

Compréhension des mécanismes d'amélioration de la production de biogaz et de réduction des risques liés aux gènes de résistance aux antibiotiques lors de la digestion anaérobie sèche des déchets organiques avec ajout de biochar.

* Le « biochar » est une forme de charbon végétal produit par la pyrolyse de matières organiques telles que les sous-produits de la filière bois, résidus agricoles, déjections solides, déchets verts ou déchets alimentaires.

Résumé

Afin d'explorer le mécanisme de bioaugmentation induisant la production de biogaz et la réduction du risque de résistance aux antibiotiques (ARG) lors de la co-digestion anaérobie de fumier bovin et de paille de riz par ajout de biochar, les performances de digestion et la productivité ont été étudiées avec différentes quantités de biochar (0, 1,25, 3,75 et 5 g·L⁻¹ de suspension).

Les résultats ont montré que l'ajout de biochar favorise efficacement la production de biogaz.

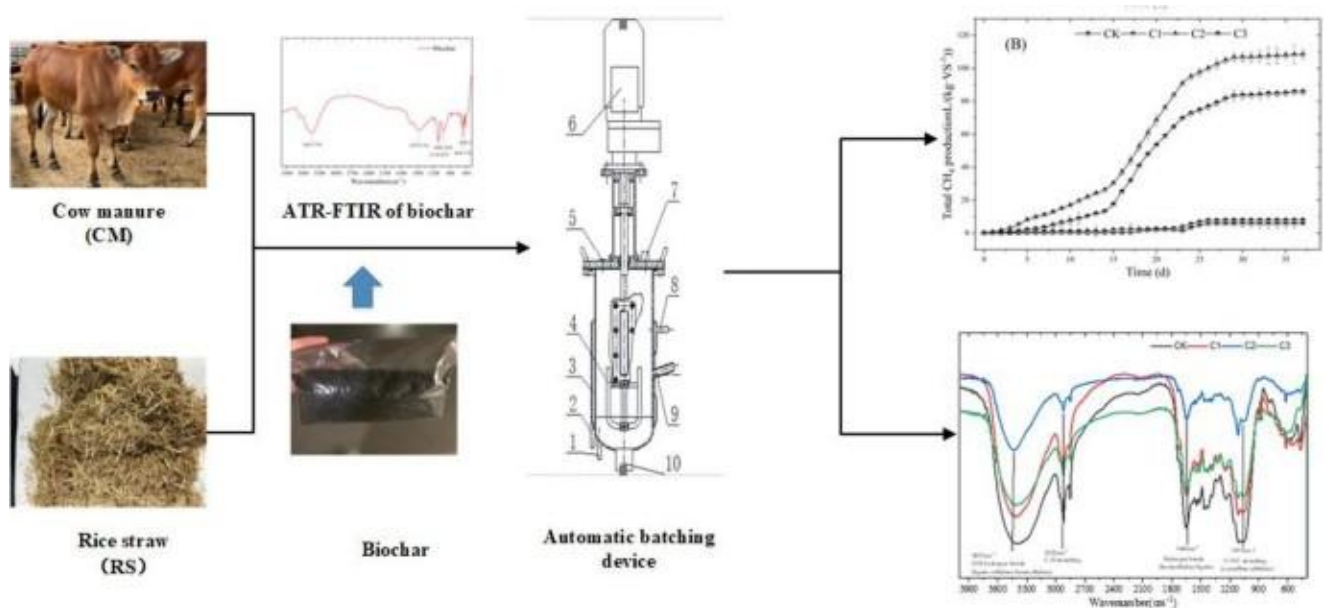
Les rendements cumulés en méthane (CH₄) obtenus avec 3,75 g·L⁻¹ et 5 g·L⁻¹ de suspension de biochar étaient respectivement 18,7 et 14,8 fois supérieurs à ceux du témoin (0 g·L⁻¹ de suspension).

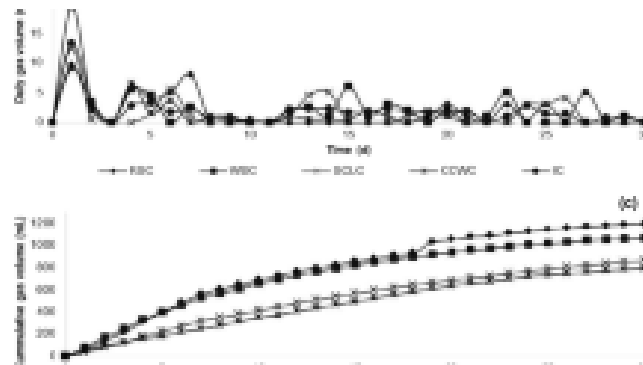
Combinée à l'analyse par spectroscopie infrarouge à transformée de Fourier (FTIR) et à la quantification de la communauté microbienne par séquençage à haut débit, la méthanogenèse a été améliorée par trois voies possibles :

(1) la structure poreuse et les caractéristiques d'aromatisation du biochar pourraient favoriser la destruction de la structure des faisceaux de cellulose, favorisant ainsi l'hydrolyse des substrats lignocellulosiques ;

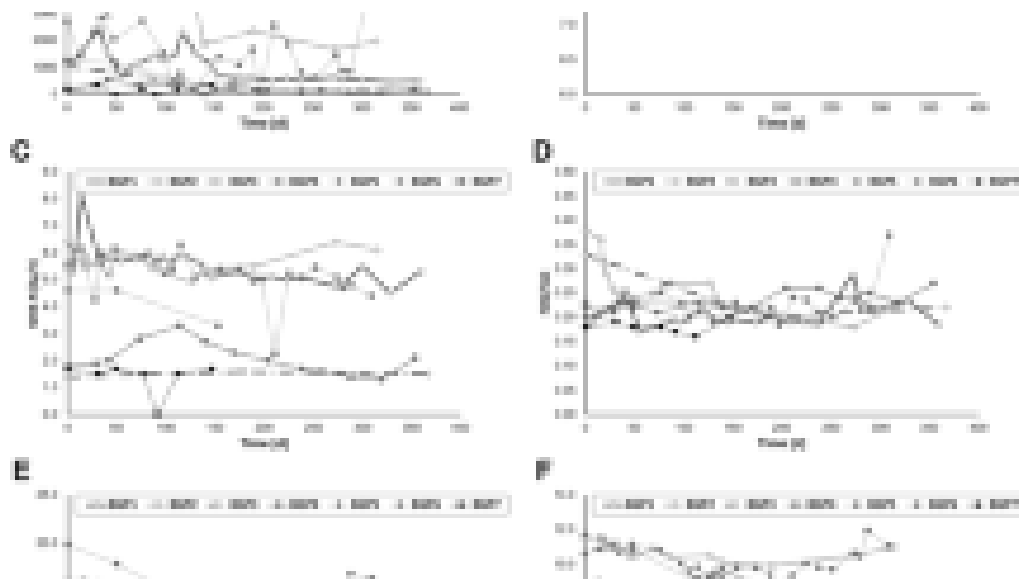
(2) le biochar a régulé les concentrations d'acides gras volatils (AGV) dans une plage optimale, améliorant la capacité tampon du système de digestion anaérobie ; (3) la faible dose de biochar (1,25 g·L⁻¹ de suspension) a permis d'obtenir une atténuation optimale du risque de résistance aux antibiotiques en supprimant l'hôte principal des antibiotiques, *Bacteroidota*.

Résumé graphique

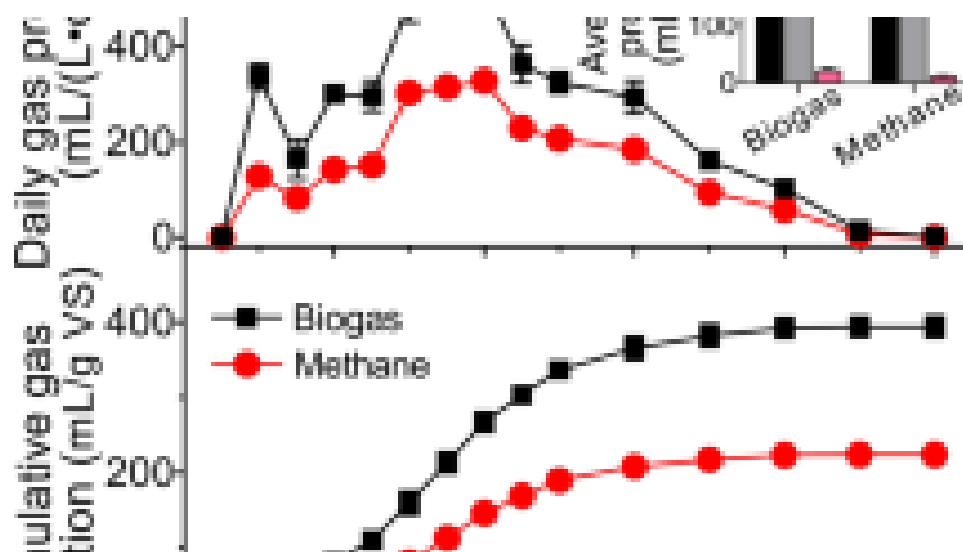




Influence du taux de lignine de la matière première sur le processus de digestion anaérobie, la réorganisation et les performances de la communauté microbienne. Article du 11 février 2021



Suivi de sept digesteurs anaérobies industriels alimentés en biochar. Article en accès libre 19 septembre 2021



Production de biogaz à partir de paille de riz : analyse cinétique et dynamique des communautés microbiennes. Article du 27 novembre 2020

Introduction

La paille de récolte et le fumier animal figurent parmi les déchets organiques les plus importants.

La Chine produit chaque année plus de 800 millions de tonnes de résidus de récolte, la paille de riz étant principalement concentrée dans le sud du pays (Li et al., [2015a](#) ; Zhang et al., [2020](#)).

Dans cette région, l'épandage de la paille de riz est aujourd'hui la principale méthode d'élimination des déchets, permettant d'améliorer la valorisation de cette ressource, la structure du sol et sa teneur en nutriments (Zhuang et al., [2020](#)).

Cependant, cette pratique peut engendrer de graves problèmes environnementaux et accroître les émissions de gaz à effet de serre, réduisant ainsi ses avantages écologiques (Pramono et al., [2021](#)).

Par ailleurs, la production annuelle totale de fumier bovin provenant des grandes exploitations agricoles centralisées s'élève à environ 382 millions de tonnes (Li et al., [2015a](#)).

Les différentes politiques mises en place en Chine pour encourager l'épandage des déchets d'élevage ont engendré de nombreux problèmes, tels que l'inadéquation entre les échelles de culture et d'élevage et la difficulté de contrôler l'impact environnemental (Shi et al., [2018](#)).

Alors que les objectifs de « pic de carbone et de neutralité carbone » (double objectif carbone) sont devenus une stratégie nationale, il est essentiel de limiter les émissions de gaz à effet de serre liées à l'épandage des déchets agricoles et de privilégier des solutions alternatives de production d'énergie à faible émission de carbone (Khoshnevisan et al., [2021](#)).

La codigestion anaérobie (CDA) du fumier de vache et de la paille de riz est cruciale pour la gestion des déchets agricoles et le recyclage des ressources autour des grandes exploitations agricoles centralisées (Surendra et al., [2014](#)).

Comparée à la digestion anaérobie humide (< 15 % de matières sèches), la digestion anaérobie sèche présente des avantages économiques significatifs, tels qu'une consommation d'énergie et une quantité de biomasse lignocellulosique moindres, ainsi qu'un réacteur plus compact (Ge et al., [2016](#) ; Sun et al., [2019](#)).

Par conséquent, la codigestion anaérobie sèche s'impose comme une approche viable et rentable pour la production d'énergie à faible émission de carbone à partir de la paille de riz et du fumier.

Le biochar est un matériau riche en carbone obtenu par pyrolyse de la biomasse à 500–700 °C en conditions de faible teneur en oxygène.

