and Control in the Genomic Era. *Antibiotics*, 13(1), 23. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13010023>

Références bibliographiques

- Ferrari, R. G., Panzenhagen, P. H., & Conte-Junior, C. A. (2017). Phenotypic and genotypic eligible methods for *Salmonella* Typhimurium source tracking. *Frontiers in Microbiology*, 8, 2587.
- Ferrari, R. G., Rosario, D. K., Cunha-Neto, A., Mano, S. B., Figueiredo, E. E., & Conte-Junior, C. A. (2019). Worldwide epidemiology of *Salmonella* serovars in animal-based foods: A meta-analysis. *Applied and Environmental Microbiology*, 85(14), e00591-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.00591-19>
- Foley, S. L., Johnson, T. J., Ricke, S. C., Nayak, R., & Danzeisen, J. (2013). *Salmonella* pathogenicity and host adaptation in chicken-associated serovars. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 77(4), 582–607. <https://doi.org/10.1128/mmbr.00015-13>
- Fontanot, M., Iacumin, L., Cecchini, F., Comi, G., & Manzano, M. (2014). Rapid detection and differentiation of important *Campylobacter* spp. in poultry samples by dot blot and PCR. *Food Microbiology*, 43, 28–34. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2014.05.001>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2023). FAOSTAT. Consulté le 13 février 2025, à partir de <https://www.fao.org/faostat/en/#compare>
- Fu, Y., M'ikanatha, N. M., Lorch, J. M., Blehert, D. S., Berlowski-Zier, B., Whitehouse, C. A., ... & Dudley, E. G. (2022). *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolates from wild birds in the United States represent distinct lineages defined by bird type. *Applied and Environmental Microbiology*, 88(6), e01979-21. <https://doi.org/10.1128/aem.01979-21>

G.....

- Gargano, V., Gambino, D., Migliore, S., Vitale, M., Sciortino, S., Costa, A., & Vicari, D. (2021). Can human handling increase the presence of multidrug resistance (MDR) in *Salmonella* spp. isolated from food sources? *Microorganisms*, 9(10), 2018. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9102018>
- Gast, R. K., & Porter Jr, R. E. (2020). *Salmonella* infections. In Diseases of poultry (pp. 717-753). <https://doi.org/10.1002/9781119371199.ch16>
- Gast, R. K., Dittoe, D. K., & Ricke, S. C. (2024). *Salmonella* in eggs and egg-laying chickens: Pathways to effective control. *Critical Reviews in Microbiology*, 50(1), 39-63. <https://doi.org/10.1080/1040841X.2022.2156772>
- Gast, R. K., Guraya, R., Jones, D. R., Anderson, K. E., & Karcher, D. M. (2017). Frequency and duration of fecal shedding of *Salmonella* enteritidis by experimentally infected laying hens housed in enriched colony cages at different stocking densities.

Références bibliographiques

- Frontiers in Veterinary Science, 4, 47. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00047>
- Gibson, G. R., Hutkins, R., Sanders, M. E., Prescott, S. L., Reimer, R. A., Salminen, S. J., Scott, K., & Reid, G. (2017). Expert consensus document: The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of prebiotics. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 14(8), 491–502. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2017.75>
- Glenn, L. M., Lindsey, R. L., Folster, J. P., Pecic, G., Boerlin, P., Gilmour, M. W., Harbottle, H., & Frye, J. G. (2013). Antimicrobial resistance genes in multidrug-resistant *Salmonella enterica* isolated from animals, retail meats, and humans in the United States and Canada. *Microbial Drug Resistance*, 19(3), 175–184. <https://doi.org/10.1089/mdr.2012.0177>
- Gosling, R., Oastler, C., Nichols, C., Jackson, G., Wales, A. D., & Davies, R. H. (2022). Investigations into *Salmonella* contamination in feed mills producing rations for the broiler industry in Great Britain. *Veterinary Sciences*, 9(7), 307. <https://doi.org/10.3390/vetsci9070307>
- Gradl, J. A. (2016). Quantifying condensation on shell eggs and its effect on *Salmonella* Enteritidis penetration into egg contents (Master's thesis, Auburn University). Retrieved from <https://etd.auburn.edu/handle/10415/5194>
- Grimont, P. A. D., Grimont, F., & Bouvet, P. (2000). *Taxonomy of the genus Salmonella*. Dans C. Wray & A. Wray (Éds.), *Salmonella in Domestic Animals* (pp. 1–17). CABI Publishing. <https://doi.org/10.1079/9780851992617.0001>
- Grimont, P. A., & Weill, F. X. (2007). Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars (9th ed.). WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*.
- Gryglewski, R. W., & Chlipała, M. (2020). *Salmonella Typhi*—historical perspective of discovery and forgotten contribution of Polish anatomopathology. *Folia Medica Cracoviensia*, 60(3), 25–32. <https://doi.org/10.24425/fmc.2020.133483>
- Guibourdenche, M., Roggentin, P., Mikoleit, M., Fields, P. I., Bockemühl, J., Grimont, P. A., & Weill, F. X. (2010). Supplement 2003–2007 (No. 47) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme. *Research in Microbiology*, 161(1), 26–29. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2009.10.002>
- Guillot, J. F. (1989). Apparition et évolution de la résistance bactérienne aux antibiotiques. In Annales de recherches vétérinaires (Vol. 20, No. 1, pp. 3–16).

H.....

- Hald, T., Aspinall, W., Devleesschauwer, B., Cooke, R., Corrigan, T., Havelaar, A. H., Gibb, H. J., & Hoffmann, S. (2016). World Health Organization estimates of the relative contributions of food to the burden of disease due to selected foodborne

Références bibliographiques

- hazards: A structured expert elicitation. PLOS ONE, 11(1), e0145839. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0145839>
- Halder, S., Das, S., Nath, S. K., Kundu, S. K., Islam, M. S., Chowdhury, S., & Masuduzzaman, M. (2021). Prevalence of some common bacterial diseases in commercial poultry farm. Ukrainian Journal of Veterinary and Agricultural Sciences, 4(2), 44-51. <https://doi.org/10.32718/ujvas4-2.08>
- Hanson, D. L., Loneragan, G. H., Brown, T. R., Nisbet, D. J., Hume, M. E., & Edrington, T. S. (2016). Evidence supporting vertical transmission of *Salmonella* in dairy cattle. Epidemiology & Infection, 144(5), 962–967. <https://doi.org/10.1017/S0950268815002241>
- Haque, A. Z., Akter, M. R., Islam, S. S., Alam, J., Neogi, S. B., Yamasaki, S., & Kabir, S. L. (2021). *Salmonella* Gallinarum in small-scale commercial layer flocks: Occurrence, molecular diversity and antibiogram. Veterinary Sciences, 8(5), 71. <https://doi.org/10.3390/vetsci8050071>
- Hasan, T. B., & Lafta, I. J. (2021). RAPD fingerprinting and genetic diversity of *Salmonella* spp. isolated from broiler and layer flocks in Karbala, Iraq. Archives of Razi Institute, 76(5), 1363-1370. <https://doi.org/10.22092/ari.2021.356000.1759>
- Hassan, A. R. H., Salam, H. S., & Abdel-Latef, G. K. (2016). Serological identification and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates from broiler carcasses and human stools in Beni-Suef, Egypt. Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences, 5(2), 202–207. <https://doi.org/10.1016/j.bjbas.2016.04.002>
- He, S., Fong, K., Wang, S., & Shi, X. (2021). Meat juice contributes to the stability of ethanol adaptation in *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. Food Quality and Safety, 5, fyab017. <https://doi.org/10.1093/fqsafe/fyab017>
- Hernández, A. C. (2014). Poultry and avian diseases. Encyclopedia of Agriculture and Food Systems, 504. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-52512-3.00183-2>
- Hofacre, C. L., Rosales, A. G., Da Costa, M., Cookson, K., Schaeffer, J., & Jones, M. K. (2021). Immunity and protection provided by live modified vaccines against paratyphoid Salmonella in poultry—an applied perspective. Avian Diseases, 65(2), 295-302. <https://doi.org/10.1637/aviandiseases-D-20>
- Horn, N., & Bhunia, A. K. (2018). Food-associated stress primes foodborne pathogens for the gastrointestinal phase of infection. Frontiers in Microbiology, 9, 1962. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01962>
- Hsi, D. J., Ebel, E. D., Williams, M. S., Golden, N. J., & Schlosser, W. D. (2015). Comparing foodborne illness risks among meat commodities in the United States. Food Control, 54, 353-359. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2015.02.018>

Références bibliographiques

Huberman, Y. D., Caballero-García, M., Rojas, R., Ascanio, S., Olmos, L. H., Malena, R., Rodríguez, M., & Mendoza-Espinoza, A. (2022). The efficacy of a trivalent inactivated *Salmonella* vaccine combined with the live *S. gallinarum* 9R vaccine in young layers after experimental infections with *S. enteritidis*, *S. typhimurium*, and *S. infantis*. *Vaccines*, 10(7), 1113. <https://doi.org/10.3390/vaccines10071113>

.....
I.....

Ingle, D. J., Ambrose, R. L., Baines, S. L., Duchêne, S., Gonçalves da Silva, A., Lee, D. Y., Ballard, S. A., & Williamson, D. A. (2021). Evolutionary dynamics of multidrug resistant *Salmonella enterica* serovar 4,[5],12:i:- in Australia. *Nature Communications*, 12(1), 4786. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25073-w>

International Organization for Standardization. (2007). International Standard, Microbiology of feed and animal feeding stuffs—Horizontal method for the detection of *Salmonella* spp. Amendment 1: Annex D: Detection of *Salmonella* spp. in animal. Retrieved from <http://www.aait.org.cn/web/images/upload/2013/07/11/20137111148308281.pdf>

International Organization for Standardization. (2017). ISO 6579–1: 2017–Microbiology of the food chain–Horizontal Method for the Detection, Enumeration and Serotyping of *Salmonella*-Part 1: Detection of *Salmonella* spp.

Iqbal, A., Hasni, S., Rahman, S. U., Aslam, R., & Khan, K. (2016). Preparation and evaluation of bacteriophage lysate specific for *Salmonella typhimurium*. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 5(1), 828-835.

Islam, M. M. (2023). Pathological and molecular investigation of hepatomegaly and splenomegaly syndrome in poultry in Chattogram (Doctoral dissertation, Chattogram Veterinary and Animal Sciences University, Khulshi-Chattogram-4225). <http://dspace.cvasu.ac.bd/jspui/handle/123456789/2705>

Iwabuchi, E., Maruyama, N., Hara, A., Nishimura, M., Muramatsu, M., Ochiai, T., & Hirai, K. (2010). Nationwide survey of *Salmonella* prevalence in environmental dust from layer farms in Japan. *Journal of Food Protection*, 73(11), 1993–2000. <https://doi.org/10.4315/0362-028X-73.11.1993>

Iwabuchi, E., Yamamoto, S., Endo, Y., Ochiai, T., & Hirai, K. (2011). Prevalence of *Salmonella* isolates and antimicrobial resistance patterns in chicken meat throughout Japan. *Journal of Food Protection*, 74(2), 270–273. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-10-215>

.....
J.....

- Jajere, S. M. (2019). A review of *Salmonella enterica* with particular focus on the pathogenicity and virulence factors, host specificity and antimicrobial resistance including multidrug resistance. *Veterinary World*, 12(4), 504-521. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.504-521>
- Jasim, N. A. (2020). Using of *Saccharomyces cerevisiae* and *Lactobacillus acidophilus* as probiotic against *Salmonella enterica* serovar Typhimurium isolated from poultry. *Al-Anbar Journal of Veterinary Sciences*, 13(2), 109-117.
- Jia, S., McWhorter, A. R., Andrews, D. M., Underwood, G. J., & Chousalkar, K. K. (2020). Challenges in vaccinating layer hens against *Salmonella* Typhimurium. *Vaccines*, 8(4), 696. <https://doi.org/10.3390/vaccines8040696>
- Jibril, A. H., Okeke, I. N., Dalsgaard, A., & Olsen, J. E. (2021). Association between antimicrobial usage and resistance in *Salmonella* from poultry farms in Nigeria. *BMC Veterinary Research*, 17(1), 234. <https://doi.org/10.1186/s12917-021-02938-2>
- Journal Officiel de la République Algérienne. Arrêté interministériel du 17 Dhoul El Kaada 1423 correspondant au 20 janvier 2003 définissant les mesures de prévention et de contrôle spécifiques aux salmonelloses aviaires *Salmonella Enteritidis*, *Typhimurium*, *Typhi*, *Arizona*, *Dublin*, *Paratyphi* et *Pullorum Gallinarum*. 2003; 36: 15-17.
- Julia, D. C., Xochil, V. M., & Antonio, V. R. (2019). Identification of fliC and flagella expression in *Salmonella enterica* subspecies enterica serovar Gallinarum biovar gallinarum. *African Journal of Microbiology Research*, 13(2), 40-49. <https://doi.org/10.5897/AJMR2018.8959>
- Julianingsih, D. (2023). Causative agents for fowl typhoid and pullorum disease in poultry and approach to control (Master's thesis, University of Maryland, College Park). Digital Repository at the University of Maryland. <https://doi.org/10.13016/2zfg-wqox>
- Julianingsih, D., Alvarado-Martinez, Z., Tabashsum, Z., Tung, C. W., Aditya, A., Kapadia, S., ... & Biswas, D. (2024). Identification of *Salmonella enterica* biovars Gallinarum and Pullorum and their antibiotic resistance pattern in integrated crop-livestock farms and poultry meats. *Access Microbiology*, 6(9), 000775-v6. <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000775.v6>

K

- Kagambèga, A., Hiott, L. M., Boyle, D. S., McMillan, E. A., Sharma, P., Gupta, S. K., Jackson, C. R., & Frye, J. G. (2021). Serotyping of sub-Saharan Africa *Salmonella* strains isolated from poultry feces using multiplex PCR and whole genome sequencing. *BMC Microbiology*, 21, Article 9. <https://doi.org/10.1186/s12866-021-02085-6>

Références bibliographiques

- Kang, R., Wang, W., Liu, Y., Huang, S., Xu, J., Zhao, L., Zhang, C., & Ma, Q. (2022). Dietary selenium sources alleviate immune challenge induced by *Salmonella* Enteritidis potentially through improving the host immune response and gut microbiota in laying hens. *Frontiers in Immunology*, 13, 928865. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.928865>
- Karabasanavar, S., Madhavaprasad, B., Gopalakrishna, A., Hiremath, J., Patil, S., & Barbuddhe, B. (2020). Prevalence of *Salmonella* serotypes *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium* in poultry and poultry products. *Journal of Food Safety*, 40(6), e12852. <https://doi.org/10.1111/jfs.12852>
- Kaushik, P., Kumari, S., Bharti, S. K., & Dayal, S. (2014). Isolation and prevalence of *Salmonella* from chicken meat and cattle milk collected from local markets of Patna, India. *Veterinary World*, 7(2), 62. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2014.62-65>
- Khaki, P., Moradi Bidhendi, S., & Cheraghchi, N. (2015). Study on phenotypic characteristics of *Salmonella gallinarum* and *Salmonella pullorum* isolates based on biochemical and antimicrobial susceptibility tests in Iran. *Archives of Razi Institute*, 70(3), 171-177. <https://doi.org/10.7508/ari.2015.03.005>
- Khan, S., & Chousalkar, K. K. (2020). Transcriptome profiling analysis of caeca in chicks challenged with *Salmonella* Typhimurium reveals differential expression of genes involved in host mucosal immune response. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 104(21), 9327–9342. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10887-3>
- Khomayez, R., & Adewole, D. (2022). Probiotics, prebiotics, and synbiotics: an overview of their delivery routes and effects on growth and health of broiler chickens. *World's Poultry Science Journal*, 78(1), 57-81. <https://doi.org/10.1080/00439339.2022.1988804>
- Kogut, M. H., Swaggerty, C. L., Byrd, J. A., Selvaraj, R., & Arsenault, R. J. (2016). Chicken-specific kinome array reveals that *Salmonella enterica* serovar Enteritidis modulates host immune signaling pathways in the cecum to establish a persistent infection. *International Journal of Molecular Sciences*, 17(8), 1207. <https://doi.org/10.3390/ijms17081207>
- Kolida, S., & Gibson, G. R. (2011). Synbiotics in health and disease. *Annual review of food science and technology*, 2(1), 373-393. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-022510-133739>
- Kombade, S., & Kaur, N. (2021). Pathogenicity island in *Salmonella*. In *Salmonella* spp.-A Global Challenge. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.96443>
- Koutsoumanis, K., Allende, A., Alvarez-Ordóñez, A., Bolton, D., Bover-Cid, S., Chemaly, M., Davies, R., Herman, L., Lindqvist, R., Nauta, M., Ru, G., Simmons, M., Skandamis, P., Snary, E., & EFSA BIOHAZ Panel. (2019). *Salmonella* control in poultry flocks and its public health impact. *EFSA Journal*, 17(2), e05596. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.05596>

Références bibliographiques

- Krumperman, P. H. (1983). Multiple antibiotic resistance indexing of *Escherichia coli* to identify high-risk sources of fecal contamination of foods. *Applied and Environmental Microbiology*, 46(1), 165–170. <https://doi.org/10.1128/aem.46.1.165-170.1983>
- Krysiak, K., Konkol, D., & Korczyński, M. (2021). Overview of the use of probiotics in poultry production. *Animals*, 11(6), 1620. <https://doi.org/10.3390/ani11061620>
- Krzyżewska-Dudek, E., Kotimaa, J., Kapczyńska, K., Rybka, J., & Meri, S. (2022). Lipopolysaccharides and outer membrane proteins as main structures involved in complement evasion strategies of non-typhoidal *Salmonella* strains. *Molecular Immunology*, 150, 67-77. <https://doi.org/10.1016/j.molimm.2022.08.009>
- Kulshreshtha, G., D'alba, L., Dunn, I. C., Rehault-Godbert, S., Rodriguez-Navarro, A. B., & Hincke, M. T. (2022). Properties, genetics and innate immune function of the cuticle in egg-laying species. *Frontiers in Immunology*, 13, 838525. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.838525>
- Kumar, D., Pornsukarom, S., & Thakur, S. (2019). Antibiotic usage in poultry production and antimicrobial-resistant *Salmonella* in poultry. *Food Safety in Poultry Meat Production*, 47–66. https://doi.org/10.1007/978-3-030-05011-5_3
- Kumar, H., Salminen, S., Verhagen, H., Rowland, I., Heimbach, J., Bañares, S., Aggett, P., & Lalonde, M. (2015). Novel probiotics and prebiotics: Road to the market. *Current Opinion in Biotechnology*, 32, 99–103. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2014.11.021>
- Kuus, K., Kramarenko, T., Sõgel, J., Mäesaar, M., Fredriksson-Ahomaa, M., & Roasto, M. (2021). Prevalence and serotype diversity of *Salmonella enterica* in the Estonian meat production chain in 2016–2020. *Pathogens*, 10(12), 1622. <https://doi.org/10.3390/pathogens10121622>

.....**L**.....

