# Atténuer le risque de résistance aux antibiotiques et de bactéries pathogènes dans les déchets porcins : le rôle des lits de fermentation ectopiques.

**Points forts**

*Les excréments de porc contiennent d'abondants ARG et B/MRG à haut risque, co-transportés par des agents pathogènes.

*L'EFB a considérablement réduit l'abondance des ARG, des B/MRG et des agents pathogènes à haut risque, affaiblissant ainsi leur cooccurrence.

*Les ARG/pathogènes ont montré des pics cycliques de 70 jours (jours 14, 84, 154), définissant une période à haut risque.

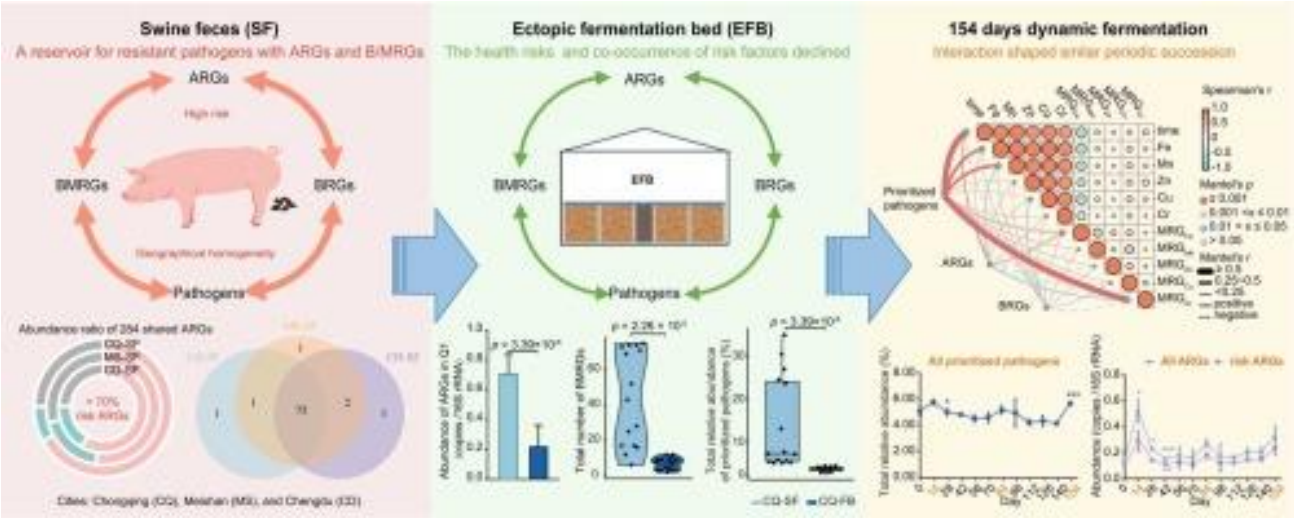
*Les ARG multirésistants persistants dans l'EFB nécessitent une surveillance dynamique pour équilibrer efficacité et sécurité.

**Résumé**

Le lit de fermentation ectopique (EFB) est utilisé pour recycler les déchets animaux, mais le devenir et l'évolution dynamique des gènes de résistance aux antibiotiques (ARG) avec les gènes de résistance aux biocides ou aux métaux lourds (B/MRG) et les agents pathogènes restent flous. Nous avons effectué un séquençage métagénomique sur 129 échantillons pour étudier le résistome et le bactériome dans les excréments de porcs de 24 fermes, en comparant ces profils avec les EFB de cinq fermes, et l'EFB d'une ferme a été surveillé pendant 154 jours. Les résultats ont montré que les excréments de porcs de différentes villes (Chengdu, Meishan et Chongqing) partageaient 284 des 311 sous-types d'ARG, dont plus de 70 % étaient des ARG à haut risque, et 106 des 114 bactéries pathogènes.