Ses propriétés, telles qu'une surface spécifique élevée, une porosité importante et une capacité d'échange cationique élevée, en font un adsorbant efficace (Fagbohunge et al., [2017](#) ; Sanchez-Monedero et al., [2018](#)). Xie et al. ([2021](#)) ont montré que l'ajout de charbon actif pouvait favoriser la dégradation de la cellulose et augmenter le rendement en méthane lors de la digestion anaérobie de tiges de maïs. Yang et al. ([2021b](#)) ont constaté que l'ajout de biochar lors de la digestion anaérobie stimulait la méthanogenèse et influençait l'abondance des gènes de résistance aux antibiotiques (GRA) dans le lisier de porc.

La paille de récolte est couramment utilisée pour la carbonisation (production de biochar), un procédé permettant d'augmenter la teneur en phosphore et d'activer le phosphore stable pour l'amendement des sols et l'amélioration de leur fertilité

(Fernandez-Bayo et al., [2020](#) ; Ma et al., [2019](#)). Cependant, l'ajout de biochar issu de la carbonisation de la paille de riz lors de la digestion anaérobie sèche a été peu étudié.

Parallèlement, la prévalence et le risque croissants de gènes de résistance aux antibiotiques (GRA) dans les déjections animales, suite à leur épandage, ont suscité une attention considérable (Yue et al., 2021).

Les antibiotiques résiduels présents dans ces déjections contribuent fréquemment à la propagation de la résistance aux antibiotiques, notamment par le biais de bactéries résistantes et de GRA, dans l'environnement (Menz et al., 2019).

Les risques de résistance aux antibiotiques sont corrélés à la mobilité des GRA, qui peuvent être transférés à des organismes appartenant à différentes communautés. Les GRA peuvent conserver leur viabilité après la mort des cellules hôtes et recombinaison leur matériel génétique avec celui de bactéries vivantes par transformation (He et al., [2016](#) ; Wallace et al., [2018](#)).

De toute évidence, les déjections animales constituent une source importante de certains types d'antibiotiques et de GRA, susceptibles de se retrouver dans l'environnement par épandage (Tuo et al., [2018](#)).

La digestion anaérobie est généralement considérée comme une méthode efficace pour réduire la présence de gènes de résistance aux antibiotiques (GRA) dans les digestats (Yang et al., [2020](#)), et l'ajout de biochar au cours du processus pourrait simultanément réduire la dissémination de ces GRA (Yang et al., [2021b](#)).

Par conséquent, le digestat issu de la digestion anaérobie constitue un engrais organique précieux, et l'évaluation des risques liés aux GRA lors de la digestion anaérobie avec ajout de biochar est nécessaire.

Dans cette étude, l'effet de l'ajout de biochar sur la productivité du procédé Dry-ACD (dilution catalytique à sec) de résidus de culture (CM) et de résidus de culture (RS) a été étudié à l'aide d'un réacteur discontinu automatisé.

La production de biogaz, la composition du digestat (cellulose, hémicellulose et lignine), l'analyse par spectroscopie infrarouge à transformée de Fourier (FTIR) et l'évaluation quantitative des communautés microbiennes ont été analysées.

Le mécanisme de bioaugmentation, responsable de l'amélioration de la production de biogaz et de la réduction du risque lié aux gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) grâce à l'ajout de biochar dans le procédé Dry-ACD, a été exploré.

D'après les résultats, le ratio optimal d'ajout de biochar a été déterminé, en tenant compte de l'efficacité de la production de biogaz, des performances du digestat et de l'abondance potentielle des bactéries hôtes des ARG.

Matériels et méthodes

Substrats et biochar

La paille de riz a été collectée dans un parc agricole du district de Qingpu, à Shanghai, en Chine.

Elle a été découpée en morceaux de 3 à 5 cm et séchée à l'air libre à température ambiante.

Le biochar utilisé dans cette étude a été préparé par carbonisation hydrothermale (200 °C, 0,5 h) suivie d'une pyrolyse (650 °C).

Le protocole de préparation était le suivant : la paille de riz a d'abord été placée dans un réacteur hydrothermal sous atmosphère limitée d'oxygène, chauffée à 200 °C et maintenue à cette température pendant 0,5 h.

Après refroidissement, l'hydrochar obtenu a été transféré dans un four tubulaire et chauffé à 650 °C à une vitesse de 10 °C·min⁻¹, maintenu à cette température pendant 0,5 h, puis refroidi à température ambiante. Le biochar obtenu a été séché à l'étuve à 105 °C pendant 12 h, broyé à l'aide d'un broyeur à disques rotatifs et tamisé à travers un tamis de 100 mesh.

Le fumier de vache a été collecté dans un élevage bovin du district de Jinshan, à Shanghai, en Chine.

L'inoculum a été préparé après séparation solide-liquide à partir d'une unité de digestion anaérobie sèche du district de Qingpu, à Shanghai, en Chine.

Les principales propriétés physico-chimiques des matières premières utilisées dans cette étude sont présentées dans le tableau [1](#).

Tableau 1 Propriétés physiques et chimiques des matières premières

Expérience par lots Dry-ACD

Le réacteur à dosage discontinu automatisé pour la digestion anaérobie sèche (Dry-ACD) des résidus de culture (CM) et de riz (RS) avec ajout de biochar est présenté sur la figure

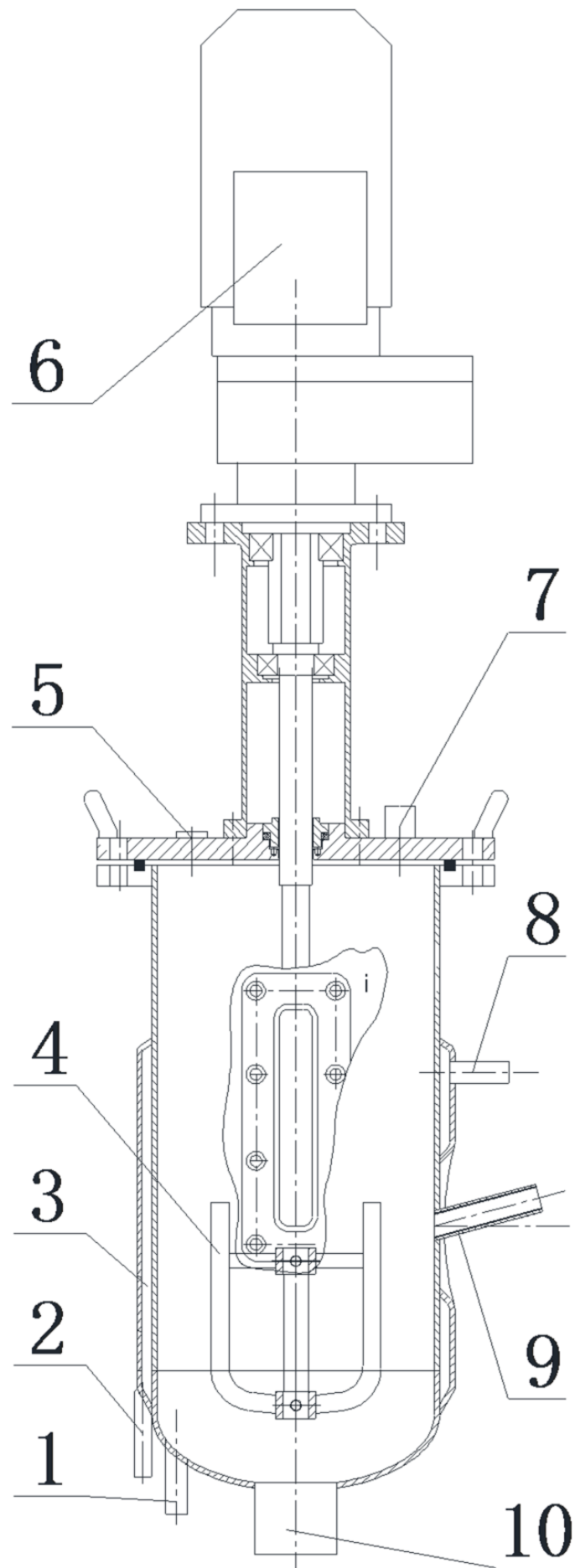
[1](#). Chaque cuve de digestion a un volume de 5 L et le dispositif comprend quatre cuves.

Le réacteur est équipé d'un système d'agitation mécanique, d'un système d'isolation par bain-marie, et d'un système de surveillance en ligne du pH et de la température.

De plus, il est doté d'un automate programmable (PLC) permettant la surveillance en temps réel, le contrôle du fonctionnement et la lecture des données. Un agitateur à palettes à vitesse variable (60 tr/min) est installé dans chaque cuve afin d'assurer un mélange homogène du mélange solide-liquide.

L'agitation est programmée par cycles de 15 minutes (15 min marche / 15 min arrêt) pour éviter la sédimentation des substrats solides (RS, CM) et du biochar, tout en minimisant une aération excessive susceptible d'inhiber l'activité microbienne anaérobie.

Fig. 1



Vue en coupe d'un dispositif de dosage automatique

1. Sonde de surveillance de la température

2. Tuyau d'entrée
3. Enveloppe d'eau de régulation de température
4. Pale d'agitation
5. Entrée d'alimentation
6. Moteur électrique
7. Orifice d'échappement (relié au débitmètre)
8. Tuyau de sortie 9. Sonde de pH 10. Orifice de décharge

Comme indiqué dans le tableau 2, quatre traitements (CK, C1, C2, C3) ont été mis en place avec des dosages de biochar variables, tandis que les autres paramètres clés sont restés constants.

Cliquer ici pour visualiser le tableau 2

<https://link.springer.com/article/10.1186/s40643-025-01003-2/tables/2>

Dans chaque digesteur, les matières sèches (RS, 260 g MS) et les matières carbonées (CM, 400 g MS) ont été mélangées afin d'atteindre un rapport C/N cible de 30 (rapports réels : 30,42–31,30, tableau

2), en tirant parti de la complémentarité des rapports C/N des RS (riche en carbone) et des CM (teneur modérée en azote) pour optimiser l'apport de nutriments aux micro-organismes.

Tableau 2. Plan expérimental de la co-digestion anaérobie sèche de paille de riz avec du fumier de vache et du biochar comme additif

Comme indiqué dans le tableau 2, du biochar a été ajouté à quatre digesteurs du réacteur à différents dosages (0, 1,25, 3,75 et 5 g·L⁻¹ de suspension), le dosage correspondant à la masse de biochar sec par litre de suspension de digestion. Les dosages de biochar ajoutés étaient de 0 (CK, témoin), 1,25 (C1), 3,75 (C2) et 5,00 (C3) g·L⁻¹ de suspension (masse de biochar sec par litre de suspension de digestion).

Le volume total de suspension de digestion dans chaque digesteur a été ajusté à 4 L (pour correspondre au volume de 5 L du digesteur et à une teneur en matières sèches de 15 %).

Les masses de biochar ajoutées étaient donc respectivement de 0 g, 5 g, 15 g et 20 g par digesteur.

L'inoculum a été ajouté à raison de 20 % (sur la base de la masse sèche), soit 80 g de matière sèche par cuve, assurant ainsi une biomasse microbienne suffisante pour initier la digestion. Les cuves de fermentation ont ensuite été scellées et incubées pendant 38 jours à 35 ± 0,5 °C grâce à un bain-marie thermostaté automatique. Des échantillons en triple ont été prélevés dans chaque cuve aux jours 0, 5, 10, 15, 20, 25, 30 et 37 pour des analyses ultérieures (par exemple, teneur en matière sèche/matière volatile, concentration en acides gras volatils, séquençage de la communauté microbienne), tandis que la production de biogaz était suivie quotidiennement par un capteur de surveillance en ligne.

Afin d'éliminer les erreurs expérimentales, tous les traitements ont été réalisés en triple, et des témoins négatifs (inoculum seul, sans substrat ni biochar) ont été inclus pour corriger la production de biogaz due à l'inoculum lui-même.

Méthodes analytiques

Propriétés physico-chimiques

La production journalière de biogaz de chaque digesteur a été mesurée en temps réel grâce à un débitmètre de gaz en ligne, et la teneur en méthane du biogaz a été contrôlée quotidiennement par un détecteur portable de CH₄ (Shenzhen Keernuo, Chine).