- Lagzian, M., Bassami, M. R., & Dehghani, H. (2016). *In vitro* responses of chicken macrophage-like monocytes following exposure to pathogenic and non-pathogenic *E. coli* ghosts loaded with a rational design of conserved genetic materials of influenza and Newcastle disease viruses. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 176, 5-17. <https://doi.org/10.1016/j.vetimm.2016.05.005>
- Lamas, A., Fernandez-No, I. C., Miranda, J. M., Vázquez, B., Cepeda, A., & Franco, C. M. (2016). Prevalence, molecular characterization and antimicrobial resistance of *Salmonella* serovars isolated from northwestern Spanish broiler flocks (2011–2015). *Poultry Science*, 95(9), 2097–2105. <https://doi.org/10.3382/ps/pew150>
- Lamichhane, B., Mawad, A. M., Saleh, M., Kelley, W. G., Harrington, P. J., Lovestad, C. W., Snyder, R. A., & Helmy, Y. A. (2024). Salmonellosis: An overview of epidemiology, pathogenesis, and innovative approaches to mitigate the antimicrobial

Références bibliographiques

- resistant infections. Antibiotics, 13(1), 76. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13010076>
- Lee, W., Kim, E., Zin, H., Sung, S., Woo, J., Lee, M. J., et al. (2022). Genomic characteristics and comparative genomics analysis of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Thompson isolated from an outbreak in South Korea. *Scientific Reports*, 12, 20553. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-25177-9>
- Leistikow, K. R., Beattie, R. E., & Hristova, K. R. (2022). Probiotics beyond the farm: Benefits, costs, and considerations of using antibiotic alternatives in livestock. *Frontiers in Antibiotics*, 1, 1003912. <https://doi.org/10.3389/frabi.2022.1003912>
- Li, L., McWhorter, A., & Chousalkar, K. (2024). Ensuring egg safety: *Salmonella* survival, control, and virulence in the supply chain. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 24(1), e70075. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.70075>
- Li, Q., Wang, X., Xia, J., Yuan, Y., Yin, C., Xu, L., ... & Jiao, X. (2018). Salmonella-containing vacuole development in avian cells and characteristic of cigR in *Salmonella enterica* serovar Pullorum replication within macrophages. *Veterinary Microbiology*, 223, 65–71. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.07.013>
- Liljeblad, K. A., Hofacre, C. L., White, D. G., Ayers, S., Lee, M. D., & Maurer, J. J. (2017). Diversity of antimicrobial resistance phenotypes in *Salmonella* isolated from commercial poultry farms. *Frontiers in Veterinary Science*, 4, 96. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00096>
- Liu, B., Knirel, Y. A., Feng, L., Perepelov, A. V., Senchenkova, S. Y. N., Reeves, P. R., & Wang, L. (2014). Structural diversity in *Salmonella* O antigens and its genetic basis. *FEMS Microbiology Reviews*, 38(1), 56-89. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12034>
- Luvsansharav, U. O., Vieira, A., Bennett, S., Huang, J., Healy, J. M., Hoekstra, R. M., Villamil, E., & Cole, D. (2020). *Salmonella* serotypes: A novel measure of association with foodborne transmission. *Foodborne Pathogens and Disease*, 17(2), 151–155. <https://doi.org/10.1089/fpd.2019.2641>
-M.....
- Majo N., Dolz R., 2012: Autopsie des volailles. Collection Atlas. Les éditions du point vétérinaire. 82 pages.
- Markos, T. (2016). A review on pullorum disease and its economic importance in poultry industry. *Journal of Poultry Science*, 4(1), 01-10.
- Marmion, M., Macori, G., Ferone, M., Whyte, P., & Scannell, A. G. M. (2022). Survive and thrive: Control mechanisms that facilitate bacterial adaptation to survive

- manufacturing-related stress. International Journal of Food Microbiology, 368, 109612. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109612>
- Marouf, S., Ibrahim, H. M., El-Naggar, M. S., Swelum, A. A., Alqhtani, A. H., El-Saadony, M. T., El-Tarably, K. A., & Salem, H. M. (2022). Inactivated pentavalent vaccine against mycoplasmosis and salmonellosis for chickens. *Poultry Science*, 101(11), 102139. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102139>
- Marouf, S., Li, X., Salem, H. M., Ahmed, Z. S., Nader, S. M., Shaalan, M., El-Saadony, M. T., & Cheang, T. (2023). Molecular detection of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* of different avian sources with pathogenicity testing and in vitro evaluation of antibacterial efficacy of silver nanoparticles against multidrug-resistant *P. aeruginosa*. *Poultry Science*, 102(10), 102995. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.102995>
- Marquardt, R. R., & Li, S. (2018). Antimicrobial resistance in livestock: Advances and alternatives to antibiotics. *Animal Frontiers*, 8(2), 30–37. <https://doi.org/10.1093/af/vfy001>
- McMillan, E. A., Jackson, C. R., & Frye, J. G. (2020). Transferable plasmids of *Salmonella enterica* associated with antibiotic resistance genes. *Frontiers in Microbiology*, 11, 562181. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.562181>
- Meher, M. M., Sharif, M. A., & Al Bayazid, A. (2022). Seroprevalence of *Salmonella* spp. infection in different types of poultry and biosecurity measures associated with Salmonellosis. *International Journal of Agriculture Environment and Food Sciences*, 6(4), 557–567. <https://doi.org/10.31015/jaefs.2022.4.8>
- Mendonça, E. P., de Melo, R. T., Nalevaiko, P. C., Monteiro, G. P., Fonseca, B. B., Galvão, N. N., & Rossi, D. A. (2019). Spread of the serotypes and antimicrobial resistance in strains of *Salmonella* spp. isolated from broiler. *Brazilian Journal of Microbiology*, 50, 515-522. <https://doi.org/10.1007/s42770-019-00054-w>
- Mezali, L., & Hamdi, T. M. (2012). Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from meat and meat products in Algiers (Algeria). *Foodborne Pathogens and Disease*, 9(6), 522-529. <https://doi.org/10.1089/fpd.2011.10>
- Mohammad, Z., Kalbasi-Ashtari, A., Riskowski, G., & Castillo, A. (2019). Reduction of *Salmonella* and *Shiga* toxin-producing *Escherichia coli* on alfalfa seeds and sprouts using an ozone generating system. *International Journal of Food Microbiology*, 289, 57–63. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.08.023>
- Monte, D. F., Nelson, V., Cerdeira, L., Keelara, S., Greene, S., Griffin, D., Cook, P. W., & Thakur, S. (2019). Multidrug- and colistin-resistant *Salmonella enterica* 4,[5],12:i:-sequence type 34 carrying the *mcr-3.1* gene on the IncH12 plasmid recovered from a human. *Journal of Medical Microbiology*, 68(7), 986–990. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.001012>

Références bibliographiques

- Mooijman, K. A. (2018). The new ISO 6579-1: A real horizontal standard for detection of *Salmonella*, at last! *Food Microbiology*, 71, 2–7. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.03.007>
- Moraes, D. M. C., Almeida, A. M. D. S., Andrade, M. A., Nascente, E. D. P., Duarte, S. C., Nunes, I. A., ... & Minafra, C. (2024). Antibiotic resistance profile of *Salmonella* sp. isolates from commercial laying hen farms in Central-Western Brazil. *Microorganisms*, 12(4), 669. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12040669>
- Moreno, M. A., García-Soto, S., Hernández, M., Bárcena, C., Rodríguez-Lázaro, D., Ugarte-Ruiz, M., & Domínguez, L. (2019). Day-old chicks are a source of antimicrobial resistant bacteria for laying hen farms. *Veterinary microbiology*, 230, 221-227.
- Morningstar-Shaw, B., Mackie, T., Barker, D., Brillhart, C., & Palmer, E. (2015). *Salmonella* serotypes isolated from animals in the United States: January 1–December 31, 2014. In Proceedings of the 119th Annual Meeting of the U.S. Animal Health Association (pp. 332–336). U.S. Animal Health Association.
- Mottawea, W., Duceppe, M. O., Dupras, A. A., Usongo, V., Jeukens, J., Freschi, L., ... & Ogunremi, D. (2018). *Salmonella enterica* prophage sequence profiles reflect genome diversity and can be used for high discrimination subtyping. *Frontiers in Microbiology*, 9, 836. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00836>
- Musa, L., Proietti, P. C., Marenzoni, M. L., Stefanetti, V., Kika, T. S., Blasi, F., ... & Franciosini, M. P. (2021). Susceptibility of commensal *E. coli* isolated from conventional, antibiotic-free, and organic meat chickens on farms and at slaughter toward antimicrobials with public health relevance. *Antibiotics*, 10(11), 1321. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10111321>
- Muylaert, A., & Mainil, J. (2013). Résistance bactériennes aux antibiotiques, les mécanismes et leur "contagiosité". In *Annales de Médecine Vétérinaire* (Vol. 156). ULg-Université de Liège, Liège, Belgium.
-N.....
- Nabil, N. M., Tawakol, M. M., Samir, A., Hassan, H. M., Yonis, A. E., Reda, R. M., & Elsayed, M. M. (2023). Synergistic influence of probiotic and florfenicol on embryonic viability, performance, and multidrug-resistant *Salmonella Enteritidis* in broiler chickens. *Scientific Reports*, 13(1), 9644. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-36238-6>
- Nair, V. T., Venkitanarayanan, K., & Kollanoor Johny, A. (2018). Antibiotic-resistant *Salmonella* in the food supply and the potential role of antibiotic alternatives for control. *Foods*, 7(10), 167. <https://doi.org/10.3390/foods7100167>

- Naurin, S., Islam, M. A., & Khatun, M. M. (2012). Prevalence of *Salmonella* in apparently healthy chickens in Mymensingh, Bangladesh. *Microbes and Health*, 1(1), 30-33. <https://doi.org/10.3329/mh.v1i1.13711>
- Naushad, S., Ogunremi, D., & Huang, H. (2023). Salmonella: A brief review. In *Salmonella—Perspectives for Low-Cost Prevention, Control and Treatment*. <https://doi.org/10.5772/intechopen.112948>
- Niu, Q., Wang, X., Qi, X., Cao, C., Yang, K., Gu, C., ... & Huang, Q. (2023). Identification of the gut microbiota affecting *Salmonella pullorum* and their relationship with reproductive performance in hens. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1216542. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1216542>

..... **O**.....

- O'Bryan, C. A., Ricke, S. C., & Marcy, J. A. (2022). Public health impact of *Salmonella* spp. on raw poultry: Current concepts and future prospects in the United States. *Food Control*, 132, 108539. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2021.108539>
- Odoch, T., Wasteson, Y., L'Abée-Lund, T., Muwonge, A., Kankya, C., Nyakarahuka, L., ... & Skjerve, E. (2017). Prevalence, antimicrobial susceptibility and risk factors associated with non-typhoidal *Salmonella* on Ugandan layer hen farms. *BMC Veterinary Research*, 13(1), 1–10. <https://doi.org/10.1186/s12917-017-1237-5>
- Ogu, G. I., & AkinniIbosun, F. I. (2019). Occurrence of *Salmonella* in raw chicken meat from retail equipment and environments in Southern Nigeria open markets. *Notulae Scientia Biologicae*, 11(2), 175–182. <https://doi.org/10.15835/nsb11210461>
- Ogunremi, D., Dupras, A. A., Naushad, S., Gao, R., Duceppe, M. O., Omidi, K., Belanger, G., Bekal, S., Lévesque, R. C., & Masson, L. (2020). A new whole genome culture-independent diagnostic test (WG-CIDT) for rapid detection of *Salmonella* in lettuce. *Frontiers in Microbiology*, 11, Article 602. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00602>
- Ooso, N. O., Adeyemo, I. A., Van Heerden, H., Fasanmi, O. G., & Fasina, F. O. (2019). Antimicrobial drug administration and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates originating from the broiler production value chain in Nigeria. *Antibiotics*, 8(2), 75. <https://doi.org/10.3390/antibiotics8020075>
- Oludairo, O. O., Kwaga, J. K. P., Kabir, J., Abdu, P. A., Gitanjali, A., Perrets, A., Adesokan, H. K., Odetokun, I. A., & Aiyedun, J. (2022). A review on *Salmonella* characteristics, taxonomy, nomenclature with special reference to non-Typhoidal and Typhoidal salmonellosis. *Zagazig Veterinary Journal*, 50(2), 161–176. <https://doi.org/10.21608/zvbj.2022.137946.1179>
- Oludairo, O. O., Kwaga, J. K. P., Kabir, Junaid, Abdu, P. A., Gitanjali, A., Perrets, Ann,

- Cibin, Veronica, Lettini, A. A., & Aiyedun, J.O. (2022a). A review of the International Organization for Standardization (ISO) guidelines for the detection of *Salmonella* from faeces. *Journal of Applied Veterinary Sciences*, 7(4), 14–22. <https://doi.org/10.21608/javs.2022.146858.1158>
- Oswald, E., Bertrand, X., Chubilleau, C., Collineau, L., Colomb-Cotinat, M., Filippitzi, M. E., Saint-Cyr, L., & Riou, C. (2023). Élaboration d'une liste de couples « bactérie/famille d'antibiotiques » d'intérêt prioritaire dans le contrôle de la diffusion de l'antibiorésistance de l'animal aux humains et propositions de mesures techniques en appui au gestionnaire (Saisine n° 2020-SA-0066, 192 p.) [Doctoral dissertation, Anses]. HAL Open Archive. <https://hal.science/anse-04342509>
- Oueslati, W., Rjeibi, M. R., Benyedem, H., Mamlouk, A., Souissi, F., Selmi, R., & Ettriqui, A. (2021). Prevalence, risk factors, antimicrobial resistance and molecular characterization of *Salmonella* in Northeast Tunisia broiler flocks. *Veterinary Sciences*, 9(1), 12. <https://doi.org/10.3390/vetisci9010012> APA
- **P**
- Pacholewicz, E., Wisselink, H. J., Koene, M. G., van der Most, M., & Gonzales, J. L. (2023). Environmental sampling methods for detection of *Salmonella* infections in laying hens: A systematic review and meta-analysis. *Microorganisms*, 11(8), 2100. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11082100>
- Palmer, A. D., & Slauch, J. M. (2017). Mechanisms of *Salmonella* pathogenesis in animal models. *Human and Ecological Risk Assessment: An International Journal*, 23(8), 1877-1892. <https://doi.org/10.1080/10807039.2017.1353903>
- Pan, H., Paudyal, N., Li, X., Fang, W., & Yue, M. (2018). Multiple food-animal-borne route in transmission of antibiotic-resistant *Salmonella* Newport to humans. *Frontiers in Microbiology*, 9, 23. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00023>
- Pandey, M., & Goud, E. S. K. (2021). Non-typhoidal salmonellosis: A major concern for the poultry industry. In *Salmonella* spp.-A Global Challenge. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.96400>
- Pang, J. C., Lin, J. S., Tsai, C. C., & Tsen, H. Y. (2006). The presence of major world-wide clones for phage type 4 and 8 *Salmonella enterica* serovar Enteritidis and the evaluation of their virulence levels by invasiveness assays in vitro and in vivo. *FEMS Microbiology Letters*, 263(2), 148-154. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2006.00398.x>
- Pardo-Roa, C., Salazar, G. A., Noguera, L. P., Salazar-Echegarai, F. J., Vallejos, O. P., Suazo, I. D., Riedel, C. A., Kalergis, A. M., & Bueno, S. M. (2019). Pathogenicity island excision during an infection by *Salmonella enterica* serovar Enteritidis is required for crossing the intestinal epithelial barrier in mice to cause systemic