Les élevages porcins étaient fortement contaminés par des cooccurrences d'ARG à risque, de B/MRG et d'hôtes pathogènes, en particulier *Escherichia coli* et *Streptococcus suis* , hôtes d'ARG multidrogues. L'application d'EFB a considérablement atténué ces risques dans les fèces, montrant une diminution de 3,09 fois des ARG à haut risque, une réduction de 72,22 % des B/MRG, une diminution de 3,95 fois des pathogènes prioritaires, une diminution de 89,09 % de l'abondance relative des pathogènes porcins et une simplification de leurs réseaux de corrélation et de leurs schémas de cooccurrence. Une analyse de manteau a révélé que les teneurs en métaux (Fe, Mn et Cu) et le temps influençaient les profils des pathogènes et des ARG. Les pathogènes, les ARG et les ARG à risque présentaient des variations périodiques, atteignant un pic aux jours 14, 84 et 154, avec des intervalles de 70 jours. Cette étude fournit une évaluation complète des risques associés aux excréments de porc et aux EFB et démontre que les EFB réduisent les risques d'ARG en inhibant leurs associations avec les B/MRG et les agents pathogènes. Ces résultats peuvent contribuer à orienter et à améliorer la gestion de la résistance aux antimicrobiens et des contaminants pathogènes dans les applications d'EFB afin de réduire la pollution environnementale.

Résumé graphique




**Introduction**

La résistance aux antimicrobiens (RAM) représente une menace persistante et de plus en plus grave pour la santé publique mondiale. Les projections indiquent un taux de mortalité humaine annuel de 3,29 %, ce qui se traduirait par une augmentation estimée de 4,95 millions de décès en 2019 à 10 millions de décès d'ici 2050 [1], [2], [3].

Pour vaincre la RAM, des stratégies et des politiques nationales et internationales ont été mises en œuvre pour restreindre l'utilisation d'antibiotiques essentiels et interdire les facteurs de croissance antibiotiques [4].

Cependant, il est encore nécessaire de renforcer les efforts de suivi et d'évaluation.

Le développement rapide de la production porcine dans la zone économique de Chengdu-Chongqing — la quatrième plus grande région économique de Chine, située en amont du bassin du fleuve Yangtze — vise à établir une base de production porcine d'importance nationale.

Cependant, cette expansion a précipité de nombreux défis pour l'environnement et la santé publique [5], en particulier concernant le lisier de porc.

Le lisier de porc constitue un réservoir important de bactéries résistantes aux antibiotiques et de gènes de résistance aux antibiotiques (GRA), qui sont d'une importance clinique considérable et jouent un rôle crucial dans la prolifération mondiale de la RAM [6], [7]. En raison d'une réglementation inadéquate, la surutilisation et la mauvaise utilisation des antibiotiques thérapeutiques existent toujours dans les systèmes d'élevage porcin, créant une pression soutenue pour le développement de la résistance aux antibiotiques.

Parallèlement, l'utilisation de métaux comme facteurs de croissance et de biocides comme désinfectants dans l'élevage porcin est soumise à peu de réglementation, ce qui conduit au développement de la résistance aux métaux lourds et aux biocides et de la résistance aux antibiotiques par co-sélection [8].

D'après les concentrations estimées de métaux primaires incorporés dans les aliments, le profil de pollution des métaux lourds dans le lisier de porc, en particulier le zinc (Zn) et le cuivre (Cu), est plus sévère que celui des autres animaux d'élevage et de volaille [9].

Le Cu et le Zn, oligo-éléments essentiels dans l'alimentation des porcs, sont fréquemment supplémentés à des doses élevées en raison de leurs propriétés antimicrobiennes et de leurs effets favorisant la croissance.

Cependant, un excès de Cu et de Zn dans l'alimentation peut favoriser la sélection de gènes de résistance aux métaux (MRG) et simultanément co-sélectionner des ARG dans le microbiome du porc, y compris des gènes conférant une résistance multidrogue et aux β-lactamines [10], [11], [12]. De plus, il a été démontré que des concentrations sous-inhibitrices de métaux lourds (c'est-à-dire Cu(II), Zn(II) et chrome (Cr)(VI)) favorisent la prolifération des ARG chez *Escherichia coli* [13].

La compréhension de la résistance aux antibiotiques, aux métaux lourds et aux désinfectants, ainsi que de la composition du microbiote des excréments de porc, est essentielle pour développer et mettre en œuvre des stratégies efficaces pour atténuer la pollution par le lisier de porc.