Les teneurs en cellulose, hémicellulose et lignine ont été analysées selon la méthode de Van Soest (Yan et al., 2015).

Le pH et la température des digesteurs ont été enregistrés en temps réel par une électrode de pH à gel de verre et un capteur de température en ligne.

La teneur en CH₄ a été mesurée à l'aide d'un analyseur de méthane portable (Modèle : GASTiger2000, Shenzhen Wandu Technology Co., Ltd.). Les matières sèches totales (MST) et les matières volatiles (MV) des matériaux ont été déterminées par les méthodes de détection normalisées (APHA, 1998). Les teneurs en carbone total et en azote total des matières premières ont été analysées par un analyseur élémentaire (Li et al., 2015b).

Dosage de l'hémicellulose, de la cellulose et de la lignine : analyse réalisée par la méthode de van Soest (extraction séquentielle des fibres au détergent neutre (NDF), des fibres au détergent acide (ADF) et de la lignine au détergent acide (ADL) (Syauqi et al., 2024)).

Toutes les expériences ont été menées en trois exemplaires. La spectroscopie FT-IR a été utilisée pour analyser les propriétés chimiques des digestats des différents groupes ; les spectres ont été enregistrés entre 400 et 4 000 cm⁻¹.

Analyse de la diversité des communautés microbiennes

Des échantillons de résidus de biogaz et de fumier de vache ont été sélectionnés pour l'analyse de la communauté microbienne. Le gène de l'ARN ribosomique 16S des bactéries, dans les régions V1 à V9, a été amplifié par PCR à l'aide du kit d'amplification d'ADN (Omega Bio-tek, Norcross, GA, États-Unis). La PCR a utilisé les amorces 27F 5'-AGRGTTYGATYMTGGCTCAG-3' et 1492R 5'-RGYTACCTTGTTACGACTT-3' et le protocole suivant : 95 °C pendant 2 min, puis 27 cycles à 95 °C pendant 30 s, 55 °C pendant 30 s et 72 °C pendant 60 s, et une extension finale à 72 °C pendant 5 min.

Les réactions de PCR ont été réalisées en triplicata dans un volume réactionnel de 20 µL contenant 4 µL de tampon FastPfu 5×, 2 µL de dNTP à 2,5 mM, 0,8 µL de chaque amorce (5 µM), 0,4 µL de polymérase FastPfu et 10 ng d'ADN matrice. Les amplicons ont été extraits de gels d'agarose à 2 % et purifiés à l'aide du kit d'extraction d'ADN sur gel AxyPrep (Axygen Biosciences, Union City, CA, États-Unis) selon les instructions du fabricant.

Les banques SMRTbell ont été préparées à partir de l'ADN amplifié par ligation à extrémités franches, conformément aux instructions du fabricant (Pacific Biosciences).

Les banques SMRTbell purifiées, issues des échantillons regroupés et indexés, ont été séquencées sur une seule cellule PacBio Sequel II.

Le séquençage de tous les amplicons a été réalisé par Shanghai Biozeron Biotechnology Co. Ltd (Shanghai, Chine).

Une analyse de raréfaction basée sur Mothur v.1.21.1 a été réalisée afin de déterminer les indices de diversité, notamment les indices de Chao, ACE et Shannon (Schloss et al., [2009](#)).

Une analyse de variance à un facteur (ANOVA) suivie du test post-hoc de Tukey a été utilisée pour comparer les indices de diversité alpha entre les groupes ($p < 0,05$).

Les phylums principaux présentant une abondance relative ≥ 1 % dans au moins un groupe de traitement ont été exclus. L'association entre ces phylums et les gènes fonctionnels portés par les hôtes de gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) a ensuite été validée à partir de la littérature publiée et de la base de données CARD (Shan et al., [2023](#) ; Yang et al., [2021a](#) ; Zhang et al., [2023](#)).

Les phylums peu abondants ($< 0,5$ %) ou ceux pour lesquels aucune preuve fonctionnelle d'être des hôtes d'ARG n'a été démontrée ont été exclus de l'analyse du risque lié aux ARG. L'indice de risque de détection des ARG a été calculé comme suit, à partir de la probabilité de détection des ARG validée fonctionnellement :

Une analyse de corrélation de Pearson a été réalisée pour évaluer la relation entre l'abondance du phylum de base et le risque potentiel d'ARG ($n = 4$, niveau de signification $p < 0,05$).

Résultats et discussion

Production de biogaz

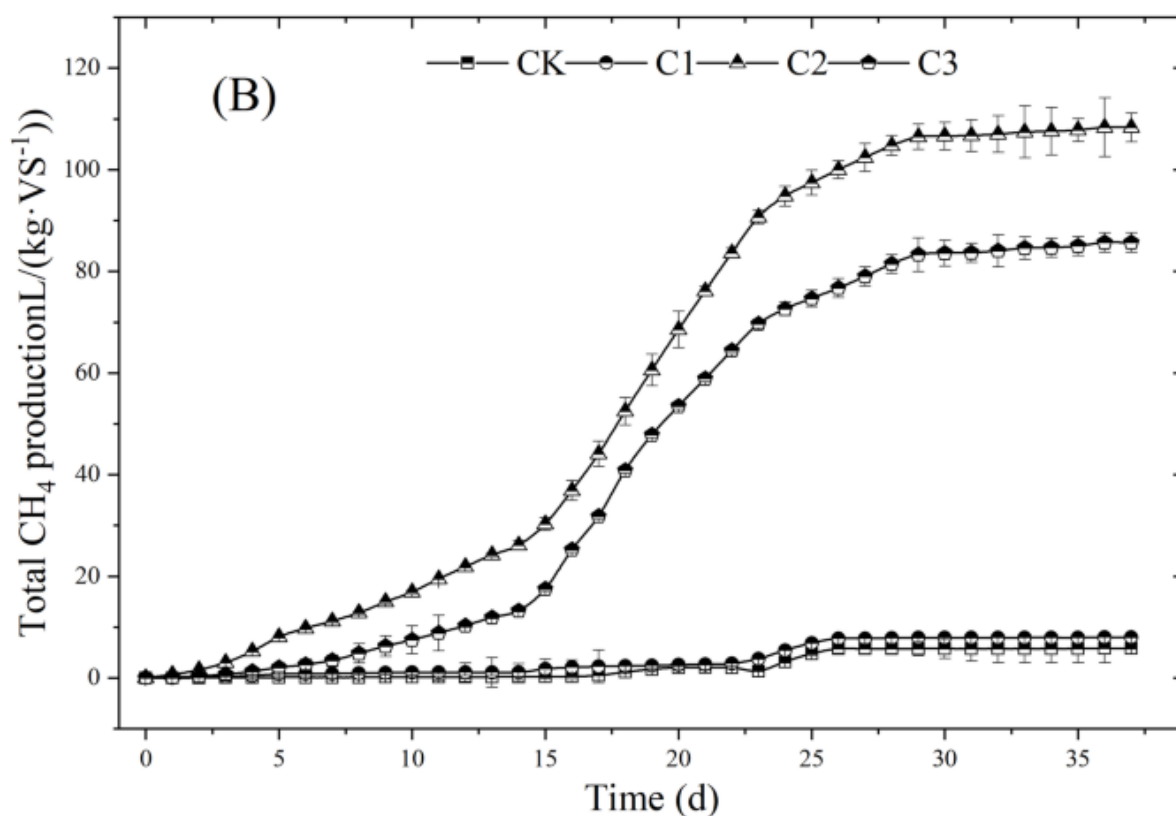
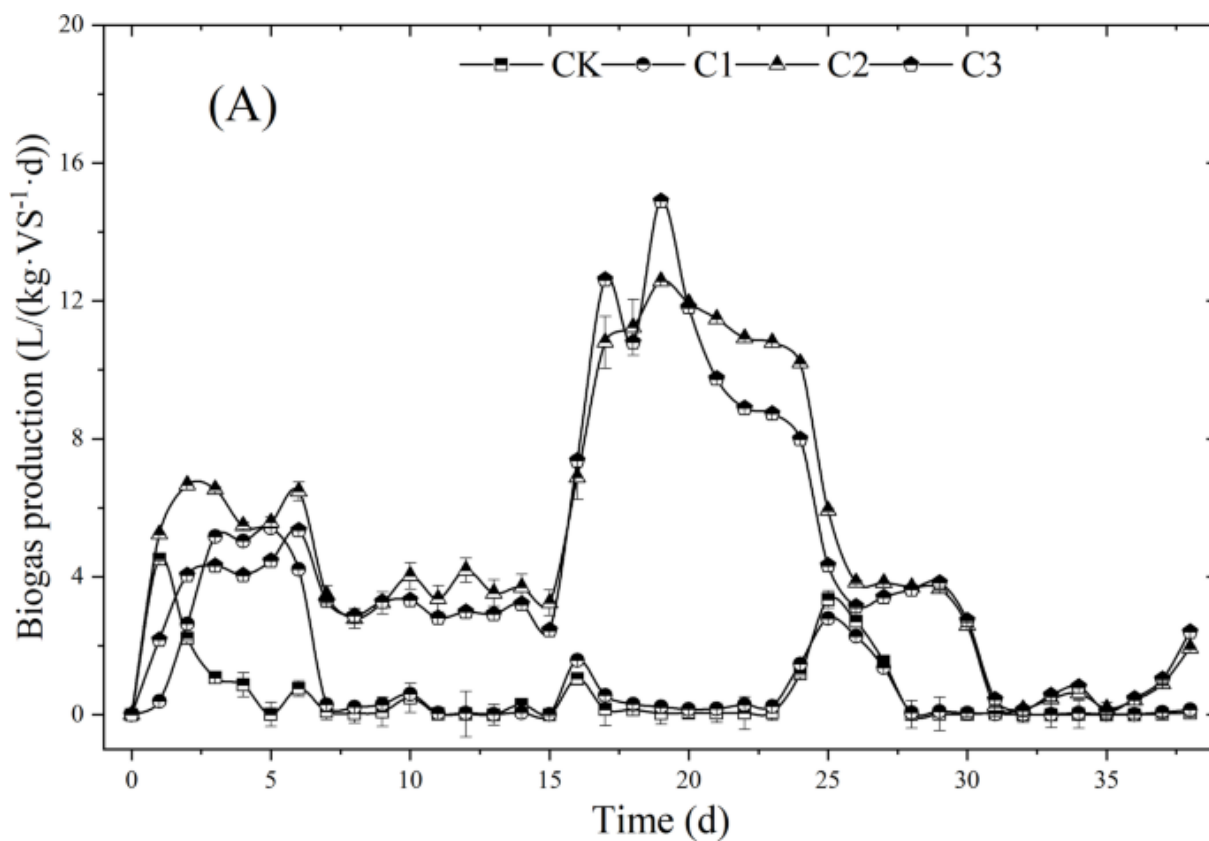
La production journalière de biogaz des différents traitements avec ajout de biochar lors du procédé Dry-ACD est présentée dans la figure [2A](#) .

La production de biogaz de tous les traitements était principalement concentrée lors du second pic du processus de digestion, tandis que le premier pic n'apparaissait que 2 à 6 jours après le début du traitement.

Durant le premier pic, la digestion se situait au stade d'hydrolyse. Le second pic correspondait au stade de méthanogenèse, avec des teneurs en méthane comprises entre 50 et 65 % (voir figure [S1](#)).

La digestion était alors à l'équilibre, fournissant un biogaz à teneur stable en méthane (Zhang et al., [2015](#)).

Fig. 2



La production journalière de biogaz (A) et les rendements cumulés en CH_4 (B) des différents traitements

[Image en taille réelle](#)

La production de biogaz variait significativement selon la proportion de biochar ajoutée.

Le premier pic d'hydrolyse de la biomasse lignocellulosique dans le témoin (CK) est apparu au jour 2, suivi d'une diminution rapide de la production de biogaz et d'une phase de latence au jour 5.

En revanche, les premiers pics d'hydrolyse dans les traitements C1, C2 et C3 ont tous été retardés jusqu'au jour 8.

