Biochar influence on antibiotic resistance genes abundance in the manure derived composts

Karamova K., Danilova N., Galitskaya P.

Kazan Federal University, Kazan, Russia

E-mail: 89625725848@yandex.ru

Key message. Composting chicken droppings with the addition of biochar and an antibiotic led to a decrease in the concentration of oxytetracycline on the 28th day and an increase in the amount of the resistant *tet(X)* gene.

Keywords: biochar, antibiotic resistance genes, composting

Antibiotic resistance is one of the most important and modern public health problems, as it reduces the efficiency of infections treatments. The reason of resistance wide spreading is use of antibiotics, especially in cattle and poultry farming, for disease prevention and growth promotion. To remove the antibiotic resistance genes (ARG) from the cattle and poultry manures, composting may be used. However, this method has own limitations, and different improvements such as biochar addition to composts are recommended to decrease the number of ARG.

In the present study, we analyzed the potential of biochar to reduce ARG number in the process of chicken manure composting. Five composting mixtures of chicken manure with sawdust (1:2) were used in the experiment conducted in 200L rotating machines for 120 days: control (K), with 15% of biochar (B), with additional 50, 150 and 300 mg kg⁻¹ of oxytetracycline (B50, B150, B300). Biochar was prepared from chicken manure at 400 °C and 3 h residence time.

It was revealed that composting main parameters such as temperature profile and dissolved organic carbon content were not influenced by biochar or antibiotics. The contents of oxytetracycline decreased 6, 2 and 11 fold in the B50, B150 and B300 variants, correspondingly, after 28 days of composting. The copy number of genes encoding tetracycline resistance – *tet(A)*, *tet(B)*, *tet(O)*, *tet(M)* and *tet(S)* – was not affected by antibiotics. Biochar addition did not affect the number of these genes as well, moreover, it led to increase of *tet(X)* gene copy number – 10 fold in B variant as compared with control. Bacterial community structure, revealed by *Illumina MiSeq* method, overcame several changes in the process of composting determined by composting stage and did not depend on biochar or antibiotic presence.

The work was supported by the RFBR grant project 18-29-25054.

Влияние биочара на количество генов устойчивости к антибиотикам в компостах, полученных из куриного помета

Карамова К.О., Данилова Н.В., Галицкая П.Ю.

Казанский федеральный университет, Казань, Россия

Аннотация: Компостирование куриного помета с внесением биочара и окситетрациклина привело к снижению содержания антибиотика на 28 сутки, привело к увеличению гена *tet(X)*, кодирующего устойчивость к антибиотик

Ключевые слова: биочар, гены устойчивости к антибиотикам, компостирование

Одной из важных и современных проблем здравоохранения является устойчивость к антибиотикам, приводящая к снижению эффективности лечения. Широкое применение антибиотиков в животноводстве и птицеводстве вносит существенный вклад в распространение резистентности.

Цель данного исследования оценить возможность биочара снижать количество генов устойчивости к антибиотикам (ГUA) в процессе компостирования куриного помета.

Компостирование проводили в 200-литровых компостерах с периодическим перемешиванием в течение 120 дней. Использовали пять вариантов компостных смесей (соотношение куриного помета и опилок 2:1): контроль (К), контроль с биочаром (KB), образцы с биочаром и окситетрациклином в концентрации 50, 150 и 300 мг/кг (B50, B150, B300). Биочар получали в процессе пиролиза при температуре 400° С и длительности 3 часа.

Было выявлено, что внесение биочара и антибиотиков не оказало значительного влияния на основные параметры компостирования, такие как температурный профиль, содержание растворенного органического углерода и др. Содержание окситетрациклина уменьшилось в 6, 2 и 11 раз в вариантах B50, B150 и B300 соответственно через 28 дней компостирования. Внесение биочара и антибиотиков не оказало влияния на количество генов *tet(A)*, *tet(B)*, *tet(O)*, *tet(M)* и *tet(S)*, более того, оно привело к увеличению числа копий гена *tet(X)* – в 10 раз в варианте B по сравнению с контролем. Структура бактериального сообщества, выявленная методом *Illumina MiSeq*, преодолевалась ряд изменений в процессе компостирования, определяемых стадией компостирования, и не зависела от наличия биочара или антибиотика.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ проект 18-29-25054.