**Thèse de Doctorat en Sciences Vétérinaire de Mr Akkou Madjid**

**Caractérisation de staphylococcus aureus isolé de mammites et impact sur les personnes à risque**

**Alger, École Nationale Supérieure Vétérinaire : 2017**

**Résumé** :

Pour caractériser la dynamique de Staphylococcus aureus dans le milieu de l’élevage, 32 cheptels bovins disposant de 5 à 25 vaches laitières, et 129 professionnels incluant les éleveurs, les vétérinaires et les ouvriers des abattoirs ont été retenus dans nos enquêtes. Parallèlement à une enquête de questionnaire, la recherche des cas de mammites a été réalisée systématiquement sur toutes les vaches en lactation soit cliniquement ou par le CMT. L’isolement de S. aureus a été effectué sur les échantillons de lait mammiteux et les écouvillons nasals issus des professionnels. Les souches dérivées de la culture ont été caractérisées initialement par les tests de sensibilité aux antibiotiques puis par la recherche des gènes gyrA, mecA, mecC. Enfin, le typage agr, le spa-typing et le typage par les puces à ADN ont servi à déterminer la phylogénie des souches bovines et humaines. Nos résultats montrent que la mammite reste une pathologie dominante dans l’élevage bovin. Nous avons enregistré en effet, à l’échelle troupeau, individu et quartier des prévalences de 96,8% 531/32), 52,2% (116/222) et 24,5% (218/888) respectivement. L’impact économique se justifie par le déficit apparent causé par l’atrophie des quartiers (1,2%), de l’atteinte clinique (3,2% des quartiers), en plus du fardeau des pertes occultes liées aux mammites subcliniques (21,3% des quartiers). S. aureus colonise 38% des professionnels dépistés alors qu’il est responsable de 29,8% (65/218) des atteintes des quartiers, et ce avec un haut risque pendant les deux premiers mois de lactation, chez les vaches allaitantes élevées en promiscuité étroite avec leurs veaux. Quatre professionnels sains (3,1%) étaient colonisés par le SARM dont deux CC80, alors que les isolats dérivés des mammites bovines étaient tous sensibles à la méticilline. Au regard des mammites, bien que les complexes clonaux : CC479, CC705, CC1, CC5, CC8, CC25 et CC188 soient décrits, la majorité des génotypes de S. aureus se rattachent principalement aux lignées CC97 et CC22. En effet, de multiples types-de-spa constituent le CC97 alors que seulement t223 compose le CC22. La diversité intra-cheptel, inter-quartier et même intra-quartier des génotypes, pourrait justifier que les infections intra-mammaires à S. aureus ne sont pas entièrement et automatiquement le résultat d’une transmission d’une vache à l’autre. Par ailleurs, le génotype t223 (CC22) a été détecté aussi bien chez les vaches (27/67 des souches) que chez les professionnels (7/50 des souches). En termes de spécificité d’hôte, les gènes sak, scn et chp marqueurs spécifiques des souches humaines et une tst1 humaine ont été révélés chez tous les génotypes t223 humains et bovins. Ces résultats plaident en faveur de la considération de l’impact du transfert anthropo-zoonotique des agents pathogènes en industrie agricole pour agir en conséquence.

**Abstract:**

To characterize the dynamics of S. aureus in the barn environment, 32 beef cattle within 5 to 25 dairy cows, and 129 professionals including farmers, veterinarians and slaughterhouse workers were retained in our investigations. Along with a questionnaire survey, research of mastitis cases was carried out systematically on all lactating cows either clinically or by the CMT. Isolation of Staphylococcus aureus was performed on samples of mastitic milk and nasal swabs from professional. Derived stem culture were initially characterized by antibiotics susceptibility testing to and the search of gyrA gene, mecA, mecC. Finally, agr, spa-typing and typing by DNA microarray were used to determine the phylogeny of bovine and human strains. Our results show that mastitis remains a dominant disease in cattle. We recorded in fact, the herd scale, individual and quarter prevalence of 96.8%, 531/32), 52.2% (116/222) and 24.5% (218/888) respectively. The economic impact is justified by the apparent deficit caused by atrophy of quarters (1.2%), clinical attack (3.2% of districts), plus hidden losses subclinical mastitis burden (21.3% of quarters). S. aureus colonizes 38% of professionals detected while it is responsible for 29.8% (65/218) of the affected quarters, and with a high risk during the first two months of lactation in lactating cows reared in close promiscuity with their calves. Four healthy professionals (3.1%) were colonized with MRSA within Two CC80, while isolates derived from bovine mastitis were sensitive to methicillin. In view of mastitis, although the lines CC479, CC705, CC1, CC5, CC8, CC25 and CC188 are described, the majority of S. aureus genotypes are related mainly to the CC97 and CC22 lines. Thus, multiple spa-types constitute CC97 while only t223 dials the CC22. The diversity of genotypes noted in herds, betweens quarters of same cows and even in the same quarter can justify that S. aureus related intramammary infections are not fully and automatically the result of transmission from one cow to another. In addition, the t223 genotype (CC22) was detected in cows (27/67 of the strains) as well as among professionals (7/50 of the strains). In terms of host specificity, sak, chp and scn genes specific markers of human strains and a human tst1 have been revealed in all human and cattle t223 genotypes. These results argue for considering the impact of anthropo-zoonotic transfer of pathogens in the agricultural industry to act accordingly.