Comparées au témoin (CK), les durées des premiers pics dans les traitements C1, C2 et C3 étaient nettement prolongées, ce qui indique une hydrolyse accrue grâce à la dégradation facilitée des substances lignocellulosiques par l'ajout de biochar. La production de biogaz a atteint des valeurs maximales au jour 16 dans les traitements C2 et C3, assurant ainsi un approvisionnement stable en biogaz pendant environ 15 jours.

Dans les traitements CK et C1, les valeurs maximales ont été retardées jusqu'aux jours 19-20, avec une durée de pic réduite à 10 jours.

Ceci pourrait s'expliquer par le fait que l'ajout de biochar favorise la production de méthane et que la croissance des micro-organismes contribue à réduire le temps de production de biogaz et à augmenter la durée d'approvisionnement stable en biogaz (Yang et al., [2021b](#)).

Ainsi, un dosage approprié de $3,75$ à $5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ de biochar en suspension (par rapport à la matière sèche) pourrait accroître le rendement en biogaz et réduire la durée de la phase de latence de l'acidification hydrolytique.

Les rendements cumulés en CH_4 sont présentés dans la figure [2B](#) . Les rendements cumulés en biogaz des traitements C2 et C3 étaient nettement supérieurs à ceux des autres traitements. Au cours de la digestion, les rendements cumulés en biogaz des traitements CK et C1 n'étaient que de $5,78 \text{ L}/(\text{kg} \cdot \text{VS}^{-1})$ et $7,97 \text{ L}/(\text{kg} \cdot \text{VS}^{-1})$, respectivement, tandis que ceux des traitements C2 et C3 étaient 18,7 et 14,8 fois supérieurs à celui du traitement CK.

Ce résultat indique que la production de biogaz a été fortement inhibée dans les traitements CK et C1, probablement en raison d'une diminution de l'efficacité du transfert de masse.

Cette diminution a entraîné un faible pH et une perturbation de la biodégradation du substrat, influençant ainsi l'efficacité de la transformation et limitant la production de biogaz (Fagbohunge et al., [2017](#)).

Par conséquent, l'ajout de biochar améliore la stabilité de la réaction en adsorbant les inhibiteurs tels que les acides gras volatils (AGV), l'ammoniac et le limonène, ce qui réduit la période de latence et améliore la production de gaz (Pan et al., [2019](#)). Ainsi, un ajout approprié de biochar favorise la production de méthane et la croissance des micro-organismes, et atténue l'inhibition pour accroître la production de biogaz.

Dans cette étude, le traitement C2 avec un ajout de $3,75 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ de biochar en suspension s'est avéré optimal pour une production efficace de biogaz.

Changement des AGV et du pH

La figure [3](#) illustre l'évolution du pH et de la concentration en acides gras volatils (AGV) pour tous les traitements.

Les valeurs de pH se situaient entre 5,0 et 5,7. Le pH du traitement C2 a rapidement chuté à 4,7 au jour 16, puis a atteint 5,3 au jour 22, tandis que celui du traitement témoin (CK) a diminué lentement jusqu'à 4,7 au jour 18, avant de se stabiliser autour de 5,1.

Ce faible pH ($< 5,5$) observé dans cette étude est une caractéristique inhérente au système : la dose plus élevée de fumier de vache que de paille de riz confère au substrat une richesse en matière organique facilement dégradable (comme les glucides et les protéines solubles), induisant une acidogenèse rapide en début de réaction (Hu et al., [2025](#)).

Par ailleurs, l'absence d'ajout de tampons externes, afin de ne pas interférer avec l'efficacité du biochar, a entraîné une accumulation rapide d'AGV dépassant la capacité tampon initiale du système, aboutissant ainsi à un milieu acide.

Les résultats ont révélé une inhibition acide marquée dans le témoin (CK, sans ajout de biochar), inhibition atténuée dans le traitement C2 par l'ajout de biochar, ce qui concorde avec les performances de production de biogaz.

Les tendances opposées des variations de pH et de concentration en AGV indiquent que la diminution du pH est uniquement due à la production d'AGV (Li et al., [2015a](#)). Les concentrations d'AGV dans les différents traitements étaient comprises entre 2020 et 3060 mg/L, supérieures à celle du témoin (CK), qui était de 1323 mg/L au jour 6.

Après 16 jours, les concentrations d'AGV dans les traitements avec ajout de biochar ont diminué de façon notable.

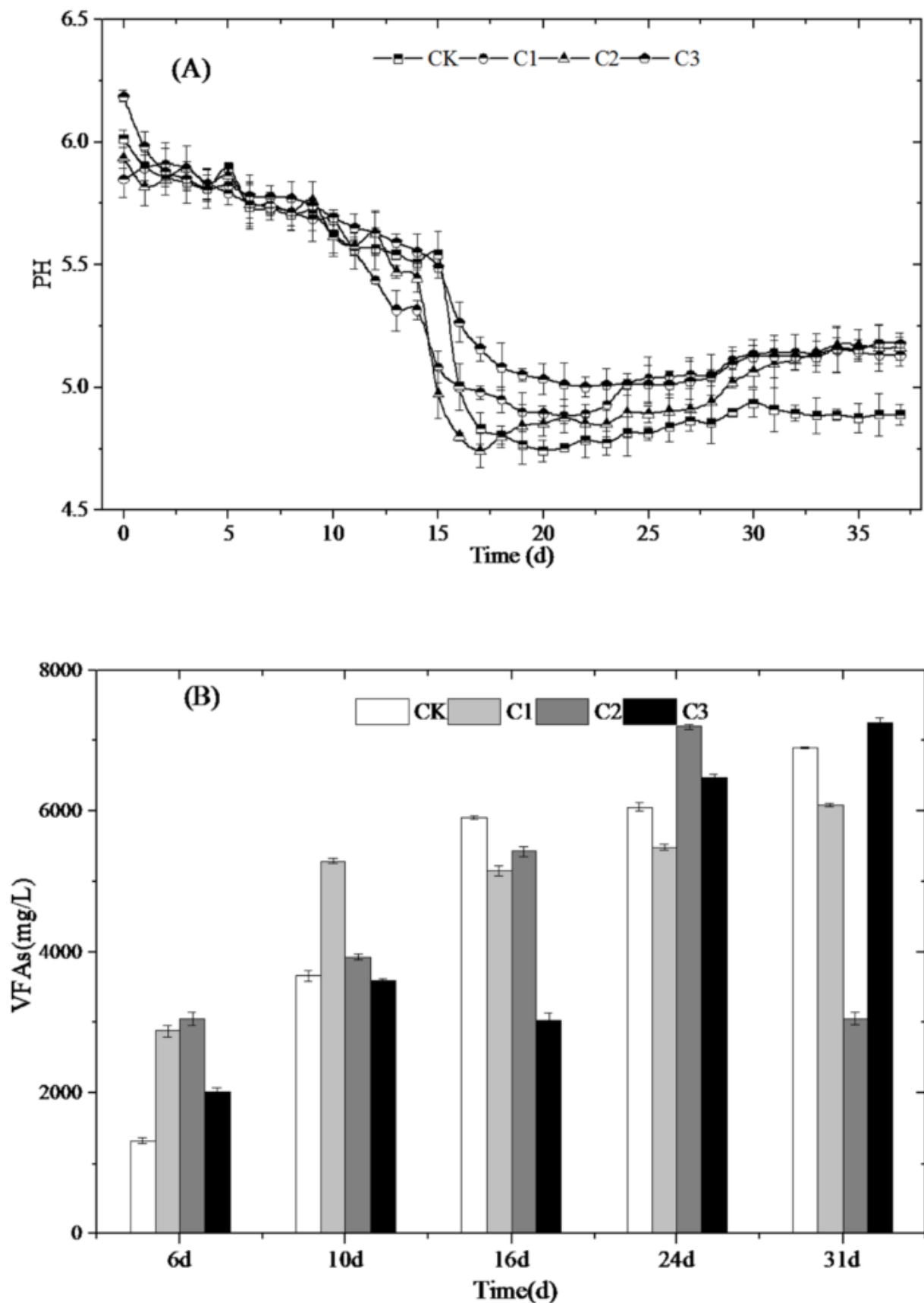
Des études antérieures ont montré qu'une concentration élevée d'AGV n'est pas bénéfique à la production de méthane ultérieure et que la dégradation de la cellulose peut être inhibée à une concentration supérieure à 2000 mg/L (Zhang et al., [2016](#)).

Ces résultats indiquent que les AGV étaient produits par la dégradation de la cellulose avant le jour 16 et que l'ajout de biochar a probablement contribué à cette dégradation.

Après 16 jours en phase méthanogène, la concentration en acides gras volatils (AGV) dans le biochar C2 dépassait 2 000 mg/L, favorisant la production de méthane et la dégradation de la cellulose, tandis que dans le biochar C3, elle dépassait 6 000 mg/L, inhibant la production de méthane.

Ainsi, un dosage approprié de $3,75$ à $5 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ de biochar en suspension permet de maintenir une concentration modérée d'AGV afin d'éviter l'acidification, tout en s'appuyant sur l'alcalinité intrinsèque du système (par exemple, bicarbonates, carbonates) pour assurer une capacité tampon stable.

Fig. 3



Évolution du pH et des AGV suite aux différents traitements ; **A** pH ; **B** AGV

[Image en taille réelle](#)

Analyse des performances du système digestif

Dégradation de la cellulose, des hémicelluloses et de la lignine

Les teneurs en cellulose, hémicelluloses, lignine et fibres au détergent neutre (NDF) des digestats obtenus lors du procédé Dry-ACD sont présentées dans la figure 4.

Les rendements de dégradation de la paille de riz et du fumier de vache ont été déterminés, et l'effet de l'ajout de biochar sur la dégradation a été évalué. La teneur en NDF dans C1 était de 71,38 %, soit 1,09 et 1,27 fois supérieure à celle de C2 et C3, respectivement, ce qui indique que les taux de dégradation lignocellulosique ont été significativement augmentés par l'ajout de biochar.

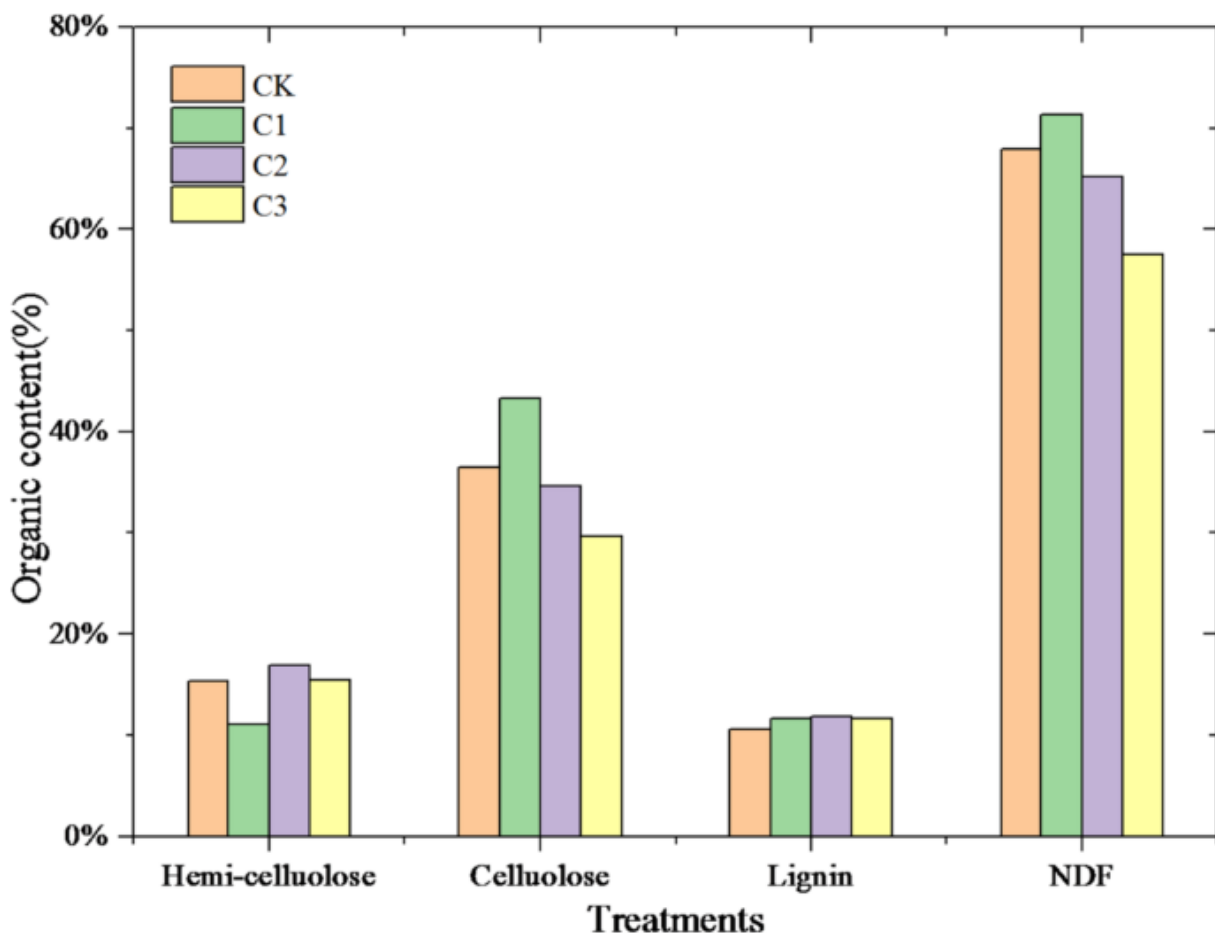
Les teneurs en lignine dans les différents traitements se situaient entre 10,57 et 11,88 %, la lignine étant plus difficile à dégrader que les composés lignocellulosiques et cellulosiques en conditions anaérobies (Du et al., 2019).