- infection. *PLoS Pathogens*, 15(12), e1008152. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1008152>
- Patra, S. D., Mohakud, N. K., Panda, R. K., et al. (2021). Prevalence and multidrug resistance in *Salmonella enterica* Typhimurium: An overview in South East Asia. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 37, 185. <https://doi.org/10.1007/s11274-021-03146-8>
- Pavelquesi, S. L. S., de Oliveira Ferreira, A. C. A., Rodrigues, A. R. M., de Souza Silva, C. M., Orsi, D. C., & da Silva, I. C. R. (2021). Presence of tetracycline and sulfonamide resistance genes in *Salmonella* spp.: Literature review. *Antibiotics*, 10(11), 1314. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10111314>
- Penha Filho, R. A. C., Ferreira, J. C., Galetti, R., Kanashiro, A. M. I., Berchieri Jr, A., & da Costa Darini, A. L. (2023). The rise of multidrug-resistant *Salmonella* isolates in healthy chickens in Brazil by successful establishment of plasmid IncHI2A carrying several antibiotic resistance genes. *Brazilian Journal of Microbiology*, 54(1), 469–474. <https://doi.org/10.1007/s42770-022-00893-0>
- Persoons, D., Van Hoorebeke, S., Hermans, K., Butaye, P., De Kruif, A., Haesebrouck, F., & Dewulf, J. (2009). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in poultry. *Emerging Infectious Diseases*, 15(3), 452. <https://doi.org/10.3201/eid1503.080696>
- Pitesky, M., Charlton, B., Bland, M., & Rolfe, D. (2013). Surveillance of *Salmonella* enteritidis in layer houses: A retrospective comparison of the Food and Drug Administration's egg safety rule (2010–2011) and the California Egg Quality Assurance Program (2007–2011). *Avian Diseases*, 57(1), 51–56. <https://doi.org/10.1637/10281-061312-Reg.1>
- Polat, İ., Şen, B., & Onurdağ, F. K. (2024). *Salmonella enterica* serotypes isolated for the first time in laying hens, and their susceptibility to antibiotics. *Poultry Science*, 103(1), 103180. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103180>
- Popa, G. L., & Papa, M. I. (2021). *Salmonella* spp. infection—a continuous threat worldwide. *Germs*, 11(1), 88. <https://doi.org/10.18683/germs.2021.1244>
- Popoff, M. Y., & Le Minor, L. E. (2015). *Salmonella*. In Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria (pp. 1–1). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm00522>
- Popoff, M. Y., Bockemühl, J., & Brenner, F. W. (2000). Supplement 1998 (no. 42) to the Kauffmann-White scheme. *Research in Microbiology*, 151(1), 63–65. [https://doi.org/10.1016/S0923-2508\(00\)00126-1](https://doi.org/10.1016/S0923-2508(00)00126-1)
- Popov, I. V., Algburi, A., Prazdnova, E. V., Mazanko, M. S., Elisashvili, V., Bren, A. B., Chistyakov, V. A., Tkacheva, E. V., Trukhachev, V. I., Donnik, I. M., Ivanov, Y. A., Rudoy, D., Ermakov, A. M., Weeks, R. M., & Chikindas, M. L. (2021). A review of the effects and production of spore-forming probiotics for poultry. *Animals*, 11(7),

1941. <https://doi.org/10.3390/ani11071941>
- Pulido-Landínez, M., Sánchez-Ingunza, R., Guard, J., & do Nascimento, V. P. (2014). Presence of *Salmonella Enteritidis* and *Salmonella Gallinarum* in commercial laying hens diagnosed with fowl typhoid disease in Colombia. *Avian Diseases*, 58(1), 165–170. <https://doi.org/10.1637/10598-062613-Case.1>
- Punchihewage-Don, A. J., Hawkins, J., Adnan, A. M., Hashem, F., & Parveen, S. (2022). The outbreaks and prevalence of antimicrobial-resistant *Salmonella* in poultry in the United States: An overview. *Heliyon*, 8(11), e11481. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11481>
- Putturu, R., Eevuri, T., Ch, B., & Nelapati, K. (2015). *Salmonella enteritidis*-foodborne pathogen-a review. *International Journal of Pharmaceutical and Biological Sciences*, 5(1), 86–95.

.....**Q**.....

- Quan, G., Xia, P., Zhao, J., Zhu, C., Meng, X., Yang, Y., Wang, Y., Tian, Y., Ding, X., & Zhu, G. (2019). Fimbriae and related receptors for *Salmonella Enteritidis*. *Microbial Pathogenesis*, 126, 357–362. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.10.025>

- Quinteiro-Filho, W. M., Calefi, A. S., Cruz, D. S. G., Aloia, T. P. A., Zager, A., Astolfi-Ferreira, C. S., Piantino Ferreira, J. A., Sharif, S., & Palermo-Neto, J. (2017). Heat stress decreases expression of the cytokines, avian β -defensins 4 and 6 and Toll-like receptor 2 in broiler chickens infected with *Salmonella Enteritidis*. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 186, 19–28. <https://doi.org/10.1016/j.vetimm.2017.02.006>

.....**R**.....

- Radwan, I., El-Halim, A., & Abed, A. H. (2020). Molecular characterization of antimicrobial-resistant *Escherichia coli* isolated from broiler chickens. *Journal of Veterinary Medical Research*, 27(2), 128–142. <https://doi.org/10.21608/jvmr.2020.31870.1009>

- Rahman, M. M., Alam Tumpa, M. A., Zehravi, M., Sarker, M. T., Yamin, M. D., Islam, M. R., Harun-Or-Rashid, M., Ahmed, M., Ramproshad, S., Mondal, B., Dey, A., Damiri, F., Berrada, M., Rahman, M. H., & Cavalu, S. (2022). An overview of antimicrobial stewardship optimization: The use of antibiotics in humans and animals to prevent resistance. *Antibiotics*, 11(5), 667. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11050667>

Références bibliographiques

- Rahman, M. R. T., Fliss, I., & Biron, E. (2022). Insights in the development and uses of alternatives to antibiotic growth promoters in poultry and swine production. *Antibiotics*, 11(6), 766. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11060766>
- Rahman, S. U., Ahmad, S., & Khan, I. (2018). Incidence of ESBL-producing-*Escherichia coli* in poultry farm environment and retail poultry meat. *Pakistan Veterinary Journal*, 39, 116–120. <https://doi.org/10.29261/pakvetj/2018.091>
- Rajan, K., Shi, Z., & Ricke, S. C. (2017). Current aspects of *Salmonella* contamination in the US poultry production chain and the potential application of risk strategies in understanding emerging hazards. *Critical Reviews in Microbiology*, 43(3), 370–392. <https://doi.org/10.1080/1040841X.2016.1223600>
- Raji, M. A., Kazeem, H. M., Magyigbe, K. A., Ahmed, A. O., Lawal, D. N., & Raufu, I. A. (2021). *Salmonella* serovars, antibiotic resistance, and virulence factors isolated from intestinal content of slaughtered chickens and ready-to-eat chicken gizzards in the Ilorin metropolis, Kwara State, Nigeria. *International Journal of Food Science*, 2021, 8872137. <https://doi.org/10.1155/2021/8872137>
- Ramatla, T., Taioe, M. O., Thekisoe, O. M. M., & Syakalima, M. (2019). Confirmation of antimicrobial resistance by using resistance genes of isolated *Salmonella* spp. in chicken houses of North West, South Africa. *World's Veterinary Journal*, 9(3), 158–165. <https://doi.org/10.36380/scil.2019.wvj20>
- Ramtahal, M. A., Amoako, D. G., Akebe, A. L., Somboro, A. M., Bester, L. A., & Essack, S. Y. (2022). A public health insight into *Salmonella* in poultry in Africa: A review of the past decade: 2010–2020. *Microbial Drug Resistance*, 28(6), 710–733. <https://doi.org/10.1089/mdr.2021.03>
- Raufu, I. A., Ahmed, O. A., Aremu, A., Odetokun, I. A., & Raji, M. A. (2019). *Salmonella* transmission in poultry farms: The roles of rodents, lizards, and fomites. *Veterinary World*, 12(7), 1067-1073. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.1067-1073>
- Ricke, S. C., Dunkley, C. S., & Durant, J. A. (2013). A review on development of novel strategies for controlling *Salmonella Enteritidis* colonization in laying hens: fiber-based molt diets. *Poultry Science*, 92(2), 502-525. <https://doi.org/10.3382/ps.2012-02763>
- Rodrigues, C., Kapil, A., Sharma, A., Devanga Ragupathi, N. K., Inbanathan, F. Y., Veeraraghavan, B., & Kang, G. (2017). Whole-genome shotgun sequencing of cephalosporin-resistant *Salmonella enterica* serovar Typhi. *Genome Announcements*, 5(10), 10-1128. <https://doi.org/10.1128/genomea.01639-16>
- Rodrigues, G. L., Panzenhagen, P., Ferrari, R. G., Dos Santos, A., Paschoalin, V. M. F., & Conte-Junior, C. A. (2020). Frequency of antimicrobial resistance genes in *Salmonella* from Brazil by in silico whole-genome sequencing analysis: An overview of the last four decades. *Frontiers in Microbiology*, 11, 1864.

Références bibliographiques

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01864>

.....S.....

- Sáenz, L., Guzmán, M., Vidal, S., Caruffo, M., Siel, D., Zayas, C., Paredes, R., Valenzuela, C., Hidalgo, H., Pérez, O., & Lapierre, L. (2022). Efficacy of multivalent, cochleate-based vaccine against *Salmonella* Infantis, *S. Enteritidis*, and *S. Typhimurium* in laying hens. *Vaccines*, 10(2), 226. <https://doi.org/10.3390/vaccines10020226>
- Sagar, S., Kaistha, S., Das, A. J., & Kumar, R. (2019). Extrinsic antibiotic-resistant mechanism in bacteria. In S. Arora & A. Sharma (Eds.), *Antibiotic resistant bacteria: A challenge to modern medicine* (pp. 87–103). Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-13-9879-7_7
- Salem, H. M., Saad, A. M., Soliman, S. M., Selim, S., Mosa, W. F., Ahmed, A. E., Korma, S. A., El-Tarably, K. A., & El-Saadony, M. T. (2023). Ameliorative avian gut environment and bird productivity through the application of safe antibiotics alternatives: A comprehensive review. *Poultry Science*, 102(9), 102840. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.102840>
- Samia, D., Bakir, M., Rachid, E., Chaffia, B., Omar, B., Rolain, J. M., & Diene, S. M. (2021). Prevalence and genotypic characterization of *Salmonella* spp. from chicken meats marketed in the province of Skikda, Algeria. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 15(4), 523-529. <https://doi.org/10.3855/jidc.13986>
- Samper-Cativiela, C., Prieto, M. E., Collado, S., De Frutos, C., Branscum, A. J., Saez, J. L., & Alvarez, J. (2023). Risk factors for *Salmonella* detection in commercial layer flocks in Spain. *Animals*, 13(20), 3181. <https://doi.org/10.3390/ani13203181>
- Sanni, A. O. (2024). Eco-epidemiology and microbiological evaluation of poultry salmonellosis in North Central Nigeria, and its socio-economics and public health impacts (Doctoral dissertation, University of Pretoria, South Africa).
- Sarker, B. R., Ghosh, S., Chowdhury, S., Dutta, A., Chandra Deb, L., Krishna Sarker, B., Sarker, R. R., & Mozaffor Hossain, K. M. (2021). Prevalence and antimicrobial susceptibility profiles of non-typhoidal *Salmonella* isolated from chickens in Rajshahi, Bangladesh. *Veterinary Medicine and Science*, 7(3), 820–830. <https://doi.org/10.1002/vms3.440>
- Seeras, A. (2017). Survival and persistence of dried *Salmonella enterica* in low water activity conditions. <https://doi.org/10.7939/R3TM72C98>
- Senevirathne, A., Hewawaduge, C., & Lee, J. H. (2021). Immunization of chicken with flagellin adjuvanted *Salmonella* enteritidis bacterial ghosts confers complete protection against chicken salmonellosis. *Poultry Science*, 100(7), 101205. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101205>

Références bibliographiques

- Seo, K. W., Kim, J. J., Mo, I. P., & Lee, Y. J. (2019). Molecular characteristic of antimicrobial resistance of *Salmonella* Gallinarum isolates from chickens in Korea, 2014 to 2018. *Poultry Science*, 98(11), 5416–5423. <https://doi.org/10.3382/ps/pez376>
- Shah, D. H. (2014). RNA sequencing reveals differences between the global transcriptomes of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis strains with high and low pathogenicities. *Applied and Environmental Microbiology*, 80(3), 896-906. <https://doi.org/10.1128/AEM.02740-13>
- Shaji, S., Selvaraj, R. K., & Shanmugasundaram, R. (2023). *Salmonella* infection in poultry: A review on the pathogen and control strategies. *Microorganisms*, 11(11), 2814. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11112814>
- Sharma, N. (2022). Genetic study of bacteria and bacteriophage. In *Genetics Fundamentals Notes* (pp. 299-350). Springer Nature Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-16-7041-1_6
- Sharma, P., Pande, V. V., Moyle, T. S., McWhorter, A. R., & Chousalkar, K. K. (2017). Correlating bacterial shedding with fecal corticosterone levels and serological responses from layer hens experimentally infected with *Salmonella* Typhimurium. *Veterinary Research*, 48, 1-11. <https://doi.org/10.1186/s13567-017-0480-7>
- Shchebentovska, O., Kostynuk, A., Zaika, S., Kovalova, L., Yevtukh, L., & Holubtsova, M. (2021). Pathomorphological changes in the organs of chickens infected spontaneously by the species *Salmonella* pullorum on private farms in Chernivtsi region. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 12(4), 614–619. <https://doi.org/10.15421/022184>
- Sherry, N. L., Horan, K. A., Ballard, S. A., Gonçalves da Silva, A., Gorrie, C. L., Schultz, M. B., Wick, R. R., Ingle, D. J., Easton, M., Sidjabat, H. E., Tomita, T., Stevens, K., Stewart, J., Worth, L. J., Williamson, D. A., Howden, B. P., & Seemann, T. (2023). An ISO-certified genomics workflow for identification and surveillance of antimicrobial resistance. *Nature Communications*, 14(1), 60. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-35713-4>
- Shimizu, R., Osawa, K., Shigemura, K., Yoshida, H., Fujiwara, M., Iijima, Y., Fujisawa, M., & Shirakawa, T. (2014). Development of multiplex PCR for rapid identification of four *Salmonella* serovars most commonly isolated in Japan. *Southeast Asian Journal of Tropical Medicine and Public Health*, 45(3), 654–661.
- Shivaprasad, H. L., & Barrow, P. A. (2008). Pullorum disease and fowl typhoid. In *Diseases of poultry* (pp. 620-634).
- Shivaprasad, H. L., Methner, U., & Barrow, P. A. (2013). *Salmonella* infections in the domestic fowl. In *Salmonella* in domestic animals (pp. 162-192). Wallingford, UK: CABI. <https://doi.org/10.1079/9781845939021.01>
- Smith, S. I., Seriki, A., & Ajayi, A. (2016). Typhoidal and non-typhoidal *Salmonella*

- infections in Africa. European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases, 35(12), 1913–1922. <https://doi.org/10.1007/s10096-016-2760-3>
- Song, L., Tan, R., Xiong, D., Jiao, X., & Pan, Z. (2023). Accurate identification and discrimination of *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovars Gallinarum and Pullorum by a multiplex PCR based on the new genes of torT and I137_14430. Frontiers in Veterinary Science, 10, 1220118. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1220118>
- Song, Q., Xu, Z., Gao, H., & Zhang, D. (2018). Overview of the development of quinolone resistance in *Salmonella* species in China, 2005–2016. Infection and Drug Resistance, 11, 267-274. <https://doi.org/10.2147/IDR.S157460>
- Switt, A. I. M., Sulakvelidze, A., Wiedmann, M., Kropinski, A. M., Wishart, D. S., Poppe, C., & Liang, Y. (2015). *Salmonella* phages and prophages: genomics, taxonomy, and applied aspects. In *Salmonella: Methods and Protocols* (pp. 237-287). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1816-3_15
- Sylejmani, D., Musliu, A., Ramadani, N., Sparagano, O., & Hamidi, A. (2016). Associations between the level of biosecurity and occurrence of *Dermanyssus gallinae* and *Salmonella* spp. in layer farms. Avian Diseases, 60(2), 454-459. <https://doi.org/10.1637/11327-111415-Reg>

.....**T**.....

