Dynamique temporelle de l'abondance des gènes de résistance aux antimicrobiens dans le fumier de poulet et le digestat anaérobie

Aleksandra Atanasova[1] Thomas Amon[1,2]
Uwe Roesler[2] Anika Friese[2]
Roswitha Merle[3] Tina Kabelitz[1]

- [1] Département Capteurs et modélisation, Institut Leibniz d'ingénierie agricole et de bioéconomie e. V. (ATB), Potsdam, Allemagne
- [2] Institut d'hygiène animale et de santé environnementale, Centre vétérinaire de recherche sur la résistance, Freie Universität Berlin (FU), Berlin, Allemagne
- [3] Institut d'épidémiologie vétérinaire et de biostatistique, Centre vétérinaire de recherche sur la résistance, Freie Universität Berlin (FU), Berlin, Allemagne

Introduction : La résistance aux antimicrobiens (RAM) peut se propager chez les micro-organismes par le transfert de gènes de résistance aux antimicrobiens (GRA). L'élevage est l'une des voies d'émergence et de transmission de la RAM. Le fumier de poulet contient des nutriments précieux pour la fertilisation des champs agricoles et peut être utilisé comme intrant pour la production de biogaz par digestion anaérobie (DA). Cependant, le fumier de poulet contient généralement des niveaux assez élevés de GRA. Dans cette étude, nous avons étudié la présence et la dynamique temporelle des GRA par rapport à différentes classes d'antibiotiques dans le fumier de poulet et le digestat anaérobie comme source de propagation de la RAM.

Méthodes : Pour obtenir un aperçu des profils ARG, nous avons quantifié l'abondance de 374 ARG par PCR à haut débit (HT). Nous avons étudié huit ARG sélectionnés (*tetA* , *tetX* , *sul1* , *sul2* , *lnuF* , *emrD* , *aadA* et *tnpA*) par qPCR dans du fumier de poulet provenant de différents troupeaux et âges d'animaux et dans du digestat provenant de différents points temporels de digestion anaérobie.

Résultats : Le fumier de poulet présentait des quantités plus élevées d'ARG que le digestat, caractérisé par une plus grande diversité d'ARG. Nous avons observé que l'effet de l'âge des poulets différait selon les troupeaux. L'abondance d'ARG dans le digestat à différents moments et dans différentes conditions de traitement n'a pas montré de changements majeurs.

Conclusion : La variabilité des troupeaux n'a eu aucun effet significatif sur l'abondance des ARG dans le fumier de poulet, probablement en raison de conditions de croissance similaires. Cependant, la teneur en ARG du fumier augmentait avec l'âge des poulets. Dans notre configuration expérimentale par lots, la digestion anaérobie s'est avérée plus

efficace pour réduire les micro-organismes RAM que les ARG. D'autres recherches sur l'optimisation des procédés ou l'application de méthodes de prétraitement pourraient améliorer la réduction des ARG. Notamment, le prémélange du fumier de poulet avec des matières provenant d'une usine de biogaz avant le traitement a entraîné une charge en ARG plus faible que celle du fumier de poulet non traité.

1 Introduction

La résistance aux antibiotiques est un problème mondial [Organisation mondiale de la Santé, 2023]. L'OMS a estimé que 1,27 million de décès étaient directement attribués à la résistance aux antibiotiques et 4,95 millions de décès étaient associés à la résistance aux antibiotiques en 2019 dans le monde (Organisation mondiale de la Santé, 2023). La raison de la résistance aux antibiotiques est la présence de bactéries résistantes aux antimicrobiens (RAM) hébergeant des gènes de résistance aux antibiotiques (GRA), qui peuvent se propager entre les bactéries des animaux, des humains et de l'environnement (Zhuang et al., 2021). Ding et al. (2023) ; Skandalis et al. (2021) et Zhuang et al. (2021) ont décrit les voies par lesquelles les GRA sont transférés entre différents environnements, y compris les hôpitaux et les fermes. La connexion entre tous ces environnements contribue au concept One Health, qui met l'accent sur l'interdépendance de la santé humaine, animale et environnementale. Français L'élevage allemand a consommé 309 tonnes d'antibiotiques en 2023 et, par conséquent, les exploitations agricoles sont l'une des sources d'émergence et de propagation de la RAM (Institut fédéral allemand pour l'évaluation des risques, 2025). En 2023, l'Union européenne (UE) a produit 20,6 tonnes de viande de porc et 13,3 tonnes de viande de volaille (Eurostat Statistics Explained, 2024), ce qui a entraîné une énorme production de fumier. Köninger et al. (2021) ont rapporté qu'environ 1,4 milliard de tonnes de fumier de bétail ont été produites chaque année dans l'UE et au Royaume-Uni entre 2016 et 2019. Le fumier est une source précieuse pour la fertilisation des champs agricoles car il contient différents nutriments. Cependant, il peut transférer différents polluants, tels que les ARG, dans l'environnement (Peng et al., 2022). Français Une façon appropriée d'utiliser le fumier pour la production d'énergie (biogaz) et la réduction de la pollution est la digestion anaérobie (DA) (Congilosi et Aga, 2021 ; Zhang et al., 2013 , 2012). Ce processus est adapté à la réduction des agents pathogènes et des bactéries AMR (Atanasova et al., 2025 ; Thomas, 2023). La DA conduit également à une réduction de l'ARG (Mortezaei et al., 2024 ; Song et al., 2017).

Les gènes suivants sont des exemples de gènes répandus et particulièrement préoccupants en raison de leur pertinence en santé humaine et animale. Les gènes *emrD* et *tetA* codent des pompes à efflux. Les gènes *tetX* et *lnuF* codent des enzymes qui inactivent les molécules antibiotiques. La résistance aux aminosides peut

être transférée par l'aminoside nucléotidyltransférase codée par *aadA* . Les gènes *sul1* et *sul2* codent une enzyme qui remplace la cible antibiotique dans la cellule bactérienne, permettant ainsi la résistance au sulfamide (CARD : https://card.mcmaster.ca/analyze/rgi ; Alcock et al., 2023). Avec les ARG, les éléments génétiques mobiles (MGE) jouent un rôle dans le transfert de la résistance aux antibiotiques. Un exemple fréquemment rencontré dans l'environnement est le transposon *tnpA* , dont l'association à la résistance aux antibiotiques a été démontrée (Partridge et al., 2018). Français Les associations entre les MGE et les ARG pourraient indiquer un transfert horizontal de gènes (Waseem et al., 2019). L'étude des ARG et de leur dynamique dans le fumier de poulet et pendant la digestion anaérobie permet d'évaluer la propagation de la RAM dans l'environnement. Il n'existe qu'un nombre limité d'études comparant la quantité d'ARG fréquents dans le fumier de poulet de différents troupeaux, d'âges d'animaux et à différents moments de la digestion anaérobie. Par conséquent, les objectifs de cette étude étaient 1) d'identifier les ARG apparaissant fréquemment dans le fumier de poulet et le digestat anaérobie du fumier de poulet, 2) d'étudier la variation de l'abondance des ARG dans le fumier de poulet de différents troupeaux et de poulets d'âges différents, et 3) de déterminer la dynamique temporelle des ARG pendant la digestion anaérobie dans la plage de température mésophile.

2 Matériels et méthodes

2.1 Conception de l'étude et échantillonnage

Les détails des expériences de digestion anaérobie réalisées ont été décrits dans l'étude d' Atanasova et al. (2025) . En bref, le fumier de poulet pour la digestion anaérobie a été collecté dans une ferme de poulets de chair conventionnelle à Brandebourg, en Allemagne. L'inoculum pour la digestion anaérobie a été collecté dans une usine de biogaz fonctionnant avec de l'ensilage de maïs et du lisier de vache. Quatre configurations différentes ont été utilisées pour l'expérience : 1) digestion anaérobie avec du fumier de poulet à 30 °C, 2) digestion anaérobie avec du fumier de poulet et ajout de sciure à 30 °C, 3) digestion anaérobie avec du fumier de poulet à 37 °C, et 4) digestion anaérobie avec du fumier de poulet et ajout de sciure à 37 °C. Les ajouts de sciure ont servi de source de carbone supplémentaire et ont optimisé la réaction de digestion anaérobie pour un rendement en biogaz plus élevé. Pendant l'expérience de digestion anaérobie, des échantillons de digestat ont été prélevés chaque jour du jour 0 au jour 9 et tous les deux jours du jour 10 au jour 20 et stockés à -20 °C. Français Pour les quantifications d'ARG par qPCR, nous avons sélectionné des échantillons de digestat des jours 0, 1, 3, 6, 14, 17 et 20 (Tableau 1). Les échantillons des jours 0 et 1 ont été choisis comme représentatifs de la condition de départ au début de l'expérience de DA. Les résultats de culture microbiologique (Atanasova et al., 2025) ont montré un changement rapide dans

la survie *d'E. coli* au cours de la première semaine de l'expérience. Par conséquent, nous avons effectué des analyses qPCR d'échantillons du jour 3 comme point de temps intermédiaire avant qu'E *. coli* ne soit indétectable. Le jour 6, *les E. coli* cultivés étaient sous la limite de détection à 37 °C. Le jour 14, *les E. coli* dans les échantillons de digestat des réacteurs à 30 °C étaient sous la limite de détection (voir Atanasova et al., 2025). Le jour 17 était le dernier jour des analyses microbiologiques et chimiques et le jour 20 était le dernier jour d'échantillonnage.