Les méthodes de traitement du lisier de porc comprennent la digestion anaérobie, le compostage aérobie, le lit de fermentation *in situ* (système de litière profonde) et le lit de fermentation ectopique (EFB) [14], [15].

Les EFB sont une technologie de traitement du lisier innovante et respectueuse de l'environnement, basée sur la fermentation microbienne aérobie qui combine les principes du compostage aérobie et les lits de fermentation *in situ* [16].

Par rapport à la fermentation *in situ* directement sous les porcs, les EFB impliquent la collecte et le mélange des excréments et de l'urine des animaux en lisier, qui est ensuite pulvérisé dans les réservoirs dédiés contenant les litières.

Ce processus transforme finalement le lisier en engrais organique, facilitant une élimination sans danger et réduisant le risque de maladies animales [17], [18], [19]. On prévoit que l'adoption de ce système de litière augmentera à l'avenir, motivée par des préoccupations accrues pour le bien-être animal et les pratiques de production durables [15], [20].

La procédure principale de fermentation ectopique consiste à mélanger initialement des déchets de porc (comprenant des composants solides et liquides) avec des matières organiques caractérisées par un rapport carbone/azote élevé, telles que des balles de riz et de la paille,

fournissant ainsi la source de carbone et la structure poreuse nécessaires à la croissance microbienne.

Pour augmenter encore l'efficacité de la dégradation, des inoculants microbiens de fermentation peuvent être introduits de manière sélective [21]. Tout au long du fonctionnement du lit de fermentation, du lisier et des matières organiques sont ajoutés par intermittence, et un retournement mécanique ainsi qu'une ventilation sont mis en œuvre pour maintenir des conditions aérobies, assurant ainsi une dégradation efficace et une inactivation des agents pathogènes [16], [19].

Étant donné le rôle essentiel des communautés microbiennes complexes dans la fermentation, des études antérieures se sont concentrées sur l'examen de la composition taxonomique et de la diversité au sein du lit [16], [17], [22], [23].

Bien que la recherche sur le résisitome dans le système de litière en soit à ses débuts, Shen et al. (2021) ont démontré que les EFB pouvaient contrôler efficacement les gènes de résistance à la tétracycline, au Zn et au Cu, et la plus forte augmentation des ARG et des MRG totaux a été détectée avec une teneur élevée en Cu dans de petits modèles d'EFB sur une courte durée par RT-qPCR [24].

Grâce aux progrès de la technologie de séquençage métagénomique, Pan et al. (2024) ont décrit la composition et le profil de diversité du microbiome et du résistome, soulignant les risques réduits associés au résistome aux antibiotiques et aux agents pathogènes bactériens du lit de fermentation *in situ.*sur une fermentation à long terme, mais pas une étude continue d'un lit de fermentation [25].

Par conséquent, ces études ont révélé que les systèmes de litière offrent l'avantage de réduire les gènes de résistance et de modifier la structure des microbes fonctionnels. Cependant, il subsiste un manque important de connaissances concernant le devenir et la dynamique des ARG, des MRG et des gènes de résistance aux biocides (BRG), ainsi que les risques associés de résistance, en particulier dans le contexte d'une surveillance continue à long terme.

Parallèlement, les métaux lourds sont des contaminants environnementaux persistants avec de longs temps de séjour et sont rejetés dans les terres agricoles par le biais du fumier pour s'accumuler dans nos écosystèmes [26], [27]. Il s'agit d'un risque de co-sélection et de co-transmission de gènes de résistance pour la santé publique. Cependant, les effets des métaux lourds persistants dans les EFB sur le résistome et son hôte sont inconnus.

Dans l'ensemble, nous avons utilisé le séquençage métagénomique pour caractériser de manière exhaustive le résistome, le bactériome et les risques sanitaires associés présents dans les excréments de porc et les EFB.