- Tabo, D. A. (2013). Etude de la contribution des salmonelles aviaires aux salmonelloses humaines au Tchad: Cas de la ville capitale, N'Djamena (Doctoral dissertation, AgroParisTech).
- Tadele, G., Asrade, B., Bayleyegn, G., & Ali, M. S. (2014). Seroprevalence of fowl typhoid and pullorum disease from apparently healthy chickens in eastern Ethiopia. Journal of Veterinary Science & Technology, 5, 156. <https://doi.org/10.4172/2157-7579.1000156>
- Tadesse, D. A., Singh, A., Zhao, S., Bartholomew, M., Womack, N., Ayers, S., McMillan, E. A., Tyson, G. H., Bodeis-Jones, S., & McDermott, P. F. (2016). Antimicrobial resistance in *Salmonella* in the United States from 1948 to 2015. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 60(4), 2567–2571. <https://doi.org/10.1128/aac.02536-15>
- Talib, M. A. A., Radu, S., Kqueen, C. Y., & Ghazali, F. M. (2022). Salmonella: The critical enteric foodborne pathogen. In *Enterobacteria*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.103900>
- Tang, Y. (2016). Immune modulation of *Salmonella enterica* serotype Pullorum in the chicken (Doctoral dissertation, University of Nottingham). Retrieved from

Références bibliographiques

- https://eprints.nottingham.ac.uk
- Tariq, S., Samad, A., Hamza, M., Ahmer, A., Muazzam, A., Ahmad, S., & Amhabj, A. M. A. (2022). *Salmonella* in poultry: An overview. International Journal of Multidisciplinary Sciences and Arts, 1(1), 80–84. <https://doi.org/10.47709/ijmdsa.v1i1.1706>
- Teklemariam, A. D., Al-Hindi, R. R., Albiheyri, R. S., Alharbi, M. G., Alghamdi, M. A., Filimban, A. A., Alzahrani, O. M., Hossain, M. A., & Bhunia, A. K. (2023). Human salmonellosis: A continuous global threat in the farm-to-fork food safety continuum. *Foods*, 12(9), 1756. <https://doi.org/10.3390/foods12091756>
- Tiwari, A., Swamy, M., Dubey, A., & Verma, Y. (2021). Pathological alterations in commercial chicken affected with *Salmonella* infection. Indian Journal of Veterinary Pathology, 45(2), 45-50. <https://doi.org/10.5958/0973-970X.2021.00020.1>
- Topić Popović, N., Kazazić, S. P., Bojanić, K., Strunjak-Perović, I., & Čož-Rakovac, R. (2023). Sample preparation and culture condition effects on MALDI-TOF MS identification of bacteria: A review. *Mass Spectrometry Reviews*, 42(5), 1589-1603. <https://doi.org/10.1002/mas.21739>
- ***U***.....
- U.S. Department of Agriculture. (2017). National Poultry Improvement Plan Program Standards. Retrieved May 25, 2017, from <http://www.poultryimprovement.org/documents/ProgramStandardsJanuary2017.pdf>
- Uddin, T. M., Chakraborty, A. J., Khusro, A., Zidan, B. R. M., Mitra, S., Emran, T. B., Dhamma, K., & Koirala, N. (2021). Antibiotic resistance in microbes: History, mechanisms, therapeutic strategies and future prospects. *Journal of Infection and Public Health*, 14(12), 1750–1766. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2021.10.020>
- Upadhyaya, I. (2015). Investigating the efficacy of natural antimicrobial molecules in reducing egg-borne transmission of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis in layer hens (Doctoral dissertation, University of Connecticut). Retrieved from <https://opencommons.uconn.edu/dissertations>

- ***V***.....

- Voss-Rech, D., Potter, L., Vaz, C. S. L., Pereira, D. I. B., Sangioni, L. A., Vargas, A. C., & de Avila Botton, S. (2017). Antimicrobial resistance in nontyphoidal *Salmonella* isolated from human and poultry-related samples in Brazil: 20-year meta-analysis.

Foodborne Pathogens and Disease, 14(2), 116-124.
<https://doi.org/10.1089/fpd.2016.2203>

.....W.....

Wang, W., Wideman Jr, R. F., Chapman, M. E., Bersi, T. K., & Erf, G. F. (2003). Effect of intravenous endotoxin on blood cell profiles of broilers housed in cages and floor litter environments. *Poultry science*, 82(12), 1886-1897.
<https://doi.org/10.1093/ps/82.12.1886>

Wang, X., Biswas, S., Paudyal, N., Pan, H., Li, X., Fang, W., & Yue, M. (2019). Antibiotic resistance in *Salmonella* Typhimurium isolates recovered from the food chain through the national antimicrobial resistance monitoring system between 1996 and 2016. *Frontiers in Microbiology*, 10, 985. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00985>

Wang, Y., Lu, D., Jin, Y., Wang, H., Lyu, B., Zhang, X., Li, L., Li, J., & Jia, L. (2022). Extensively drug-resistant (XDR) *Salmonella* Typhi outbreak by waterborne infection—Beijing Municipality, China, January–February 2022. *China CDC Weekly*, 4(12), 254–258. <https://doi.org/10.46234/ccdcw2022.062>

Westerman, T. L., McClelland, M., & Elfenbein, J. R. (2021). YeiE regulates motility and gut colonization in *Salmonella enterica* serotype Typhimurium. *MBio*, 12(3), e03680-20. <https://doi.org/10.1128/mbio.03680-20>

Wibisono, F. M., Wibisono, F. J., Effendi, M. H., Plumeriastuti, H., Hidayatullah, A. R., Hartadi, E. B., & Sofiana, E. D. (2020). A review of salmonellosis on poultry farms: Public health importance. *Systematic Reviews in Pharmacy*, 11(9), 481–486. <https://doi.org/10.31838/srp.2020.9.71>

World Health Organization (WHO). (2017). List of critically important antimicrobials for human medicine. Retrieved from <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/255027/9789241512220>

World Health Organization. (2018). *Salmonella*. Retrieved January 5, 2023, from [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-\(non-typhoidal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-(non-typhoidal))

World Organisation for Animal Health (OIE). (2019). Annual report on the global animal health situation. Retrieved from <https://www.oie.int>

Worley, M. J. (2023). Immune evasion and persistence in enteric bacterial pathogens. *Gut Microbes*, 15(1), 2163839. <https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2163839>

Wright, A. P., Richardson, L., Mahon, B. E., Rothenberg, R., & Cole, D. J. (2016). The rise and decline in *Salmonella enterica* serovar Enteritidis outbreaks attributed to egg-containing foods in the United States, 1973–2009. *Epidemiology & Infection*, 144(4), 810–819. <https://doi.org/10.1017/S0950268815001867>

Références bibliographiques

Wu, S., & Hulme, J. P. (2021). Recent advances in the detection of antibiotic and multi-drug resistant *salmonella*: An update. International Journal of Molecular Sciences, 22(7), 3499. <https://doi.org/10.3390/ijms22073499>

.....**X**.....

Xiong, D., Song, L., Pan, Z., & Jiao, X. (2018). Identification and discrimination of *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovars Pullorum and Gallinarum based on a one-step multiplex PCR assay. Frontiers in Microbiology, 9, 1718. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01718>

Xu, H., Zhang, W., Zhang, K., Zhang, Y., Wang, Z., Zhang, W., ... & Li, Q. (2021). Characterization of *Salmonella* serotypes prevalent in asymptomatic people and patients. *BMC Infectious Diseases*, 21(1), 1–9. <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06340-z>

.....**Y**.....

Yang, C., Chowdhury, M. K., Hou, Y., & Gong, J. (2015). Phylogenetic compounds as alternatives to in-feed antibiotics: potentials and challenges in application. *Pathogens*, 4(1), 137–156. <https://doi.org/10.3390/pathogens4010137>

Yao, k. r. (2019). caractérisation phénotypique et moléculaire de *Salmonella* sp et *escherichia coli* isolées chez les bovins dans le district d'abidjan (côte d'ivoire): impact biologique de l'utilisation des antibiotiques (doctoral dissertation, université félix houphouêt-boigny (abidjan, côte d'ivoire)).

Yavari, L. (2012). Antibiotic resistance in *Salmonella enterica* and the role of animal and animal food control: A literature review of Europe and USA.

Youn, S. Y., Jeong, O. M., Choi, B. K., Jung, S. C., & Kang, M. S. (2017). Application of loop-mediated isothermal amplification with propidium monoazide treatment to detect live *Salmonella* in chicken carcasses. *Poultry Science*, 96(2), 458–464. <https://doi.org/10.3382/ps/pew341>

Younes, N., Yassine, H. M., Kourentzi, K., Tang, P., Litvinov, D., Willson, R. C., Al-Kuwari, E. A., & Nasrallah, G. K. (2024). A review of rapid food safety testing: Using lateral flow assay platform to detect foodborne pathogens. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 64(27), 9910–9932. <https://doi.org/10.1080/10408398.2023.2217921>

Yu, X., Zhu, H., Bo, Y., Li, Y., Zhang, Y., Liu, Y., Zhang, W., & Zhang, X. (2021).

Références bibliographiques

- Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serovar Enteritidis isolated from broiler chickens in Shandong Province, China, 2013–2018. *Poultry Science*, 100(2), 1016–1023. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2020.09.079>
- Yue, W. Y., & Groves, P. J. (2024). Age of challenge is important in *Salmonella* Enteritidis studies in pullets and hens: A systematic review. *Avian Pathology*, 53(1), 1–9. <https://doi.org/10.1080/03079457.2024.2410873>

.....Z.....

Zamora-Sanabria, R., & Alvarado, A. M. (2017). Preharvest *Salmonella* risk contamination and the control strategies. *Current Topics in Salmonella and Salmonellosis*, 193-213.

<https://doi.org/10.5772/67239>

Zhang, L., Fu, Y., Xiong, Z., Ma, Y., Wei, Y., Qu, X., Zhang, J., & Liao, M. (2018). Highly prevalent multidrug-resistant *Salmonella* from chicken and pork meat at retail markets in Guangdong, China. *Frontiers in Microbiology*, 9, 2104. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02104>

Zhou, X., Kang, X., Zhou, K., et al. (2022). A global dataset for prevalence of *Salmonella Gallinarum* between 1945 and 2021. *Scientific Data*, 9, 495. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01605-x>

Zwe, Y. H., Chin, S. F., Kohli, G. S., Aung, K. T., Yang, L., & Yuk, H. G. (2020). Whole genome sequencing (WGS) fails to detect antimicrobial resistance (AMR) from heteroresistant subpopulation of *Salmonella enterica*. *Food Microbiology*, 91, 103530. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2020.103530>

Annexes

Liste des milieux de culture et produits de laboratoire utilisés

1. Milieux de culture

Les milieux de culture utilisés lors de notre expérimentation sont les suivant :

- ❖ Eau peptonée tamponné (EPT) (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Bouillon sélénite cystéine SC, (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Bouillon Rappaport-Vassiliadis RV, (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Gélose nutritive, milieu convenant à la culture des bactéries ne présentant pas d'exigences particulières, (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Gélose Hektoën milieu sélectif d'isolement des entérobactéries (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Gélose XLD milieux sélectifs d'isolement des entérobactéries spécialement les salmonelles, (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Milieu TSI (Triple Sugar Iron), milieu d'identification biochimique, Institut Pasteur d'Algérie ;
- ❖ Milieu Urée-Indole, Institut Pasteur d'Algérie ;
- ❖ Milieu Mueller Hinton utilisé pour la réalisation de l'antibiogramme, (Bioscan, Algérie) ;
- ❖ Pour l'identification biochimique, nous utilisons la galerie API 20 E, BioMérieux, France.
- ❖ Milieu de conservation (Bioscan, Algérie)

Liste des réactifs et matériels utilisés

- Colorants : violet de gentiane, fuchsine de Ziehl, lugol
- Milieux et additifs : additif Hektoën, additif XLD
- Solutions diverses :
- Eau oxygénée à 10 volumes
- Alcool à 70°
- Eau physiologique stérile à 0,9 %
- Huile à immersion
- Matériel d'absorption : papier filtre

Réactifs biochimiques (fournis par l’Institut Pasteur d’Algérie) :

- Ampoules d’oxydase
- Réactif de Kovac
- Réactif VP1
- Réactif VP2
- Réactif TDA (Tryptophane désaminase)

Autres :

- Écouvillons stériles
- Disques d’antibiotiques (présentés à la figure 10)

Description des tests biochimiques de la galerie API 20 E

Principe

La galerie comporte 20 microtubes contenant des substrats déshydratés. Les microtubes sont inoculés avec une suspension bactérienne qui reconstitue le test indiqué par un sigle au-dessus du microtube. Les réactions produites pendant la période d'incubation se traduisent par des virages colorés spontanément ou révélés par l'addition de réactifs. La galerie 20 E permet d'identifier les caractères suivants :

1) Test de la β -galactosidase (ONPG)

Pour que le lactose soit utilisé par les bactéries, il doit être scindé par des enzymes intracellulaires, les bêta-galactosidases. Ces enzymes hydrolysent le lactose en glucose et galactose. L'ONPG est scindé par la galactosidase en galactose et en orthonitrophénol de coloration jaune. Une réaction positive se manifeste par un changement de couleur en jaune citron.

2) Test des Décarboxylases : Lysine (LDC), Ornithine (ODC) et Arginine Dihydrolase (ADH)

La décarboxylation de la lysine aboutit à la formation de cadavérine, tandis que la L-ornithine est transformée en putrescine et l'arginine en agmatine. L'acidification initiale du milieu est suivie d'une alcalinisation en cas de métabolisation des acides aminés, entraînant un virage de couleur vers le rouge.

3) Test d'utilisation du citrate (CIT)

Certaines bactéries exploitent le citrate comme unique source de carbone et d'énergie. Le métabolisme du citrate entraîne une alcalinisation du milieu, manifestée par un changement de couleur du vert au bleu.

4) Production d'hydrogène sulfuré (H_2S)

L'hydrogène sulfuré est produit par la réduction du thiosulfate et réagit avec le sulfate de fer pour former un précipité noir de sulfure de fer.

5) Détection de l'uréase (URE)

Ce test détecte la capacité de certaines bactéries à hydrolyser l'urée en ammoniac et dioxyde de carbone sous l'action de l'uréase.

6) Activité de la tryptophane désaminase (TDA)

La tryptophane désaminase catalyse la désamination du tryptophane en acide indole-pyruvique, qui réagit avec le perchlorure de fer pour produire une coloration brun foncé à noir.

7) Test de l'indole (IND)

Ce test détecte la capacité d'une bactérie à dégrader le tryptophane en indole.

8) Test de Voges-Proskauer (VP)

Ce test met en évidence la présence d'acétoïne, qui réagit avec une base forte et de l'alpha-naphtol pour donner une coloration rose.

9) Test de diffusion du pigment noir (GEL)

La production de gélatinase entraîne une hydrolyse de la gélatine et un noircissement du milieu en présence de charbon de bois. Les neuf tests restants de la galerie API 20 E évaluent la capacité des bactéries à métaboliser divers substrats carbonés par voie oxydative ou fermentative, entraînant une acidification du milieu.

Substrats testés :

Oses : arabinose (ARA), glucose (GLU).

Dérivés des oses : amygdaline (AMY), mannitol (MAN), rhamnose (RHA), sorbitol (SOR).

Diholosides : mélibiose (MEL), saccharose (SAC).

Molécules organiques cycliques (fin de la liste incomplète).

Annexe 3 : Valeurs Critiques des Diamètres des Zones d’Inhibition et des CMI selon le CLSI 2020 – Institut Pasteur d’Algérie

Table de lecture 1* : Valeurs critiques des diamètres des zones d’inhibition et des CMI pour Entérobactéries.

