



МИКРОБИОМ ПОЧВЫ И СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР ПРИ ВНЕСЕНИИ КОМПОСТА ПТИЧЬЕГО ПОМЕТА

© 2021 Н.Б. Наумова¹ , Е.Н. Ручко², О.А. Савенков¹ , В.И. Плешакова²

¹ФГБУН Институт почвоведения и агрохимии СО РАН, проспект Академика Лаврентьева, 8/2, г. Новосибирск, 630090, Россия. E-mail: savenkov@issa-siberia.ru, naumova@issa-siberia.ru

²ФГБОУ ВО Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина, Институтская площадь, д.1, г. Омск, Россия. E-mail: vi.pleshakova@omgau.org

Цель исследования: Проанализировать опубликованные результаты исследований микробиома куриного помета, компоста на основе такого помета, а также почвы и растений после внесения компоста в качестве удобрения.

Методология. Поиск опубликованных результатов в международной (PubMed) и российской (elibrary.ru) базах данных, по ключевым словам, соответствующим цели настоящего обзора.

Основные результаты. Полученные с помощью методов высокопроизводительного секвенирования результаты исследований микробиома куриного помета установили, что в кишечном микробиоме кур доминируют бактерии, относящиеся к типам Firmicutes и Bacteroidetes; в некоторых региональных популяциях кур наиболее часто встречающимися родами являются Clostridium, Lactobacillus, Eubacterium, Bacteroides, Escherichia, Prevotella, Selenomonas, Streptococcus, Megaspheera, Fusobacterium и Bifidobacterium. Однако в птичьем помете могут встречаться бактерии, несущие гены резистентности к антибиотикам, которые активно используют в птицеводстве с целью увеличения продукции. Компостирование является безвредным для окружающей среды путем трансформации различных органических отходов в органические удобрения, ставшим особенно актуальным в настоящее время в связи с ростом отходов птицеводства: в последнее время увеличилось число и детальность исследований, посвященных компостированию птичьего помета (времени, гидротермических условий, состава, используемых микробиологических препаратов, обилия генов АБР и т.п.). Результаты пока еще относительно немногочисленных работ по изменению почвенного бактериобиома и фитобиома сельскохозяйственных культур под влиянием внесения компоста на основе куриного помета в качестве удобрения привели к неоднозначным выводам как о положительном влиянии, так и об отсутствии такового. Эта неоднозначность зависит от многих факторов – от вида, породы, возраста, технологии выращивания птиц, технологии компостирования, культуры и сорта сельскохозяйственных растений, технологии их возделывания и специфики почвенного субстрата.

Заключение. Куриный помет содержит разнообразный в таксономическом плане микробиом, который может изменяться при компостировании. Среди богатого видового состава помета и компоста на его основе могут содержаться бактерии, несущие гены антибиотикорезистентности (АБР). Распространение составляющих таких компостных резистомов в окружающей среде при внесении компоста в почву сельскохозяйственных экосистем в настоящий момент можно определить как нарастающую угрозу эффективности применения антибиотиков для лечения инфекционных заболеваний в медицине и ветеринарии. Оценка рисков и масштабов этой угрозы, а также в целом патомикробиотической нагрузки в подстилочном компосте современными метагеномными методами требуют изучения в связи с активным ростом производства в птицеводстве. Наибольшую озабоченность в плане распространения генов АБР вызывает их проникновение в товарные части растениеводческой продукции, употребляемой в сыром виде; в связи с этим особое внимание, наряду с удобренной пахотной почвой как источником пыли, необходимо уделять исследованию компонентов фитобиома сельскохозяйственных культур, выращиваемых при внесении компостов помета с птицефабрик, где производство ведут с применением антибиотиков.

Ключевые слова: птичий подстилочный помет; компостирование помета; резистом; кишечный микробиом; микробиом почвы

Цитирование: Наумова Н.Б., Ручко Е.Н., Савенков О.А., Плешакова В.И. Микробиом почвы и сельскохозяйственных культур при внесении компоста куриного помета // Почвы и окружающая среда. 2021. Том 4. № 1. е141. DOI: 10.31251/pos.v4i1.141

ВВЕДЕНИЕ

Интенсивное птицеводство ставит много серьезных проблем. В 2019 г. поголовье кур в России составило 497 395 тыс. (FAOSTAT, 2021a); увеличившись с 2014 г. на 11%. Тысяча цыплят-бройлеров в день производит 65 кг помета, а такое же поголовье кур-несушек – 150 кг (Drózd et al., 2020). Птичий помет богат азотом, содержит значительные количества фосфора, калия и других элементов (Wan et al., 2021); его можно вносить в почву для улучшения ее свойств и повышения плодородия (Bolan et al., 2010). По данным, опубликованным на сайте Всемирной продовольственной организации ООН, в России в 2018 г. в почву было внесено 210 тысяч тонн азота с пометом, полученным при производстве бройлеров и яиц (FAOSTAT, 2021b). Возрастающее во всем мире количество куриного помета требует значительных усилий по его транспортировке, хранению и дальнейшей переработке, например, при производстве пеллетированных удобрений (López-Mosquera et al., 2008) и компостировании (Liu et al., 2020). В тех странах, где площади земель для внесения птичьего помета или компоста ограничены, предпринимаются значительные усилия по поиску и разработке приемов и технологий переработки птичьего помета (очистки, обогащения, производства биочара и т.п.) (Курынцева и др., 2020), как, например, в Польше, являющейся лидером среди стран Европейского союза по производству продукции птицеводства (Drózd et al., 2020).

Бесконтрольное применение куриного помета может привести к росту поступления метана, двуокси углерода и аммиака в атмосферу, а также может быть опасно для почвы и водоемов. Опасность заключается не только и, может быть, даже не столько в избыточном поступлении питательных элементов и патогенных микроорганизмов, сколько в попадании в окружающую среду и распространении генов антибиотикорезистентности (АБР) и остаточных количеств антибиотиков (Данилова и др., 2019; Iwu et al., 2020; Wu et al., 2020), поскольку для производства все больших и больших количеств птичьего мяса антибиотики применяют в беспрецедентных масштабах (Manikandan et al., 2020), и к 2030 году, как прогнозируют (Kuppusamy et al., 2018), употребление антибиотиков возрастет на 67%. Гены АБР по пищевой цепи (World ..., 2017) могут попасть в организм человека и, вызвав дисбаланс его микробиоты (Sood et al., 2019), привести к нарушению здоровья и заболеваниям (Orazo et al., 2018; Ogunrinola et al., 2020).

В связи с этим во всех странах существуют законодательные нормы и правила, регулирующие подготовку птичьего помета к применению в качестве удобрения и мелиоранта. В России соответствующий стандарт был впервые разработан в 2012 г. (Федеральное агентство..., 2012) и введен в действие в 2013 г. В соответствии с этим стандартом подстилочный помет использовать под все сельскохозяйственные культуры при оптимизации доз внесения, а подстилочный помет, помет от молодняка и органические смеси, полученные на пометной основе, разрешает использовать в земледелии при условии обеспечения дозированного и равномерного внесения по поверхности полевых площадей. Помет птиц также разрешено использовать в качестве основного наполнителя для получения смесей при производстве органических удобрений (компостов, верми- и биокомпостов) и как ингредиент при подготовке питательных грунтов для выращивания рассады овощных и зеленных культур в тепличных хозяйствах, цветочных оранжереях, в индивидуальном садоводстве и огородничестве. В соответствии с этим ГОСТом время хранения помета на буртовых площадках неограничено, очевидно, однако, что длительное хранение означает увеличение площадей, отчужденных для этой цели, и ведет к снижению площадей для производства растениеводческой продукции.

В России, с ее большими площадями сельскохозяйственных угодий и необходимостью дальнейшего увеличения сельскохозяйственного производства в целях обеспечения продовольственной безопасности, потенциал применения птичьего помета в качестве удобрения площадями практически неограничен. Однако он может быть ограничен средне- и долгосрочными отрицательными последствиями для почвенных и водных экосистем. Вышеуказанный стандарт нормирует санитарно-бактериологические показатели по ряду микроорганизмов, в том числе бактериям группы кишечных палочек и энтерококков. Но этими группами кишечная микробиота птиц не ограничивается; хотя их нормирование очень важно с практической точки зрения, необходимо более полное понимание состава, структуры и функций микробных ансамблей помета. Как и во многих других областях, это стало возможным с появлением высокопроизводительных систем секвенирования нуклеотидных последовательностей: применение таких систем привело к значительному всплеску метагеномных исследований в самых разных областях, в том числе в области изучения микробиома в птичьем помете (Borda-Molina et

al., 2018) и компосте (Li et al., 2021), а также в области изучения изменений микробиома почвы и растений при внесении удобрений и/или мелиорантов, произведенных на основе птичьего помета.