Tableau 1
Échantillons de digestat.

Sample	Time, day	Temp, °C	Content of digestate
1	0	30	Manure
2	0	30	Manure with sawdust
3	0	37	Manure
4	0	37	Manure with sawdust
5	1	30	Manure
6	1	37	Manure
7	3	30	Manure
8	3	37	Manure
9	6	30	Manure
10	6	30	Manure with sawdust
11	6	37	Manure
12	6	37	Manure with sawdust
13	14	30	Manure
14	14	30	Manure with sawdust
15	14	37	Manure
16	14	37	Manure with sawdust
17	17	37	Manure
18	17	30	Manure
19	17	37	Manure with sawdust
20	20	37	Manure
21	20	30	Manure with sawdust
22	20	37	Manure with sawdust

Pour surveiller certains ARG dans le fumier de poulet, de la litière de poulets de chair a été prélevée dans la même ferme conventionnelle du Brandebourg, en Allemagne, quelques mois plus tard. Nous avons prélevé des échantillons sur cinq troupeaux différents (4, 5, 6, 10 et 11) à trois moments différents (poulets âgés d'une, trois et cinq semaines). De plus, l'éleveur nous a fourni des informations sur les traitements médicaux (date, médicament, dose et durée) administrés à chaque troupeau.

2.2 Isolement de l'ADN

L'isolement de l'ADN à partir de fumier de poulet a été réalisé à l'aide du kit QIAamp Fast DNA Stool Mini (QIAGEN, Hilden, Allemagne) conformément aux instructions du fabricant. L'isolement de l'ADN à partir des échantillons de digestat a été réalisé conformément aux instructions du fabricant à l'aide du kit Soil FastDNA™ SPIN (MP Biomedicals, Californie, États-Unis). La concentration et la pureté de l'ADN ont été mesurées à l'aide d'un NanoDrop (NanoPhotometer ® N60/N50, IMPLEN, Munich, Allemagne).

2.3 Puce intelligente HT-qPCR

Afin d'obtenir un aperçu de la composition et de l'abondance des GRA dans le fumier de poulet et le digestat, nous avons envoyé un mélange d'ADN de fumier de poulet et un mélange d'ADN de digestat anaérobie à Resistomap (Helsinki, Finlande). Nous avons regroupé plusieurs échantillons d'ADN de différentes périodes afin de couvrir un plus large éventail de GRA présentés. Dans les résultats, nous avons nommé les échantillons « Fumier de poulet » contenant de l'ADN de fumier de poulet âgé d'une et de trois semaines, provenant respectivement de deux et trois poulaillers différents. Les échantillons « Digestat » comprenaient des échantillons d'ADN provenant de DA avec du fumier de poulet à 37 °C les jours 3 et 14 ; du fumier de poulet et de la sciure à 37 °C le jour 6, et à 30 °C le jour 14. Chez Resistomap, une HT-qPCR SmartChip (Wafergen Inc, États-Unis) avec 384 gènes (374 GRA, 9 gènes taxonomiques et ARNr 16S) a été réalisée. L'abondance de chaque gène a été quantifiée en triple. Par conséquent, les abondances relatives ont été calculées par la méthode ΔC, l'ARNr 16S servant de gène de référence. La sélection des ARG a suivi la configuration standard de la puce ARG2.1 ou du package One Health. Les ARG mesurés par la puce représentaient des résistances à toutes les classes d'antibiotiques importantes, à certains intégrons et aux MGE associés à la RAM. Une liste détaillée des ARG mesurés par HT-qPCR est présentée dans les figures supplémentaires 1 et 2. En sortie, nous avons obtenu les abondances des gènes par rapport à l'ARNr 16S et au nombre de copies des gènes.

Nous avons étudié l'abondance détaillée et la dynamique temporelle de huit ARG (*aadA* , *emrD* , *lnuF* , *tetA* , *tetX* , *sul1* , *sul2* et *tnpA)* dans des échantillons de fumier et de digestat de poulet en utilisant la qPCR. L'un des principaux critères de sélection des ARG était leur abondance élevée détectée par le système SmartChip, reflétant leur présence répandue dans l'environnement. Les critères de sélection supplémentaires pour

les gènes de qPCR comprenaient l'utilisation de classes d'antibiotiques spécifiques dans l'exploitation pendant la période d'étude, telles que le sulfaméthoxazole et la lincomycine, et la pertinence clinique de ces ARG en médecine humaine et vétérinaire. Les informations sur l'amorce (Merck Millipore, Missouri USA) sont présentées dans le tableau 2. L'efficacité de toutes les amorces a été testée et était de 90 % à 100 %. Tous les échantillons ont été mesurés en triple. Français Chaque mélange réactionnel contenait 20 µL, dont 1 µL d'ADN, 10 µL de SYBR Green Master I (Light Cycler 480 SYBR Green I Master, Roche), 1 µL d'amorce sens, 1 µL d'amorce antisens (10 mM) et 7 µL d'eau MiliQ. Les échantillons ont été mesurés dans un thermocycleur (système BioRad CFX384 Real-Time, Californie, États-Unis) selon le programme suivant : cycle de préincubation de 180 s à 95 °C, 40 cycles d'amplification de 10 s à 95 °C, hybridation de l'amorce de 20 s à la température spécifique de l'amorce (55 °C-62 °C, selon le tableau 2) et élongation de 20 s à 72 °C. De plus, une analyse de la courbe de fusion a été réalisée de 65 °C à 95 °C avec une augmentation de température de 0,5 °C toutes les 5 s. L'abondance de tous les ARG a été normalisée par rapport à l'abondance de l'ARNr 16S. Les valeurs de changement de repli ont été calculées en divisant l'abondance des échantillons mesurés par l'échantillon de référence, qui était toujours le premier de la série chronologique (semaine 1 pour le fumier de poulet et jour 0 pour l'AD).

Tableau 2
Liste des amorces

Name	Forward (5′-3′)	Reverse (5′-3′)	Reference	Tm, °C
aadA	GTTGTGCACGACGACATCATT	GGCTCGAAGATACCTGCAAGAA	Muurinen et al. (2017)	60
emrD	CTCAGCAGTATGGTGGTAAGCATT	ACCAGGCGCCGAAGAAC	Okonkwo (2023)	60
lnuF	ATACCGGTCATTTCCACTTGGC	GCATCAGGCTGATGAGGTTCAA	Muurinen et al. (2017)	62
sul1	GCCGATGAGATCAGACGTATTG	CGCATAGCGCTGGGTTTC	Mortezaei et al. (2024)	59
sul2	GATATTCGCGGTTTTCCAGA	CGCAATGTGATCCATGATGT	Jaleta et al. (2024)	55
tetA	CTCACCAGCCTGACCTCGAT	CACGTTGTTATAGAAGCCGCATAG	Mortezaei et al. (2024)	60
tetX	AAATTTGTTACCGACACGGAAGTT	CATAGCTGAAAAAATCCAGGACAGTT	Stedtfeld et al. (2018)	60
tnpA	CCGATCACGGAAAGCTCAAG	GGCTCGCATGACTTCGAATC	Mortezaei et al. (2024)	58
16S rRNA	GGGTTGCGCTCGTTGC	ATGGYTGTCGTCAGCTCGTG	Mortezaei et al. (2024)	59

2.5 Analyse statistique

L'analyse statistique a été réalisée avec IBM SPSS Statistics, version 25 (SPSS, Inc., Chicago, IL). Nous avons appliqué une analyse de régression linéaire avec le facteur de variation des gènes comme variable dépendante et plusieurs variables indépendantes [pour la DA : jours, température et additif au substrat (sciure) ; pour le fumier de poulet : temps et troupeau]. Toutes les interactions bidirectionnelles ont été incluses et celles non significatives ont été éliminées progressivement. Des tests *post-hoc* de Hochberg ont été

effectués pour des comparaisons par paires des jours (DA) ou du temps et du troupeau (fumier de poulet). Des intervalles de confiance à 95 % ont été calculés le cas échéant. Une valeur de $p < 0,05$ a été considérée comme significative.