Cependant, les teneurs en hémicelluloses et en cellulose présentaient des différences significatives. La teneur en hémicellulose du groupe C1 (11,67 %) était significativement inférieure à celle des autres groupes (15,31 % pour CK, 16,86 % pour C2 et 15,45 % pour C3), suggérant que l'hémicellulose pourrait être un composant relativement plus facilement dégradable en cas d'ajout insuffisant de biochar (groupe C1).

La teneur en cellulose du groupe CK était de 36,45 %, tandis que celle des groupes C2 et C3 était respectivement de 34,58 % et 29,61 %, indiquant une dégradation significative de la cellulose avec l'augmentation de la teneur en biochar.

Par conséquent, la production de biogaz dans les groupes C2 et C3 provenait de la dégradation de la cellulose, ce qui confirme la conclusion d'une production optimale de biogaz.

Fig. 4



Teneur en cellulose, hémicelluloses et lignine des digestats après digestion anaérobie

Afin de vérifier l'amélioration de la dégradation de la cellulose par le biochar, l'analyse FT-IR a été utilisée pour identifier les groupes fonctionnels des digestats issus des différents traitements (Fig. 5).

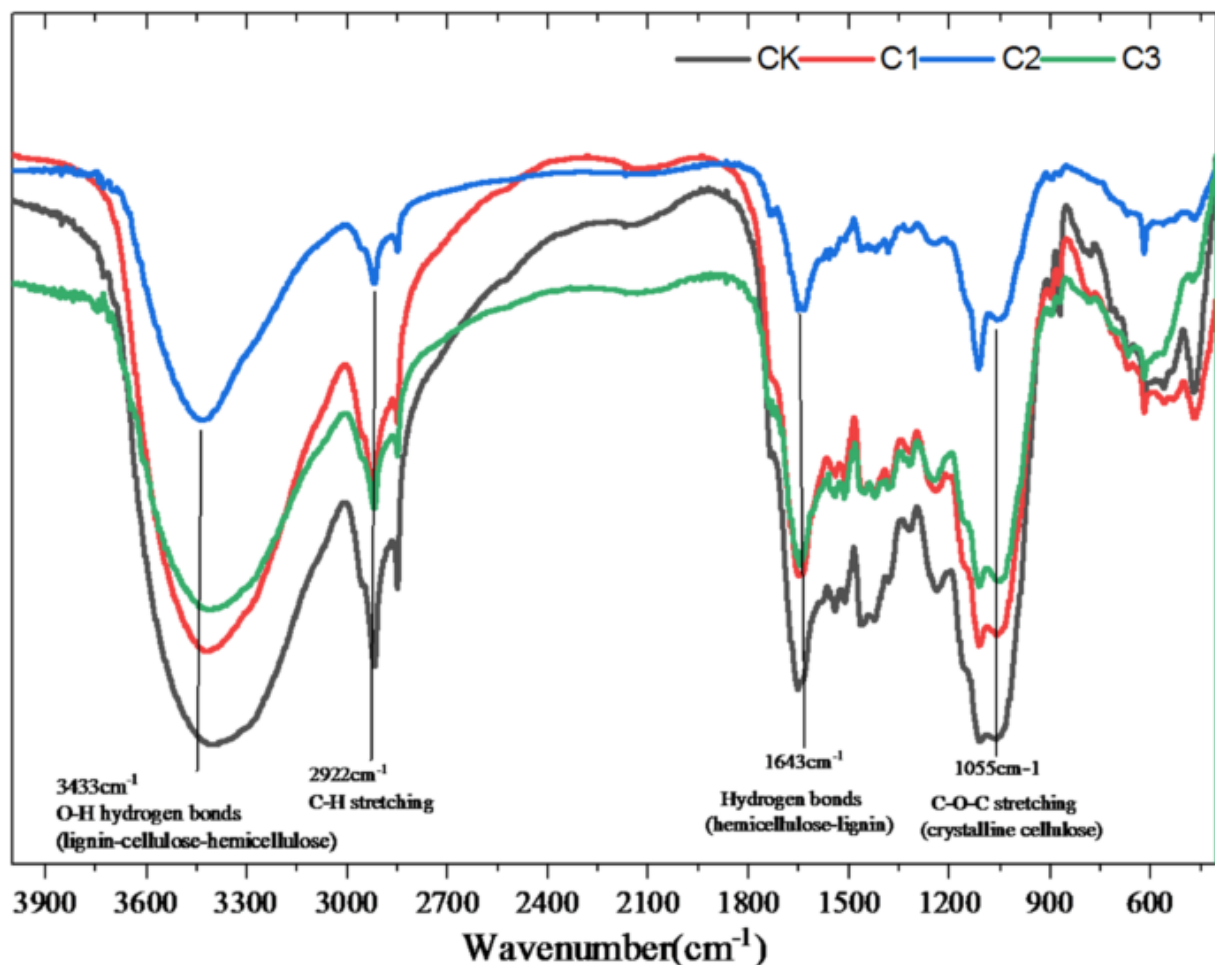
Les pics caractéristiques de C2 et C3 sont nettement moins intenses que ceux de C1 et du témoin (CK) à 3433 cm^{-1} , ce pic d'absorption correspondant aux liaisons hydrogène entre la lignine, la cellulose et l'hémicellulose (Ao et al., 2020 ; Luo et al., 2018).

Ce résultat indique que l'ajout de biochar améliore efficacement la dégradation de la structure des faisceaux de cellulose.

Le pic caractéristique à 1648 cm^{-1} dans C1 est moins intense que les pics d'absorption entre C2 et C3. Ce pic correspond aux liaisons hydrogène entre l'hémicellulose et la lignine (Jiang et al., 2015), ce qui confirme que la production de biogaz dans C1 provient de la dégradation des hémicelluloses. De plus, le pic à 1055 cm^{-1} était significativement atténué dans C2, indiquant la dégradation et la destruction de la structure cristalline (Jiang et al., 2015).

Comparés au témoin (CK), les pics des différents traitements avec ajout de biochar étaient encore plus modifiés, et le pic était le plus faible, notamment pour C2. On peut en conclure que l'ajout de biochar favorise la dégradation de la cellulose cristalline, ce qui concorde avec les résultats de dégradation de la cellulose.

Fig. 5



Spectroscopie FT-IR des groupes fonctionnels parmi les digestats de différents groupes

[Image en taille réelle](#)

Afin de vérifier pleinement l'effet stimulant du biochar sur la dégradation de la cellulose, un rapport cellulose/lignine semi-quantitatif (basé sur le rapport d'intensité du pic caractéristique de la cellulose à 1050 cm^{-1} sur celui de la lignine à 1643 cm^{-1}) a été introduit à partir de l'analyse des pics des groupes fonctionnels. Combiné aux variations de position des pics, ce rapport a permis une interprétation multidimensionnelle du mécanisme de dégradation de la lignocellulose. Les rapports cellulose/lignine des échantillons CK, C1, C2 et C3 sont respectivement de 0,47, 0,56, 0,86 et 0,73.

Le groupe C2 présente le rapport le plus élevé (0,8653), soit une augmentation de 84,7 % par rapport à CK.

Ces résultats concordent parfaitement avec les observations précédentes (affaiblissement du pic de cellulose cristalline à 1055 cm^{-1} et disparition du pic de liaison hydrogène à 3433 cm^{-1}), confirmant ainsi que le procédé C2 est optimal pour favoriser la dégradation sélective de la cellulose.

Un rapport cellulose/lignine élevé indique une teneur résiduelle en cellulose réduite par unité de masse de lignine, ce qui signifie que la vitesse de dégradation de la cellulose est significativement supérieure à celle de la lignine.

La lignine possédant une structure stable et une forte résistance à la dégradation, le biochar accélère la dégradation et la consommation de la cellulose en perturbant ses structures agrégées (réseaux de liaisons hydrogène, régions cristallines, etc.), ce qui entraîne une augmentation du rapport cellulose/lignine.

Effet de l'ajout de biochar sur la communauté microbienne et la production de biogaz.

Communauté bactérienne dans chaque groupe

Suite à l'analyse des propriétés physico-chimiques mentionnées précédemment, l'ajout de biochar pourrait améliorer la dégradation de la cellulose.

Afin d'explorer les causes de ce phénomène, l'abondance relative des communautés bactériennes (au niveau du genre) a été étudiée dans tous les traitements, comme illustré sur la figure [6A](#).

Dans le témoin (CM), les genres majoritaires étaient *Pseudomonas* (11,93 %), *Pusillimonas* (6,24 %), *Fastidiosipila* (5,44 %), *Truepera* (4,05 %), *Fermentimonas* (3,90 %), *Tissierella* (3,81 %), *Arenimonas* (3,47 %), *Aquamicrobium* (2,72 %) et *Advenella* (2,61 %).

La comparaison des variations des communautés microbiennes a révélé une augmentation de leur diversité dans tous les traitements (CK, C1, C2 et C3), avec la présence des mêmes bactéries dominantes que dans le témoin (CM).