Целью настоящей работы являлась попытка представления и обобщения имеющихся в литературе данных по биоразнообразию микробиомов птичьего помета, компоста, полученного на его основе, и по изменению микробиома почвы и сельскохозяйственных культур под влиянием внесения компоста. Подчеркнем, что для Новосибирской области это особенно актуально, так как поблизости от областного центра расположено несколько птицефабрик, производство на которых следует за общемировым трендом, т.е. возрастает с каждым годом по всем компонентам биологической продукции, от товарной части до помета.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Методология. В качестве материалов для исследования мы взяли литературные источники, полученные в результате проведения поиска по ключевым словам «chicken manure microbiome» (59 источников), «chicken compost microbiome» (21 источник), «chicken compost soil microbiome» (13 источников) и «chicken manure soil microbiome» (26 источников) в библиографической базе данных PubMed (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>), которая включает более 32 млн ссылок на публикации в сфере науки о жизни. В российской электронной библиотеке по ключевым словам «птичий помёт», «куриный помёт» и «микробиом почвы» было найдено шесть источников, три из которых приведены в этом обзоре.

Терминология. В соответствии с определением, предлагаемым одноименным журналом, термин «микробиом» относится «к целостному местообитанию, в том числе микроорганизмам (бактериям, археям, низшим и высшим эукариотам, вирусам), их геномам (генам) и окружающим экологическим условиям» (Marchesi, Ravel, 2015). Под «бактериобиомом» мы понимаем, соответственно, местообитание в совокупности с бактериями (их генами), а термином «фитобиом» обозначаем местообитание микроорганизмов в пределах растения в совокупности со всеми микроорганизмами, населяющими растение, и их генами. Однако в публикационной практике рассмотрение всех групп микроорганизмов является исключением, а не правилом. При этом авторы рассматривают не организмы как таковые, а совокупности нуклеотидных последовательностей тех или иных генов, чаще всего используя термин «микробиом» для обозначения ансамбля филогенетически и таксономически значимых последовательностей бактерий, т.е. генов 16S рРНК. Термин «резистом» используют для обозначения совокупности последовательностей генов устойчивости к антибиотикам, выявленной в компонентах окружающей среды. Заметим, что в данной терминологии очевидны разные линии терминообразования: в случае «микробиом», «бактериобиом» и «фитобиом» одним из составляющих корней является «биом» как совокупность экосистем одной природно-климатической зоны (Балахонов, 2017). Из этого понятно, откуда в определении микробиома появились слова об окружающих экологических условиях. Однако в образовании термина «резистом», так же, как и в терминах «геном», «вириом», участвует суффикс «-ом», обозначающий объединение частей в целое.

Сокращения. АБР – антибиотикорезистентность.

МИКРОБИОТА КУРИНОГО ПОМЕТА И КОМПОСТА

В настоящее время не подлежит сомнению, что кишечная микробиота птиц, как и у млекопитающих, в том числе кур, является важным фактором кишечного гомеостаза и нормального метаболизма организма животного-хозяина (Borda-Molina et al., 2018; Diaz-Carrasco et al., 2019; Oviedo-Rondón, 2019). Жизнедеятельность кишечной микробиоты оказывает в целом значительное влияние на физиологию и здоровье сельскохозяйственных животных, а, следовательно, на количество и качество товарной продукции (Yegani, Korver, 2008; Rintilä, Arajalahti, 2013). Как у человека и других млекопитающих, в кишечном микробиоме кур доминируют бактерии, относящиеся к типам *Firmicutes* и *Bacteroidetes* (Oakley et al., 2014). Микробиом кишечника цыплят-бройлеров в возрасте 42 дней состоит в основном из *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* и *Cyanobacteria*, с некоторым варьированием по различным отделам кишечника, но представители типа *Firmicutes* являются главным доминантом с более чем 60% относительного обилия последовательностей (Xiao et al., 2017; Huang et al., 2018). На уровне рода основными представителями в кишечнике бройлеров в последнем исследовании являлись *Lactobacillus*, *Enterococcus* (оба рода относятся к типу *Firmicutes*), *Bacteroides* (тип *Bacteroidetes*) и

Corynebacterium (тип *Actinobacteria*). В общем, *Clostridium*, *Lactobacillus*, *Eubacterium*, *Bacteroides*, *Escherichia coli*, *Prevotella*, *Selenomonas*, *Streptococcus*, *Megasphaera*, *Fusobacterium* и *Bifidobacterium* являются наиболее часто встречающимися таксонами в кишечном микробиоме кур (Iqbal et al., 2020). Также обычными представителями являются и патогенные бактерии *Clostridium* sp. у молодых птиц и *E. coli*, *Campylobacter* и *Salmonella* у взрослых здоровых птиц. Установлено, что *Campylobacter* отрицательно коррелирует с продуктивностью в связи с вызываемой ими повышенной скоростью преобразования корма (Awad et al., 2015). В целом, однако, многочисленными исследованиями установлено, что кишечная микробиота кур очень сложна и для выявления реальных взаимосвязей компонентов микробиоты с физиологическими особенностями птиц, например, эффективностью утилизации кормов, необходима детальная дифференциация бактерий до вида, подвида или даже штамма (Liu et al., 2021).

Изучение влияния различных кормовых добавок на состав кишечной микробиоты птиц находится в фокусе внимания исследователей уже долгое время. Например, хорошие перспективы применения бактерий рода *Bacillus* для конструирования новых пробиотических препаратов были выявлены довольно давно (Сорокулова, 1997), и в последнее время наблюдается всплеск исследований в этой области в связи с необходимостью эффективной замены антибиотикам, применяемым для стимулирования роста птиц (Franciosi et al., 2016; Mingmongkolchai, Panbangred, 2018; Liu et al., 2020; Park et al., 2020; Naumova et al., 2021). В настоящее время очень активно изучают возможности добавок различных пребиотиков (Patterson, 2003; Mingmongkolchai, Panbangred, 2018) и других соединений полифенолов (Lillehoj et al., 2018; Iqbal et al., 2020) с целью модификации микробиоты (Kogut, 2019).

Подчеркнем, что основным отходом птицеводства является не помет как таковой, а подстилка, на которой содержатся птицы: она представляет собой многокомпонентную смесь собственно помета, перьев, материала, использованного в качестве основы для подстилки, рассыпанного корма, лекарств и воды (Sanchuki et al., 2011). В подстилке, на которой содержатся птицы, может быть разнообразных патогенных организмов, представленных вирусами, бактериями, грибами, простейшими, гельминтами; есть антибиотики, гормоны роста, стимулирующие продукцию яиц и мяса, тяжелые металлы и пестициды (Kyakuwaire et al., 2019). Например, было выявлено, что в США 100% подстилок из-под бройлеров содержали *Escherichia coli*, несущую гены АБР к семи антибиотикам (Chen, Jiang, 2014), в том числе амоксициллину и тетрациклину, т.е. лекарствам, широко используемым в медицинской практике и в ветеринарной практике для других видов животных. Заметим, что информации об отличных от бактерий микробиотических составляющих подстилки очень мало и она разрознена (Kyakuwaire et al., 2019), поэтому ее обсуждение оставлено за рамками настоящего обзора.

Компостирование в принципе является безвредным для окружающей среды путем трансформации различных органических отходов в органические удобрения (Bolan et al., 2010). В последнее время в связи с ростом отходов птицеводства резко увеличилось число и детальность исследований, посвященных компостированию птичьего помета, а именно: времени и условий компостирования, рецептов состава, микробиологических препаратов и т.д. (Neher et al., 2013). Так, подробно было изучено влияние влажности исходного материала (Li et al., 2021), природы растительных остатков, используемых для компостирования (Бикташева и др., 2016; Wan et al., 2020), остатков молотого кофе (Emmanuel et al., 2017), микробных инокулятов (Бикташева и др., 2016), вентилирования (Chang et al., 2020) и т.д. Очень активно изучают влияние добавок различных микроорганизмов на эффективность компостирования. Недавно были опубликованы результаты исследования о влиянии микробного инокулята или зрелого компоста на основе куриного помета на динамику микробиома в процессе компостирования (Liu et al., 2020). Как внесение инокулята, так и внесение зрелого компоста повышало эффективность компостирования. При этом были выявлены основные бактериальные агенты компостирования, способствующие образованию соединений, схожих с гуминовыми кислотами (род *Thermicanus*) или фульвокислотами (род *Tepidimicrobium*), являющимися важными компонентами компостов. Все исследователи едины в своих выводах о том, что внесение микробных препаратов повышает эффективность компостирования, сокращая время созревания компоста (Wan et al., 2020; Li et al., 2021).

Физико-химические свойства и биоразнообразие компостов на основе помета в значительной степени зависят от типа питания животных: в компостах, произведенных на основе помета всеядных животных (свиней, кур) доминируют представители *Firmicutes* (Wan et al., 2021), при этом компостирование приводит к снижению биоразнообразия бактериобиома и

существенным сдвигам в его составе и структуре. Изучение микробиома довольно большого числа образцов компостов на основе птичьего помета из почти всех провинций Китая позволило сделать вывод о том, что, при всем разнообразии, основу компостных бактериобиомов составляют представители типа *Firmicutes*, несмотря на снижение их обилия в ходе компостирования (Subirats et al., 2020). В основном это бактерии, относящиеся к родам *Cerasibacillus*, *Atopostipes* и *Bacillus*, а также представители типа *Actinobacteria*, относящиеся к родам *Thermobifida*, *Actinomadura* и *Nocardiosis*; эти таксоны обнаружили в подавляющем большинстве (90%) изученных образцов компостов (Wang et al., 2020). Примечательно, что в среднем в этих образцах патогенные и/или потенциально патогенные бактерии, относящиеся в основном к *Helicobacter*, *Staphylococcus*, *Acinotobacter*, *Streptococcus*, *Mycobacterium* и *Enterococcus*, составили чуть более 1% обилия нуклеотидных последовательностей, т.е. относительно мало.