3 résultats

3.1 ARG par HT-qPCR dans le fumier et le digestat de poulet

Sur 374 ARG potentiellement détectables sur la puce Resistomap ARG2.1, le nombre maximal d'ARG détectés était de 277 dans le digestat contre 167 dans le fumier de poulet (Figure 1). Dans l'échantillon de digestat, le nombre d'ARG différents détectés était de 110 (environ 66 %) supérieur à celui de l'échantillon de fumier de poulet. Cela signifie que la diversité des ARG dans le digestat était plus élevée que dans le fumier de poulet. Les classes d'ARG avec le plus de gènes détectés se trouvaient dans les deux types d'échantillons : MGE, multirésistance aux médicaments (MDR), aminoglycosides et macrolide-lincosamide-streptogramine B (MLSB). Dans le fumier de poulet, les deux classes d'ARG dominantes étaient MGE (29 gènes détectés) et aminoglycosides (28 gènes détectés), tandis que pour le digestat, les deux classes d'ARG dominantes étaient MGE (39 gènes détectés) et MLSB (36 gènes détectés).

Figure 1

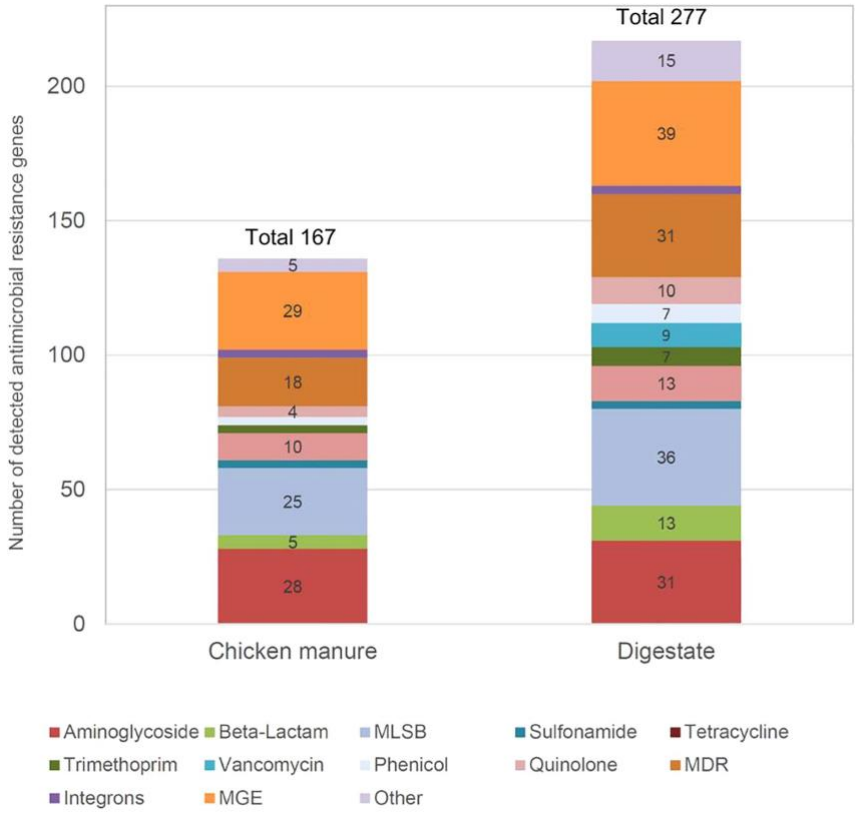

Figure 1. Nombre de gènes de résistance aux antimicrobiens détectés à l'aide d'une puce intelligente Resistomap HT-qPCR dans le fumier et le digestat de poulet. MDR, résistance multidrogue ; MLSB, macrolide-lincosamide-streptogramine B ; MGE, éléments génétiques mobiles.

Les abondances relatives des classes d'ARG dans le fumier de poulet étaient beaucoup plus élevées que dans le digestat (Figure 2), à l'exception des bêta-lactamines, où les deux étaient similaires (l'abondance relative dans le fumier de poulet était de 0,093 et dans le digestat de 0,101). L'abondance relative la plus élevée a été observée pour la classe des intégrons, composée de quatre gènes différents (Figures supplémentaires 1 , 2), avec 0,978 pour le fumier de poulet et 0,036 dans le digestat. Les ARG avec l'abondance relative la plus élevée dans le fumier de poulet étaient les classes aminoglycoside, MLSB et tétracycline. De même, le digestat a montré les abondances les plus élevées des classes d'ARG aminoglycoside, MLSB et bêta-lactamine.

Figure 2

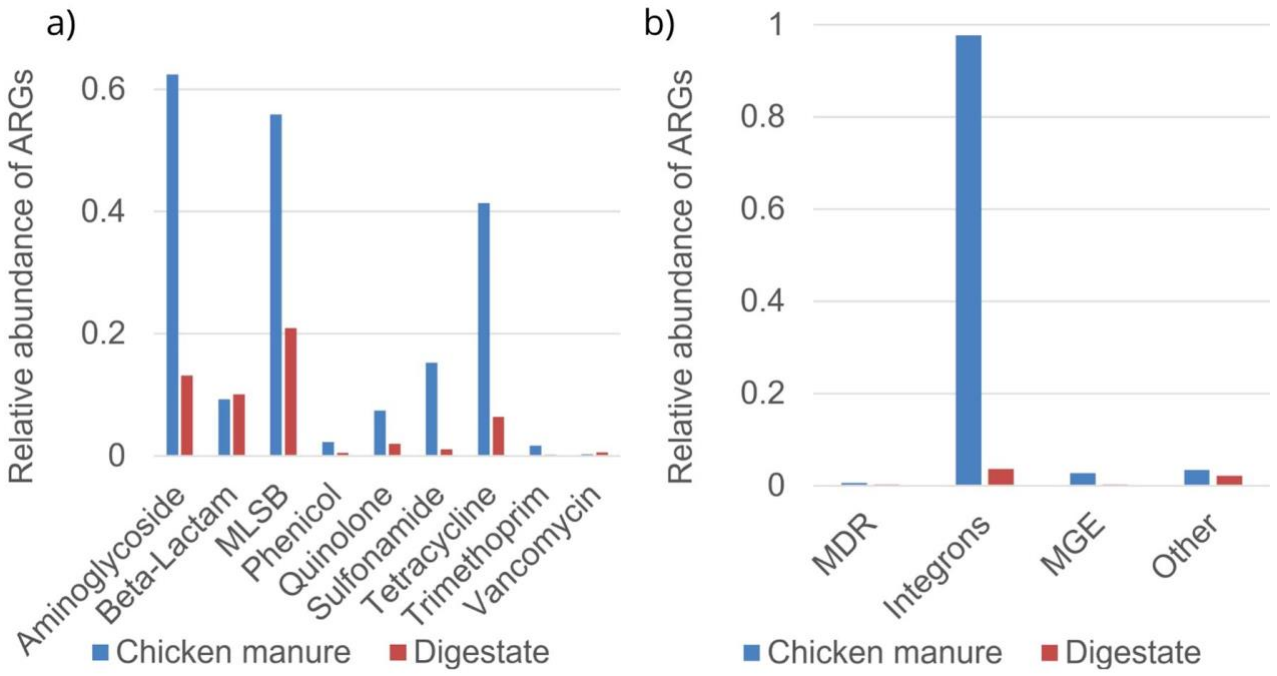

*Figure 2***.** Abondance relative moyenne normalisée à l'ARNr 16S des classes de gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) à l'aide d'une puce intelligente Resistomap HT-qPCR dans le fumier et le digestat de poulet. **(a)** : selon la classe d'antibiotique, **(b)** selon la résistance multidrogue (MDR), les intégrons, les éléments génétiques mobiles (MGE) et autres.