Les objectifs étaient triples : (1) évaluer les risques sanitaires associés aux gènes de résistance et aux agents pathogènes présents dans le lisier frais de porc provenant de 24 élevages porcins

commerciaux de la zone économique de Chengdu-Chongqing, soulignant la nécessité de convertir les déchets de lisier pour atténuer ces risques ; (2) évaluer si le traitement par EFB réduit efficacement l'abondance des gènes de résistance et des agents pathogènes, ainsi que les risques associés ; et (3) suivre la dynamique temporelle du résistome et des bactéries pathogènes dans un EFB sur 154 jours, identifiant les moments critiques de risques élevés pendant la fermentation à long terme.

En profilant les risques dans les excréments non traités et en les comparant aux EFB post-traitement, les risques traités et ceux qui restent non résolus dans les EFB sont révélés et les moments clés pour les risques élevés et faibles pendant la fermentation à long terme sont clarifiés. Ces résultats fournissent des informations exploitables pour optimiser les stratégies EFB afin d'atténuer les risques écologiques et sanitaires résiduels.

**Collectes d'échantillons et traitements**

Compte tenu de l'importance de l'agriculture, de la pertinence pour la santé publique, de la représentativité des échantillons et de la disponibilité, un total de 72 échantillons de matières fécales fraîches de porc (FS) ont été collectés dans 24 fermes porcines commerciales du cercle économique de Chengdu-Chongqing en Chine : 27 échantillons provenant de neuf fermes à Chengdu (CD), 30 échantillons provenant de 10 fermes à Meishan (MS) et 15 échantillons provenant de cinq fermes à Chongqing (CQ). Des informations détaillées sur l'emplacement de la ferme, l'échelle d'élevage et les échantillons collectés sont présentées dans le tableau S1 et la figure.

Profils de composition et modèles de cooccurrence des résistomes dans les excréments de porc

Le résistome aux antibiotiques de 72 échantillons fécaux de porc contenait 311 GRA pour 22 antimicrobiens, dont 116 GRA à haut risque (77 au T1 et 39 au T2) (Fig. S2A et B). Malgré des variations régionales dans l'abondance des GRA totaux et à haut risque et l'indice de Shannon (Fig. 1A et S2B), les 22 types de résistance aux antimicrobiens ont été détectés dans les fèces de porcs provenant d'élevages de Chengdu (CD), Meishan (MS) et Chongqing (CQ), la tétracycline, l'aminoglycoside, la multidrug et la macrolide-lincosamide-streptogramine (MLS) étant les plus répandus.

**Discussion**

Les excréments de porc sont considérés comme un important réservoir d'ARG, constituant une menace pour l'environnement et la santé publique [43], [44], [45]. L'EFB, une méthode durable de traitement des déchets organiques, nécessite des recherches plus approfondies pour une adoption plus large.

Par conséquent, nous avons caractérisé 24 métagénomes d'élevages porcins, offrant une vue d'ensemble complète du résistome et du microbiome, ainsi que des risques associés, dans les

excréments de porc à Chengdu, Meishan et Chongqing. Nous avons également comparé le résistome et…

## Conclusion

En conclusion, cette étude a permis d'élucider le microbiome fécal et la résistance des porcs et d'examiner le traitement EFB du lisier de porc en vue d'une élimination sans danger dans la zone économique de Chengdu-Chongqing, une importante région de production porcine en Chine. Les résultats ont révélé que, bien que les excréments de porc contiennent une forte abondance de GRA et de GBR/GBR à haut risque, porteurs de divers agents pathogènes, le système EFB a efficacement atténué les risques liés à ces deux GRA et GBR/GBR, ainsi que leurs liens avec les agents pathogènes prioritaires et les agents pathogènes porcins détectés.

## Implications environnementales

Les grandes exploitations porcines produisent du lisier, source importante de polluants environnementaux tels que les gènes de résistance aux antibiotiques (GRA), les gènes de résistance aux biocides ou aux métaux lourds (GBR), les agents pathogènes et les métaux lourds. Le lit de fermentation ectopique (LFE), qui combine les avantages de la fermentation microbienne anaérobie, du compostage et des techniques de fermentation *in situ* , permet de réduire considérablement ces polluants dangereux et met en évidence le potentiel des LFE pour atténuer les risques liés aux GRA.