Компостирование снижает обилие генов АБР (Subirats et al., 2020); поэтому в настоящее время особенно активно изучают изменение генов АБР под влиянием различных приемов компостирования. Так, внесение небольшого количества глины может снижать концентрацию генов АБР в ходе компостирования (Awasthi et al., 2019). Установлено, что применение рисовой шелухи в качестве компостной основы может снижать обилие последовательностей генов АБР (для фторхинолоновых антибиотиков) за счет снижения обилия *Paenibacillaceae* и *Staphylococcaceae* (Zhang et al., 2019). Значительную озабоченность вызывает выявленное сравнительно недавно присутствие в курином помете *Escherichia coli*, способной продуцировать широкий спектр β -лактамаз – бактериальных ферментов, направленных на борьбу с часто применяемыми β -лактамными антибиотиками (пенициллины, цефалоспорины и др.). Показано, что существует несколько механизмов инактивации таких бактерий в процессе компостирования куриного помета, по крайней мере, в лабораторных условиях (Thomas et al., 2020). Исследования динамики таких бактерий при краткосрочном хранении в полевых условиях установили снижение численности при применении ряда технических приемов, направленных на повышение аэробности и температуры компостируемой среды (Siller et al., 2020). Что касается собственно остаточных количеств антибиотиков в помете, то исследования последних лет показали, что путем компостирования избавиться от них полностью нельзя (Dolliver et al., 2007).

Таким образом, куриный помет содержит разнообразный в таксономическом плане бактериобиом, который может изменяться при компостировании. Но как в собственно помете, так и в компостах на его основе, среди богатого видового состава могут встречаться бактерии, несущие гены антибиотикорезистентности. Распространение составляющих таких компостных резистомов в окружающей среде после внесения компоста в почву сельскохозяйственных экосистем в настоящий момент можно определить как пока еще плохо изученную, но нарастающую опасность в плане применения антибиотиков для лечения инфекционных заболеваний в медицине и ветеринарии.

МИКРОБИОМ/РЕЗИСТОМ ПОЧВЫ И РАСТЕНИЙ ПРИ ВНЕСЕНИИ В ПОЧВУ ПТИЧЬЕГО КОМПОСТА

Почва является самым богатым резервуаром биоразнообразия на планете. Как показали исследования на севере Италии, внесение в почву компоста, полученного на основе помета крупного рогатого скота, свиней или птиц, в целом не очень значительно влияло на микробиом почвы, но приводило к заметному увеличению обилия представителей типов *Firmicutes*, *Tenericutes* и *Cloacimonetes* (Laconi et al., 2021). Этот результат выглядит вполне ожидаемым на фоне огромного исходного разнообразия почвенного микробиома. Однако в трехлетних опытах на двух полях с контрастными по физико-химическим свойствам почвам при выращивании спаржи было выявлено, что нуклеотидные последовательности, относящиеся к типу *Bacterioidetes*, его классам *Flavobacteriia* (роды *Fluviicola* и *Flavobacteriia*) и *Sphingobacteriia* (род *Pedobacter*), а также последовательности, представляющие класс *Fibrobacteria* из типа *Fibrobacteres*, были в 2–4 раза более обильны в почве после внесения компостированного птичьего помета, по сравнению с компостированным навозом животных и контрольным вариантом без внесения (Neher et al., 2020). Примечательно, что в практике животноводства за рубежом куриный помет или компост вносят не только в пахотные почвы под однолетние культуры, но и на пастбища. Так, И. Янг с соавт. (Yang et al., 2019) показали, что после 13 лет внесения куриного помета в дозе 5,6 т/га на пастбища с доминированием пальчатника (*Cynodon dactylon* L. Pers.) в бактериобиоме почвы *Fragiudults* доминировали *Proteobacteria* (31% относительного обилия последовательностей), *Actinobacteria*

(29), *Verrucomicrobia* (9), *Firmicutes* (7), *Bacteroidetes* (6), *Planctomycetes* (5), *Chloroflexi* (4), *Gemmatimonadetes* (3) и *Saccharibacteria* (2). В том же исследовании показано, что внесение помета повышает разнообразие почвенного бактериобиома и может быть одним из механизмов повышения здоровья почвы.

Несколько неожиданным, на наш взгляд, явился полученный авторами результат о том, что между образцами почвы, отобранными до и три месяца после внесения помета, не было разницы по видовому богатству и структуре бактериальных ансамблей. По-видимому, результаты в значительной степени зависят от состава компоста, в частности, от его микробиотической нагрузки, а также от дозы и срока отбора образцов после внесения (Kyakuwaire et al., 2019). Применение ферментированного куриного помета (совместно с коровьим навозом) изменило бактериобиом ризосферы арбуза, значительно повысив биоразнообразие бактериобиома и вкусовые качества товарной продукции (Zhao et al., 2018), а также существенно снизило обилие грибов рода *Fusarium*, в основном являющихся патогенами растений.

Важно понимать, что в почве исходно, еще даже до вовлечения в сельскохозяйственный оборот ненарушенной почвы или до внесения помета/компоста в пахотную почву, есть как микроорганизмы, продуцирующие антибиотики, так и микроорганизмы, выработавшие механизмы устойчивости, т.е. резистентности, к ним, и соответствующие гены, которые могут быть переданы от бактерии к бактерии горизонтально (World..., 2017). Тем не менее из-за внесения помета, компоста и навоза сельскохозяйственных животных, в том числе птиц, пахотные почвы и пастбищные угодья могут стать особенно богатым резервуаром АБР и ее генов (Su et al., 2014). Если вместе с пометом или компостом вносится какое-то количество неразрушенного исходного антибиотика, то под влиянием таких антибиотиков может происходить отбор устойчивых к нему бактериальных штаммов из большого богатства автохтонных резидентов почвы (Wang et al., 2015). Если происходит так, что с пометом/компостом в почву попадают бактерии, уже резистентные к антибиотикам, то гены АБР могут распространиться в почвенном бактериальном сообществе путем горизонтального переноса от них (Jechalke et al., 2014). Так, при исследовании 30 образцов пахотных почв из европейской части России на наличие гена устойчивости к группе тетрациклинов, т.е. гена *tet(X)*, последний был обнаружен в 27 образцах, причем в половине из них в очень большом количестве (Danilova et al., 2018). Примечательно, что свойства почвы, например, состав минералов, могут оказывать влияние на передачу генов АБР между бактериями. Так, в совсем недавнем исследовании о влиянии почвенных минералов, а именно каолинита, монтмориллонита, гетита и бирнессита (филломанганита), на передачу модельной плазмиды от *Escherichia coli* при конъюгации штамму *Pseudomonas putida*, было выявлено четкое стимулирующее влияние бирнессита (Wu et al., 2020).