Les analyses des abondances relatives des ARG individuels (Figures supplémentaires 1 , 2) dans le groupe aminoglycoside ont révélé que les gènes *aadA_1* (0,079), *aadA1_2* (0,071) et *aadA2_3* (0,069) présentaient des fréquences de détection élevées dans le fumier de poulet, tandis que *aadA7* (0,028) était prédominant dans le digestat. Dans le fumier de poulet, le gène de classe MLSB *lnuC* (0,018) était le plus abondant, tandis que dans le digestat, les gènes dominants étaient *lnuB* (0,037) et *ermF_1* (0,035). Français Le fumier de poulet contenait des niveaux élevés de *sul1* (0,004) et *sul2* (0,012) du groupe des sulfamides, ainsi que *tet39* (0,246), *tetX* (0,098) et *tetW* (0,079) de la classe des tétracyclines. Les gènes de résistance à la tétracycline *tetM* (0,011) et *tetD* (0,008) étaient principalement présents dans le digestat. Dans la classe des intégrons, *intI1_1* (1,73) et *intI2_2* (0,083) étaient très abondants dans le fumier de poulet et *intI3* (0,032) était plus fréquent dans le digestat. Le fumier de poulet présentait une abondance élevée du MGE, *tnpA_1* (0,120), tandis que le digestat présentait des niveaux élevés de *trbC* (0,012).

3.2 ARG dans le fumier de poulet par qPCR

Après avoir obtenu un aperçu de la diversité et de l'abondance des ARG dans le fumier de poulet et le digestat anaérobie grâce à la SmartChip HT-qPCR, nous nous sommes concentrés sur une étude plus détaillée de huit ARG sélectionnés par qPCR. Tous les gènes sélectionnés (*tetA* , *tetX* , *sul1* , *sul2* , *tnpA* , *emrD* , *lnuF* et *aadA*) étaient détectables dans le fumier de poulet d'animaux d'âges différents et de différents troupeaux.

L'âge et le troupeau ont significativement influencé tous les gènes, mais l'effet de l'âge différait entre les troupeaux (Tableau supplémentaire 1). L'abondance du gène *tetA* a augmenté entre la semaine 1 et la semaine 3, sauf pour le troupeau 4, où elle a diminué et a atteint un maximum la semaine 5. Le troupeau 6 avait des valeurs significativement plus faibles ($p < 0{,}001$) que tous les autres troupeaux (Figure 3). Concernant *tetX* , les valeurs ont augmenté significativement dans le troupeau 6 ($p < 0{,}001$), mais sont restées relativement stables dans tous les autres troupeaux. Dans les troupeaux 4 et 6, *tnpA* avait les valeurs les plus élevées à la semaine 3, tandis que le troupeau 11 avait ses valeurs les plus basses à ce moment-là. Français Concernant *sul1* et *sul2* , le troupeau 11 avait à nouveau les valeurs les plus basses à la semaine 3, tous les autres troupeaux ayant atteint un pic à la semaine 3. L'abondance du gène *emrD* avait des tendances à la hausse dans les troupeaux 6, 10 et 11, mais a diminué dans les troupeaux 4 et 5. Les valeurs de lnuF ont atteint un pic à la semaine 3 dans les troupeaux 4 et 6, tandis que le troupeau 11 a montré les valeurs les plus élevées à la semaine 5. Les troupeaux 4 et 6 avaient des abondances très similaires de *tnpA* , *sul1* et *lnuF* (Figure 3).

Figure 3

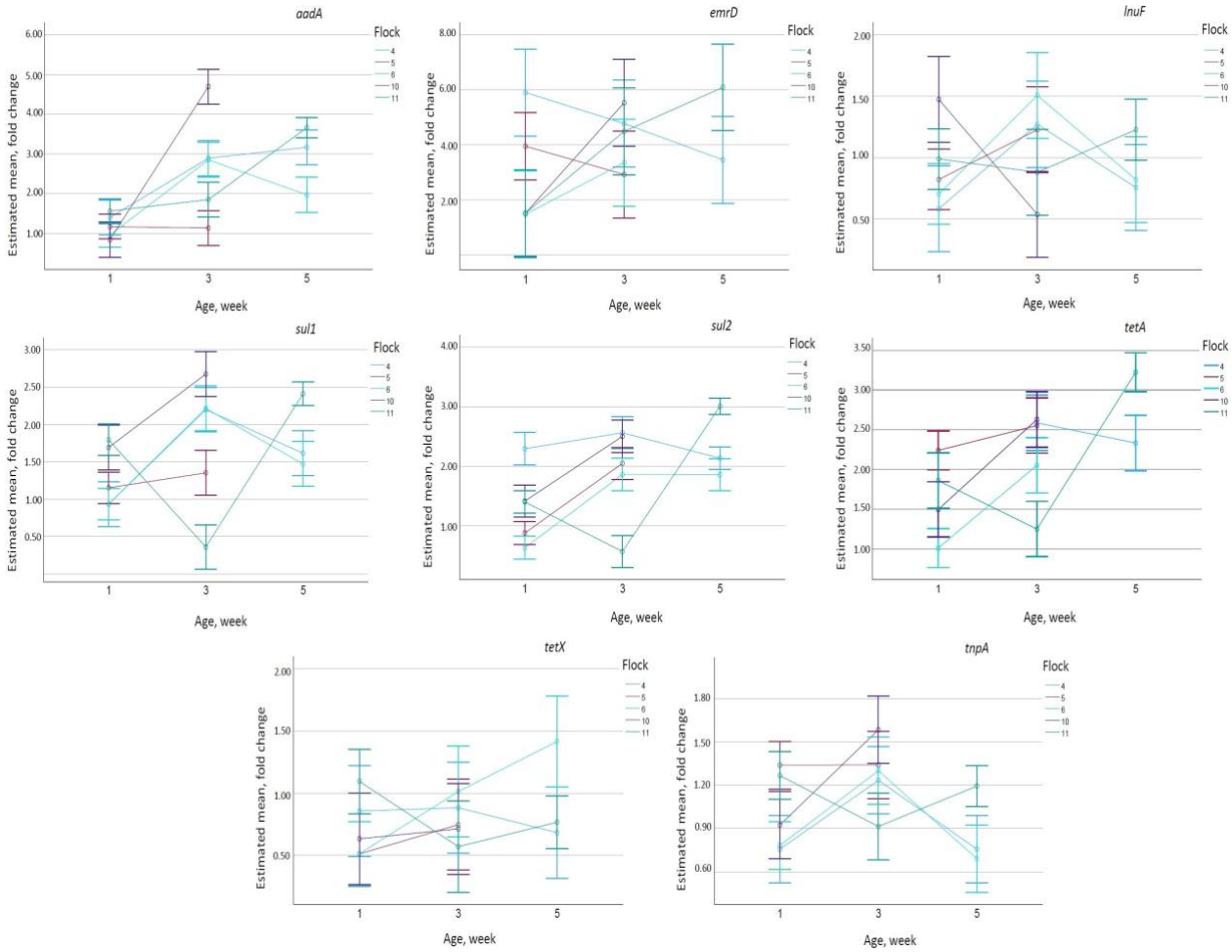

Figure 3. Moyenne estimée du modèle UNIANOVA pour tous les gènes sélectionnés (*aadA* , *emrD* , *lnuF* , *sul1* , *sul2* , *tetA* , *tetX* et *tnpA*). Les moyennes non estimées ne sont pas représentées. Les barres d'erreur indiquent un intervalle de confiance à 95 %.

3.3 ARG dans le digestat par qPCR

Les résultats des modèles de régression pour les échantillons de digestat sont présentés dans le tableau supplémentaire 2. Pour tous les gènes, à l'exception de *emrD* et *tetX* , la sciure n'a eu aucun impact significatif, tandis que la température a eu un impact significatif sur le changement de repli de tous les gènes. Les gènes *aadA* , *tetA* , *sul1* , *sul2* et *tetX* ont eu des changements de repli significativement plus faibles à 30 °C par rapport à 37 °C, tandis que *emrD* avait des valeurs plus élevées à 30 °C. En ce qui concerne les substrats, des interactions significatives entre le substrat et la température ont été observées pour *tetX* . Pour le gène *emrD* , l'effet du substrat différait également entre les jours, avec des valeurs plus élevées dans le groupe de sciure aux jours 6, 14 et 20, mais pas au jour 0. Des interactions entre le jour et la température se sont produites pour *emrD* et *tetX* . Ces gènes présentaient des interactions entre les paramètres indépendants sciure de bois (p = 0,016, resp., 0,015) et température de jour

($p < 0{,}001$, resp., 0,005), ce qui signifie que la température et la sciure de bois étaient significatives selon le jour.