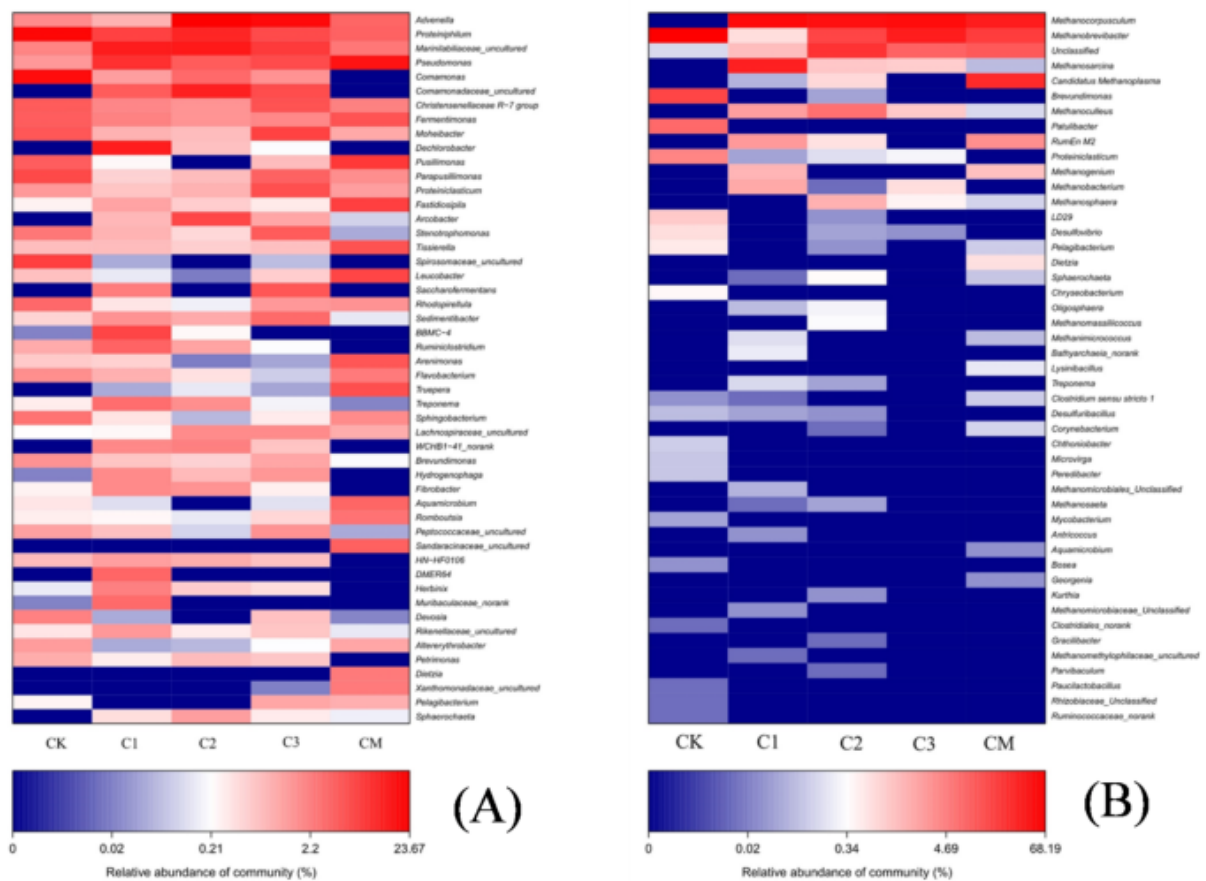
Dans ce milieu, les genres *Advenella*, *Proteiniphilum* et *Marinilabiliaceae* ont connu une augmentation remarquable, leur abondance relative dans C2 atteignant respectivement 20,39 %, 12,57 % et 9,69 %, tandis que l'abondance relative des autres bactéries dominantes dans C2 a chuté à 1 %. *Ruminofilibacter*, bactérie principalement capable d'utiliser le xylane (Krober et al., [2009](#)), était abondant, et la souche HN-HF0106 pouvait fermenter la cellulose puis dégrader les saccharides en H_2 et en acétate (Zhang et al., [2018](#)).

Les abondances relatives de *Ruminiclostridium* dans CK, C1, C2 et C3 étaient respectivement de 0,80 %, 2,83 %, 1,02 % et 0,18 %, tandis que celles de HNHF0106 étaient respectivement de 0,62 %, 0,89 %, 0,84 % et 0,58 %, cette dernière étant absente dans CM.

L'étude a également révélé que la cellulose de C2 présentait le taux de dégradation le plus élevé en raison de la variation de la communauté microbienne.

Ces résultats, combinés à ceux concernant la communauté bactérienne, expliquent l'effet de renforcement sur la production de biogaz dans le procédé Dry-ACD, dû à l'enrichissement en bactéries cellulolytiques et à la concentration de carbone métabolisé en méthane.

Fig. 6



Composition et différences des communautés bactériennes (**A**) et archéennes (**B**) au niveau du genre dans chaque groupe

Communauté d'archées dans chaque groupe

La dégradation accrue de la cellulose suggère que davantage de substrats métaboliques pourraient être utilisés par les méthanogènes, contribuant ainsi à la production de méthane (Xie et al., [2021](#)).

Afin d'identifier le facteur clé de l'augmentation des rendements en biogaz, la communauté d'archées a été analysée dans différents traitements (Fig. [6B](#)). L'abondance relative de *Methanothermobacter* était de 68,19 % et aucun autre méthanogène n'était présent dans le témoin (CK).

Cependant, l'ajout de biochar a entraîné une diminution de l'abondance relative de *Methanothermobacter* à 0,68 %, 16,40 % et 36,12 % dans les traitements C1, C2 et C3, respectivement, tandis que celle de *Methanococcus* a augmenté à 55,03 %, 47,48 % et 51,54 %, respectivement. L'abondance relative de *Methanothermobacter* et de *Methanococcus* était respectivement de 18,70 % et 37,25 % dans le fumier de bovins (CM), indiquant que l'ajout de biochar a directement enrichi *Methanococcus* et diminué *Methanothermobacter* .

Ces deux bactéries, courantes dans le fumier de bovins et fonctionnant comme méthanogènes hydrogénotrophes, consomment du H_2 et du CO_2 pour produire du CH_4 (Ao et al., [2019](#)).

L'évolution des genres dominants de méthanogènes suggère que le biochar ajouté au système de digestion anaérobie pourrait améliorer l'activité méthanogène et la production de méthane par enrichissement direct en *Methanocorpusculum*.

De plus, l'abondance relative de *Methanoculleus*, *Methanosarcina* et *Methanosaeta* a également augmenté dans les traitements avec ajout de biochar.

Methanoculleus est non seulement un méthanogène hydrogénotrophe, mais il joue aussi un rôle spécifique dans la digestion anaérobie des milieux riches en cellulose (Li et al., 2020).

Ce rôle spécifique et l'évolution de l'abondance relative de *Methanoculleus* constituent deux autres facteurs importants de l'amélioration de la production de méthane.

Methanosarcina peut utiliser l'acétate, le H_2 / CO_2 et les composés organiques méthylés pour produire du méthane dans un système de digestion anaérobie (Fernandez-Bayo et al., [2020](#)).

Methanosaeta est un méthanogène acétolactique qui convertit l'acétate en méthane (Shintani et al., [2021](#)).

Ainsi, une meilleure performance de la production de méthane pourrait être attribuée au fait que l'ajout de biochar pourrait accroître l'abondance de *Methanosarcina*, *Methanosaeta* et *Methanoculleus*, couvrant une variété de méthanogènes.

Risques liés aux gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) des biodéchets lors de la co-digestion anaérobie sèche avec ajout de biochar

La richesse et la diversité de la communauté microbienne étaient les principaux facteurs influençant les gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) lors du processus de co-digestion anaérobie sèche (Wallace et al., [2018](#); Zhang et al., [2019](#)).

Le tableau [3](#) présente la diversité alpha des communautés microbiennes au cours de la co-digestion anaérobie.

Les séquences obtenues pour les différents traitements couvraient 93 à 98 % des espèces, démontrant ainsi l'exhaustivité de l'analyse de la communauté microbienne (Sun et al., [2019](#)).

Les indices Chao1 et ACE sont des indicateurs clés de la richesse de la communauté. Les résultats montrent que les indices de richesse des groupes C1 (Chao : 2233,91 ; ACE : 2497,17), C2 (Chao : 2302,04 ; ACE : 2568,66) et C3 (Chao : 2089,00 ; ACE : 2263,48) sont significativement supérieurs à celui du groupe témoin (CK) (Chao : 1349,58 ; ACE : 1414,18), avec des différences statistiquement significatives (Chao : $p = 0,000$; ACE : $p = 0,000$).

Ceci suggère que l'ajout de biochar est bénéfique pour améliorer la richesse de la communauté microbienne.

L'indice de Shannon est utilisé pour évaluer de manière globale la richesse et l'équitabilité de la communauté.

Le groupe C1 présente l'indice de Shannon le plus élevé (8,98). Avec l'augmentation de la quantité de biochar ajoutée, les indices des groupes C2 (8,40) et C3 (7,93) diminuent progressivement, avec des différences significatives entre les groupes ($p = 0,011^*$).

Ces résultats indiquent que la richesse et la diversité de la communauté augmentent avec une certaine quantité de biochar ajoutée, mais qu'une quantité excessive de biochar les inhibe.

Tableau 3. Diversité alpha des communautés microbiennes lors de la co-digestion anaérobie

Table de taille normale

Comme illustré sur la figure [7A](#), le système de co-digestion anaérobie (AcoD) était dominé par six phylums principaux, dont quatre phylums majeurs : les Proteobacteria (31,1–44,6 %), les Bacteroidota (22,4–38,7 %), les Firmicutes (12,7–25,3 %) et les Actinobacteriota (0,3–2,2 %).

L'abondance relative des Bacteroidota diminuait avec l'augmentation de la dose de biochar : elle était de 38,7 % dans le groupe témoin (CK) et de 22,4 % dans le groupe C3.

L'abondance relative des *Actinobacteriota* dans le groupe C2 était de 0,29 %, soit significativement inférieure à celle du groupe témoin (CK) (2,2 %).

Quant aux Firmicutes, leur abondance augmentait dans les groupes C1 et C2 enrichis en biochar, atteignant respectivement 22,8 % et 25,3 %, contre seulement 12,7 % dans le groupe témoin (CK). Concernant les Proteobacteria, leur abondance était la plus faible dans le traitement C1 (31,1 %) et la plus élevée dans le traitement C3 (44,6 %).

L'ajout de biochar a significativement modifié la structure de la communauté bactérienne dans les systèmes de co-digestion anaérobie, ce qui concorde avec des résultats antérieurs (Li et al., [2022](#)).

La diminution de l'abondance des *Bacteroidota* avec l'augmentation de la dose de biochar pourrait être attribuée à la structure poreuse de ce dernier, capable d'adsorber les substrats de prédilection des *Bacteroidota* (par exemple, les glucides complexes) (Huang et al., [2024](#)).