Гены, несущие устойчивость к антибиотикам, могут проникать и в микробиоту сельскохозяйственных растений (Zhang et al., 2017; 2019; Laconi et al., 2021). Так, установлено, что птичий компост, в сравнении с навозом крупного рогатого скота, может оказывать более сильное воздействие на формирование резистома почвы (Zhang et al., 2017) и растений (Zhang et al., 2019). Установлено также, что применение помета не приводило к увеличению встречаемости генов антибиотикорезистентности в эндофитной микробиоте корней растений редиса (Zhang et al., 2020), но в ризосфере и филлосфере растений вызывало соответствующее увеличение. Однако при исследовании применения птичьего компоста при выращивании томата не было выявлено его влияния на микробиом ризосферы и фитобиом цветов и плодов (Allard et al., 2016). Итак, пока работ по этой тематике мало, а их результаты неоднозначны: по-видимому, это зависит от многих факторов – от вида, породы, возраста, технологии выращивания птиц, технологии компостирования, культуры и сорта сельскохозяйственных растений, технологии их возделывания и специфики почвенного субстрата. Очевидно, что наибольшую озабоченность в плане распространения генов АБР вызывает их проникновение в товарные части растениеводческой продукции, употребляемой в сыром виде. В связи с этим особое внимание, наряду с пахотной почвой как источником пыли, необходимо уделять исследованию компонентов фитобиома сельскохозяйственных культур, выращиваемых при внесении компостов помета с птицефабрик, где производство ведут с применением антибиотиков. Следует подчеркнуть также, что внесение помета на пастбища означает повышенный риск передачи генов АБР резидентной микробиоте других видов сельскохозяйственных животных, и в этих случаях компосты необходимо тщательным образом проверять.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В кишечном микробиоме кур доминируют бактерии, относящиеся к типам *Firmicutes* и *Bacteroidetes*, а также *Proteobacteria*, *Actinobacteria* и *Cyanobacteria*, при этом представители типа *Firmicutes* являются главным доминантом, составляющим более половины относительного обилия нуклеотидных последовательностей. Компостирование птичьего помета в принципе является безвредным для окружающей среды путем трансформации в органические удобрения, и разработка новых более эффективных приемов и технологий компостирования и переработки является основным направлением утилизации птичьего помета. При значительном удешевлении изучения микробиома методами высокопроизводительного секвенирования нужно следить за составом микробиома птичьего помета как для наблюдения за здоровьем птичьего поголовья, выявляя негативные тенденции, так и за составом микробиома после компостирования для принятия решения о возможности внесения компоста в почву. Анализ литературных данных показал, что распространение генов антибиотикорезистентности с куриным компостом в настоящее время может быть велико и в перспективе стать серьезной экологической и санитарно-гигиенической проблемой. Поскольку рост крупномасштабного птицеводства не позволяет отказаться от применения антибиотиков, то распространение генов антибиотикорезистентности из-за внесения птичьего помета/компоста на поля может привести к проникновению таких генов в микробиоту товарных частей растениеводческой продукции, употребляемой в сыром виде, и далее по пищевой цепи. В связи с этим особое внимание необходимо уделять исследованию компонентов фитобиома сельскохозяйственных культур, выращиваемых при внесении компостов помета с птицефабрик, ведущих производство с применением антибиотиков. Актуальной представляется интенсификация исследований по оценке количества генов антибиотикорезистентности, попадающих с птичьим пометом или компостом в сельскохозяйственные экосистемы, и их последующее распространение. Необходимо количественно оценить риск попадания/передачи генов антибиотикорезистентности из таких экосистем человеку. Вполне своевременным представляется фокусирование исследований на установление максимально допустимой нагрузки микробиома последовательностями генов антибиотикорезистентности. Следует также периодически анализировать состав микробиома твердых компонентов аэрозолей вокруг хранилищ птичьего помета с крупных птицефабрик, а также почвы и воздуха вокруг сельскохозяйственных экосистем, где применяют такие компосты.

БЛАГОДАРНОСТИ

Авторы признательны д.б.н. Якименко В.Н. за критические замечания, высказанные при подготовке статьи к печати.

ФИНАНСОВАЯ ПОДДЕРЖКА

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта ИПА СО РАН 121031700309-1.

ЛИТЕРАТУРА

- Балахонов А.В. *Большой толковый словарь биологических терминов*. Контраст: Санкт-Петербург, 2017. 912 с.
- Бикташева Л.Р., Белоногова Н.В., Селивановская С.Ю., Галицкая П.Ю. Эффективность интродукции микроорганизмов, применяемых для направленного изменения свойств компостов // *Ученые записки Казанского университета. Серия: Естественные науки*. 2016. Т. 158. № 4. С. 493–506.
- Данилова Н.В., Курынцева П.А., Тагиров М.Ш., Галицкая П.Ю., Селивановская С.Ю. Распространение антибиотикорезистентности в почве при ее обработке компостами, содержащими окситетрацилин и гены устойчивости к нему // *Ученые записки Казанского университета. Серия: Естественные науки*. 2019. Т. 161. № 3. С. 395–407. DOI: [10.26907/2542-064X.2019.3.395-407](https://doi.org/10.26907/2542-064X.2019.3.395-407)
- Курынцева П.А., Галицкая П.Ю., Селивановская С.Ю. Оценка возможности применения биочара с иммобилизованными свободноживущими азотфиксаторами в качестве удобрения (вегетационные опыты) // *Аграрный научный журнал*. 2020. Т.29. № 12. С.28–33. DOI: [10.28983/asj.y2020i12pp28-33](https://doi.org/10.28983/asj.y2020i12pp28-33)
- Сорокулова И.Б. Сравнительное изучение биологических свойств биоспорина и других коммерческих препаратов на основе бацилл // *Микробиологический журнал*. 1997. Т. 69. №6. С. 43–49.
- Федеральное агентство по техническому регулированию и метрологии. ГОСТ 31461-2012. *Помет птицы. Сырье для производства органических удобрений. Технические условия*. М.: Стандартинформ, 2014.
- Allard S.M., Walsh C.S., Wallis A.E., Ottesen A.R., Brown E.W., Micallef S.A. *Solanum lycopersicum* (tomato) hosts robust phyllosphere and rhizosphere bacterial communities when grown in soil amended with various organic and synthetic fertilizers // *Sci Total Environ*. 2016. Vol.573. P.555–563. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2016.08.157](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.08.157)

- Awad W.A., Smorodchenko A., Hess C., Aschenbach J.R., Molnar A., Dublec K., Khayal B., Pohl E.E., Hess M. Increased intracellular calcium level and impaired nutrient absorption are important pathogenicity traits in the chicken intestinal epithelium during *Campylobacter jejuni* colonization // *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2015. Vol.99. P.6431–6441. DOI: [10.1007/s00253-015-6543-z](https://doi.org/10.1007/s00253-015-6543-z)
- Awasthi M.K., Liu T., Chen H., Verma S., Duan Y., Awasthi S.K., Wang Q., Ren X., Zhao J., Zhang Z. The behavior of antibiotic resistance genes and their associations with bacterial community during poultry manure composting // *Bioresour. Technol.* 2019. Vol.280. P.70–78. DOI: [10.1016/j.biortech.2019.02.030](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.02.030)
- Bolan N.S., Stogy A.A., Chuasavathi T., Seshadri B., Rothrock M.J., Panneerselvam P. Uses and management of poultry litter // *World's Poult. Sci. J.* 2010. VOL.66. P.673–698. DOI: [10.1017/S0043933910000656](https://doi.org/10.1017/S0043933910000656)
- Borda-Molina D., Seifert J., Camarinha-Silva A. Current perspectives of the chicken gastrointestinal tract and its microbiome // *Comput. Struct. Biotechnol. J.* 2018. Vol.16. P.131–139. DOI: [10.1016/J.CSBJ.2018.03.002](https://doi.org/10.1016/J.CSBJ.2018.03.002)
- Chang R., Li Y., Chen Q., Gong X., Qi Z. Effects of carbon-based additives and ventilation rate on nitrogen loss and microbial community during chicken manure composting. *PLoS one.* 2020. Vol.15. No.9. Art. e0229880. DOI: [10.1371/journal.pone.0229880](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229880)
- Chen Z., Jiang X. Microbiological safety of chicken litter or chicken litter-based organic fertilizers: A review // *Agriculture.* 2014. VOL.4. P.1–29. DOI: [10.3390/agriculture4010001](https://doi.org/10.3390/agriculture4010001)
- Danilova N.VOL., Galitskaya P.Yu., Selivanovskaya S.Yu. Antibiotic resistance of microorganisms in agricultural soils in Russia // *IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci.* 2018, Vol.107. Art. 012054. DOI: [10.1088/1755-1315/107/1/012054](https://doi.org/10.1088/1755-1315/107/1/012054)
- Diaz Carrasco J.M., Casanova N.A., Fernández Miyakawa M.E. Microbiota, Gut Health and Chicken Productivity: What Is the Connection? // *Microorganisms.* 2019. Vol.7. No. 10. Art.374. DOI: [10.3390/microorganisms7100374](https://doi.org/10.3390/microorganisms7100374)
- Dolliver H., Kumar K., Gupta S. Sulfamethazine uptake by plants from manure-amended soil // *Journal of Environment Quality.* 2007. Vol. 36. P.1224–1230. DOI: [10.2134/jeq2006.0266](https://doi.org/10.2134/jeq2006.0266)
- Drózd D., Wystalska K., Malińska K., Grosser A., Grobelak A., Kacprzak M. Management of poultry manure in Poland - Current state and future perspectives // *J. Environ. Manage.* 2020. Vol.264, 110327. DOI: [10.1016/j.jenvman.2020.110327](https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.110327)
- Emmanuel S.A., Yoo J., Kim E.J., Chang J.S., Park Y.I., Koh S.C. Development of functional composts using spent coffee grounds, poultry manure and biochar through microbial bioaugmentation // *J. Environ. Sci. Health B.* 2017. Vol.52(11). P.802-811. DOI: [10.1080/03601234.2017.1356165](https://doi.org/10.1080/03601234.2017.1356165)
- FAO, FAOSTAT, 2021a. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QA>
- FAO, FAOSTAT, 2021b. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/GU>
- Franciosini M.P., Costarelli S., Cobellis G., Trabalza-Marinucci M. Effects of dietary *Lactobacillus acidophilus* and *Bacillus subtilis* on laying performance, egg quality, blood biochemistry and immune response of organic laying hens // *J Anim Physiol Anim Nutr.* 2016. Vol.100. P.977–987. DOI: [10.1111/jpn.12408](https://doi.org/10.1111/jpn.12408)
- Gould A.L., Zhang VOL., Lamberti L., Jones E.W., Obadia B., Korasidis N., Gavryushkin A., Carlson J.M., Beerenwinkel N., Ludington W.B. Microbiome interactions shape host fitness // *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2018. Vol. 115. P.E11951–E11960. DOI: [10.1073/pnas.1809349115](https://doi.org/10.1073/pnas.1809349115)
- Huang P., Zhang Y., Xiao K., Jiang F., Wang H., Tang D., Liu D., Liu B., Liu Y., He X., Liu H., Liu X., Qing Z., Liu C., Huang J., Ren Y., Yun L., Yin L., Lin Q., Zeng C., Su X., Yuan J., Lin L., Hu N., Cao H., Huang S., Guo Y., Fan W., Zeng J. The chicken gut metagenome and the modulatory effects of plant-derived benzylisoquinoline alkaloids // *Microbiome.* 2018. Vol.6, 211. DOI: [10.1186/s40168-018-0590-5](https://doi.org/10.1186/s40168-018-0590-5)
- Jechalke S., Heuer H., Siemens J., Amelung W., Smalla K. Fate and effects of veterinary antibiotics in soil // *Trends in Microbiology.* 2014. Vol.22. P.536–545. DOI: [10.1016/j.tim.2014.05.005](https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.05.005)
- Iqbal Y., Cottrell J.J., Suleria H.A.R., Dunshea F.R. Gut Microbiota-Polyphenol Interactions in Chicken: A Review // *Animals.* 2020. Vol.10(8). Art.1391. DOI: [10.3390/ani10081391](https://doi.org/10.3390/ani10081391)
- Iwu C.D., Korsten L., Okoh A.I. The incidence of antibiotic resistance within and beyond the agricultural ecosystem: A concern for public health // *Microbiologyopen.* 2020. Vol.9. Art.:e1035. DOI: [10.1002/mbo3.1035](https://doi.org/10.1002/mbo3.1035)
- Kogut M.H. The effect of microbiome modulation on the intestinal health of poultry // *Animal Feed Sci Technol.* 2019. Vol.250. P.32–40. DOI: [10.1016/j.anifeedsci.2018.10.008](https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2018.10.008)
- Li M.X., He X.S., Tang J., Li X., Zhao R., Tao Y.Q., Wang C., Qiu Z.P. Influence of moisture content on chicken manure stabilization during microbial agent-enhanced composting // *Chemosphere.* 2021. Vol.264(Pt 2). Art. 128549. DOI: [10.1016/j.chemosphere.2020.128549](https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.128549)
- Kuppusamy S., Kakarla D., Venkateswarlu K., Megharaj M., Yoon Y.-E., Lee Y.B. Veterinary antibiotics (VAs) contamination as a global agro-ecological issue: A critical view // *Agriculture, Ecosystems and Environment.* 2018. Vol.257. P.47–59. DOI: [10.1016/j.agee.2018.01.026](https://doi.org/10.1016/j.agee.2018.01.026)
- Kyakuwaire M., Olupot G., Amoding A., Nkedi-Kizza P., Basamba T.A. How Safe is Chicken Litter for Land Application as an Organic Fertilizer? A Review // *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2019. Vol.16. Art. 3521. DOI: [10.3390/ijerph16193521](https://doi.org/10.3390/ijerph16193521)
- Lillehoj H., Liu Y., Calsamiglia S., Fernandez-Miyakawa M.E., Chi F., Cravens R.L., Oh S., Gay C.G. Phytochemicals as antibiotic alternatives to promote growth and enhance host health // *Vet Res.* 2018. Vol.49. No.1. P.76. DOI: [10.1186/s13567-018-0562-6](https://doi.org/10.1186/s13567-018-0562-6)

