**Résumé**

En Algérie, le manque d'informations sur l’antibiorésistance chez les *Escherichia coli* commensales du microbiote intestinal bovin, nous a incité à mener cette étude pour caractériser les souches *E coli* productrices de béta-lactamases à spectre étendu.

Un total de 300 souches d’*E coli* a été isolé à partir de fèces de bovins, élevés dans des fermes des wilaya de l’Est Algérien : Souk Ahras, Tébessa, Oum el Bouaghi et Constantine.

La sensibilité aux antibiotiques est testée par la méthode de diffusion sur

gélose , en utilisant un panel de 13 antibiotiques , la sensibilité à la colistine (CMI) est effectuée par microdilution sur milieu liquide. Des fréquences élevées de résistance sont enregistrées pour l'ampicilline (63.67%) , tétracycline (44.67%) , céphalotine (26.33%) et triméthoprime / sulfaméthoxazole (18.67%) par contre (1%) des isolats sont résistants à la colistine .L’analyse de corésistance révèle que (65/21.67%) des isolats sont résistants à plus de trois antibiotiques et (89/29.67%) des isolats présentant une multirésistance (MDR) .On a isolé 77 phénotypes de résistance différents, Les deux phénotypes les plus fréquents sont AMP(13.33%) et AMP-TE (11%) .

Douze phénotypes différents sont producteurs de ß-lactamases à spectre étendu, tous sont des MDR allant de la résistance à 5 antibiotiques jusqu'à la combinaison de 11.

L’analyse génotypique par PCR des 12 isolats d’*E* *coli* productrices de béta-lactamases à spectre étendu, révèle leur appartenance aux groupes phylogéniques A1( 83.33%) et B1(16.66%), 03 souches hébergent le gène *blaCTX-M* du groupe1 et 12 hébergent le gène *blaTEM*,

Nous rapportons pour la première fois, la détection d’intégrons de classe 1 et de la séquence *qacE-sul1c*hez 7 isolats, ainsi que la première mise en évidence du gène *mcr-1* chez trois isolats et les gènes *qnr*B et qnrS , respectivement chez trois et deux isolats et ceci a partir de fèces de bovins dans l’Est de l’Algérie.

Six isolats portent le gène *tetA* et 2 portent le gène *tetB*, le gène *sul1* est détecté chez 9 isolats.

Douze pulsotypes différents sont identifiés par PFGE. 10 gènes de facteurs de virulence ont été identifiés, avec une prédominance des gènes *fimH* et *iutA* , et un seul isolat porte le gène *stx1* . Trois pathovars sont mis en évidence :STEC(1 isolat), MNEC(2 isolats), et EAggEC(3 isolats).

Ces taux élevés de résistance aux antibiotiques, ainsi que la multitude de gènes de résistance et de facteurs de virulence détectés, démontrent que les souches *E coli* isolées du microbiote intestinal bovin sont une source potentielle de résistance aux antibiotiques, ce qui souligne l'urgence de mettre en œuvre des mesures pour lutter contre le phénomène d’antibiorésistance afin de contrôler la propagation des bactéries multirésistantes de l’animal à l’homme et à l'environnement.

**Mots-clés**: résistance aux antibiotiques, BLSE, gènes, facteurs de virulence, PCR, PFGE, bovins, Est algérien, *Escherichia coli*.

**ABSTRACT**

In Algeria, the lack of information about antimicrobial resistance in commensal Escherichia coli of bovine intestinal microbiota, prompted us to conduct this study to characterize the *E coli* strains producing extended spectrum beta-lactamases.

A total of 300 strains of *E coli* are isolated from cattle faeces, the study was carried out in several localities of the governorates of Souk Ahras, Tébessa, Oum el Bouaghi and Constantine , all located in the East of Algeria

Antibiotic sensitivity is carried out by using disk diffusion method , with a panel of 13 antibiotics, colistin MIC is tested by broth microdilution  method . High frequencies of resistance are recorded for ampicillin (63.67%), tetracycline (44.67%), cephalotin (26.33%) and trimethoprim / sulfamethoxazole (18.67%), however (1%) isolates are resistant to colistin. Co-resistance analysis reveals that (65 / 21.67%) isolates are resistant to more than three antibiotics and (89 / 29.67%) isolates are multidrug resistant (MDR). 77 different resistance phenotypes were isolated, more common are AMP (13.33%) and AMP-TE (11%).

Twelve different phenotypes produce extended spectrum ß-lactamases, all of which are MDR ranging from resistance to 5 antibiotics to the combination of 11.