4 Discussion

4.1 ARG par HT-qPCR

Dans notre étude, les ARG des classes aminoglycoside, MLSB et tétracycline étaient dominants dans le fumier de poulet. Des résultats similaires ont été rapportés par Peng et al. (2022) ; Błażejewska et al. (2022) et Sun et al. (2024) , qui ont étudié les ARG dans le fumier des élevages de poulets de chair et ont confirmé nos résultats. Le fumier de poulet est utilisé pour la production de biogaz. Il est à noter que l'Allemagne est le plus grand producteur de biométhane en Europe (European Biogas Association, 2020). Déjà en 2018, 9 000 installations de biogaz pratiquaient la digestion anaérobie (Appunn, 2016). Français Le processus de digestion anaérobie commence par des bactéries hydrolytiques et fermentatives, suivies d'acétogènes et de méthanogènes (Yangin-Gomec et al., 2020), qui proviennent d'usines de biogaz, principalement constituées d'ensilage de maïs et de lisier de bétail, et enfin, du fumier de poulet est mélangé à cet inoculum. Dans notre digestat (fumier de poulet et inoculum), la majorité de la matière fraîche en poids (environ 99 %) provenait de l'ensilage de maïs et du lisier de bétail. Cependant, cela ne représente que 6 % du poids de la matière sèche car la plus grande proportion de digestat est de l'eau. Nous avons comparé la matière première (fumier) au digestat (fumier avec inoculum) pour estimer l'impact de l'inoculum sur le fumier de poulet. Du fait que notre digestat contenait un mélange d'inoculum d'usine de biogaz et de fumier de poulet, il présentait une diversité d'ARG plus élevée et une abondance relative d'ARG plus faible (Figure 2). Peng et al. (2022) ont comparé la teneur en ARG de différents types de fumier. Français Le lisier de bovins a montré la plus faible abondance d'ARG par rapport au fumier de volaille et de porc, ce qui concorde avec notre étude. Les différences de teneur en ARG peuvent être attribuées à des variations du microbiome. Plusieurs études ont examiné cette question. (2022) et Wang et al. (2019) ont établi un lien entre l'abondance d'ARG et différentes compositions du microbiome dans le fumier de poulet et le lisier de bovins. (2022) et Gurmessa et al. (2021) ont considéré que *les Firmicutes* , *les Proteobacteria* , *les Actinobacteria* et *les Bacteroidetes* étaient des phylums associés à l'abondance d'ARG. Gurmessa et al. (2021) ont signalé que *les Firmicutes* et *les Bacteroidetes* étaient les phylums dominants dans le lisier de bovins, tandis que *les Firmicutes* et *les Actinobacteria* étaient les phylums prédominants dans le fumier de volaille. De plus, le microbiome a changé au cours du processus de digestion anaérobie, ce qui pourrait également contribuer aux changements d'ARG. Riaz et al. (2020) ont signalé une légère augmentation de la prévalence des phylums *Firmicutes* et *Proteobacteria*, *Actinobacteria* et *Bacteroidetes* après digestion anaérobie. Cela peut n'entraîner aucune diminution, voire une augmentation, de l'abondance des ARG. Yangin-Gomec et al. (2020) ont signalé des différences entre

l'inoculum et les microbiomes du fumier de poulet digéré. L'inoculum, qui contenait initialement une gamme diversifiée de phylums sans prévalence élevée d'un phylum spécifique, est devenu un digestat avec une prévalence dominante de *Firmicutes* et *d'Actinobacteria* , qui sont associés à l'abondance des ARG.

Les caractéristiques chimiques du fumier de volaille et du lisier de bétail contribuent à différents microbiomes, conduisant à différentes abondances d'ARG, comme l'indiquent Gurmessa et al. (2021) . Une différence notable est la teneur en humidité du lisier de bétail (~ 86 %) par rapport au fumier de poulet (~ 24 %), ce qui est susceptible de provoquer des différences de microbiome. Peng et al. (2022) ont décrit une corrélation entre les caractéristiques chimiques et les abondances d'ARG du fumier de vache et de mouton, qui ont une faible abondance d'ARG et un contenu nutritionnel pauvre par rapport au fumier de volaille et de porc, qui ont une quantité plus élevée d'ARG et un contenu nutritionnel plus riche. Cela suggère qu'il pourrait y avoir des différences significatives entre le fumier de poulet cru et le digestat, qui sont le résultat de changements naturels des caractéristiques chimiques et de la composition du microbiome au cours du processus de digestion anaérobie. Des abondances relatives d'ARG plus faibles dans le digestat pourraient être un signe de réduction de l'AMR, mais une diversité plus élevée à l'avenir dans certaines conditions pourrait entraîner une augmentation de l'AMR.

L'OMS a signalé que les aminoglycosides sont des antimicrobiens d'une importance cruciale et que la tétracycline, le lincomicide et le sulfamide sont des antimicrobiens très importants. Ces antibiotiques sont fréquemment utilisés en médecine vétérinaire et humaine (Organisation mondiale de la Santé, 2024). Les gènes *aadA* (aminoglycosides), *tetA* , *tetX* (tétracycline), *sul1* , *sul2* (sulfonamides) et *lnuF* (lincomicides) ont été détectés dans notre étude par HT-qPCR. Le gène *tetA* code une pompe d'efflux pour les résidus de tétracycline. Un autre exemple de codage d'une pompe d'efflux est *emrD* . Cette pompe d'efflux de molécules amphipathiques (Yin et al., 2006) et appartient aux ARG MDR. Le gène *tnpA* est associé aux ARG car il transfère les ARG. Li et al. (2020) ont rapporté les gènes *tetX* et *sul2* sur le même plasmide avec *tnpA* , et Tada et al. (2016) ont rapporté *sul1* . Allmeier et al. (1992) ont rapporté le transposon Tn1721, y compris la séquence *tnpA* , avec le gène *tetA* .

4.2 ARG dans le fumier de poulet par qPCR

Le fumier de poulet, comme matière première pour la digestion anaérobie, a été étudié, dans le but d'identifier les tendances de développement de l'ARG dans les fermes. Tout d'abord, nous nous sommes concentrés sur la diversité de l'ARG dans le fumier de poulet de différents troupeaux. Nous avons analysé l'association des observations de changement de pli avec les maladies et les traitements des troupeaux. Au début de la période d'engraissement, les troupeaux 10 et 11 présentaient une colibacillose et une infection *à Enterococcus* , tandis que les troupeaux 4, 5 et 6 présentaient une colibacillose

et une dysbactériose. Tous les troupeaux ont reçu le même traitement de lincomycine, de sulfaméthoxazole et de thriméthoprime, correspondant aux gènes *lnuF* , *sul1* , *sul2* (gènes sélectionnés), *dfrA* et *dfrK* , qui avaient des abondances relatives similaires à *tetA* , *tetR* et *tetM* (Figure supplémentaire 1). Burow et al. (2020) ont corrélé l'AMR avec l'utilisation d'antibiotiques, notamment les aminosides, le sulfaméthoxazole et le triméthoprime. Les troupeaux de notre étude étaient significativement différents les uns des autres, mais nous n'avons observé aucune association ou différence entre les troupeaux individuels. (2022) ont comparé les abondances relatives des ARG dans les fumiers de poulets de chair provenant de différentes tailles d'exploitations et d'autres types de fumier. Dans le fumier de poulet, des gènes individuels, tels que *tetX* , *cfr* et *aadA1* , variaient entre les exploitations (jusqu'à 10^4), tandis que pour *cfxA* , *tet(32)* et *tetO_02* , les différences d'abondance relative étaient beaucoup plus faibles (environ 10^2). Peng et al. (2022) ont signalé une différence significative entre les poulets de chair élevés dans des conditions traditionnelles et intensives. Les niveaux d'ARG étaient plus élevés chez ceux provenant d'exploitations intensives en raison de la forte densité et de l'alimentation intensive. Cependant, aucune association entre les niveaux d'ARG et le type d'exploitation pour d'autres espèces d'élevage n'a été trouvée. Un autre facteur que nous avons pris en compte dans notre étude était l'âge, car les caractéristiques du fumier sont influencées par l'âge des poulets (Prado et al., 2022). Il y avait une tendance générale pour toutes les abondances d'ARG étudiées, car elles augmentaient toutes avec l'âge des poulets. Pendant la période d'engraissement, la température dans le poulailler est d'environ 25 °C et la température corporelle des poulets est d'environ 40 °C. Il s'agit d'une plage de température appropriée pour la propagation des agents pathogènes humains (température de 35 °C à 37 °C) (Gutierrez et al., 2018). Une augmentation des bactéries pourrait provoquer une propagation des AGR par des éléments génétiques mobiles.