- Liu H., Huang Y., Duan W., Qiao C., Shen Q., Li R. Microbial community composition turnover and function in the mesophilic phase predetermine chicken manure composting efficiency // *Bioresour. Technol.* 2020. Vol.313. Art. 123658. DOI: [10.1016/j.biortech.2020.123658](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2020.123658)
- Liu X., Liu W., Deng Y., He C., Xiao B., Guo S., Zhou X., Tang S., Qu X. Use of encapsulated *Bacillus subtilis* and essential oils to improve antioxidant and immune status of blood and production and hatching performance of laying hens // *Ital J Anim Sci.* 2020. Vol.19. P.1583–1591. DOI:[10.1080/1828051X.2020.1862715](https://doi.org/10.1080/1828051X.2020.1862715)
- Liu J., Stewart S.N., Robinson K., Yang Q., Lyu W., Whitmore M.A., Zhang G. Linkage between the intestinal microbiota and residual feed intake in broiler chickens // *J Anim Sci Biotechnol.* 2021. Vol.12. No.1. Art. 22. DOI: [10.1186/s40104-020-00542-2](https://doi.org/10.1186/s40104-020-00542-2)
- López-Mosquera M.E., Cabaleiro F., Sainz M.J., López-Fabal A., Carral E. Fertilizing value of broiler litter: effects of drying and pelletizing. *Bioresour Technol.* 2008. Vol.99. No.13. P.5626–5633. DOI: [10.1016/j.biortech.2007.10.034](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2007.10.034)
- Manikandan M., Chun S., Kazibwe Z., Gopal J., Singh U.B., Oh J.W. Phenomenal Bombardment of Antibiotic in Poultry: Contemplating the Environmental Repercussions // *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2020. Vol.17(14). P.5053. DOI: [10.3390/ijerph17145053](https://doi.org/10.3390/ijerph17145053)
- Marchesi J. R., Ravel J. The vocabulary of microbiome research: a proposal // *Microbiome.* 2015. Vol.3. Art. 31. DOI: [10.1186/s40104-020-00542-2](https://doi.org/10.1186/s40104-020-00542-2)
- Mingmongkolchai S., Panbangred W. Bacillus probiotics: an alternative to antibiotics for livestock production // *J. Appl. Microbiol.* 2018. Vol. 124. P.1334–1346. DOI:[10.1111/jam.13690](https://doi.org/10.1111/jam.13690)
- Naumova N.B., Alikina T.Y., Zolotova N.S., Konev A.VOL., Pleshakova VOL.I., Lescheva N.A., Kabilov M.R. *Bacillus*-Based Probiotic Treatment Modified Bacteriobiome Diversity in Duck Feces // *Agriculture.* 2021. Vol.11. No.11(5). Art.406. DOI: [10.3390/agriculture11050406](https://doi.org/10.3390/agriculture11050406)
- Neher D.A., Limoges M.A., Weicht T.R., Sharma M., Millner P.D., Donnelly C. Bacterial Community Dynamics Distinguish Poultry Compost from Dairy Compost and Non-Amended Soils Planted with Spinach // *Microorganisms.* 2020. Vol.8. Art. 1601. DOI:[10.3390/microorganisms8101601](https://doi.org/10.3390/microorganisms8101601)
- Neher D.A., Weicht T.R., Bates S.T., Leff J.W., Fierer N. Changes in bacterial and fungal communities across compost recipes, preparation methods, and composting times // *PLoS One.* 2013. Vol.8. Art.e79512. DOI: [10.1371/journal.pone.0079512](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0079512)
- Ogunrinola G.A., Oyewale J.O., Oshamika O.O., Olasehinde G.I. The Human Microbiome and Its Impacts on Health // *Int. J. Microbiol.* 2020. Art.8045646. DOI: [10.1155/2020/8045646](https://doi.org/10.1155/2020/8045646)
- Oakley B.B., Lillehoj H.S., Kogut M.H., Kim W.K., Maurer J.J., Pedrosa A., Lee M.D., Collett S.R., Johnson T.J., Cox N.A. The chicken gastrointestinal microbiome // *FEMS Microbiol Lett.* 2014. Vol.360. P.100–112. DOI:[10.1111/1574-6968.12608](https://doi.org/10.1111/1574-6968.12608)
- Opazo, M.C.; Ortega-Rocha, E.M.; Coronado-Arrázola, I.; Bonifaz, L.C.; Boudin, H.; Neunlist, M.; Riedel, C.A. Intestinal Microbiota Influences Non-intestinal Related Autoimmune Diseases // *Front. Microbiol.* 2018. Vol. 9. Art.432. DOI: [10.3389/fmicb.2018.00432](https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00432)
- Oviedo-Rondón E.O. Holistic view of intestinal health in poultry // *Animal Feed Sci Technol.* 2019. Vol. 250. P. 1–8. DOI:[10.1016/j.anifeedsci.2019.01.009](https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2019.01.009)
- Park I., Lee Y., Goo D., Zimmerman N.P., Smith A.H., Rehberger T., Lillehoj H.S. The effects of dietary *Bacillus subtilis* supplementation, as an alternative to antibiotics, on growth performance, intestinal immunity, and epithelial barrier integrity in broiler chickens infected with *Eimeria maxima* // *Poultry Sci.* 2020. Vol.99. P. 725–733. DOI: [10.1016/j.psj.2019.12.002](https://doi.org/10.1016/j.psj.2019.12.002)
- Rinttilä T., Apajalahti J. Intestinal microbiota and metabolites – implications for broiler chicken health and performance // *J. Appl. Poult. Res.* 2013. Vol.22. P.647–658. DOI: [10.3382/japr.2013-00742](https://doi.org/10.3382/japr.2013-00742)
- Sanchuki C.E., Socol C.R., de Carvalho J.C., Socol VOL.T., de Nascimento C., Wacieczowski A.L. Evaluation of poultry litter traditional composting process // *Braz. Arch. Boil. Technol.* 2011. Vol.54. P.1053–1058. DOI:[10.1590/S1516-89132011000500024](https://doi.org/10.1590/S1516-89132011000500024)
- Siller P., Daehre K., Thiel N., Nübel U., Roesler U. Impact of short-term storage on the quantity of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in broiler litter under practical conditions // *Poult Sci.* 2020. Vol.99(4). P.2125–2135. DOI: [10.1016/j.psj.2019.11.043](https://doi.org/10.1016/j.psj.2019.11.043)
- Sood U., Gupta VOL., Kumar R. et al. Chicken Gut Microbiome and Human Health: Past Scenarios, Current Perspectives, and Futuristic Applications // *Indian J. Microbiol.* 2020. Vol.60. P.2–11. <https://doi.org/10.1007/s12088-019-00785-2>
- Su Q.J., Wei B., Yan C., Qiao M., Guan Y. Functional metagenomic characterization of antibiotic resistance genes in agricultural soils from China // *Environment International.* 2014 Vol.65. P.9–15. DOI:[10.1016/j.envint.2013.12.010](https://doi.org/10.1016/j.envint.2013.12.010)
- Subirats J., Murray R., Scott A., Lau C.H., Topp E. Composting of chicken litter from commercial broiler farms reduces the abundance of viable enteric bacteria, Firmicutes, and selected antibiotic resistance genes. *Sci Total Environ.* 2020. Vol.746. Art.141113. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2020.141113](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.141113)
- Thomas C., Idler C., Ammon C., Amon T. Effects of the C/N ratio and moisture content on the survival of ESBL-producing *Escherichia coli* during chicken manure composting // *Waste Manag.* 2020. Vol.105. P.110–118. DOI: [10.1016/j.wasman.2020.01.031](https://doi.org/10.1016/j.wasman.2020.01.031)