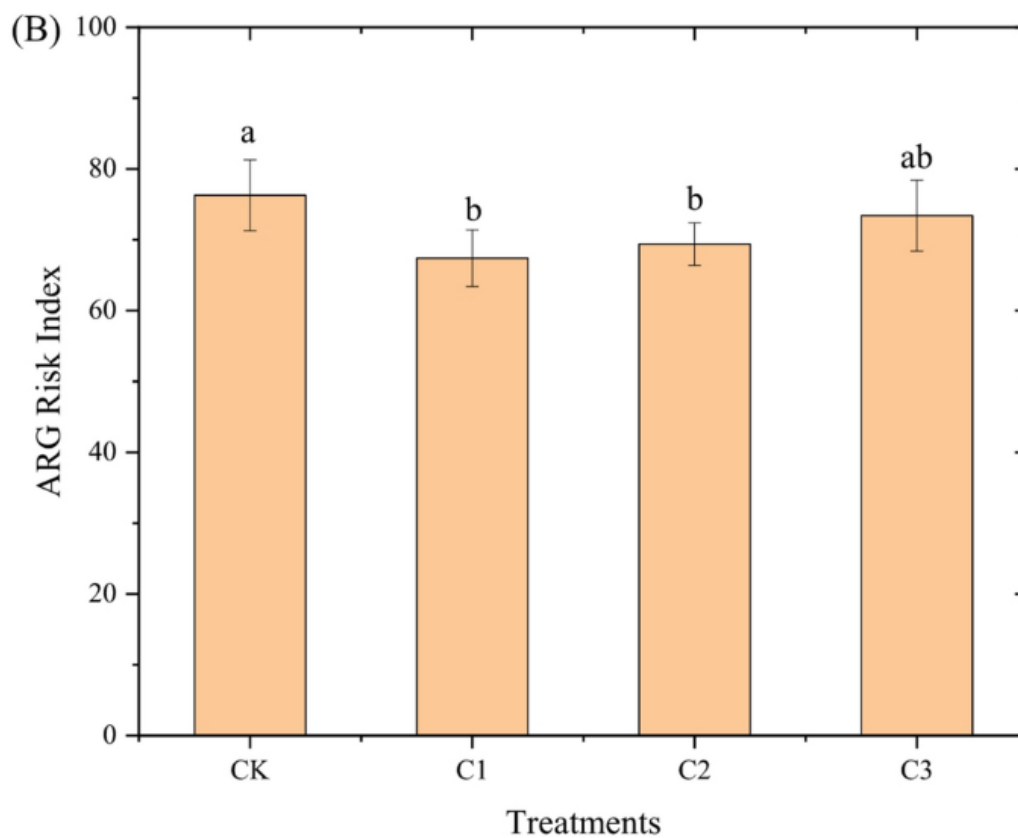
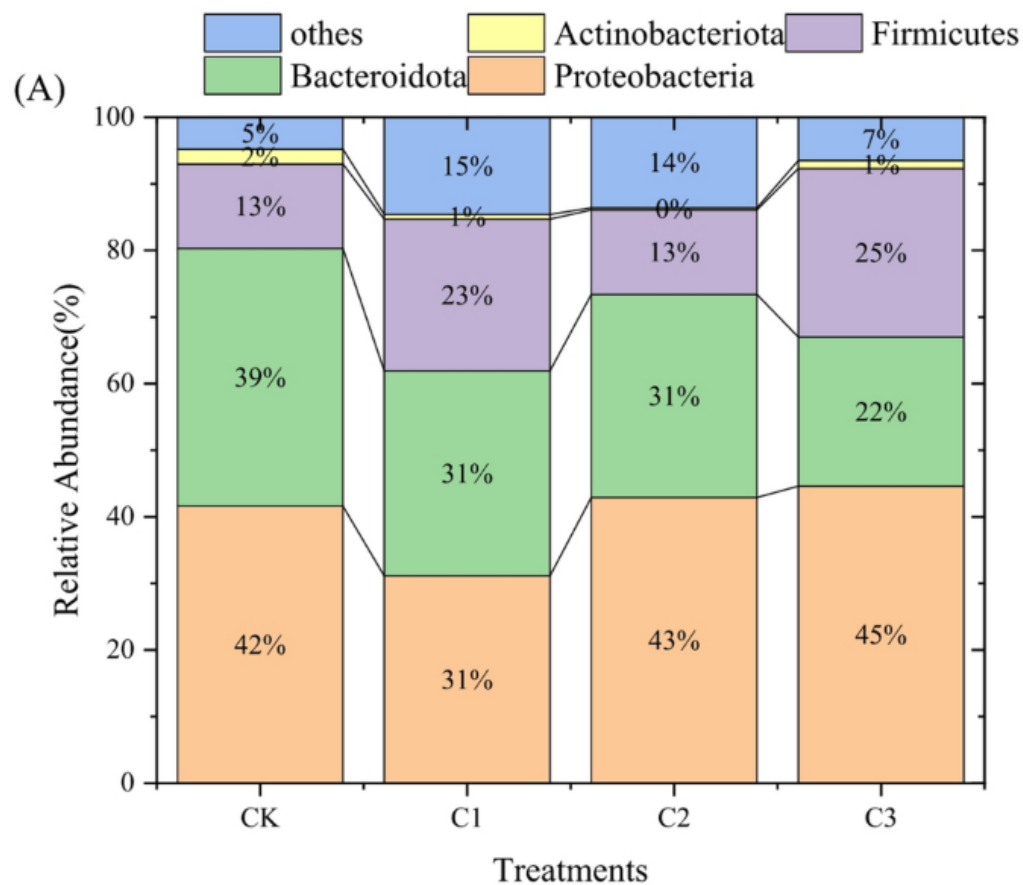
À l'inverse, les Firmicutes, un phylum acidogène clé, ont présenté une abondance accrue dans les groupes traités au biochar, ce qui pourrait stimuler la production d'acides gras volatils (AGV) et, par conséquent, favoriser la production de méthane (Liu et al., [2022](#)).

La résilience des Proteobacteria, qui ont dominé dans tous les traitements, suggère qu'elles sont moins sensibles aux perturbations induites par le biochar, probablement en raison de leur grande polyvalence métabolique.

L'indice de risque potentiel des gènes de résistance aux antibiotiques (GRA) variait significativement selon les différents traitements (Fig. [7B](#)). Plus précisément, le groupe témoin (CK) présentait l'indice de risque le plus élevé (77,48), tandis que le groupe ayant reçu une faible dose de biochar (C1) affichait l'indice le plus faible (68,79), soit une réduction de 11,2 % par rapport à CK.

En revanche, les indices de risque des groupes C2 (70,78) et C3 (75,73) étaient supérieurs à celui de C1, ce qui indique un effet de seuil dépendant de la dose.

Fig. 7



Risques liés aux gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) dans les biodéchets lors de la co-digestion anaérobie sèche avec ajout de biochar. Abondance relative (**A**) ; indice de risque des ARG (**B**).

L'analyse de corrélation de Pearson a révélé de fortes associations entre l'abondance des phyla principaux et le risque potentiel d'ARG (Fig. [S2](#)). Les *Bacteroidota* ont montré une corrélation positive significative avec le risque d'ARG ($r = 0,92$, $p = 0,028$), suggérant qu'ils en sont le principal facteur.

Les Proteobacteria ont également montré une forte corrélation positive avec le risque d'ARG ($r = 0,79$, $p = 0,091$), proche du seuil de signification statistique ($p < 0,1$). En revanche, les Firmicutes ($r = 0,08$, $p = 0,905$) et les *Actinobacteriota* ($r = 0,67$, $p = 0,168$) n'ont montré aucune corrélation significative avec le risque d'ARG.

Il est à noter que le traitement au biochar à faible dose (C1) s'est avéré le plus efficace pour atténuer les risques potentiels d'ARG.

Le biochar a réduit l'abondance des *Bacteroidota*, identifiés comme principaux hôtes des gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) ($r = 0,92$, $p = 0,028$), diminuant ainsi la quantité totale d'ARG dans le système.

L'augmentation du risque d'ARG observée dans les groupes ayant reçu une forte dose de biochar (C2/C3) pourrait être attribuée à l'enrichissement en Proteobacteria (hôtes secondaires des ARG), qui compense l'effet bénéfique de la réduction de l'abondance des *Bacteroidota*.

Ce résultat souligne l'importance d'optimiser le dosage du biochar afin d'équilibrer la régulation de la communauté microbienne et la réduction du risque d'ARG dans les systèmes concernés.

Conclusion

Dans le procédé de digestion anaérobie sèche (Dry-ACD) appliqué aux résidus de culture (CM) et de culture (RS), l'ajout d'une dose appropriée de biochar (3,75–5 g·L⁻¹, en équivalent matière sèche) s'est avéré être le facteur clé pour optimiser le rendement en biogaz.

La méthanogenèse a été améliorée grâce à la structure poreuse et aux propriétés d'aromatisation du biochar, qui favorisent la dégradation des faisceaux de cellulose et maintiennent les concentrations d'acides gras volatils (AGV) dans une plage optimale, renforçant ainsi le pouvoir tampon du système de digestion anaérobie.

L'amendement au biochar accroît la richesse et la diversité de la communauté microbienne à des doses appropriées, tout en modifiant la structure de la communauté bactérienne (réduction de l'abondance des *Bacteroidota* et augmentation de celle des Firmicutes).

Une faible dose de biochar (C1) a permis d'obtenir une réduction optimale du risque lié aux gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) (11,2 % de réduction par rapport au témoin) en inhibant les *Bacteroidota*, principaux hôtes des ARG ($r = 0,92$, $p = 0,028$).

En revanche, des doses élevées (C2/C3) ont réduit l'efficacité de cette réduction en raison de l'enrichissement en Proteobacteria.

Disponibilité des données

Les données et les documents ont été présentés dans le manuscrit et les documents complémentaires.

Références

- Ao TJ, Li RL, Chen YC, Li C, Li ZD, Liu XF, Ran Y, Li D (2019) Digestion thermophile anaérobie des drêches de distillerie aromatisées au Maotai :

performance du procédé et dynamique de la communauté microbienne. *Energ Fuel* 33 : 8804–8811

[Article CAS Google Scholar](#)

- Ao T, Luo Y, Chen Y, Cao Q, Liu X, Li D (2020) Vers le zéro déchet : valorisation du lavage, de la séparation et du prétraitement consécutif à l'eau chaude liquide pour une bioraffinerie à base de vinasse solide. *J Clean Prod* 248 :119253
- APHA A-APHAJU (1998) Méthodes normalisées pour l'analyse des eaux et des eaux usées
- Du J, Qian YT, Xi YL, Lu XW (2019) Prétraitement hydrothermique et thermique alcalin à température modérée en phase solide pour l'étude des propriétés physico-chimiques et la production de biogaz par digestion anaérobie de la paille de riz. *Renew Energ* 139:261–267

[Article CAS Google Scholar](#)

- Fagbohunge MO, Herbert BMJ, Hurst L, Ibeto CN, Li H, Usmani SQ, Semple KT (2017) Les défis de la digestion anaérobie et le rôle du biochar dans son optimisation. *Waste Manag* 61:236–249

[Article CAS Google Scholar](#)

- Fernandez-Bayo JD, Simmons CW, VanderGheynst JS (2020) Caractérisation de la structure de la communauté microbienne du digestat après digestion anaérobie thermophile avec différents niveaux de déchets verts et alimentaires. *J Ind Microbiol Biot* 47:1031–1044

[Article CAS Google Scholar](#)

- Ge XM, Xu FQ, Li YB (2016) Digestion anaérobie en phase solide de la biomasse lignocellulosique : progrès récents et perspectives. *Bioresource Technol* 205 : 239–249

[Article CAS Google Scholar](#)

- He LY, Ying GG, Liu YS, Su HC, Chen J, Liu SS, Zhao JL (2016) Le rejet des effluents porcins présente des risques pour la qualité de l'eau et la sécurité alimentaire : antibiotiques et gènes de résistance aux antibiotiques, des sources porcines aux milieux récepteurs. *Environ Int* 92–93 : 210–219

[Article PubMed Google Scholar](#)

- Hu J, Liu CG, Zhang WK, Liu XW, Dong B, Wang ZD, Xie YG, Hua ZS, Liu XW (2025) Décomposition de la complexité moléculaire et transformation de la matière organique dissoute pour des bioprocédés anaérobies innovants. *Nat Commun* 16:4859

[Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar](#)

- Huang Z, Bian F, Wang Z, Zhu J, Zhang X, Wang J, Gai X, Zhong Z (2024) Les micro-organismes facilitent la remédiation des sols salins-alcalins par le biochar : propriétés du sol, communautés microbiennes et réponses des plantes. *Land Degrad Dev* 35 : 3567–3578

[Article Google Scholar](#)

- Jiang ZC, Yi J, Li JM, He T, Hu CW (2015) Effet promoteur du chlorure de sodium sur la solubilisation et la dépolymérisation de la cellulose issue de matières premières de biomasse dans l'eau. Chemsuschem 8:1901–1907

[Article CAS PubMed Google Scholar](#)

- Khoshnevisan B, Duan N, Tsapekos P, Awasthi MK, Liu ZD, Mohammadi A, Angelidaki I, Tsang DC, Zhang ZQ, Pan JT, Ma L, Aghbashlo M, Tabatabaei M, Liu HB (2021) Analyse critique des technologies de bioraffinerie des déjections animales : durabilité, défis et perspectives d'avenir. Renew Sust Energ Rev 135 :110035
- Krober M, Bekel T, Diaz NN, Goesmann A, Jaenicke S, Krause L, Miller D, Runte KJ, Viehover P, Puhler A, Schluter A (2009) Caractérisation phylogénétique d'une communauté microbienne d'une usine de biogaz intégrant les séquences d'ADNr 16S d'une banque de clones et les données de séquençage métagénomique obtenues par pyroséquençage 454. J Biotechnol 142:38–49

[Article PubMed Google Scholar](#)

- Li D, Liu SC, Mi L, Li ZD, Yuan YX, Yan ZY, Liu XF (2015a) Effets du rapport des matières premières et de la charge organique sur la co-digestion anaérobie mésophile de la paille de riz et du fumier de vache. Bioresource Technol 189:319–326

[Article CAS Google Scholar](#)

- Li D, Liu SC, Mi L, Li ZD, Yuan YX, Yan ZY, Liu XF (2015b) Effets du rapport des matières premières et de la charge organique sur la co-digestion anaérobie mésophile de la paille de riz et du lisier de porc. Bioresource Technol 187:120–127