4.3 ARG dans le digestat par qPCR

Pour résumer les résultats, même si des différences significatives ont été observées entre les jours individuels et les différentes configurations de DA (Figure supplémentaire 3), les différences étaient marginales (inférieures à deux fois) et donc négligeables. Zahedi et al. (2022) ont signalé une diminution significative uniquement des gènes *qnrS* , tandis que d'autres gènes, y compris *sul1* , ne montrent pas de changements après DA. De plus, une température plus élevée (55 °C par rapport à 35 °C) n'a pas entraîné de réduction plus importante des ARG. De même, Riaz et al. (2020) n'ont signalé aucun changement dans l'abondance relative des ARG tels que *sul1* , *aadA* et *tetX* pendant les 5 premiers jours de DA semi-continue de fumier de poulet et de mélange avec de la sciure . (2019) ont observé des changements dans l'abondance relative de *tetX* principalement après le jour 20. Dans notre étude, l'expérience a été arrêtée après 20 jours, les changements d'ARG qui ont été analysés au cours des 20 premiers jours n'ont montré

aucun changement dans le changement de repli *de tetX* . Un niveau d'ARG stable pendant le processus de digestion anaérobie a été observé pour *tetM* , *emrF* , *mefA* et *sul2* par Zhang et al. (2019) , et dans notre étude également, à l'exception de *emrD* , qui a légèrement augmenté pendant la digestion anaérobie. Les ARG peuvent être transférés dans divers environnements, ce qui les rend difficiles à suivre. Bien que plusieurs modèles aient été développés pour prédire leur propagation, l'une des approches les plus récentes implique l'utilisation de l'apprentissage automatique (Li et al., 2018). Cette complexité contribue au défi de prédire et de quantifier avec précision les ARG qui présentent un risque important pour la santé humaine. Zhang et al. (2019) ont signalé des changements dans la communauté microbienne pendant la digestion anaérobie. Au jour 0, les embranchements dominants étaient *les Firmicutes* et *les Proteobacteria* , et leur abondance relative est restée stable pendant 20 jours. En revanche, l'abondance des *Bacteroidetes* a augmenté d'environ 20 %, tandis que *celle des Actinobacteria* est restée stable à environ 5 %, ce qui en fait le quatrième embranchement le plus répandu. Tous ces embranchements sont connus pour être associés à l'abondance des ARG. Ces résultats suggèrent que les embranchements dominants sont restés largement inchangés pendant le processus de digestion, ce qui indique que les ARG disposaient probablement d'hôtes microbiens stables pour persister et proliférer.

Français (2017) ont montré qu'après la digestion anaérobie thermophile du fumier de volaille, certains ARG n'étaient plus détectables, à l'exception de *sul1* et *sul2* . Song et al. (2017) ont étudié les ARG dans le fumier de porc et ont observé une augmentation de l'abondance de *tetX* , *sul2* et *tetQ* pendant le processus de digestion anaérobie. Song et al. (2017) ont testé l'influence de différentes biomasses (fumier de porc mélangé à différentes quantités de paille de blé). Le dispositif expérimental avec la teneur en fumier la plus élevée a montré une abondance maximale d'ARG le jour 3, tandis que les échantillons avec moins de fumier ont eu leur maximum le jour 25. De plus, le dispositif expérimental avec une proportion plus élevée de fumier par rapport au blé (7:3) a montré une diminution de l'abondance totale d'ARG. De plus, Gao et al. (2022) ont signalé une diminution de l'abondance de *sul1* et *emrC* dans le lisier de porc pendant la digestion anaérobie dans un système anaérobie à haute teneur en solides à une température mésophile, mais l'abondance des gènes *sul2* et *aadA* n'a pas montré de forte diminution. Dans notre étude, l'ajout de sciure de bois n'a pas eu d'impact pertinent sur les charges d'ARG, similaire aux résultats de l'analyse microbiologique (Atanasova et al., 2025), où les auteurs n'ont signalé aucune différence significative entre la concentration *d'E. coli* avec et sans sciure de bois. D'après les études de Gao et al. (2022) et Song et al. (2017) , la digestion anaérobie est plus adaptée à la réduction de l'ARG dans la digestion anaérobie du lisier de porc par rapport au lisier de volaille. La digestion anaérobie a montré de bons résultats dans la réduction des agents pathogènes et des bactéries AMR (Atanasova et al., 2025 ; Thomas, 2023). De plus, la réduction des ARG a été obtenue

par digestion anaérobie (DA) des boues d'épuration (Mortezaei et al., 2024) et du lisier de porc (Anjum et al., 2017 ; Song et al., 2017). Dans nos recherches, la DA n'a pas montré de réduction de l'abondance des ARG, qui est restée stable dans nos installations avec du lisier de poulet. Cependant, les résultats de la RAM obtenus par culture microbiologique (Atanasova et al., 2025) ont montré une diminution rapide du nombre d' *E. coli viables.*Pendant la digestion anaérobie. La méthode de culture sélective pour les analyses de résistance aux antimicrobiens (RAM) est laborieuse, sélective d'un nombre limité d'espèces bactériennes et restreinte aux bactéries viables. Cela signifie que la culture sélective seule ne permet pas de couvrir l'abondance et la distribution des ARG dans un échantillon. La qPCR permet de sélectionner davantage d'espèces bactériennes et de quantifier de manière sensible et précise, indépendamment de la viabilité, l'abondance des ARG sélectionnés. Par conséquent, la digestion anaérobie du fumier de poulet est un procédé adapté à la réduction des *E. coli* résistants aux antimicrobiens , bien que nous n'ayons pas observé de réduction des ARG dans nos configurations de lots de laboratoire.

5 Conclusion

Cette étude a confirmé la présence de GRA en grande quantité dans le fumier de poulet. Les types et les concentrations de GRA peuvent varier en fonction de facteurs tels que l'alimentation, l'élevage, la santé, le traitement, l'âge des animaux et la composition du microbiome. Dans cette étude, nous avons démontré que l'abondance des GRA augmentait avec l'âge des poulets, tandis que les profils de GRA entre les différents troupeaux ne variaient que marginalement. Le fumier de poulet a été mélangé à un inoculum provenant d'une installation de biogaz contenant du lisier de bovins et de l'ensilage de maïs pour la digestion anaérobie, ce qui a diminué les concentrations totales de GRA mais augmenté la diversité des GRA. Bien que la digestion anaérobie soit un procédé courant et adapté à la réduction des agents pathogènes et des bactéries RAM, nous n'avons pas observé de réduction de certains GRA pendant le processus de digestion anaérobie lors de nos expériences par lots en laboratoire. Cela signifie que le risque de propagation des GRA dans l'environnement par la fertilisation des fumiers pourrait ne pas être réduit par la digestion anaérobie. Même si les agents pathogènes et les bactéries RAM sont réduits après digestion anaérobie, les GRA pourraient s'intégrer aux bactéries de l'environnement et, par conséquent, acquérir et propager une résistance aux antibiotiques.

Déclaration de disponibilité des données

Les contributions originales présentées dans l'étude sont incluses dans l'article/ le matériel supplémentaire . Pour toute question complémentaire, veuillez contacter l'auteur correspondant.

Déclaration d'éthique

Le manuscrit présente des recherches sur des animaux qui ne nécessitent pas d’approbation éthique pour leur étude.

Contributions des auteurs

AA : Visualisation, Conservation des données, Validation, Investigation, Rédaction (revue et édition), Méthodologie, Rédaction (ébauche originale), Conceptualisation. TA : Rédaction (revue et édition), Supervision, Conceptualisation, Acquisition de financement. UR : Logiciel, Ressources, Acquisition de financement, Méthodologie, Supervision, Rédaction (revue et édition). AF : Méthodologie, Supervision, Rédaction (revue et édition), Administration de projet, Acquisition de financement, Ressources. RM : Acquisition de financement, Logiciel, Visualisation, Analyse formelle, Administration de projet, Validation, Rédaction (revue et édition), Supervision. TK : Ressources, Visualisation, Rédaction (ébauche originale), Administration de projet, Conservation des données, Investigation, Rédaction (revue et édition), Acquisition de financement, Validation, Conceptualisation, Supervision, Méthodologie.

Financement

L'auteur(e) déclare avoir reçu un soutien financier pour la recherche et/ou la publication de cet article. Cette recherche a été financée par l'Initiative de programmation conjointe sur la résistance aux antimicrobiens (JPIAMR-ACTION (projet ENVIRE)), subvention n° 963864, et par le ministère fédéral de l'Éducation et de la Recherche (BMBF), subvention n° 01KI2202B. L'APC a été financée par l'Institut Leibniz d'ingénierie agricole et de bioéconomie (ATB).

