

DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **12 décembre 2023**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Madame SOUGUIR Meriem**

Titre de la thèse : « *Rôle des oiseaux sauvages et péri-domestiques dans la dissémination de la résistance aux antibiotiques* »



Résumé

Le phénomène de la résistance aux antibiotiques (RAM) constitue une menace majeure pour la santé publique mondiale qui dépasse les frontières géographiques. Une approche "One Health" globale et multisectorielle (englobant l'Homme, l'animal et l'environnement) est aujourd'hui nécessaire pour comprendre la dynamique de diffusion de la résistance dans différents écosystèmes. La faune sauvage, et plus particulièrement les oiseaux sauvages migrateurs, constituent un réservoir important et diversifié de bactéries et de gènes de résistance, et pourrait jouer un rôle clé dans la dissémination mondiale de la RAM. Les données sur la RAM dans les oiseaux sauvages étant lacunaires à l'échelle mondiale, le projet de cette thèse était d'évaluer l'ampleur du fardeau de la RAM et sa dynamique de transmission dans deux contextes spécifiques en Tunisie, les oiseaux sauvages migrateurs (étourneaux, *Sturnus vulgaris*) et les oiseaux péri-domestiques (pigeons urbains, *Columbia livia*). La caractérisation moléculaire des bactéries résistantes isolées du microbiote intestinal de ces oiseaux a montré qu'ils étaient des réservoirs significatifs d'Enterobacterales porteuses de résistances aux céphalosporines de dernières générations (de type BLSE et AmpC), qui sont des antibiotiques critiques selon l'OMS. Nos résultats ont montré que la résistance diffuse d'une part grâce à des plasmides à caractère pandémiques tels que IncHI2/ST3 chez les étourneaux ou IncF/F-A-B53 chez les pigeons, et d'autre part grâce à des clones épidémiques comme par exemple *E. marmotae* ST133 chez les étourneaux ou *E. coli* ST8149 et ST5584 chez les pigeons. Par ailleurs nous avons aussi rapporté la présence d'une carbapénémase du type VIM-2 chez *Pseudomonas putida* qui constitue la deuxième détection de ce gène chez les pigeons à l'échelle mondiale. Ces études, les premières en Tunisie et en Afrique pour les étourneaux, confirment que ces oiseaux sont d'importants réservoirs et vecteurs potentiels de bactéries et de gènes de résistance d'importance clinique.

L'origine de ces souches reste à explorer, mais une seule source anthropique semble peu probable. Nos travaux ouvrent la voie à de futures recherches sur les facteurs de propagation de la RAM chez ces oiseaux et sur l'évaluation des risques potentiels pour la santé humaine.

Mots clés : *Résistance aux antibiotiques, BLSE, Escherichia coli, Escherichia marmotae, pigeons, oiseaux sauvages, carbapénémases, AmpC, VIM-2, IncHI2, IncI, étourneaux*