- Wan L., Wang X., Cong C., Li J., Xu Y., Li X., Hou F., Wu Y., Wang L. Effect of inoculating microorganisms in chicken manure composting with maize straw // *Bioresour Technol.* 2020. Vol.301. Art. 122730. DOI: [10.1016/j.biortech.2019.122730](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.122730)
- Wang Y., Gong J., Li J., Xin Y., Hao Z., Chen C., Li H., Wang B., Ding M., Li W., Zhang Z., Xu P., Xu T., Ding G.C., Li J. Insights into bacterial diversity in compost: Core microbiome and prevalence of potential pathogenic bacteria // *Sci. Total Environ.* 2020. Vol.718. Art.137304. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2020.137304](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.137304)
- Wang F.-H., Qiao M., Chen Z., Su J.-Q., Zhu Y.-G. Antibiotic resistance genes in manure-amended soil and vegetables at harvest // *Journal of Hazardous Materials.* 2015. Vol.299. P.215–221. DOI:[10.1016/j.jhazmat.2015.05.028](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2015.05.028)
- Wan J., Wang X., Yang T., Wei Z., Banerjee S., Friman VOL.P., Mei X., Xu Y., Shen Q. Livestock Manure Type Affects Microbial Community Composition and Assembly During Composting // *Front Microbiol.* 2021. Vol.12. Art. 621126. DOI: [10.3389/fmicb.2021.621126](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.621126)
- World Health Organization (WHO). Antimicrobial resistance in the food chain. [WWW Document]. WHO. 2017. Available at: https://www.who.int/foodsafety/areas_work/antimicrobial-resistance/amrfoodchain/en/
- Wu S., Wu Y., Huang Q., Cai P. Insights into conjugative transfer of antibiotic resistance genes affected by soil minerals // *Eur J Soil Sci.* 2021. Vol. 72.P. 1143– 1153. DOI:[10.1111/ejss.13004](https://doi.org/10.1111/ejss.13004)
- Xiao Y., Xiang Y., Zhou W., Chen J., Li K., Yang H. Microbial community mapping in intestinal tract of broiler chicken // *Poult. Sci.* 2016. Vol.96. P.1387–1393. DOI: [10.3382/ps/pew372](https://doi.org/10.3382/ps/pew372)
- Yang Y., Ashworth A.J., DeBruyn J.M., Willett C., Durso L.M., Cook K., Moore P.A. Jr., Owens P.R. Soil bacterial biodiversity is driven by long-term pasture management, poultry litter, and cattle manure inputs // *PeerJ.* 2019. Vol. 7. e7839. DOI: [10.7717/peerj.7839](https://doi.org/10.7717/peerj.7839)
- Yegani M., Korver D.R. Factors affecting intestinal health in poultry // *Poult. Sci.* 2008. Vol.87. P.2052–2063. DOI: [10.3382/ps.2008-00091](https://doi.org/10.3382/ps.2008-00091)
- Zhang Y.J., Hu H.W., Chen Q.L., Singh B.K., Yan H., Chen D., He J.Z. Transfer of antibiotic resistance from manure-amended soils to vegetable microbiomes // *Environ. Int.* 2019. Vol.130. 104912. DOI: [10.1016/j.envint.2019.104912](https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.104912)
- Zhang Y.J., Hu H.W., Gou M., Wang J.T., Chen D., He J.Z. Temporal succession of soil antibiotic resistance genes following application of swine, cattle and poultry manures spiked with or without antibiotics // *Environ. Pollut.* 2017. Vol.231(Pt 2). P.1621–1632. DOI: [10.1016/j.envpol.2017.09.074](https://doi.org/10.1016/j.envpol.2017.09.074)
- Zhang Y.J., Hu H.W., Chen Q.L., Yan H., Wang J.T., Chen D., He J.Z. Manure Application Did Not Enrich Antibiotic Resistance Genes in Root Endophytic Bacterial Microbiota of Cherry Radish Plants // *Appl. Environ. Microbiol.* 2020. Vol.86. e02106-19. DOI: [10.1128/AEM.02106-19](https://doi.org/10.1128/AEM.02106-19)
- Zhang J., Lin H., Ma J., Sun W., Yang Y., Zhang X. Compost-bulking agents reduce the reservoir of antibiotics and antibiotic resistance genes in manures by modifying bacterial microbiota // *Sci. Total Environ.* 2019. Vol.649. P.396–404. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2018.08.212](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.08.212)
- Zhao J., Liu J., Liang H., Huang J., Chen Z., Nie Y., Wang C., Wang Y. Manipulation of the rhizosphere microbial community through application of a new bio-organic fertilizer improves watermelon quality and health. *PLoS one.* 2018. vol.13. No.2. e0192967. DOI: [10.1371/journal.pone.0192967](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192967)

Поступила в редакцию 01.06.2021; принята 24.06.2021;
Опубликована 02.07.2021

Сведения об авторах:

Наумова Наталья Борисовна – к.б.н., ведущий научный сотрудник лаборатории агрохимии ФГБУН Институт почвоведения и агрохимии Сибирского отделения Российской академии наук (г. Новосибирск, Россия); naumova@issa-siberia.ru

Ручко Елена Николаевна – студентка 5-го курса ФГБОУ ВО Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина (г. Омск, Россия)

Савенков Олег Александрович – к.б.н., научный сотрудник лаборатории агрохимии ФГБУН Институт почвоведения и агрохимии Сибирского отделения Российской академии наук (г. Новосибирск, Россия); savenkov@issa-siberia.ru

Плешакова Валентина Ивановна – доктор ветеринарных наук, профессор, заведующая кафедрой ветеринарной микробиологии, инфекционных и инвазионных болезней факультета ветеринарной медицины ФГБОУ ВО Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина (г. Омск, Россия); vi.pleshakova@omgau.org

Авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.



Статья доступна по лицензии [Creative Commons Attribution 4.0 License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

SOIL AND CROP MICROBIOME UNDER SOIL AMENDMENT WITH POULTRY MANURE COMPOST

© 2021 N.B. Naumova¹ , E.N. Ruchko², O.A. Savenkov¹ , VOL.I. Pleshakova² 

¹Institute of Soil Science and Agrochemistry, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Lavrentieva 8/2, Novosibirsk 630090, Russia; E-mail: savenkov@issa-siberia.ru, naumova@issa-siberia.ru

² Stolypin Omsk State Agrarian University, Institutskaya pl. 1, Omsk 644008 Russia; E-mail: vi.pleshakova@omgau.org

The aim of the study. The aim of the study was to review publication about microbiome of chicken manure, chicken manure compost, as well as soil and crop microbiome after compost addition to soil as a fertilizer.

Methodology. A search in the bibliographical data bases PubMed and elibrary.ru was performed using the keywords pertaining to the topic of the article.