Remerciements

Nous sommes reconnaissants pour le soutien intellectuel et les échanges avec l'Alliance de recherche Leibniz « INFECTIONS ». Nous remercions Heike Rose, Susann Sellenthin, Sabrina Hansen et Michael Kühl (tous de la FU, Berlin, Allemagne) pour leurs excellents conseils techniques et leur assistance en laboratoire. Nous remercions également l'élevage de poulets de chair partenaire pour nous avoir fourni les fientes de poulets et les dossiers de traitement des maladies.

Conflit d'intérêts

Les auteurs déclarent que la recherche a été menée en l’absence de toute relation commerciale ou financière qui pourrait être interprétée comme un conflit d’intérêt potentiel.

L'auteur(e) a déclaré être membre du comité de rédaction de Frontiers au moment de la soumission. Cela n'a eu aucune incidence sur le processus d'évaluation par les pairs ni sur la décision finale.

Déclaration d'IA générative

L'auteur(s) déclare(nt) qu'aucune IA générative n'a été utilisée dans la création de ce manuscrit.

Note de l'éditeur

Toutes les affirmations exprimées dans cet article n'engagent que leurs auteurs et ne représentent pas nécessairement celles de leurs organisations affiliées, ni celles de l'éditeur, des rédacteurs et des relecteurs. Tout produit évalué dans cet article, ou toute affirmation formulée par son fabricant, n'est ni garanti ni approuvé par l'éditeur.

Matériel supplémentaire

Le matériel supplémentaire pour cet article est disponible en ligne à l'adresse suivante : https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frabi.2025.1612886/full#supplementary-material

Références

Alcock BP, Huynh W., Chalil R., Smith KW, Raphenya AR, Wlodarski MA, et al. (2023). CARD 2023 : curation étendue, prise en charge de l'apprentissage automatique et prédiction du résistome dans la base de données complète sur la résistance aux antibiotiques. *Nucleic Acids Res.* 51, D690–D699. doi : 10.1093/nar/gkac920

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Allmeier H., Cresnar B., Greck M. et Schmitt R. (1992). Séquence nucléotidique complète de Tn1721 : organisation du gène et nouveau produit génique présentant les caractéristiques d'une protéine de chimiotaxie. *Gene* 111, 11–20. doi : 10.1016/0378-1119(92)90597-I

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Anjum R., Grohmann E. et Krakat N. (2017). Digestion anaérobie du fumier de volaille riche en azote : impact du procédé de biogaz thermophile sur la libération de métaux et les résistances microbiennes. *Chemosphere* 168, 1637–1647. doi : 10.1016/j.chemosphere.2016.11.132

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Appunn K. (2016). La bioénergie, pilier fragile de la transition énergétique, Le biogaz dans la transition énergétique allemande.

Google Scholar

Atanasova A., Amon T., Friese A., Rösler U., Merle R., Herrmann C., et al. (2025). Effets du rapport carbone/azote et de la température sur la survie d'Escherichia coli résistants et non résistants aux antibiotiques lors de la digestion anaérobie du fumier de poulet. *Volaille* 4. doi : 10.3390/poultry4010009

Texte intégral de Crossref | Google Scholar

Błażejewska A., Zalewska M., Grudniak A. et Popowska M. (2022). Étude approfondie du microbiome, du résistome et des caractéristiques physiques et chimiques des déchets de poulet issus d'élevages intensifs. *Biomolécules* 12. doi : 10.3390/biom12081132

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Burow E., Grobbel M., Tenhagen B.-A., Simoneit C., Szabó I., Wendt D., et al. (2020). Résistance aux antibiotiques chez Escherichia coli chez les poulets de chair après traitement à l'amoxicilline en milieu expérimental. *Microb. Drug Resist.* 26, 1098–1107. doi : 10.1089/mdr.2019.0442

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Congilosi JL et Aga DS (2021). Revue du devenir des antimicrobiens, des gènes de résistance aux antimicrobiens et d'autres micropolluants dans le fumier lors de la digestion anaérobie et du compostage améliorés. *J. Hazardous Materials* 405, 123634. doi : 10.1016/j.jhazmat.2020.123634

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Ding D., Wang B., Zhang X., Zhang J., Zhang H., Liu X., et al. (2023). Propagation de la résistance aux antibiotiques chez l'homme et stratégies potentielles de protection. *Écotoxicologie Environ. Saf.* 254, 114734. doi : 10.1016/j.ecoenv.2023.114734

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Association européenne du biogaz (2020). La « Carte européenne du biométhane 2020 » montre une augmentation de 51 % du nombre d'installations de biométhane en Europe en deux ans.

Google Scholar

Statistiques Eurostat expliquées (2024). Production agricole : bétail et viande.

Google Scholar

Gao W., Li A., Ding G., Zhang K. et Zhi S. (2022). Étude des modifications des caractéristiques des gènes de résistance aux antibiotiques à différents stades de réaction

de la digestion anaérobie à haute teneur en solides avec du lisier de porc. *Environ. pollut.* 312, 120032. doi : 10.1016/j.envpol.2022.120032

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Institut fédéral allemand d'évaluation des risques (2025). Utilisation des antibiotiques chez les animaux d'engraissement : le premier rapport annuel fournit des données plus précises (n° 16/2023).

Google Scholar

Gurmessa B., Ashworth AJ, Yang Y., Savin M., Moore PA, Ricke SC, et al. (2021). Variations de la structure des communautés bactériennes et de l'abondance des gènes de résistance aux antimicrobiens dans le fumier de bovins et la litière de volaille. *Environ. Res.* 197, 111011. doi : 10.1016/j.envres.2021.111011

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Gutierrez C., Somoskovi A., Natarajan K. et Bell D. (2018). Nécessité d'un meilleur respect de la température d'incubation optimale pour des diagnostics de laboratoire de qualité et la surveillance de la résistance aux antibiotiques. *Afr J. Lab. Med.* 7, 789. doi : 10.4102/ajlm.v7i2.789

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Jaleta M., Junker V., Kolte B., Börger M., Werner D., Dolsdorf C., et al. (2024). Amélioration de l'hygiène des porcheries pour porcelets sevrés afin de réduire la propagation de la résistance aux antimicrobiens. *Front. Microbiol.* 15. doi: 10.3389/fmicb.2024.1393923

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Köninger J., Lugato E., Panagos P., Kochupillai M., Orgiazzi A. et Briones MJI (2021). Gestion du fumier et biodiversité des sols : vers des systèmes alimentaires plus durables dans l'UE. *Agric. Syst.* 194, 103251. doi : 10.1016/j.agsy.2021.103251

Texte intégral de Crossref | Google Scholar

Li Y., Wang Q., Peng K., Liu Y., Li R. et Wang Z. (2020). Émergence de Proteus cibarius d'origine animale résistants aux carbapénèmes et à la tigécycline. *Front. Microbiol.* 11. doi: 10.3389/fmicb.2020.01940

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Li L.-G., Yin X. et Zhang T. (2018). Suivi de la pollution génétique due à la résistance aux antibiotiques provenant de différentes sources grâce à la classification par apprentissage automatique. *Microbiome* 6, 93. doi : 10.1186/s40168-018-0480-x

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Mortezaei Y., Williams MR et Demirer GN (2024). Devenir des gènes de résistance aux antibiotiques lors de la digestion anaérobie des boues d'épuration avec prétraitement par ultrasons. *Environ. Sci. pollut. Res.* 31, 5513–5525. doi : 10.1007/s11356-023-31558-6

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Muurinen J., Stedtfeld R., Karkman A., Pärnänen K., Tiedje J. et Virta M. (2017). Influence de l'épandage de fumier sur la résistance environnementale dans le cadre de pratiques agricoles finlandaises avec utilisation restreinte d'antibiotiques. *Environ. Sci. Technol.* 51, 5989–5999. doi : 10.1021/acs.est.7b00551

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Okonkwo VO (2023). *Résistance aux antimicrobiens : approches moléculaires pour suivre la propagation des gènes de résistance aux antimicrobiens à partir des eaux usées des fosses septiques décentralisées* (Écosse : Université de Glasgow).