Antibiotiques testés	Charge des disques	Diamètres critiques (mm)			CMI critiques ($\mu\text{g/ml}$)			Commentaires
		R	I	S	R	I	S	
Ampicilline	10 μg	≤ 13	14 – 16	≥ 17	≥ 32	16	≤ 8	La réponse à l’ampicilline est valable pour l’amoxicilline.
Amoxicilline +Ac clavulanique	20/10 μg	≤ 13	14 – 17	≥ 18	$\geq 32/16$	16/8	$\leq 8/4$	Les breakpoints des céphalosporines et de l’aztréonam ont été révisés en fonction des propriétés PK-PD et des données cliniques. Ainsi, l’application de ces breakpoints dépend du respect de posologies précises : céfazoline (2g toutes les 8h), céfoxitine (2g toutes les 6h), céfotaxime (1g toutes les 8h).
Céfazoline	30 μg	≤ 19	20 – 22	≥ 23	≥ 8	4	≤ 2	Suite à la révision des breakpoints des céphalosporines, la lecture interprétative anciennement basée sur la détection ou non d’une BLSE, n’est plus nécessaire. La réponse R, I ou S, se fait en se référant aux seuls diamètres mesurés.
Céfoxitine	30 μg	≤ 14	15 – 17	≥ 18	≥ 32	16	≤ 8	A souligner cependant que la détection phénotypique de la BLSE garde tout son intérêt dans les études épidémiologiques et en hygiène hospitalière.
Céfotaxime	30 μg	≤ 22	23 – 25	≥ 26	≥ 4	2	≤ 1	
Céfazoline (Infections non compliquées du tractus urinaire)	30 μg	≤ 14	---	≥ 15	≥ 32	---	≤ 16	Les résultats de la céfazoline permettent de prévoir les résultats pour les céphalosporines orales : céfaclor, céfdinir, cépodoxime, céprozil, céfuroxime axétile, céfalexine et loracarbef quand elles sont utilisées pour le traitement des infections non compliquées du tractus urinaire dues à <i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> et <i>P. mirabilis</i> . Cépodoxime, céfdinir et céfuroxime axétile peuvent être testés individuellement car certaines souches peuvent être sensibles à ces antibiotiques alors qu’elles sont résistantes à la céfazoline. L’application de ces breakpoints dépend du respect des posologies suivantes : 1g toute les 12h.
Aztréonam	30 μg	≤ 17	18 – 20	≥ 21	≥ 16	8	≤ 4	Les critères d’interprétation sont basés sur la posologie de 1g toutes les 8h.
Imipénème	10 μg	≤ 19	20 – 22	≥ 23	≥ 4	2	≤ 1	Les breakpoints des carbapénèmes ont été révisés en fonction des propriétés PK-PD et des données cliniques. L’application de ces breakpoints dépend du respect des posologies suivantes : Imipénème : 500 mg toutes les 6h ou 1 g toutes les 8h, Ertapénème : 1g toutes les 24h.
Méropénème	10 μg	≤ 19	20 – 22	≥ 23	≥ 4	2	≤ 1	
Ertapénème	10 μg	≤ 18	19 – 21	≥ 22	≥ 2	1	$\leq 0,5$	La détection phénotypique d’une carbapénémase par le test MHT est réservée aux études épidémiologiques
Amikacine	30 μg	≤ 14	15 – 16	≥ 17	≥ 64	32	≤ 16	
Gentamicine	10 μg	≤ 12	13 – 14	≥ 15	≥ 16	8	≤ 4	
Acide nalidixique	30 μg	≤ 13	14 – 18	≥ 19	≥ 32	---	≤ 16	La sensibilité diminuée aux fluoroquinolones est détectée chez les salmonelles isolées d’infections extra-intestinales en testant l’acide nalidixique à l’antibiogramme.
Ciprofloxacine	5 μg	≤ 21	22 – 25	≥ 26	≥ 1	0,5	$\leq 0,25$	Valable pour les entérobactéries autres que <i>Salmonella</i> Typhi et <i>Salmonella</i> spp.
Ciprofloxaciné <i>Salmonella</i> spp.	5 μg	≤ 20	21 – 30	≥ 31	$\geq 0,06$	0,12 – 0,5	≤ 1	
Chloramphénicol	30 μg	≤ 12	13 – 17	≥ 18	≥ 32	16	≤ 8	Ne pas reporter en routine pour les souches isolées d’ITU sauf pour les salmonelles. Valable pour <i>S.Typhi</i> et <i>Salmonella</i> spp. extra-intestinales.
Colistine	CMI	----	----	----	>2**	----	$\leq 2^{**}$	La détermination de la CMI par microdilution en milieu liquide, CBDE (technique d’élution des disques) et CAT (dilution en milieu gélosé) sont acceptables (voir tests complémentaires). Le disque et le E-test ne doivent pas être utilisés*. Pour l’usage thérapeutique des polymyxines se referer à l’international consensus guidelines***
Furanes	300 μg	≤ 14	15 – 16	≥ 17	≥ 128	64	≤ 32	
Fosfomycine	200 μg	≤ 12	13 – 15	≥ 16	≥ 256	128	≤ 64	Indiqué uniquement pour les souches d’ <i>E.coli</i> isolées d’infections urinaires. Le disque de 200 μg contient 50 μg de glucose-6-phosphate. La CMI est déterminée par la technique de dilution en gélose supplémentée de 25 $\mu\text{g/ml}$ de glucose 6-phosphate.
Triméthoprime+ Sulfaméthoxazole	1.25/ 23.75 μg	≤ 10	11 – 15	≥ 16	$\geq 4/76$	----	$\leq 2/38$	

*Tableau extrait du Document M100. 30th ed. 2020. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. ** Extraits des recommandations de l’EUCAST 2020.

***Tsuiji BT, Pogue JM, Zavacki AP, et al. International consensus guidelines for the optimal use of the polymyxins. (Pharmacotherapy 2019; 39 (1):10–39) doi: 10.1002/phar.2209)

Abréviations : PK-PD : Pharmacocinétique – pharmacodynamique. BLSE : β -Lactamase à Spectre Etendu.

MHT : Modified Hodge Test. ITU : Infection du Tractus Urinaire. CMI : Concentration Minimale Inhibitrice.CBDE : Colistin Broth Disk Elution, CAT : Colistin Agar Test.

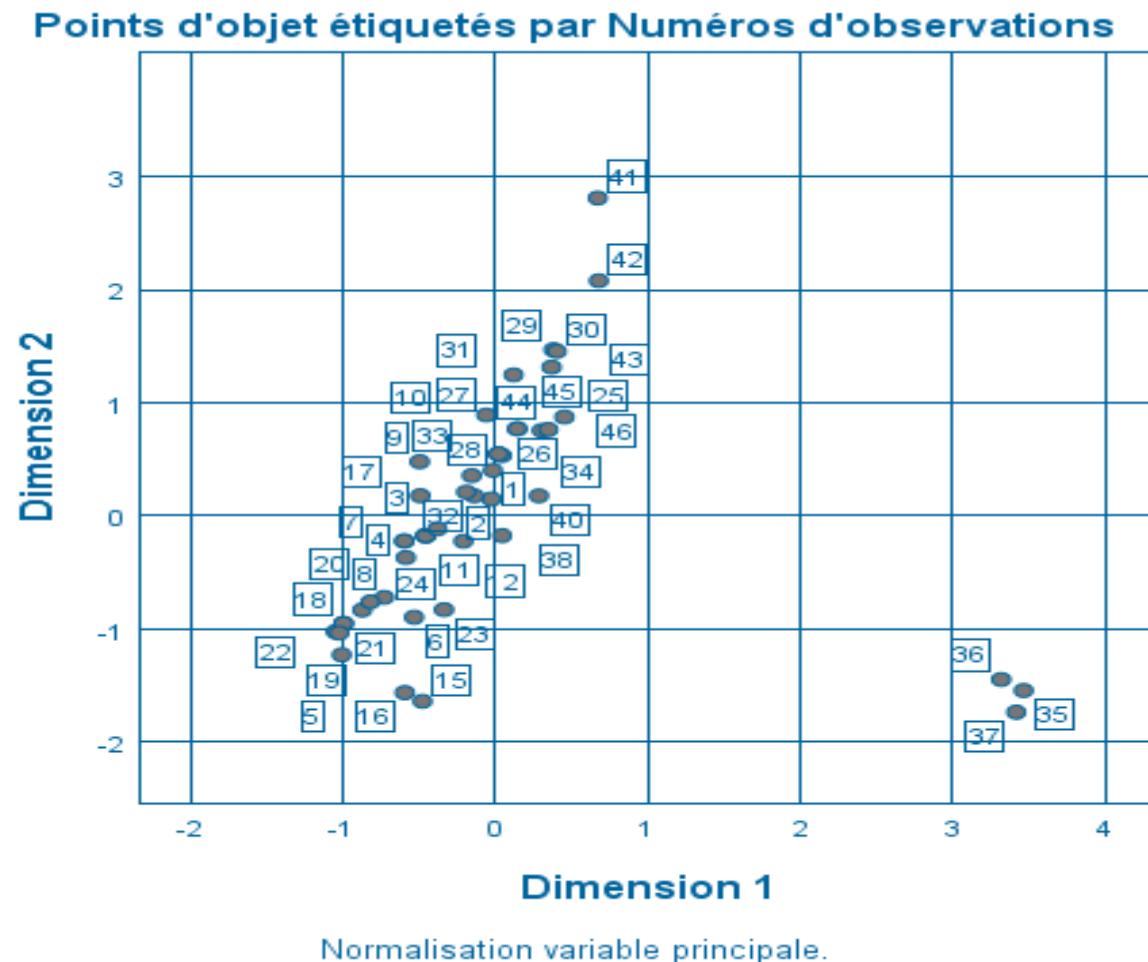
Analyse statistique

1. Matrice des corrélations des variables transformées utilisées dans l'analyse factorielle

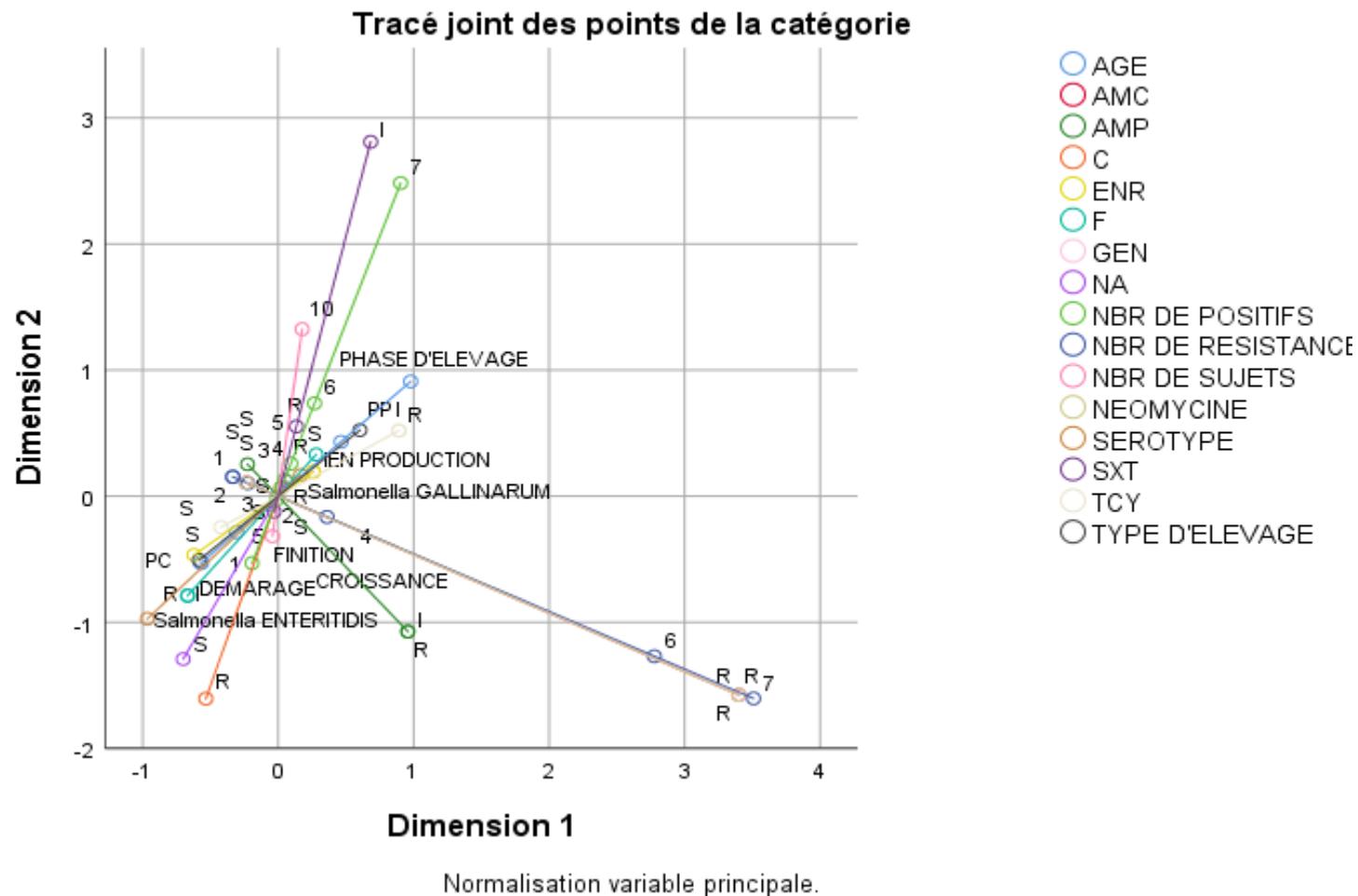
	AGE	NBR DE SUJETS	NBR DE POSITIFS	TYPE D'ELEVAGE	SEROTYPE	NBR DE RESISTANCE	AMC	AMP	GEN	NEOMYCINE	SXT	F	C	NA	ENR	TCY
AGE	1,000	,137	,274	,965	-,351	,198	,225	,033	,225	,225	,106	-,479	-,219	,319	,282	,285
NBR DE SUJETS	,137	1,000	,724	,173	-,204	-,115	-,127	-,237	-,127	-,127	,300	-,199	-,103	,148	,199	,363
NBR DE POSITIFS	,274	,724	1,000	,321	-,332	,024	-,034	-,101	-,034	-,034	,579	-,301	,083	,003	,287	,415
TYPE D'ELEVAGE	,965	,173	,321	1,000	-,410	,249	,267	,064	,267	,267	,143	-,545	-,206	,299	,265	,334
SEROTYPE	-,351	-,204	-,332	-,410	1,000	-,151	-,109	-,204	-,109	-,109	,110	,512	-,088	-,087	-,381	-,286
NBR DE RESISTANCE ^a	,198	-,115	,024	,249	-,151	1,000	,967	,547	,967	,967	-,004	-,138	,017	,046	,235	,472
AMC	,225	-,127	-,034	,267	-,109	,967	1,000	,537	1,000	1,000	-,069	-,170	-,055	,080	,170	,381
AMP	,033	-,237	-,101	,064	-,204	,547	,537	1,000	,537	,537	-,048	,156	,433	-,239	,081	,015
GEN	,225	-,127	-,034	,267	-,109	,967	1,000	,537	1,000	1,000	-,069	-,170	-,055	,080	,170	,381
NEOMYCINE	,225	-,127	-,034	,267	-,109	,967	1,000	,537	1,000	1,000	-,069	-,170	-,055	,080	,170	,381
SXT	,106	,300	,579	,143	-,110	-,004	-,069	-,048	-,069	-,069	1,000	-,102	-,056	,080	,102	,317
F	-,479	-,199	-,301	-,545	,512	-,138	-,170	,156	-,170	-,170	-,102	1,000	,324	-,135	-,186	-,346
C	-,219	-,103	,083	-,206	-,088	,017	-,055	,433	-,055	-,055	-,056	,324	1,000	-,691	,137	-,144
NA	,319	,148	,003	,299	-,087	,046	,080	-,239	,080	,080	,080	-,135	-,691	1,000	,135	,209
ENR	,282	,199	,287	,265	-,381	,235	,170	,081	,170	,170	,102	-,186	,137	,135	1,000	,446
TCY	,285	,363	,415	,334	-,286	,472	,381	,015	,381	,381	,317	-,346	-,144	,209	,446	1,000
Dimension	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Valeur propre	5,034	3,422	1,989	1,462	,943	,828	,695	,632	,376	,255	,171	,135	,033	,024	,000	,000

a. Les valeurs manquantes ont été prises en compte avec le mode de la variable quantifiée.