Main results. The results about the chicken manure microbiome, obtained by high throughput sequencing, showed that the chicken gut microbiome is dominated by bacteria of the Firmicutes and Bacteroidetes phyla; some regional chicken populations were found to have *Clostridium*, *Lactobacillus*, *Eubacterium*, *Bacteroides*, *Escherichia coli*, *Prevotella*, *Selenomonas*, *Streptococcus*, *Megasphaera*, *Fusobacterium* u *Bifidobacterium* as the main representatives of the gut microbiome. However, chicken manure can contain bacteria with antibiotic resistance genes, as antibiotics are increasingly used in the poultry industry to stimulate production. In general manure composting can be regarded as environmentally safe method for transforming various organic wastes into organic fertilizers. As increasing output of the poultry industry, which inevitably includes manure, increased the interest to its composting, and recent years have seen unprecedented number of research, dealing with various details of manure composting, such as duration, hydrothermal conditions, added bulking materials, microbiological preparations, abundance of the antibiotic resistance genes, and so on. However, the studies of soil and crop microbiome after soil fertilization with chicken manure compost have so far been rather scarce, resulting in ambiguous conclusions, i.e. about positive or no effect of the compost addition. The effect is determined by species, breed, age, rearing and manure composting technology, as well as by crop and its cultivar, agricultural practices and soil specifics.

Conclusions. Chicken manure contains taxonomically diverse microbiome that can be changed during composting. Microbiota of chicken manure and its compost with their great microbial species richness can contain bacteria, carrying antibiotic resistance genes. Dispersal of such components of the compost resistome in environment via compost addition to agricultural soils should be regarded as a growing biological hazard, threatening the efficient use of antibiotics for treating bacterial infections in in veterinary and medicine. Therefore increasing poultry production urges for assessing the risks and evaluating the scope of the threat, as well as estimating and establishing permissible limits of pathomicrobiotic load of the poultry litter manure and compost, using up-to-date metagenomic techniques. The greatest concern is about spreading antibiotic resistance genes into the marketable crop components, consumed raw; consequently, alongside with studying microbiota of the compost-receiving agricultural soil as a source of dust, microbiome research should be also focused crop phytobiome where crops are produced under addition of composts, obtained with manure of the antibiotic-treated poultry during industrial production.

Keywords: poultry litter manure; manure composting; resistome; chicken gut microbiome; soil microbiome

How to cite: Naumova N.B., Ruchko E.N., Savenkov O.A., Pleshakova V.I. Soil and crop microbiome under soil amendment with poultry manure compost, *The Journal of Soils and Environment*. 2021. Vol.4. № 1. e141. DOI: [10.31251/pos.v4i1.141](https://doi.org/10.31251/pos.v4i1.141)

FINANCIAL SUPPORT

The study was financially supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (project No.121031700309-1).

REFERENCES

- Balakhonov A.V. *Big thesaurus of biological terms*. Sankt-Petersburg, Contrast Publ., 2017, 912 p. (in Russian)
- [Biktasheva L.R., Belonogova N.VOL., Selivanovskaya S.Y., Galitskaya P.Y. On the Efficiency of Introduction of Microbial Strains Used for Adjusted Changes of the Compost Properties, *Proceedings of Kazan University. Natural Sciences Series*, 2016, Vol. 158, No.4, p. 493–506. \(in Russian with an English abstract\)](#)
- [Danilova N.VOL., Kuryntseva P.A., Tagirov M.Sh., Galitskaya P.Y., Selivanovskaya S.Y. Spreading of antibiotic resistance as a result of soil fertilization by manure composts containing oxytetracycline and antibiotic-resistance genes, *Proceedings of Kazan University. Natural Sciences Series*, 2019, Vol. 161, No.3. p. 395–407. DOI: \[10.26907/2542-064X.2019.3.395-407\]\(https://doi.org/10.26907/2542-064X.2019.3.395-407\) \(in Russian with an English abstract\)](#)

- Kuryntseva P.A., Galitskaya P.Y., Selivanovskaya S.Y. The study of the possibility to use biochar with immobilized free-living nitrogen-fixing bacteria as a fertilizer (vegetation experiments), *The Agrarian Scientific Journal*, 2020, Vol.29, No. 12, p.28–33. DOI: [10.28983/asj.y2020i12pp28-33](https://doi.org/10.28983/asj.y2020i12pp28-33) (in Russian with an English abstract)
- Sorokulova I.B. Comparative study of biological properties of biosporin and other commercial preparations based on bacilli, *Mikrobiologicheskii zhurnal*, 1997, Vol.69, No.6, p. 43–49. (in Russian with an English abstract)
- Federal Agency on Technical Regulation and Metrology. Federal Standard GOST 31461-2012. Poultry Manure. Raw material for production of Organic fertilizers. Technical Requirements. Standartinform Publ., Moscow, 2014. (in Russian).
- Allard S.M., Walsh C.S., Wallis A.E., Ottesen A.R., Brown E.W., Micallef S.A. *Solanum lycopersicum* (tomato) hosts robust phyllosphere and rhizosphere bacterial communities when grown in soil amended with various organic and synthetic fertilizers, *Sci. Total Environ.*, 2016, Vol.573, p.555–563. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2016.08.157](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.08.157)
- Awad W.A., Smorodchenko A., Hess C., Aschenbach J.R., Molnar A., Duplecz K., Khayal B., Pohl E.E., Hess M. Increased intracellular calcium level and impaired nutrient absorption are important pathogenicity traits in the chicken intestinal epithelium during *Campylobacter jejuni* colonization, *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 2015, Vol.99, p.6431–6441. DOI: [10.1007/s00253-015-6543-z](https://doi.org/10.1007/s00253-015-6543-z)
- Awasthi M.K., Liu T., Chen H., Verma S., Duan Y., Awasthi S.K., Wang Q., Ren X., Zhao J., Zhang Z. The behavior of antibiotic resistance genes and their associations with bacterial community during poultry manure composting, *Bioresour. Technol.*, 2019, Vol.280, p.70–78. DOI: [10.1016/j.biortech.2019.02.030](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.02.030)
- Bolan N.S., Stogy A.A., Chuasavathi T., Seshadri B., Rothrock M.J., Panneerselvam P. Uses and management of poultry litter, *World's Poult. Sci. J.* 2010, Vol.66, p.673–698. DOI: [10.1017/S0043933910000656](https://doi.org/10.1017/S0043933910000656)
- Borda-Molina D., Seifert J., Camarinha-Silva A. Current perspectives of the chicken gastrointestinal tract and its microbiome, *Comput. Struct. Biotechnol. J.*, 2018, Vol.16, p.131–139. DOI: [10.1016/J.CSBJ.2018.03.002](https://doi.org/10.1016/J.CSBJ.2018.03.002)
- Chang R., Li Y., Chen Q., Gong X., Qi Z. Effects of carbon-based additives and ventilation rate on nitrogen loss and microbial community during chicken manure composting, *PLoS one*, 2020, Vol.15, No.9, Art. e0229880. DOI: [10.1371/journal.pone.0229880](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229880)
- Chen Z., Jiang X. Microbiological safety of chicken litter or chicken litter-based organic fertilizers: A review, *Agriculture*, 2014, Vol.4, p.1–29. DOI: [10.3390/agriculture4010001](https://doi.org/10.3390/agriculture4010001)
- Danilova N.VOL., Galitskaya P.Yu., Selivanovskaya S.Yu. Antibiotic resistance of microorganisms in agricultural soils in Russia, *IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci.*, 2018, Vol.107, Art. 012054. DOI: [10.1088/1755-1315/107/1/012054](https://doi.org/10.1088/1755-1315/107/1/012054)
- Diaz Carrasco J.M., Casanova N.A., Fernández Miyakawa M.E. Microbiota, Gut Health and Chicken Productivity: What Is the Connection? *Microorganisms*, 2019, Vol.7, No. 10, Art.374. DOI: [10.3390/microorganisms7100374](https://doi.org/10.3390/microorganisms7100374)
- Dolliver H., Kumar K., Gupta S. Sulfamethazine uptake by plants from manure-amended soil, *Journal of Environment Quality*, 2007, Vol. 36, p.1224–1230. DOI: [10.2134/jeq2006.0266](https://doi.org/10.2134/jeq2006.0266)
- Drózd D., Wystalska K., Malińska K., Grosser A., Grobelak A., Kacprzak M. Management of poultry manure in Poland - Current state and future perspectives, *J. Environ. Manage.*, 2020, Vol.264, 110327. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.110327>
- Emmanuel S.A., Yoo J., Kim E.J., Chang J.S., Park Y.I., Koh S.C. Development of functional composts using spent coffee grounds, poultry manure and biochar through microbial bioaugmentation, *J. Environ. Sci. Health B.*, 2017, Vol.52, p.802–811. DOI: [10.1080/03601234.2017.1356165](https://doi.org/10.1080/03601234.2017.1356165)
- FAO, FAOSTAT, 2021a. [Electronic resource]. URL: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QA> (accessed June 01, 2021)
- FAO, FAOSTAT, 2021b. [Electronic resource]. URL: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/GU> (accessed June 01, 2021)
- Franciosini M.P., Costarelli S., Cobellis G., Trabalza-Marinucci M. Effects of dietary *Lactobacillus acidophilus* and *Bacillus subtilis* on laying performance, egg quality, blood biochemistry and immune response of organic laying hens, *J Anim Physiol Anim Nutr.*, 2016, Vol.100, p.977–987. DOI: [10.1111/jpn.12408](https://doi.org/10.1111/jpn.12408)
- Gould A.L., Zhang VOL., Lamberti L., Jones E.W., Obadia B., Korasidis N., Gavryushkin A., Carlson J.M., Beerenwinkel N., Ludington W.B. Microbiome interactions shape host fitness, *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 2018, Vol. 115, p.E11951–E11960. DOI: [10.1073/pnas.1809349115](https://doi.org/10.1073/pnas.1809349115)
- Huang P., Zhang Y., Xiao K., Jiang F., Wang H., Tang D., Liu D., Liu B., Liu Y., He X., Liu H., Liu X., Qing Z., Liu C., Huang J., Ren Y., Yun L., Yin L., Lin Q., Zeng C., Su X., Yuan J., Lin L., Hu N., Cao H., Huang S., Guo Y., Fan W., Zeng J. The chicken gut metagenome and the modulatory effects of plant-derived benzyloisoquinoline alkaloids, *Microbiome*, 2018, Vol.6, 211. DOI: [10.1186/s40168-018-0590-5](https://doi.org/10.1186/s40168-018-0590-5)
- Jechalke S., Heuer H., Siemens J., Amelung W., Smalla K. Fate and effects of veterinary antibiotics in soil, *Trends in Microbiology*, 2014, Vol.22, p.536–545. DOI: [10.1016/j.tim.2014.05.005](https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.05.005)
- Iqbal Y., Cottrell J.J., Suleria H.A.R., Dunshea F.R. Gut Microbiota-Polyphenol Interactions in Chicken: A Review, *Animals*, 2020, Vol.10, Art.1391. DOI: [10.3390/ani10081391](https://doi.org/10.3390/ani10081391)
- Iwu C.D., Korsten L., Okoh A.I. The incidence of antibiotic resistance within and beyond the agricultural ecosystem: A concern for public health, *Microbiologyopen*, 2020, Vol.9, Art.:e1035. DOI: [10.1002/mbo3.1035](https://doi.org/10.1002/mbo3.1035)
- Kogut M.H. The effect of microbiome modulation on the intestinal health of poultry, *Animal Feed Sci Technol.*, 2019, Vol.250, p.32–40. DOI: [10.1016/j.anifeedsci.2018.10.008](https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2018.10.008)