## Déclaration de contribution d'auteur CRediT

**Qi Haoxuan :** Rédaction – relecture et édition, Investigation. **Zhou Quan :** Visualisation, Investigation, Analyse formelle. **Tao Weilai :** Visualisation, Investigation, Analyse formelle, Conservation des données. **Yang Shujian :** Rédaction – relecture et édition, Investigation. **Dong Yongyi :** Rédaction – relecture et édition, Visualisation. **Gan Yumeng :** Rédaction – relecture et édition, Investigation. **Su Wen :** Rédaction – relecture et édition, Investigation, Analyse formelle. **Zhang Yanhang :** Rédaction – relecture et édition, Analyse formelle. **Lei Changwei :**

## Déclaration d'intérêts concurrents

Les auteurs déclarent qu’ils n’ont aucun intérêt financier concurrent connu ni aucune relation personnelle qui aurait pu sembler influencer le travail rapporté dans cet article.

## Remerciements

Ce travail a été soutenu par le Programme national de recherche et développement clé de Chine (numéros de subvention 2023YFC2307100 et 2022YFD1800400 ), le Programme général de la Fondation nationale des sciences naturelles de Chine (numéros de subvention U21A20257 et 32373014 ) et le Programme clé de R&D de la province du Sichuan (numéros de subvention 2022ZDZX0017 et 2021ZDZX0010 ).

Références (83)

- Dans Okeke *et al.*
L'ampleur du défi de la résistance aux antimicrobiens
Lancette
(2024)

- J. Patel *et al.*

Mesurer la réponse mondiale à la résistance aux antimicrobiens, 2020-21 : une analyse systématique de la gouvernance de 114 pays
Lancet Infect Dis
(2023)

- H. Li *et al.*

Le sort des gènes de résistance aux antibiotiques lors du co-compostage de lisier de porc avec du chou-fleur et de la paille de maïs
Bioresour Technol
(2020)

- X. Li *et al.*

Preuves métagénomiques de la cooccurrence de gènes de résistance aux antibiotiques, aux biocides et aux métaux chez les porcs
Environ Int
(2022)

- WR Liu *et al.*

Comparaisons des caractéristiques de pollution, des situations d'émission et des charges massiques de métaux lourds dans les fumiers de différents animaux d'élevage et de volaille en Chine
Sci Total Environ
(2020)

- EAB Pajarillo *et al.*

Les oligo-éléments et la santé animale : interaction du microbiote intestinal avec le fer, le manganèse, le zinc et le cuivre
Anim Nutr
(2021)

- Y. Zhang *et al.*

Les concentrations sous-inhibitrices de métaux lourds facilitent le transfert horizontal de gènes de résistance aux antibiotiques à médiation plasmidique dans l'environnement aquatique
Environ Pollut
(2018)

- S. Tait *et al.*

Digestion anaérobie de la litière usagée provenant des porcheries à litière profonde
Bioresour Technol
(2009)

- Q. Chen *et al.*

Communauté microbienne et fonction dans la transformation de l'azote du système de lit de fermentation ectopique pour le compostage du lisier de porc
Bioresour Technol
(2021)

- H. Guo *et al.*

Caractérisation du consortium bactérien et son application dans un système de fermentation ectopique
Bioresour Technol
(2013)


contribué de manière égale à ce travail

Voir le texte intégral

© 2025 Publié par Elsevier BV

**Articles recommandés**

- Étude des caractéristiques et du mécanisme de biodégradation de la tétracycline par *Serratia entomophila* TC-1

Science de l'environnement total, volume 946, 2024, article 174414
Xiao-jie Xie , …, Hua-bao Zheng

- Caractéristiques de résistance aux antimicrobiens et relations phylogénétiques des isolats d'Enterococcus résistants à la pleuromutiline provenant de différents échantillons environnementaux le long d'une chaîne de production de poules pondeuses

Journal des sciences de l'environnement, volume 137, 2024, pp. 195-205
Cong Lin , …, Anyun Zhang

- Analyse d'association de la résistance aux antibiotiques et aux désinfectants chez *les E. coli* d'origine humaine et alimentaire à Pékin, en Chine

Science de l'environnement total, volume 944, 2024, article 173888
Lu Yang , …, Bing Shao