

## **Résumé**

### **Objectif**

Depuis longtemps, *Streptococcus agalactiae* est reconnu comme principal agent des infections maternofoetales dont les conséquences sont dramatiques et il apparaît également comme un pathogène émergent dans les infections chez les adultes. Notre objectif est d'évaluer la prévalence du portage de SGB chez la femme enceinte dans notre contexte Algérien et de rechercher les éventuels facteurs prédictifs de ce portage. Parallèlement, rechercher la résistance bactérienne aux antibiotiques, les différents sérotypes circulant dans notre région ainsi que la diversité génétique de ces isolats, en comparant à ceux isolés de Marseille, France.

La présente étude décrit pour la première fois la diversité génétique et phénotypique des 93 isolats de *Streptococcus agalactiae* (SGB) collectés à Guelma, Algérie, et à Marseille, France.

### **Méthodes**

Sur une période de trois ans, 93 isolats de SGB ont été collectés entre Guelma et Marseille.

Un prélèvement vaginal a été réalisé de manière prospective dans notre région chez 494 parturientes au cours des trois trimestres de la grossesse. L'identification de *Streptococcus agalactiae* dans les prélèvements vaginaux nous a permis de mesurer la prévalence de portage chez les femmes enceintes. Une analyse statistique des données a permis de tirer certaines conclusions.

Toutes les souches ont été identifiées par MALDI-TOF MS. Ensuite, les tests de sensibilité aux antibiotiques (méthode de diffusion de disques sur gélose et CMI par E. Test) ont été réalisés selon les recommandations de la société Française de Microbiologie. Le support moléculaire de la résistance aux antibiotiques et le sérotypage ont été étudiés par PCR et séquençage. La lignée phylogénétique de chaque isolat de SGB a été déterminée par multilocus sequence typing (MLST) et regroupés dans des complexes clonaux (CC) en utilisant le programme eBURST.

### **Résultats**

La fréquence globale de portage chez la femme enceinte dans notre région est faible par rapport à celle trouvée dans la littérature (9%). Un seul facteur favorisant la colonisation maternelle est constamment retrouvé.

Les isolats représentent 37 séquences types (STs), dont 16 étaient des nouveaux STs, regroupés en cinq CCs et appartenant à sept sérotypes. Le sérotype V était le sérotype le plus répandu dans notre collection (44,1%). Les isolats de SGB de chaque sérotype ont été répartis entre plusieurs CCs, y compris cps III / CC19, cps V / CC1, cps Ia / CC23, cps II / CC10 et