

# RESUME DE THESE

**Discipline : Management de la Qualité**  
**Spécialité : Microbiologie et Biologie Moléculaire**

**UFR : Management de la Qualité, Productivité et Gestion de l'Entreprise**

**Responsable de l'UFR : Professeur Saïd BARRIJAL**

**Co-Directeur de thèse : Dr. Mohamed ADIB**

**Co-Directeur de thèse : Pr. Saïd BARRIJAL**

---

**Titre de la Thèse :**

**« Caractérisation phénotypique et moléculaire des isolats de salmonella d'origine humaine et alimentaire à Tanger, Maroc »**

---

**Prénom & Nom du candidate : Sanae AMMARI**

**Résumé :**

Ce travail a été réalisé afin de caractériser phénotypiquement et génotypiquement les souches de *Salmonella* d'origine humaine et alimentaire isolées dans la région de Tanger au Maroc. Il représente une première approche pour l'étude des diarrhées d'origine bactérienne spécialement *Salmonella* et la part de ce germe dans les intoxications alimentaires.

La première partie du présent travail, s'est consacrée à la recherche de *Salmonella* chez des patients diarrhéiques présentant une diarrhée aiguë. L'étude a été réalisée sur 100 patients diarrhéiques du 01/01/05 au 01/01/06 pour la première fois dans 4 centres de santé de la ville de Tanger et à l'hôpital Mohammed V.

La seconde partie de ce travail a porté sur la recherche de *Salmonella* dans 432 des échantillons alimentaires de différentes origines (volaille, viande hachée, plateaux cuisinés).

La recherche de la relation épidémiologique entre les différents souches a été réalisée par l'étude des différents marqueurs phénotypiques : biotypage, sérotypage, lysotypage et sensibilité aux antibiotiques.

L'analyse génotypique a été réalisée par différentes techniques telles que : analyse plasmidique, profil de l'ADN total par électrophorèse en champ pulsé (PFGE), l'amplification génique par ERIC (enterobacterial repetitive intergenic consensus), avec deux amorces ERIC1, ERIC2, et la recherche des facteurs de virulence d'origine chromosomiques et plasmidiques par l'amplification de gènes de virulences *invA* (invasion gene) et *spvR* (*Salmonella* virulence plasmid).

Les résultats de la contamination par *Salmonella* des patients diarrhéiques ont montré que le taux d'infection est de 10%, alors que pour les aliments, la prévalence de *Salmonella* est de 4,86 %. L'analyse sérotypique des *Salmonella* isolées d'origine humaine a révélé une prédominance de *S. Enteritidis* avec un pourcentage de 60 % contre 40 % de *Salmonella* d'autres sérovars (*S. Kottbus*, *S. Typhi*, *S. London*, *S. Indiana*), alors que les échantillons alimentaires : *S. Enteritidis* représente un pourcentage de 42,86 % contre 57,14 % de *Salmonella* d'autres sérovars (*S. Hadar*, *S. Corvallis*, *S. Mbandaka*, *S. Ouakam*, *S. Tm var cop*, *S. Typhimurium*, *S. Virchow*, *S. Altona*).

Les souches de *S. Enteritidis* ont montré des résistances relativement faibles vis-à-vis de vingt et un antibiotiques testés, alors que les autres sérovars autre que *S. Enteritidis* présentent une multirésistance qui associe deux à cinq classes d'antibiotiques comme *S. Kottbus*, *S. London* d'origine humaine et *S. Corvallis*, *S. Mbandaka*, *S. Typhimurium*, *S. Virchow* d'origine alimentaire.

La combinaison des différents résultats, aussi bien de l'approche phénotypique que génotypique, suggère que les souches de *Salmonella* Enteritidis d'origine humaine et alimentaire présentent une grande similarité et une diversité génétique limitée par contre les autres sérovars de *Salmonella* présentent une diversité remarquable selon qu'ils soient d'origine humaine ou alimentaire.

Si toutes les souches de *Salmonella* testées étaient positives pour le gène *invA* qui confère aux salmonelles la capacité d'envahir l'épithélium intestinal, seulement 19.35 % des souches testées étaient positives pour le gène *spvR*. Aucune souche de *Salmonella spvR* positive ne possède le plasmide de 90 MDa suggérant que ces isolats ont le gène *spvR* sur leur chromosome. Nous pouvons avancer que ceci pourrait être produit en raison de l'intégration chromosomique du gène de *spvR*.

Les marqueurs phénotypiques ont montré des résultats importantes pour les premières étapes d'investigations épidémiologiques des infections à *Salmonella* et que les marqueurs moléculaires essentiellement l'électrophorèse en champ pulsé et ERIC permettent d'obtenir une discrimination plus précise entre les souches. Au meilleur de notre connaissance, c'est la première étude sur la caractérisation phénotypique et moléculaire des salmonelles d'origine humain et alimentaire.