2. Représentation graphique des observations selon les deux premières dimensions de l'analyse en composantes principales (ACP)



3. Tracé joint des points des catégories issus de l'analyse des correspondances multiples (ACM)



Production scientifique



Isolation, Identification, and Antibiotic Resistance of *Salmonella* Spp. Strains Isolated From Broilers and Layer Hens In The Central Region of Algeria



Guechtouli Sihem^{1,4}, Messai Chafik Redha^{2,4}, Morsli Amrouche^{*1,5}, Hamdi Taha Mossadak⁴ and Khelef Djamel³

¹. Department of Agricultural Sciences, Faculty of Sciences, M'Hamed Bougara University, Boumerdes, Algeria.

². Department of Biology and Agronomy, University Mohamed El Bachir El Ibrahimi, Bordj Bou Arreridj, Algeria.

³. Laboratory of Health and Animal Production (SPA), High National Veterinary School, Algiers, Algeria.

⁴. Laboratory of Food Hygiene and Quality Insurance System (HASAQ), High National Veterinary School, Algiers, Algeria

⁵. Laboratory of Bioinformatics, Applied Microbiology and Biomolecules (BAMB). M'Hamed Bougara university, Boumerdes, Algeria.

Abstract

THE AIM of this work is to isolate strains of *Salmonella* spp from broiler chickens and layer hens to identify their serotypes and to study their resistance profile. A total of 270 samples including liver and spleen were collected from 26 broiler farms and 25 layer hen farms. These samples include 140 broiler samples and 130 layer hen samples collected from different poultry farms in central Algeria. Strains of *Salmonella* spp were isolated and identified according to their macroscopic, microscopic and biochemical characteristics. The identification of the isolated strains was followed by serotyping of the isolates. Using Mueller-Hinton agar and the disk diffusion method, the resistance of the isolates to twelve antibiotic compounds was investigated. Among the 270 samples, 80 were positive (29.63%). In broiler chickens, 34 (24.28%) samples were confirmed positive, while in layer hens 46 (35.38%) samples were confirmed positive. Two serotypes from the 80 strains of *Salmonella* were identified with a predominance of the *Salmonella* Gallinarum serotype with a prevalence of 100% in layer hens and 79% in broiler chickens, followed by the *Salmonella* Enteritidis serotype. The highest resistances were recorded for Nalidixic acid NA (79.41%/100%), enrofloxacin ENR (41.18%/73.91%) and tetracycline Tey (8.82%/54.35%), respectively in broiler chickens and the layer hen. However, no resistance to colistin was recorded in either species. 48 isolates (60%) were multi drug resistant (MDR), and 3 antibiotic resistance profiles were recorded, with a multi-antibiotic resistance index (MARI) of 0.2 to 0.6. These findings demonstrated the risk that chicken farming poses to the persistence and spread of *salmonella* strains that are resistant to several antibiotics.

Keywords: *Salmonella*; broiler chicken; layer hen; multidrug resistance; serotype.

Introduction

Globally, *Salmonella* is acknowledged as a significant foodborne pathogen; the majority of isolates in the genus are non-typhoidal, and they are the primary cause of infectious gastroenteritis worldwide [1]. To far, more than 2,500 serotypes have been found among the two primary species, enterica and bongori. The enterica species are thought to be the most frequent foodborne pathogens that infect humans, together with the serovars Enteritidis and Typhimurium [2]. Generally

speaking, there are two types of *salmonella* in chicken depending on the illnesses they produce. *Salmonella* of the chicken host that have evolved, become virulent, and become immobile make up the first category. Avian typhoid is caused by *S. Gallinarum*, whereas *S. Pullorum* causes pullorosis in poultry [3]. The two primary motile serotypes of *salmonella* that cause human illness are found in the second category of *salmonella*, called paratyphoid *salmonella*: *S. Typhimurium* and *S. Enteritidis* [4]. For serotypes *S. Typhimurium* and *S. Enteritidis*,

*Corresponding authors: Amrouche Morsli, E-mail: a.morsli@univ-boumerdes.dz Tel.: +213542080664

(Received 17 September 2024, accepted 04 December 2024)

DOI: 10.21608/EJVS.2024.321538.2379

©National Information and Documentation Center (NIDOC)

infection generally remains subclinical in birds [5]. Throughout the food chain, salmonellosis can spread, especially in chicken products if proper hygiene and infection control procedures are not followed [6]. The major producing nations of chicken meat in Africa are Algeria, Egypt, Morocco, Nigeria, and South Africa. [7]. Algeria has experienced significant development in the poultry industry over the last decade and chicken meat is the most consumed due to its relatively low price and easy digestibility [8, 9] is frequently disrupted in low-resource developing nations like Algeria by the widespread occurrence of infectious illnesses. These diseases' emergence, which has resulted in enormous losses due to a decrease in the quality of the product produced and the expense of treatment, is caused by poultry farms' disregard for good agricultural practices (GAP), inadequate biosecurity, and inadequate hygiene standards. [10]. Poultry farming sector is suffering significant financial losses due to *Salmonella*. *Salmonella* infections in poultry farms cause considerable losses to poultry producers. Young chickens can suffer from stunted growth and even death from infections they acquire either horizontally in the hatchery or vertically from their parents. For chicken farmers, preventing the spread of *Salmonella* to offspring or to the population can be costly [11]. Indeed, the poultry industry is known for its wide use of antibiotics as prophylactic and therapeutic agents. The growth and emergence of resistant bacteria has been facilitated by the indiscriminate and widespread use of antibiotics [12]. The rise of multi-antimicrobial resistance cases has turned into a major global public health issue [13] and a number of scientists have documented the appearance of multiresistant bacteria that have been identified from poultry products [14, 15]. Due to the lack of precise data in the central region of Algeria on the antimicrobial resistance profile and the serotypes of *Salmonella* sp. circulating in layer hens and broiler farms. Although much work has been carried out in Algeria on these microbial germs and their resistance to antibiotics, this research has not been updated to date. The present study was planned to phenotypically characterize *Salmonella* isolates from the broiler and layer hen population and to research their antibiotic resistance profile.

Material and Methods

Ethical approval:

Experimental procedures was approved by the Institutional Committee for the Protection of Animals of the National Administration of Higher Education and Scientific Research of Algeria (98-11, Act of 22 August 1998).

Study location and population

The study spanned a period of two years, from March 2018 to March 2020 and included 51 farms, including 26 industrial-type broiler farms and 25-layer hen farms. Their breeding capacities vary from 2400 to 10,000 individuals per building, located in the central and north-eastern region of Algeria (provinces of Bordj Bou Arreridj, Bouira, Boumerdes and Algiers) having kindly participated voluntarily in the work. Five chickens were selected from each farm. Our choice fell on this region because the majority of industrial poultry production is found there. It therefore seemed to us to be a potentially risky area for the circulation and transmission of pathogens in poultry, and therefore particularly suitable for carrying out our study. The farms where we took the samples were targeted, for the sake of convenience and budget.

Sampling and collection

A total of 270 liver and spleen were collected aseptically after necropsy from 270 broiler and layer hen freshly dead, originating from farms with mortality rates. The sampled animals presented clinical signs and lesions at necropsy of avian typhoid (Figure 1,2,3,4), namely: diarrhea yellow like egg yolk, necrotic foci on the liver and spleen, enlarged, dark and crumbly liver with a distinctive copper color, bronze sheen like those reported in literature [16]

Bacteriological analysis of samples

*Isolation and identification of *Salmonella* spp.*

The procedure for the identification of *salmonella* in food and animal feed (EN/ISO 6579 2002/Amd1:2007) was followed in the bacteriological analyses [17]. The autopsies are carried out in an aseptic manner, then the organs (livers and spleens) are removed sterilely, placed in sterile jars and are transported in a cooler under positive cold cover at + 4°C to the laboratory for bacteriological examinations. The two samples were combined before being identified and isolated. After pre-enriching, 25 g of the liver and spleen mixture with 225 ml of buffered peptone water (BPW) (Bioscan, Algeria). The mixture was incubated for 18 to 20 hours at 37°C. Using selenite cysteine (SC) and rappaport vassiliadis (RV) enrichment broth, a double selective enrichment is performed. The inoculation process involves adding 1 ml of BPW to the SC tube and 0.1 ml to the RV tube. The tubes are then incubated for 18 to 24 hours at 37°C for the SC and 41.5°C for the RV. The enriched samples were then seeded by the exhaustion technique onto Hektoen agar (Pasteur Institute of Algeria) and Xylose-Lysine-Deoxycholate (XLD) agar (Fluka analytical Steinheim, Buchs, Switzerland), and incubated for 24 hours at 37°C.

Biochemical confirmation is carried out using classic biochemical tests such as the T.S.I. test: Tri-SugarIron Medium (Biokar, Beauvais, France). Biochemical tests using the API 20E gallery was used to confirm the identification of the *Salmonella* isolates (BioMérieux, France). Serological tests (the rapid agglutination slide) were performed using specific sera in order to determine *Salmonella* serovars following the Kauffmann-White-Le Minor scheme [18].

Antimicrobial susceptibility testing:

The 80 isolates of *Salmonella* that were found were subjected to antibiotic susceptibility testing using the disk diffusion method on Mueller-Hinton agar and 12 antibiotics (Biorad, France). The results were interpreted in accordance with CLSI recommendations (2020) [19]. Three categories for isolates were established: susceptible (S), intermediate (I), and resistant (R). Gentamycin (GEN10 μ g), trimethoprim-sulfamethoxazole (SXT, 1.25/23.75 μ g), cefotaxime (CTX 30 μ g), chloramphenicol (CHL30 μ g), ampicillin (AMP10 μ g), amoxicillin+clavulanic acid (AUG 20/10 μ g), tetracycline (TE 30 μ g), nalidixic acid (NA, 30 μ g), enrofloxacin (ENR 10 μ g), colistin sulfate (CS: 10 μ g), Nitrofurantoin (NIT, 300 μ g), and Neomycin (NEO 30 μ g) were among the antibiotic discs tested. For quality control, *Escherichia coli* ATCC 25922 was employed. The formula for calculating antimicrobial resistance indices (MARI) is a/b , where "a" is the number of antibiotics to which a specific isolate proved resistant and "b" denotes the total number of antibiotics tested [20].

Serotyping of isolates

Serological confirmation was made by slide agglutination tests and consisted of the use of multivalent anti O and anti H serums (Diagnostic Pasteur, Paris, France) according to the Kaufmann-White scheme [21]

Analytical statistics

The data were exported to the computer application Statistical Package for Social Scientists (SPSS, version 2020) for additional data analysis once the database was created.

The degree and direction of a linear link between two continuous variables are determined by Pearson's correlation coefficient, or r . With $r=1$ denoting a perfect positive linear connection and $r=-1$ denoting a perfect negative linear relationship, it lies between -1 and 1. There is no linear connection when $r=0$.

Results

Frequency of isolation of *Salmonella* strains in broilers and layer hens:

Out of 270 samples, the genus *Salmonella* was identified in 80 (29.63%) samples. In broilers out of a total of 140 samples, 24.28% ($n = 34$) were confirmed positive for *Salmonella* sp. While in layer hens, among the samples collected ($N = 130$), 35.38% ($n = 46$) were confirmed positive for *Salmonella* sp. hence *Salmonella* sp. was more common in layer hen farms than in broiler farms.

Serotyping of isolated strains

Two serotypes from eighty strains of *Salmonella* were identified with a predominance of serotypes *Salmonella* Gallinarum with a rate of 100% in layer hens and 79% in broilers, followed by *Salmonella* Enteritidis only in broilers with a frequency of 18 % (Table II).

Antibiotic resistance profile

Varying rates of resistance of *Salmonella* strains were observed against 12 antibiotic molecules (Table III).

Resistance to various antibiotic molecules has been recorded in both broiler chickens and layer hens, however no resistance to colistin was recorded in these two species. The main antibiotics affected by this resistance belong to the family of quinolones, betalactams and tetracyclines. Furthermore, other resistances were quantified to certain families of antibiotics which are not used in the veterinary field such as gentamicin (in layer hens) and to antibiotics belonging to the furan family.

Resistance phenotypes

A total of 48 isolates (60%) were multi-resistant (resistance to at least three antibiotic classes), and 13 antibiotic resistance profiles were recorded, with a multi-antibiotic resistance index (MARI) of 0.2 to 0.6 (Table IV).

Discussion

An isolation rate of 24.28% (34/140) was recorded in this study; the average rate of positive *Salmonella* in this study is similar to that found in Egypt (120/420, 28.6%) [22], in Libya (21%) [23], in Tunisia 19.9% [24], but higher than that found in Uganda (13.46%) [25], Kwara State, north-central Nigeria (58 /900, 6.4%) [26], and in the EU (1.89%) [27]. Higher rates were recorded in Algeria with a value of 34.37% [28] and in Egypt 64% [29].

The higher prevalence of *Salmonella* sp. (35.38%) in layer hen farms may be explained by the physiological stress that layer's experience when confined in cage systems, especially during the production of eggs. This rate is close to that found by [30], where 28% were confirmed positive for *Salmonella* sp. Our result is significantly higher than that reported in Algeria by [31], which was 0.68%. A

prevalence of 60% has been reported in northeastern Algeria [32]. *Salmonella* was significantly more frequent in layer hen farms (35.38%), than in broiler farms (22.14%), with a positive correlation between the type of breeding and the isolation rate ($r=0.321$), which agrees with a previous observation [33], which demonstrated that layer hens had the largest percentage of positive samples, in contrast to [34] who discovered that broilers had a noticeably greater frequency of *Salmonella* than layers. The absence of a *Salmonella* infection management strategy is the cause of this high incidence (particularly in healthy chicken farms) [35]. The frequency of *salmonella* can be directly impacted by a number of variables. These overall variations in the prevalence of *Salmonella* could be explained by the henhouses under study having poor hygiene standards and their design, particularly since some of them are uncontrolled, hoop-shaped breeding structures. Risk factors that can lead to *Salmonella* contamination in layer hens include easily accessible layer houses, lack of disinfection prior to pulling pullets, inadequate ventilation, corpse storage on the farm, presence of rats, and dry cages cleaned before pulling pullets.[31].

Knowledge of the serotypes involved in these infectious episodes of *Salmonella* in poultry is of the utmost importance in the fight against its spread. Two *Salmonella* serotypes were found in the samples used in this investigation, with *S. Gallinarum* and *S. Enteritidis* having the highest prevalences. This last serotype, which causes human salmonellosis, is one of the most prevalent serotypes and has been detected in several research [36]. *Salmonella Gallinarum* was more frequent in both animal species, in layer hens the rate was 100%, with a negative correlation between the type of farming and the serotype ($r= -0.410$). Our results do not join those found in Algeria where six serotypes were isolated in this species with predominance of *S. Enteritidis* and *S. Kentucky* [31]. In Egypt, isolates belonged to the serotypes *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* and *S. Gallinarum* [37]. In broiler chickens, [38] reported a predominance of serovars in descending order Kentucky, Enteritidis followed by Heidelberg, Virchow, Manhattan. *Salmonella Heidelberg* (24%), *Salmonella Enteritidis* (20%), *Salmonella Albany* (16%), and *Salmonella Typhimurium* (9%), among other common serotypes, were identified for [39]. These results corroborate with those carried out previously where 92.99% were confirmed as being *Salmonella Gallinarum* [30]. The presence of *S. Enteritidis* was 18% only in broiler chickens; this result is higher than that found in Algeria [28]. In Libya the prevalence of *S. Enteritidis* was 7% [23], in Egypt where *Salmonella Enteritidis* comes in third position (5.45%) [29]. And lower than that found in

Pakistan (23.33%) by [40]. *Salmonella Enteritidis* and *S. Typhimurium* were previously [1] not found from chicken samples in Algeria, although they were commonly isolated from broiler farms. Several authors revealed that the predominant serotype from poultry was *S. Gallinarum*, followed by *S. Enteritidis* [41]. The detection of *S. Enteritidis* in cases of avian typhoid is becoming increasingly important from a public health perspective. One isolate (3%) remained untypeable, confirmed by serotyping and categorized as such [42]. It can be inferred that there were rough mutant strains present that lacked the particular side chains that are crucial for 'O' specificity, or that there were further abnormalities in the core structure.