[Article CAS Google Scholar](#)

- Li Y, Zhao J, Achinas S, Zhang ZH, Krooneman J, Euverink GJW (2020) La biométhanisation du fumier de vache dans un digesteur anaérobie continu peut être améliorée par une culture de bioaugmentation contenant des bathyarchaeota. Sci Total Environ 745 :141042
- Li Y, Zhong W, Ning Z, Feng J, Niu J, Li Z (2022) Effet du biochar sur les gènes de résistance aux antibiotiques dans le système de digestion anaérobie du mycélium de Dreg résistant aux antibiotiques. Bioresource Technol 364:128052

[Article CAS Google Scholar](#)

- Liu J, Tan Y, Cheng H, Zhang D, Feng W, Peng C (2022) Fonctions des métabolites du microbiote intestinal : état actuel et perspectives d'avenir. Aging Disease 13:1106

[Article PubMed PubMed Central Google Scholar](#)

- Luo YP, Li Z, Zuo YN, Su ZS, Hu CW (2018) Effets du solvant gamma-valérolactone/H₂O sur la dégradation de *Pubescens* pour une utilisation optimale. J Agr Food Chem 66 : 6094–6103

[Article CAS Google Scholar](#)

- Ma JY, Pan JT, Qiu L, Wang Q, Zhang ZQ (2019) Le biochar induit une méthanogenèse à voies multiples et une accumulation réduite d'acide

propionique lors de la digestion anaérobie semi-continue. Bioresource Technol 293 :122026

- Menz J, Olsson O, Kummerer K (2019) Résidus d'antibiotiques dans les déjections animales : l'évaluation des risques de l'UE protège-t-elle suffisamment contre la toxicité microbienne et la sélection de bactéries résistantes dans l'environnement ? J Hazard Mater 379:120807
- Pan JT, Ma JY, Zhai LM, Luo T, Mei ZL, Liu HB (2019) Résultats de l'application du biochar pour une digestion anaérobie améliorée : une revue. Bioresource Technol 292:122058
- Pramono A, Adriany TA, Yulianingsih E, Sopiawati T, Hervani A (2021) Application combinée de compost et de biochar pour atténuer les émissions de gaz à effet de serre dans les rizières. IOP Conf Series: Earth Environ Sci 653(012109):012107

[Google Scholar](#)

- Sanchez-Monedero MA, Cayuela ML, Roig A, Jindo K, Mondini C, Bolan N (2018) Rôle du biochar comme additif dans le compostage des déchets organiques. Technologie des bioressources 247 : 1155-1164

[Article CAS Google Scholar](#)

- Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, Hollister E, Lesniewski RA, Oakley B, Parks DH, Robinson CJ (2009) Présentation de mothur : un logiciel libre, multiplateforme et soutenu par la communauté pour la description et la comparaison des communautés microbiennes. Appl Environ Microbiol 75:7537

[Article CAS PubMed PubMed Central Google Scholar](#)

- Shan G, Liu J, Zhu B, Tan W, Li W, Tang Z, Hu X, Zhu L, Xi B (2023) Effet de l'hydrochar sur les gènes de résistance aux antibiotiques et les mécanismes associés lors du compostage de fumier de poulet. J Hazard Mater 454:131459

[Article CAS PubMed Google Scholar](#)

- Shi L, Simplicio WS, Wu GX, Hu ZH, Hu HY, Zhan XM (2018) Récupération des nutriments du digestat issu de la digestion anaérobie du fumier : une revue. Curr Pollut Rep 4 :74–83

[Article CAS Google Scholar](#)

- Shintani R, Oh S, Suzuki Y, Koike S, Kobayashi Y (2021) L'ajout de fruits de Ginkgo aux fèces et au lisier de bovins supprime la production de méthane en modifiant la structure de la communauté microbienne. Anim Sci J 92 :13620
- Sun W, Gu J, Wang XJ, Qian X, Peng HL (2019) La digestion anaérobie en milieu solide facilite l'élimination des gènes de résistance aux antibiotiques et des éléments génétiques mobiles des déjections bovines. Bioresource Technol 274:287–295

[Article CAS Google Scholar](#)

- Surendra KC, Takara D, Hashimoto AG, Khanal SK (2014) Le biogaz comme source d'énergie durable pour les pays en développement : opportunités et défis. Renew Sust Energ Rev 31 :846–859

[Article Google Scholar](#)

- Syauqi A, Ramadhan M, Anggraeni AS, Yuana H, Fatmawati (2024) Test rapide de la matière première du bioéthanol : modification de la méthode Weende-Chesson-Datta à la cellulose fibreuse. Dans : AIP Conference Proceedings. AIP Publishing LLC, p. 040001
- Tuo XX, Gu J, Wang XJ, Sun YX, Duan ML, Sun W, Yin YN, Guo AY, Zhang L (2018) Prévalence des gènes de résistance aux quinolones, des gènes de résistance au cuivre et des communautés bactériennes dans un système sol-ray-grass co-pollué par le cuivre et la ciprofloxacine. Chemosphere 197:643–650

[Article CAS PubMed Google Scholar](#)

- Wallace JS, Garner E, Pruden A, Aga DS (2018) Présence et transformation des antibiotiques vétérinaires et des gènes de résistance aux antibiotiques dans les déjections laitières traitées par digestion anaérobie avancée et par des méthodes de traitement conventionnelles. Environ Pollut 236:764–772

[Article CAS PubMed Google Scholar](#)

- Xie Z, Cao Q, Chen Y, Luo Y, Liu X, Li D (2021) Effets biologiques et abiotiques du charbon actif en poudre sur la digestion anaérobie des tiges de maïs. Bioresource Technol 343:126072–126072

[Article Google Scholar](#)

- Yan ZY, Song ZL, Li D, Yuan YX, Liu XF, Zheng T (2015) Effets de la concentration initiale du substrat, du rapport C/N et de la température sur la digestion anaérobie en phase solide du compost de paille de riz. Bioresource Technol 177:266–273

[Article CAS Google Scholar](#)

- Yang S, Wen QX, Chen ZQ (2020) Impacts du Cu et du Zn sur les performances, la dynamique des communautés microbiennes et les variations des gènes de résistance lors de la digestion anaérobie mésophile et thermophile du lisier de porc. Bioresource Technol 312:123554
- Yang S, Chen Z, Wen Q (2021a) Impacts du biochar sur la digestion anaérobie du lisier de porc : méthanogenèse et dissémination des gènes de résistance aux antibiotiques. Bioresource Technol 324:124679

[Article CAS Google Scholar](#)

- Yang S, Chen Z, Wen Q (2021b) Impacts du biochar sur la digestion anaérobie du lisier de porc : méthanogenèse et dissémination des gènes de résistance aux antibiotiques. Bioresource Technol 324:124679
- Yue ZF, Zhang J, Zhou ZG, Ding CF, Wan LP, Liu J, Chen LM, Wang XX (2021) Caractéristiques de la pollution des fèces d'élevage et principal facteur de propagation des gènes de résistance aux antibiotiques. J Hazard Mater 409:124597
- Zhang ST, Guo HG, Du LZ, Liang JF, Lu XB, Li N, Zhang KQ (2015) Influence du prétraitement au NaOH et thermique sur la solubilisation des boues activées déshydratées et la digestion anaérobie subséquente : étude axée sur les boues à forte teneur en solides. Bioresource Technol 185 :171–177

[Article CAS Google Scholar](#)

- Zhang HB, Zhang PY, Ye J, Wu Y, Fang W, Gou XY, Zeng GM (2016) Amélioration de la production de méthane à partir de paille de riz par prétraitement au liquide ruminal : étude de faisabilité. *Int Biodeter Biodegr* 113 :9–16

[Article CAS Google Scholar](#)

- Zhang X, Tu B, Dai LR, Lawson PA, Zheng ZZ, Liu LY, Deng Y, Zhang H, Cheng L (2018) *Petroclostridium xylanilyticum* gen. Nov., Sp Nov., une bactérie dégradant le xylane isolée d'un champ pétrolifère, et reclassification des membres clostridiens du groupe III en quatre genres nouveaux dans une nouvelle famille de Hungateiclostridiaceae. *Nov. Int J Syst Evol Micr* 68 : 3197-3211

[Article CAS Google Scholar](#)

- Zhang J, Lin H, Ma JW, Sun WC, Yang YY, Zhang X (2019) Les agents de structuration du compost réduisent le réservoir d'antibiotiques et de gènes de résistance aux antibiotiques dans les fumiers en modifiant le microbiote bactérien. *Sci Total Environ* 649:396–404

[Article CAS PubMed Google Scholar](#)

- Zhang M, Wang Z, Zhang X, Qian X, Shen G (2020) Production de biogaz et d'engrais de qualité par digestion anaérobie sèche de paille de riz avec ajout d'azote. *Bioresource Technol Rep* 11:100509

[Article Google Scholar](#)

- Zhang Y, Xiang Y, Xu R, Huang J, Deng J, Zhang X, Wu Z, Huang Z, Yang Z, Xu J (2023) Le biochar magnétique favorise le risque de propagation d'éléments génétiques mobiles dans la digestion anaérobie des boues. *J Environ Gérer* 335:117492

[Article CAS PubMed Google Scholar](#)

- Zhuang M, Zhang J, Kong Z, Fleming RM, Zhang Z (2020) Bénéfices environnementaux potentiels de la substitution des engrais azotés et phosphorés par de la paille de récolte utilisable en Chine entre 2000 et 2017. *J Clean Prod* 267:122125

Remerciements

Ce travail a bénéficié du soutien financier de la Fondation nationale des sciences naturelles de Chine (n° 52200104) et de la Commission des sciences et technologies de la municipalité de Shanghai, en Chine (19DZ1204800).

Informations sur l'auteur

Auteurs et affiliations

- 1. Faculté des sciences et de l'ingénierie de l'environnement, Université de Tongji, Shanghai, 200092, Chine**

Zhenqi Wang et Xuefei Zhou

- 2. Académie des sciences environnementales de Shanghai, Shanghai, 200233, Chine**

Zhenqi Wang, Min Zhang, Xiaoyong Qian, Yuanzhi Ni et Jingren Yang

Contributions

Zhenqi Wang : Collecte des données, visualisation, méthodologie. Min Zhang : Rédaction (première version), révision et correction. Xiaoyong Qian : Supervision, révision et correction, ressources. Yuanzhi Ni : Révision et correction. Yuefei Zhou : Conceptualisation, supervision, ressources. Jingren Yang : Révision et correction.

Auteur correspondant

Correspondance avec [Xiaoyong Qian](#) .

Déclarations éthiques

Déclaration éthique relative à l'utilisation de sujets humains et animaux

Sans objet.

Consentement à la publication

Tous les auteurs ont lu et approuvé la version publiée du manuscrit.

Conflits d'intérêts

Les auteurs déclarent n'avoir aucun conflit d'intérêts financiers ou personnels connu susceptible d'avoir influencé les travaux présentés dans cet article.

Informations Complémentaires

Note de l'éditeur

Springer Nature reste neutre en ce qui concerne les revendications territoriales figurant sur les cartes publiées et les affiliations institutionnelles.

Informations complémentaires

Vous trouverez ci-dessous le lien vers le matériel électronique complémentaire.

[Document complémentaire 1](#)

Droits et autorisations

Cet article est publié en libre accès sous licence Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0), qui autorise l'utilisation, le partage, l'adaptation, la distribution et la reproduction sur tout support et dans tout format, à condition de citer correctement l'auteur ou les auteurs originaux et la source, d'indiquer si des modifications ont été apportées et de fournir un lien vers la licence Creative Commons. Les images et autres éléments tiers présents dans cet article sont inclus dans la licence Creative Commons de l'article, sauf mention contraire dans la légende. Si un élément n'est pas inclus dans la licence Creative Commons de l'article et que votre utilisation prévue n'est pas autorisée par la réglementation en vigueur ou dépasse les limites de l'utilisation autorisée, vous devez obtenir l'autorisation directement du titulaire des droits d'auteur. Pour consulter une copie de cette licence, rendez-vous sur <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/> .

[Réimpressions et autorisations](#)