Google Scholar

Partridge SR, Kwong SM, Firth N. et Jensen SO (2018). Éléments génétiques mobiles associés à la résistance aux antimicrobiens. *Clin. Microbiol. Rev.* 31. doi : 10.1128/CMR.00088-17

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Peng S., Zhang H., Song D., Chen H., Lin X., Wang Y., et al. (2022). Distribution des gènes de résistance aux antibiotiques, aux métaux lourds et aux antibiotiques dans les excréments de bétail et de volaille provenant d'exploitations agricoles de différentes tailles au Ningxia, en Chine. *J. Hazardous Materials* 440, 129719. doi : 10.1016/j.jhazmat.2022.129719

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Prado J., Ribeiro H., Alvarenga P. et Fangueiro D. (2022). Vers la production d'engrais à base de fumier : étude des effets des espèces animales et du traitement des lisiers sur leur teneur et leur disponibilité en nutriments. *J. Cleaner Production* 337, 130369. doi : 10.1016/j.jclepro.2022.130369

Texte intégral de Crossref | Google Scholar

Riaz L., Wang Q., Yang Q., Li X. et Yuan W. (2020). Potentiel du compostage industriel et de la digestion anaérobie pour l'élimination des antibiotiques, des gènes de résistance aux antibiotiques et des métaux lourds du fumier de poulet. *Sci. Total Environ.* 718, 137414. doi : 10.1016/j.scitotenv.2020.137414

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Skandalis N., Maeusli M., Papafotis D., Miller S., Lee B., Theologidis I., et al. (2021). Propagation environnementale de la résistance aux antibiotiques. *Antibiotiques (Bâle)* 10. doi : 10.3390/antibiotics10060640

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Song W., Wang X., Gu J., Zhang S., Yin Y., Li Y., et al. (2017). Effets de différents ratios fumier de porc/paille de blé sur les gènes de résistance aux antibiotiques et la structure de la communauté microbienne pendant la digestion anaérobie. *Bioresource Technol.* 231, 1–8. doi : 10.1016/j.biortech.2017.01.054

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Stedtfeld RD, Guo X., Stedtfeld TM, Sheng H., Williams MR, Hauschild K., et al. (2018). Ensemble d'amorces 2.0 pour matrice de qPCR hautement parallèle ciblant les gènes de résistance aux antibiotiques et les éléments génétiques mobiles. *FEMS Microbiol. Ecol.* 94. doi: 10.1093/femsec/fiy130

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Sun B., Bai Z., Li R., Song M., Zhang J., Wang J., et al. (2024). Élimination efficace du résistome aux antibiotiques dans le fumier de bétail par compostage hyperthermophile recouvert d'une membrane semi-perméable. *Bioresource Technol.* 407, 131134. doi : 10.1016/j.biortech.2024.131134

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Tada T., Miyoshi-Akiyama T., Shimada K., Shiroma A., Nakano K., Teruya K., et al. (2016). Isolat de Pseudomonas aeruginosa résistant aux carbapénèmes, contenant deux copies de blaIMP-34 codant pour une métallo-β-lactamase. *PloS One* 11, e0149385. doi : 10.1371/journal.pone.0149385

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Thomas C. (2023). *Mesures de gestion du fumier pour réduire le risque de propagation d'Escherichia coli produisant des BLSE/AmpC à partir du fumier de poulet dans la chaîne alimentaire* (Leibniz-Institut für Agrartechnik und Bioökonomie : Freie Universität Berlin).

Google Scholar

Wang L., Wang J., Wang J., Zhu L., Yang L. et Yang R. (2019). Caractéristiques de distribution des bactéries et gènes résistants aux antibiotiques dans les fumiers frais et compostés des élevages. *Sci. Total Environ.* 695, 133781. doi : 10.1016/j.scitotenv.2019.133781

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Waseem H., Jameel S., Ali J., Saleem Ur Rehman H., Tauseef I., Farooq U., et al. (2019). Contributions et défis de la qPCR à haut débit pour la détermination de la résistance aux antimicrobiens dans l'environnement : revue critique. *Molecules* 24. doi : 10.3390/molecules24010163

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Organisation mondiale de la santé (2023). Résistance aux antimicrobiens.

Google Scholar

Organisation mondiale de la Santé (2024). « Outil de gestion des risques pour atténuer la résistance aux antimicrobiens due à une utilisation non humaine » (n° ISBN 978-92-4-008461-2) dans *Liste OMS des antimicrobiens médicalement importants : outil de gestion des risques pour atténuer la résistance aux antimicrobiens due à une utilisation non humaine* . (Genève : Organisation mondiale de la Santé)

Google Scholar

Yangin-Gomec C., Sapmaz T. et Aydin S. (2020). Impact de l'acclimatation de l'inoculum sur la récupération d'énergie et étude des modifications de la communauté microbienne lors de la digestion anaérobie du fumier de poulet. *Environ. Technol.* 41, 49–58. doi : 10.1080/09593330.2018.1551434

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Yin Y., He X., Szewczyk P., Nguyen T. et Chang G. (2006). Structure du transporteur multidrogue EmrD d'Escherichia coli. *Science* 312, p. 741–744. doi : 10.1126/science.1125629

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Yue Z., Zhang J., Zhou Z., Ding C., Zhang T., Wan L., et al. (2022). La dégradation des antibiotiques prédomine sur l'élimination des gènes de résistance aux antibiotiques lors du compostage. *Bioresource Technol.* 344, 126229. doi : 10.1016/j.biortech.2021.126229

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Zahedi S., Gros M., Casabella O., Petrovic M., Balcazar JL et Pijuan M. (2022). Présence de médicaments vétérinaires et de gènes de résistance lors de la digestion anaérobie des fumiers de volaille et de bovins. *Sci. Total Environ.* 822, 153477. doi : 10.1016/j.scitotenv.2022.153477

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Zhang Y., Banks CJ et Heaven S. (2012). Codigestion des déchets alimentaires domestiques triés à la source pour améliorer la stabilité du procédé. *Bioresource Technol.* 114, 168–178. doi : 10.1016/j.biortech.2012.03.040

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Zhang J., Lu T., Shen P., Sui Q., Zhong H., Liu J., et al. (2019). Rôle des types de substrats et de la communauté microbienne du substrat sur le devenir des gènes de résistance aux antibiotiques pendant la digestion anaérobie. *Chemosphere* 229, p. 461–470. doi : 10.1016/j.chemosphere.2019.05.036

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Zhang C., Xiao G., Peng L., Su H. et Tan T. (2013). Codigestion anaérobie des déchets alimentaires et du fumier de bétail. *Bioresource Technol.* 129, 170–176. doi : 10.1016/j.biortech.2012.10.138

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Zhuang M., Achmon Y., Cao Y., Liang X., Chen L., Wang H., et al. (2021). Distribution des gènes de résistance aux antibiotiques dans l'environnement. *Environ. pollut.* 285, 117402. doi: 10.1016/j.envpol.2021.117402

Résumé PubMed | Texte intégral Crossref | Google Scholar

Mots-clés : antibiotiques, fermentation par digestion anaérobie, gène de résistance aux antimicrobiens (ARG), volaille, poulet de chair, litière, qPCR à haut débit (HT-qPCR)

Citation : Atanasova A, Amon T, Roesler U, Friese A, Merle R et Kabelitz T (2025). Dynamique temporelle de l'abondance des gènes de résistance aux antimicrobiens dans le fumier de poulet et le digestat anaérobie. *Front. Antibiot.* 4:1612886. doi : 10.3389/frabi.2025.1612886

Reçu : 16 avril 2025 ; **Accepté :** 09 juin 2025 ;
Publié : 27 juin 2025.

Édité par :

Kebede Amenu , Institut international de recherche sur l'élevage, Éthiopie

Révisé par :

Santosh Dulal , Management Sciences for Health, États-Unis
Achenef Beyene , Université de Gondar, Éthiopie

Copyright © 2025 Atanasova, Amon, Roesler, Friese, Merle et Kabelitz. Cet article est en libre accès et distribué sous licence Creative Commons Attribution (CC BY) . L'utilisation, la distribution ou la reproduction sur d'autres plateformes est autorisée, à condition que

l'auteur(s) original(aux) et le(s) titulaire(s) des droits d'auteur soient mentionnés et que la publication originale dans cette revue soit citée, conformément aux pratiques académiques reconnues. Toute utilisation, distribution ou reproduction non conforme à ces conditions est interdite.

***Correspondance :** Aleksandra Atanasova, aatanasova@atb-potsdam.de

Avertissement : Toutes les affirmations exprimées dans cet article n'engagent que leurs auteurs et ne représentent pas nécessairement celles de leurs organisations affiliées, ni celles de l'éditeur, des rédacteurs et des relecteurs. Tout produit évalué dans cet article ou toute affirmation formulée par son fabricant n'est ni garanti ni approuvé par l'éditeur.