The highest resistance was recorded for Quinolones in two species with values of (100%) in layer hens and (79.41%) in broilers, with a positive correlation ($r= 0.299$). Our findings concur with those of many Algerian research [31]. In Tunisia [24] where the greatest resistance was recorded for quinolones, while in Korea where the highest resistance rates were detected for Nalidixic acid (NA) [43]. On the other hand, low resistance was recorded in Egypt [37]. This high resistance can be explained by their abusive use in poultry production. Given that quinolones are an antibiotic class that makes about a third of prescribed medications in the field of human medicine, the high prevalence of resistance to these treatments in this study is very concerning [44]. Resistance to the fluoroquinolones tested (Enrofloxacin) was recorded in the two broiler and layer hens species respectively (41.18%/73.91%), with a positive correlation ($r= 0.265$). This corresponds to the results found in Algeria by [45]. This is all the more worrying since fluoroquinolones are among the most widely used antibiotics to treat salmonellosis in humans and animals due to their broad spectrum of activity [46]. The rate of resistance to cyclins was significantly higher ($r = 0.343$) in layer hens than in broilers, these rates correspond to those reported in Algeria by [36] and differ from those reported in broilers (37.6%) by [47]. Among the most common medications used for poultry therapy and prevention are cyclins and sulphonamides [48, 49]. Resistance to β -lactams only concerned ampicillin in broilers (17.64%). associated with amoxicillin clavulanic acid (10.87%), in layer hens with a positive correlation ($r= 0.267$). Our results differ from those found in Algeria by [43], who reported resistance rates of 47.36%, to ampicillin in broilers. and agrees with those of [50] who reported very low rates of resistance to amoxicillin clavulanic acid (11%). All isolates were sensitive to cefotaxime for both species, this result is consistent with that found by [51]. The use of cephalosporins is rare in poultry production [52]. The high level of resistance observed in this investigation

is cause for concern. As for sulfonamides, sulfamethoxazole/trimethoprim our result is different from that reported by [22] (100%). In layer hens Our result (6.52%) is close to that found by [53]. All isolates tested were sensitive to colistin, same result found in Algeria by [38] and in Libya by [23] where colistin had the highest sensitivity (72%), unlike [54], who found resistance of 80%. In addition, resistance to antibiotics which are not used in veterinary medicine was recorded, this concerns both gentamicin in layer hens and furans in broiler chickens, thus testifying to fraudulent use. In a similar vein, [55] showed that gentamicin consistently works against *Salmonella*, independent of the study's duration or location. [6] Stated that 4% of isolates of *Salmonella* shown resistance to gentamicin. Despite the fact that furans are no longer recognized in Algeria, we have shown that 35.29% of broilers are resistant to Nitrofuran. This result corresponds to that obtained in 2020 in Chain by [56] and remains high compared to the result of [44], which was 22.64%.

In this study, more than half of *Salmonella* isolates showed resistance to more than 3 classes of antibiotics, and these results are consistent with those found [22]. 48 isolates (60%) were multi-resistant, in addition varied profiles of antibiotic resistance were recorded with a positive correlation between multi-resistance and the type of breeding ($r = 0.249$). Our results are close to those found by [57, 24] in broiler chickens and [30] in layer hens respectively (70.53%, 87.5%, 66.5%) and differ from those found in Algeria where 15.09% of strains were multi-resistant [39], a lower rate was recorded in layer hens (15.4%) [44], and differs from those of [58] where the number of multi-resistant isolates is relatively low. According to our results, the multi-resistance rate in layer hens (67.39%) is higher than that in broilers (50%), contrary to [59] who found that broilers consume more antimicrobials compared to layers. . This contradiction can be explained by the duration of rearing which is longer in layer hens. The multi-antibiotic resistance index (MARI) in this investigation varied from 0.2 to 0.6. A MARI value of less than 0.2 is regarded as minimal risk, whereas a number more than 0.2 denotes high risk [60]. *Salmonella* serotypes in this study demonstrated 13 different MDR profiles, which is similar to the results of [22]. Since β -lactamines, tetracyclines, sulfaméthoxazole, and quinolones are necessary for the treatment of avian salmonellosis, the MDR phenotypes of *Salmonella* are significant from a therapeutic standpoint [61]. *Salmonella Enteritidis* in our investigation shown resistance to quinolones, furans, and cyclins. Our results agree with those found by [40], which demonstrated multiple

resistances to the same molecules in this strain. The spread of this serotype and the emergence of other resistance mechanisms to different classes of antimicrobials may be aided by this multi-resistance. Even if a ministerial directive in Algeria forbids treating avian salmonellosis [62]. The illogical and fraudulent use of these medications for therapeutic, preventive, and growth-promoting purposes may account for the high rate of resistance to antimicrobials that we observed. This practice results in the emergence of antibiotic-resistant bacteria, which are subsequently passed on to humans through the food chain [29]. However, due to the lack of facilities in our phage typing or PCR laboratory, we are unable to further investigate these results.

Conclusion

This study provides data on contamination by *Salmonella* strains of layer hens and broiler farms in Algeria. The findings show that *Salmonella* infection is common in broiler and layer farms in Algeria's central area and that the bacteria is becoming more resistant to medicines that are crucial to medical treatment. *Salmonella Gallinarum*, and *S. Enteritidis* were the only serotypes isolated. Because of incorrect use of antibiotics without a prescription, some strains in this research had various antibiotic resistances, which increases the risk of salmonellosis to the public's health and jeopardizes the efficacy of medication in people. Regretfully, there is a lack of public information about the usage of antibiotics on farms in Algeria. In order to prevent *Salmonella* infection in poultry farms, such data requires the development and execution of biosecurity plans in addition to biocontrol methods. In light of this, more investigation into the primary risk factors would be intriguing, and molecular characterization is required to pinpoint the genes implicated in pathogenicity and antibiotic resistance in *Salmonella sp.* isolated from animals meant for human consumption.

Acknowledgments

Not applicable.

Funding statement

This study didn't receive any funding support

Declaration of Conflict of Interest

The authors declare that there is no conflict of interest.

Ethical of approval

Following an inquiry about their cooperation and readiness to participate, farmers (respondents) gave their verbal agreement. None of the herds sampled had been vaccinated against *Salmonella*.

TABLE I. Percentage of positive samples collected from poultry farms

Breeding	Somme of samples	Positive samples	% positive samples
Broilers	140	34	24,28
Layer hens	130	46	35,38
total	270	80	29.63

TABLE II. Distribution of *Salmonella* serotypes isolated

	Layer hens	Broilers
<i>Salmonella Gallinarum</i>	46 (100%)	26 (79%)
<i>Salmonella Enteritidis</i>	00	6 (18%)
<i>Salmonella Spp</i>	00	1 (3%)

TABLE III. Rate of antibiotic resistance in broiler chickens (34 strains) and layer hens (46 strains)

Breeding	Broiler chickens	Layer hens
Total of strains	N=34 (100%)	N=46 (100%)
Antibiotic		
Amoxicillin/Ac clavulanic (AUG,20/10 µg)	0 %	4 (8,7%)
Cefotaxime (CTX,30 µg)	0 %	0 %
Ampicillin (AMP, 10 µg)	6 (17,64%)	5 (10,87%)
Tetracyclin (TE, 30 µg)	3 (8,82%)	25 (54,35%)
Nalidixic acid (NA, 30 µg)	27 (79,41%)	46 (100 %)
Enrofloxacin (ENR, 10 µg)	14 (41,18%)	34 (73,91%)
Gentamicin (GEN, 10 µg)	0 %	5 (10,87%)
Neomycin (NEO,30 µg)	0 %	5 (10,87%)
Colistin Sulfate(CS, 10 µg)	0 %	0 %
Nitrofurantoin (NIT, 300 µg)	12 (35,29%)	1 (2,17%)
Trimethoprim-sulfmethoxazole (SXT, 1.25/23.75µg)	2 (5,88%)	3 (6,52%)
Chloramphenicol (CHL, 30 µg)	5 (14,71%)	0 %

TABLE IV. Multi-resistance profiles observed

Sources	Resistance profile	S. Sérovars	Number of strains	Number of AB	MARI(%)
Broilers	SXT-NA-ENR-TCY	S.Gallinarum	1	4	0.3
	NA-ENR-TCY	S.Gallinarum	3	3	0.2
	AMP-SXT-NIT-NA	S.Gallinarum	1	4	0.3
	NA-ENR-TCY-NIT	S.Gallinarum	2	4	0.3
	AMP-ENR-CHL-NIT	S.Gallinarum	2	4	0.3
	AMP-NIT-CHL	S.Gallinarum	1	3	0.2
	AMP-CHL-ENR	S.Gallinarum	2	3	0.2
	NIT-NA-ENR	S.Gallinarum	2	3	0.2
	AMP-NIT-NA-ENR	S.Gallinarum	1	4	0.3
	NIT-NA-ENR	S.Enteritidis	1	3	0.2
	NIT-NA-TCY	S.Enteritidis	1	3	0.2
	SXT-NA-ENR-TCY	S.Gallinarum	6	4	0.3
Layer hens	NA-ENR-TCY	S.Gallinarum	14	3	0.2
	AUG-AMP-GEN-NEO-NA-ENR-TCY	S.Gallinarum	5	7	0.6
	AMP-NA-ENR	S.Gallinarum	3	3	0.2
	AMP-NA-ENR-TCY	S.Gallinarum	1	4	0.3
	NIT-NA-ENR	S.Gallinarum	1	3	0.2
	NIT-NA-TCY	S.Gallinarum	1	3	0.2



Fig. 1. Yellowish diarrhea sticky to the cloaca of layer hen



Fig. 2. Necrotic foci in the spleen of broiler chickens



Fig. 3. Enlarged and Necrotic foci in the liver of pullorosis disease in a layer hen

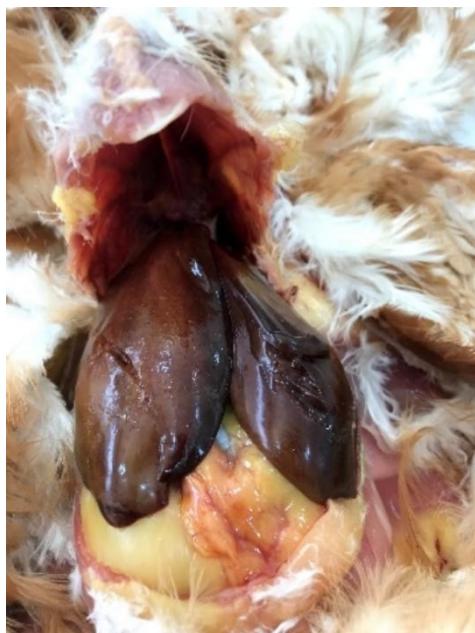


Fig. 4. Enlarged and bronze-green coloration of the liver characteristic of typhoid disease in a layer hen

References

1. Elgroud, R., Zerdoumi, F., Benazzouz, M., Bouzitouna-Bentchouala, C., Granier, S. A., Frémy, S., & Millemann, Y. Characteristics of *Salmonella* contamination of broilers and slaughterhouses in the region of Constantine (Algeria). *Zoonoses and Public Health.*, **56**(2), 84-93(2009).
2. Jajere, S. MA review of *Salmonella enterica* with particular focus on the pathogenicity and virulence factors, host specificity and antimicrobial resistance including multidrug resistance. *Veterinary World*, **12**(4), 504 (2019).
3. Farhat, M., Khayi, S., Berrada, J., Mouahid, M., Ameur, N., El-Adawy, H., & Fellahi, S. *Salmonella enterica* Serovar Gallinarum Biovars Pullorum and Gallinarum in Poultry: Review of Pathogenesis, Antibiotic Resistance, Diagnosis and Control in the Genomic Era. *Antibiotics (Basel, Switzerland)*, **13**(1), 23 . <https://doi.org/10.3390/antibiotics13010023>
4. Saleh, S., Van Puyvelde, S., Staes, A., Timmerman, E., Barbé, B., Jacobs, J., & Deborggraeve, S. *Salmonella Typhi*, *Paratyphi A*, *Enteritidis* and *Typhimurium* core proteomes reveal differentially expressed proteins linked to the cell surface and pathogenicity. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, **13**(5), e0007416(2019)..
5. Algammal, A. M., El-Tarabili, R. M., Abd El-Ghany, W. A., Almanzalawi, E. A., Alqahtani, T. M., Ghabban, H., ... & Badawy, G. A. Resistance profiles, virulence and antimicrobial resistance genes of XDR *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium*. *AMB Express*, **13**(1), 110(2023)..
6. Ramatla, T., Taioe, M. O., Thekisoe, O. M., & Syakalima, M. Confirmation of antimicrobial resistance by using resistance genes of isolated *Salmonella* spp. in chicken houses of North West, South Africa. *World's Veterinary Journal*, **9**(3), 158-165.(2019).
7. Nkukwana, T.T. Global poultry production: Current impact and future outlook on the South African poultry industry .*South African Journal of Animal Science*, **48** (5),.....(2018).
8. Khalafalla, F. A., Abdel-Atty, N. S., Abdel-Wanis, S. A., & Hanafy, A. S. Food poisoning microorganisms in chicken broiler meat. *Global Veterinaria*. **14**(2), 211-218(2015).
9. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Poultry sector in Algeria: Development and consumption trends. Food and Agriculture Organization. 2020; Retrieved from <http://www.fao.org/3/ca1234en/CA1234EN.pdf>
10. Dar, O. A., Ahmad, F., Rehman, S., Saeed, K., Ullah, A., Mahmood, T., & Saleem, M. H. Assessment of bio-security measures, vaccination and other management practices for the control of infectious diseases in poultry production in Peshawar, Khyber Pakhtunkhwa, Pakistan. *Journal of Animal and Plant Sciences*, **28**(2), 565-572(2018).
11. Sohail, M. N., Rathnamma, D., Priya, S. C., Isloor, S., Naryanaswamy, H. D., Ruban, S. W., & Veeragowda, B. M. *Salmonella* from farm to table: isolation, characterization, and antimicrobial resistance of *Salmonella* from commercial broiler supply chain and its environment. *BioMed Research International*, (2021).
12. Manyi-Loh, C., Mamphweli, S., Meyer, E., & Okoh, A. Antibiotic use in agriculture and its consequential resistance in environmental sources: potential public health implications. *Molecules*, **23**(4), 795(2018).
13. Mirzaei, R., Yousefimashouf, R., Arabestani, M. R., Sedighi, I., & Alikhani, M. Y. The issue beyond resistance: Methicillin-resistant *Staphylococcus epidermidis* biofilm formation is induced by subinhibitory concentrations of cloxacillin, cefazolin, and clindamycin. *PLoS One.*, **17**(11), e0277287(2022).
14. Almashhadany, D. A. Occurrence and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* isolates from grilled chicken meat sold at retail outlets in Erbil City, Kurdistan region, Iraq. *Italian Journal of Food Safety*, **8**(2),.... (2019).
15. Xie, T., Wu, G., He, X., Lai, Z., Zhang, H., & Zhao, J. Antimicrobial resistance and genetic diversity of *Salmonella enterica* from eggs. *Food Science & Nutrition*, **7**(9), 2847-2853(2019).
16. Hafez, H. M., & Shehata, A. A. (Eds.). (2024). Turkey Diseases and Disorders: Bacterial and fungal infectious diseases (Vol. 1). Springer Nature.
17. International Organization for Standardization. ISO 6579:2002/Amd 1:2007. Detection of *Salmonella* spp. in animal faeces and in environmental samples from the primary production stage, amendment 1, annex D. In Microbiology of food and animal feeding stuffs. Horizontal method for the detection of *Salmonella* spp. International Organization for Standardization, Geneva, Switzerland. 2007.
18. Castello, A., Piraino, C., Butera, G., Alio, V., Cardamone, C., Oliveri, G., & Costa, A. Prevalence and antimicrobial resistance profiles of *Salmonella* spp. in poultry meat. *Italian Journal of Food Safety*, **12**(2),.... (2023).
19. Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing (30th ed.). CLSI. 2020.
20. Afunwa, R. A., Ezeanyinka, J., Afunwa, E. C., Udeh, A. S., Oli, A. N., & Unachukwu, M. Multiple antibiotic resistant index of gram-negative bacteria from bird droppings in two commercial poultries in Enugu, Nigeria. *Open Journal of Medical Microbiology*, **10**(4), 171-181(2020).
21. Le minor, I., & Bockemühl, J. Supplément n° XXVI (1982) au schéma de Kauffmann-White. In *Annales de Microbiologie*, **134**(2), 323-328(1983).).
22. Elkenany, R., Elsayed, M. M., Zakaria, A. I., El-sayed, S. A. E. S., & Rizk, M. A. Antimicrobial resistance profiles and virulence genotyping of *Salmonella enterica* serovars recovered from broiler chickens and chicken carcasses in Egypt. *BMC Veterinary Research*, **15**, 1-9(2019).
23. Asheg, A. A., Otman, M. F., Benlashehr, I. A., Kraim, E. F., Almashri, R. A., & Kammon, A. M. Prevalence of *Salmonella* in poultry slaughterhouses located in