Genotypic analysis by PCR of the 12 *E coli* isolates producing extended-spectrum beta-lactamases, reveals their belonging to the phylogenic groups A1 (83.33%) and B1 (16.66%), 03 strains harbor the group1 *blaCTX-M* gene and 12 harbor the *blaTEM* gene,

We report here the first detection of class 1 integrons and the *qacE-sul1* sequence in 7 isolates, as well as the detection of the *mcr-1* gene in 3 isolates and the *qnrB* and *qnrS* genes respectively in 3 and 2 isolates and this from cattle faeces in eastern Algeria.

Six isolates carry the *tetA* gene and 2 carry the *tetB* gene, the *sul1* gene is detected in 9 isolates.

Twelve different pulsotypes are identified by PFGE. 10 virulence genes have been identified, with a predominance of the *fimH* and *iutA* genes, and a single isolate carries the *stx1* gene. Three Virulotypes are classified as STEC(1 isolate), MNEC(2 isolates) and EAggEC( 3 isolates).

These high rates of antimicrobial resistance, as well as the multitude of antibiotic resistance genes and virulotypes detected, demonstrate that E. coli strains isolated from the bovine intestinal microbiota are a potential source of antibiotic resistance, emphasizes the urgent requirement to adopt measures to combat the phenomenon of antimicrobial resistance in order to control the spread of MDR bacteria from animals to humans and the environment.

**Keywords**: antimicrobial resistance, ESBL, genes, virulence factors, PCR, PFGE, cattle, eastern Algeria, *Escherichia coli.*

ملخص

 دفعنا نقص المعلومات حول مقاومة المضادات االحيوية عند اشيريشبا كولي المتواجدة في الميكروبات المعوية البقريّة ، إلى إجراء هذه الدراسة لتحديد خصائص سلالات اشيريشيا كولي المنتجة للبيتالاكتماز واسع المدى.

تم تنفيذ حساسية المضادات الحيوية باستخدام طريقة نشر القرص ، بأستعمال 13 من المضادات الحيوية ، يتم اختبار التركيز الأصغر المثبط للكولستين عن طريق طريقة التخفيف في وسط سائل. تم تسجيل نسب عالية للمقاومة للأمبيسلين (63.67 ٪) ، التتراسيكلين (44.67 ٪) ، السيفالوتين (26.33 ٪) وتريميثوبريم / سلفاميثوكسازول (18.67 ٪) و (1 ٪) مقاومة للكوليستين. يكشف تحليل المقاومة المشتركة أن (65 / 21.67٪) بكتيريا معزولة مقاومة لأكثر من ثلاثة مضادات حيوية و (89 / 29.67٪) بكتيريا معزولة تملك مقاومة متعددة.

تم عزل 77 من الأنماط المختلفة المقاومة ، وأكثها شيوعًا هي الأمبيسيلين 13.33 بالمئة و الأمبيسيلين+تيتراسيكلين 11 بالمئة.

سجلنا 12 نمطًا ظاهريًا مختلفًا منتجا للبيتالاكتماز واسع المدى و كلها متعددة المقاومة و تتراوح من5 مضادات حيوية إلى مجموعة 11 مضاد حيوي.

التحليل الوراثي بواسطة تفاعل البوليميراز المتسلسل ل 12 اشيريشيا كولي المنتجة للبيتاماكتاز واسع المدى ، .

.A1(83.33٪) و B1 (16.66٪) يكشف عن انتمائهم إلى ، المجموعات الفيلوجينية.

تم الكشف لأول مرة في براز الأبقار في الجزائر:

Class1 integrons (7), qacE-sul1 sequence(7), *mcr-1(3),* *qnrB(3)* ,*qnrS(2)*

كما تم الكشف عن الجينات:

*Bla TEM(12), CTX-M -1(3), tet A(6), tet B(2),sul 1(9 ),*

*12* pulsotypes *(PFGE)*

 كما تم الكشف عن عوامل الخطورة و الأنواع الممرضة الأتية:

*fimH* , *iutA* , *stx1*. Virulotypes STEC(1), MNEC(2 ),EAggEC( 3).

هذه المعدلات المرتفعة لمقاومة المضادة الحيوية ، فضلاً عن تعدد جينات المقاومة للمضادات الحيوية ، عوامل الخطورة والأنواع الممرضة المكتشفة ، تثبت أن سلالات اشيريشيا كولي المعزولة من الكائنات الحية الدقيقة المعوية للأبقار تشكل مصدراً محتملاً لمقاومة المضادات الحيوية و تشدد على الحاجة الملحة إلى اعتماد تدابير لمكافحة ظاهرة مقاومة المضادات الحيوية من أجل السيطرة على انتشار البكتيريا متعددة المقاومة من الحيوانات إلى البشر والبيئة.

**الكلمات المفتاحية**: مقاومة المضادات الحيوية ، البيتالاكتماز واسع المدى، الجينات، عوامل الخطورة،

PFGE تفاعل البوليميراز المتسلسل، ااشيريشيا كولي، الماشية ، شرق الجزائر ،