- Tripoli, Libya. *Open Veterinary Journal*, **13**(5), 638-644. (2023).
24. Oueslati, W., Rjeibi, M. R., Benyedem, H., Mamlouk, A., Souissi, F., Selmi, R., & Ettriqui, A. Prevalence, risk factors, antimicrobial resistance and molecular characterization of *Salmonella* in Northeast Tunisia broiler flocks. *Veterinary Sciences*, **9**(1), 12(2021).
25. Ball, T., Monte, D., Aidara-Kane, A., Matheu, J., Ru, H., Thakur, S., & Fedorka-Cray, P. International lineages of *Salmonella enterica* serovars isolated from chicken farms, Wakiso District, Uganda. *PLoS One*, **15**(1), e0220484(2020).
26. Ahmed, A. O., Raji, M. A., Mamman, P. H., Raufu, I. A., Aremu, A., Akorede, G. J., & Kwanashie, C. N. Salmonellosis: Serotypes, prevalence and multi-drug resistant profiles of *Salmonella enterica* in selected poultry farms, Kwara State, North Central Nigeria. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, **86**(1), 1-8(2019).
27. European Food Safety Authority (EFSA). Scientific Opinion on the assessment of the control measures for Category A diseases of Animal Health Law: Avian Influenza. *EFSA Journal*; **16**(3), 5175(2018).
28. Djeffal, S., Mamache, B., Elgroud, R., Hireche, S., & Bouaziz, O. Prevalence and risk factors for *Salmonella* spp. contamination in broiler chicken farms and slaughterhouses in the northeast of Algeria. *Veterinary World*, **11**(8), 1102(2018).
29. Hassan, A. R. H., Salam, H. S., & Abdel-Latef, G. K. Serological identification and antimicrobial resistance of *Salmonella* isolates from broiler carcasses and human stools in Beni-Suef, Egypt. *Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences*, **5**(2), 202-207(2016).
30. Haque, A. Z., Akter, M. R., Islam, S. S., Alam, J., Neogi, S. B., Yamasaki, S., & Kabir, S. L. *Salmonella Gallinarum* in small-scale commercial layer flocks: Occurrence, molecular diversity and antibiogram. *Veterinary Sciences*, **8**(5), 71(2021).
31. Bouzidi, N., Aoun, L., Zeghdoudi, M., Bensouilah, M., Elgroud, R., Oucief, I., & Millemann, Y. *Salmonella* contamination of layer-hen flocks in two regions of Algeria. *Food Research International*, **45**(2), 897-904. (2012).
32. Ammar, A., Alloui, N., Bennoune, O. & Kassah-Laouar, A. Survey of *Salmonella* serovars in broilers and layer breeding reproducers in East of Algeria. *The Journal of Infection in Developing Countries*, **4**(02), 103-106(2010).
33. Elsayed, M. M., El-Basrey, Y. F., El-Baz, A. H., Dowidar, H. A., Shami, A., Al-Saeed, F. A., & Khedr, M. H. Ecological prevalence, genetic diversity, and multidrug resistance of *Salmonella Enteritidis* recovered from broiler and layer chicken farms. *Poultry Science*, **103**(2), 103320 (2024).
34. Naurin, S., Ariful I., M. A., & Khatun, M. M. Prevalence of *Salmonella* in apparently healthy chickens in Mymensingh, Bangladesh. *Microbes and Health*, **1**(1), 30-33 (2012).
35. Ramtalal, M. A., Amoako, D. G., Akebe, A. L., Somboro, A. M., Bester, L. A., & Essack, S. Y. A public health insight into *Salmonella* in poultry in Africa: A review of the past decade: 2010–2020. *Microbial Drug Resistance*, **28**(6), 710-733 (2022).
36. Pardo-Roa, C., Salazar, G. A., Noguera, L. P., Salazar-Echegarai, F. J., Vallejos, O. P., Suazo, I. D., & Bueno, S. M. Pathogenicity island excision during an infection by *Salmonella enterica* serovar Enteritidis is required for crossing the intestinal epithelial barrier in mice to cause systemic infection. *PLoS Pathogens*, **15**(12), e1008152(2019).
37. Diab, M. S., Zaki, R. S., Ibrahim, N. A., & Abd El Hafez, M. S. Prevalence of multidrug resistance non-typhoidal *Salmonellae* isolated from layer farms and humans in Egypt. *World Vet. J.*, **9**(4), 280-288(2019).
38. Samia, D., Bakir, M., Rachid, E., Chaffia, B., Omar, B., Rolain, J. M., & Diene, S. M. Prevalence and genotypic characterization of *Salmonella* spp. from chicken meats marketed in the province of Skikda, Algeria. *The Journal of Infection in Developing Countries*, **15**(04), 523-529(2021).
39. Bounar-Kechih, S., Hamdi, T. M., Mezali, L., Assaous, F., & Rahal, K. Antimicrobial resistance of 100 *Salmonella* strains isolated from *Gallus gallus* in 4 wilayas of Algeria. *Poultry Science*, **91**(5), 1179-1185. (2012).
40. Asif, M., Rahman, H., Qasim, M., Khan, T. A., Ullah, W., & Jie, Y. Molecular detection and antimicrobial resistance profile of zoonotic *Salmonella Enteritidis* isolated from broiler chickens in Kohat, Pakistan. *Journal of the Chinese Medical Association*, **80**(5), 303-306(2017).
41. Shivaning Karabasanavar, N., Benakabhat Madhavaprasad, C., Agalagandi Gopalakrishna, S., Hiremath, J., Shivanagowda Patil, G., & B Barbuddhe, S. Prevalence of *Salmonella* serotypes *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium* in poultry and poultry products. *Journal of Food Safety*, **40**(6), e12852 (2020).
42. Saad, S. A. M. (2022). Phenotypic and genotypic characterization of *salmonella* isolates from chickens and humans in South Sudan (Doctoral dissertation, The University of Zambia).
43. Seo, K. W., Kim, J. J., Mo, I. P., & Lee, Y. J. Molecular characteristic of antimicrobial resistance of *Salmonella Gallinarum* isolates from chickens in Korea, 2014 to 2018. *Poultry science*, **98**(11), 5416-5423. (2019).
44. Cuong, N. V., Phu, D. H., Van, N. T. B., Dinh Truong, B., Kiet, B. T., Hien, B. V., & Carrique-Mas, J. High-resolution monitoring of antimicrobial consumption in Vietnamese small-scale chicken farms highlights discrepancies between study metrics. *Frontiers in Veterinary Science*, **6**, 174(2019).
45. Djeffal, S., Bakour, S., Mamache, B., Elgroud, R., Agabou, A., Chabou, S., & Rolain, J. M. Prevalence and clonal relationship of ESBL-producing *Salmonella* strains from humans and poultry in northeastern Algeria. *BMC Veterinary Research*, **13**, 1-9(2017).

46. Teklemariam, A. D., Al-Hindi, R. R., Albiheyri, R. S., Alharbi, M. G., Alghamdi, M. A., Filimban, A. A., & Bhunia, A. K. Human salmonellosis: a continuous global threat in the farm-to-fork food safety continuum. *Foods*, **12**(9), 1756(2023).
47. Mendonça, E. P., de Melo, R. T., Nalevaiko, P. C., Monteiro, G. P., Fonseca, B. B., Galvão, N. N., & Rossi, D. A. Spread of the serotypes and antimicrobial resistance in strains of *Salmonella* spp. isolated from broiler. *Brazilian Journal of Microbiology*, **50**, 515-522.(2019).
48. Al-Mustapha, A. I., Adetunji, V. O., & Heikinheimo, A. Risk perceptions of antibiotic usage and resistance: A cross-sectional survey of poultry farmers in Kwara State, Nigeria. *Antibiotics*, **9**(7), 378(2020).
49. Jibril, A. H., Okeke, I. N., Dalsgaard, A., & Olsen, J. E. Association between antimicrobial usage and resistance in *Salmonella* from poultry farms in Nigeria. *BMC Veterinary Research*, **17**(1), 234(2021).
50. Alajmi, A. D., Sheet, O. H., Al-Mahmood, O., Saadeldin, I., & Alsanjary, R. A. Isolation and Identification of *Salmonella* from Chickens Prepared for Slaughter in the State of Kuwait. *Journal of Applied Veterinary Sciences*, **8**(3), 22-29(2023).
51. İnce, S. S., & Akan, M. Phenotypic and genotypic characterization of antimicrobial resistance in commonly isolated *Salmonella* serovars from chickens. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, **47**(1), 19-25 (2023).
52. SAEN. Standardisation de l'antibiogramme à l'échelle nationale (médecine vétérinaire et humaine), Algérie. SAEN. 2011.
53. Polat, İ., Şen, B., & Onurdağ, F. K. *Salmonella enterica* serotypes isolated for the first time in layer hens, and their susceptibility to antibiotics. *Poultry Science*, **103**(1), 103180 (2024).
54. Halder, S., Chowdhury, S., Das, S., Sohidullah, M., Nath, S. K., & Masuduzzaman, M. Prevalence and Antimicrobial Resistance Profile of *E. coli* and *Salmonella* spp. from Liver and Heart of Chickens. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, **10**(6), 1191-1196(2022).
55. Ferraz, C. A., Tintino, S. R., Teixeira, A. M., Bandeira, P. N., Santos, H. S., Cruz, B. G., & Coutinho, H. D. Potentiation of antibiotic activity by chalcone (E)-1-(4'-aminophenyl)-3-(furan-2-yl)-prop-2-en-1-one against gram-positive and gram-negative MDR strains. *Microbial Pathogenesis*, **148**, 104453(2020).
56. Nelson, A., Manandhar, S., Ruzante, J., Gywali, A., Dhakal, B., Dusal, S., & Dixit, S. M. Antimicrobial drug resistant non-typhoidal *Salmonella enterica* in commercial poultry value chain in Chitwan, Nepal. *One Health Outlook*, **2**, 1-8 (2020).
57. Song, Y., Yu, L., Zhang, Y., Dai, Y., Wang, P., Feng, C., & Wang, F. Prevalence and characteristics of multidrug-resistant mcr-1-positive *Escherichia coli* isolates from broiler chickens in Tai'an, China. *Poultry Science*, **99**(2), 1117-1123(2020).
58. Zahli, R., Scheu, A. K., Abrini, J., Copa-Patiño, J. L., Nadia, A., Nadia, S. S., & Soliveri, J. *Salmonella* spp: Prevalence, antimicrobial resistance and molecular typing of strains isolated from poultry in Tetouan-Morocco. *LWT*, **153**, 112359 (2022).
59. Imam, T., Gibson, J. S., Foysal, M., Das, S. B., Gupta, S. D., Fournié, G., & Henning, J. A cross-sectional study of antimicrobial usage on commercial broiler and layer chicken farms in Bangladesh. *Frontiers in Veterinary Science*, **7**, 576113. (2020).
60. Nwankwo, C. C., Ezeonuegbu, B. A., & Owei, M. D. Antibiogram of food borne pathogenic bacteria isolated from raw pork and beef meat. *Magna Scientia Advanced Research and Reviews*, **11**(1), 325-338(2024).
61. Gambino, D., Gargano, V., Butera, G., Sciortino, S., Pizzo, M., Oliveri, G., & Costa, A. Food is reservoir of MDR *Salmonella*: prevalence of ESBLs profiles and resistance genes in strains isolated from food. *Microorganisms*, **10**(4), 780. (2022).
62. Official Journal of the Republic of Algeria. Interministry decree of 17 Dhoul El Kaada 1423 corresponding to January 20th, 2003 defining the measures of prevention and control specific to avian salmonellosis *Salmonella Enteritidis*, *Typhimurium*, *Typhi*, *arizona*, *Dublin*, *Paratyphi* and *Pullorum Gallinarum*. 2003; 36: 15-17. [Available in French]

عزل وتحديد مقاومة المضادات الحيوية لسلالات السالمونيلا المعزولة من الدجاج اللاحم والبياض في المنطقة الوسطى بالجزائر

قشتولي سهام^{1,4}، مسعي شفيق رضا^{2,4}، مرسلی اعمیروش^{*1,5}، حمدي طه مصدق³ و خلاف جمال⁴

1. قسم العلوم الفلاحية، كلية العلوم، جامعة محمد بوقرة، بومرداس، الجزائر.

2. قسم البيولوجيا والفلاحة، جامعة محمد البشير الإبراهيمي، برج بوعريريج، الجزائر.

3. مختبر الصحة والإنتاج الحيواني (SPA)، المدرسة الوطنية العليا للطب البيطري، الجزائر، الجزائر.

4. مختبر سلامة الأغذية ونظام ضمان الجودة (HASAQ)، المدرسة الوطنية العليا للطب البيطري، الجزائر، الجزائر.

5. مختبر المعلوماتية الحيوية وعلم الأحياء التطبيقية والجزيئات الحيوية (BAMB). جامعة محمد بوقرة، بومرداس، الجزائر.

الملخص

الهدف من هذا العمل هو عزل سلالات السالمونيلا من دجاج اللحم والدجاج البياض لتحديد أنماطها المصطنعة ودراسة ملف مقاومتها. تم جمع ما مجموعه 270 عينة بما في ذلك الكبد والطحال من 26 مزرعة دجاج لحم و 25 مزرعة دجاج بياض. تشمل هذه العينات 140 عينة دجاج لحم و 130 عينة دجاج بياض تم جمعها من مزارع دواجن مختلفة في وسط الجزائر. تم عزل سلالات السالمونيلا وتحديدها وفقًا لخصائصها العيانية والمجهرية والكيميائية الحيوية. تبع تحديد السلالات المعزولة تحديد النمط المصلي للعزلات. باستخدام أحبار مولر هيتتون وطريقة انتشار القرص، تم التحقيق في مقاومة العزلات لاثني عشر مركبًا مضادًا حيوياً. من بين 270 عينة، كانت 80 عينة إيجابية (29.63%). في دجاج التسمين، تم تأكيد إيجابية 34 عينة (24.28%)، بينما في دجاج البياض تم تأكيد إيجابية 46 عينة (35.38%). تم تحديد نمطين مصطنعين من 80 سلالة من السالمونيلا مع غلبة النمط المصلي *Salmonella Gallinarum* بنسبة انتشار 100% في دجاج البياض و 79% في دجاج التسمين، يليه النمط المصلي *Salmonella Enteritidis*. تم تسجيل أعلى مقاومة لحمض النايديكيليك 79.41%/100% (NA)، الأونتروفلوكساسين 41.18%/73.91% (ENR) و التيتراسايكلين (Tcy) 8.82%/54.35%. على التوالي في دجاج التسمين ودجاج البياض. ومع ذلك، لم يتم تسجيل أي مقاومة للكوليستين في أي من النوعين. كانت 48 عينة (60%) مقاومة للأدوية المتعددة (MDR)، وتم تسجيل 3 ملفات لمقاومة المضادات الحيوية، مع مؤشر مقاومة المضادات الحيوية المتعددة (MARI) من 0.2 إلى 0.6. أظهرت هذه النتائج الخطر الذي تشكله تربة الدجاج على استمرار وانتشار سلالات السالمونيلا المقاومة للعديد من المضادات الحيوية

الكلمات الدالة: السالمونيلا، دجاج التسمين؛ دجاج البياض؛ مقاومة متعددة للأدوية؛ النمط المصلي

Abstract

Salmonella contamination in poultry farms poses a significant public health risk. This study aims to isolate *Salmonella* strains from broiler chickens and laying hens, identify their serotypes, and assess their antibiotic resistance profiles.

A total of 270 clinical samples, including liver and spleen, were collected from 26 broiler farms and 25 laying hen farms in central Algeria between 2018 and 2020. These samples comprised 140 broiler samples and 130 laying hen samples from poultry exhibiting clinical signs of *Salmonella* infection and recorded mortality cases. The isolation and identification of *Salmonella* strains were performed based on their macroscopic, microscopic, and biochemical characteristics, followed by serotyping of the isolates. Antibiotic resistance was evaluated using the disk diffusion method on Mueller-Hinton agar against 12 antibiotic compounds.

Among the 270 samples analyzed, 80 (29.63%) tested positive for *Salmonella*. In broiler chickens, 34 samples (24.28%) were positive, whereas 46 samples (35.38%) were positive in laying hens. Two serotypes were identified, with *Salmonella* Gallinarum being the most prevalent (100% in laying hens and 79% in broiler chickens), followed by *Salmonella* Enteritidis.

The highest resistance rates were observed for nalidixic acid (NA) (79.41% in broilers and 100% in laying hens), enrofloxacin (ENR) (41.18%/73.91%), and tetracycline (Tcy) (8.82%/54.35%). However, no resistance to colistin was detected in any isolates. Additionally, 48 isolates (60%) exhibited multidrug resistance (MDR), with three distinct resistance profiles and a multidrug resistance index (MARI) ranging from 0.2 to 0.6.

These findings highlight the significant role of poultry farming in the persistence and dissemination of multidrug-resistant *Salmonella* strains, emphasizing the urgent need for enhanced biosecurity measures and prudent antibiotic use in poultry production.

Keywords: *Salmonella*; broiler chicken; laying hen; multidrug resistance; serotype.