- Li M.X., He X.S., Tang J., Li X., Zhao R., Tao Y.Q., Wang C., Qiu Z.P. Influence of moisture content on chicken manure stabilization during microbial agent-enhanced composting, *Chemosphere*, 2021, Vol.264, Art. 128549. DOI: 10.1016/j.chemosphere.2020.128549
- Kuppusamy S., Kakarla D., Venkateswarlu K., Megharaj M., Yoon Y.-E., Lee Y.B. Veterinary antibiotics (VAs) contamination as a global agro-ecological issue: A critical view, *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2018, Vol.257, p.47–59. DOI:10.1016/j.agee.2018.01.026
- Kyakuwaire M., Olupot G., Amoding A., Nkedi-Kizza P., Basamba T.A. How Safe is Chicken Litter for Land Application as an Organic Fertilizer? A Review, *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 2019, Vol.16, Art. 3521. DOI: 10.3390/ijerph16193521
- Lillehoj H., Liu Y., Calsamiglia S., Fernandez-Miyakawa M.E., Chi F., Cravens R.L., Oh S., Gay C.G. Phytochemicals as antibiotic alternatives to promote growth and enhance host health, *Vet Res.*, 2018, Vol.49, No.1, p.76. DOI: 10.1186/s13567-018-0562-6
- Liu H., Huang Y., Duan W., Qiao C., Shen Q., Li R. Microbial community composition turnover and function in the mesophilic phase predetermine chicken manure composting efficiency, *Bioresour. Technol.*, 2020, Vol.313, Art. 123658. DOI: 10.1016/j.biortech.2020.123658
- Liu X., Liu W., Deng Y., He C., Xiao B., Guo S., Zhou X., Tang S., Qu X. Use of encapsulated *Bacillus subtilis* and essential oils to improve antioxidant and immune status of blood and production and hatching performance of laying hens, *Ital. J. Anim. Sci.*, 2020, Vol.19, p.1583–1591. DOI:10.1080/1828051X.2020.1862715
- Liu J., Stewart S.N., Robinson K., Yang Q., Lyu W., Whitmore M.A., Zhang G. Linkage between the intestinal microbiota and residual feed intake in broiler chickens, *J Anim Sci Biotechnol.*, 2021, Vol.12, No.1, Art. 22. DOI: 10.1186/s40104-020-00542-2
- López-Mosquera M.E., Cabaleiro F., Sainz M.J., López-Fabal A., Carral E. Fertilizing value of broiler litter: effects of drying and pelletizing. *Bioresour Technol.*, 2008, Vol.99, No.13, p.5626–5633. DOI: 10.1016/j.biortech.2007.10.034
- Manikandan M., Chun S., Kazibwe Z., Gopal J., Singh U.B., Oh J.W. Phenomenal Bombardment of Antibiotic in Poultry: Contemplating the Environmental Repercussions, *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 2020, Vol.17, p.5053. DOI: 10.3390/ijerph17145053
- Marchesi J. R., Ravel J. The vocabulary of microbiome research: a proposal, *Microbiome*, 2015, Vol.3, Art. 31. DOI: 10.1186/s40168-015-0094-5
- Mingmongkolchai S., Panbangred W. Bacillus probiotics: an alternative to antibiotics for livestock production, *J. Appl. Microbiol.*, 2018, Vol. 124, p.1334–1346. DOI:10.1111/jam.13690
- Naumova N.B., Alikina T.Y., Zolotova N.S., Konev A.VOL., Pleshakova V.I., Lescheva N.A., Kabilov M.R. Bacillus-Based Probiotic Treatment Modified Bacteriome Diversity in Duck Feces, *Agriculture*, 2021, Vol.11. No.11, Art.406. DOI: 10.3390/agriculture11050406
- Neher D.A., Limoges M.A., Weicht T.R., Sharma M., Millner P.D., Donnelly C. Bacterial Community Dynamics Distinguish Poultry Compost from Dairy Compost and Non-Amended Soils Planted with Spinach, *Microorganisms*, 2020, Vol.8, Art. 1601. DOI:10.3390/microorganisms8101601
- Neher D.A., Weicht T.R., Bates S.T., Leff J.W., Fierer N. Changes in bacterial and fungal communities across compost recipes, preparation methods, and composting times, *PLoS One*, 2013, Vol.8, Art.e79512. DOI: 10.1371/journal.pone.0079512
- Ogunrinola G.A., Oyewale J.O., Oshamika O.O., Olasehinde G.I. The Human Microbiome and Its Impacts on Health, *Int. J. Microbiol.*, 2020, Art.8045646. DOI: 10.1155/2020/8045646
- Oakley B.B., Lillehoj H.S., Kogut M.H., Kim W.K., Maurer J.J., Pedroso A., Lee M.D., Collett S.R., Johnson T.J., Cox N.A. The chicken gastrointestinal microbiome, *FEMS Microbiol Lett.*, 2014, Vol.360, p.100–112. DOI:10.1111/1574-6968.12608
- Opazo M.C., Ortega-Rocha E.M., Coronado-Arrázola I., Bonifaz L.C., Boudin H., Neunlist M., Riedel C.A. Intestinal Microbiota Influences Non-intestinal Related Autoimmune Diseases, *Front. Microbiol.* 2018. VOL. 9. Art.432. DOI: 10.3389/fmicb.2018.00432
- Oviedo-Rondón E.O. Holistic view of intestinal health in poultry, *Animal Feed Sci Technol.*, 2019, Vol. 250, p. 1–8. DOI:10.1016/j.anifeedsci.2019.01.009
- Park I., Lee Y., Goo D., Zimmerman N.P., Smith A.H., Rehberger T., Lillehoj H.S. The effects of dietary *Bacillus subtilis* supplementation, as an alternative to antibiotics, on growth performance, intestinal immunity, and epithelial barrier integrity in broiler chickens infected with *Eimeria maxima*, *Poultry Sci.*, 2020, Vol.99, p. 725–733. DOI: 10.1016/j.psj.2019.12.002
- Rinttilä T., Apajalahti J. Intestinal microbiota and metabolites – implications for broiler chicken health and performance, *J. Appl. Poult. Res.*, 2013, Vol.22, p.647–658. DOI: 10.3382/japr.2013-00742
- Sanchuki C.E., Socol C.R., de Carvalho J.C., Socol VOL.T., de Nascimento C., Wacieczowski A.L. Evaluation of poultry litter traditional composting process, *Braz. Arch. Boil. Technol.*, 2011, Vol.54, p.1053–1058. DOI:10.1590/S1516-89132011000500024
- Siller P., Daehre K., Thiel N., Nübel U., Roesler U. Impact of short-term storage on the quantity of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in broiler litter under practical conditions, *Poult Sci.*, 2020, Vol.99, p.2125–2135. DOI: 10.1016/j.psj.2019.11.043

- Sood U., Gupta VOL., Kumar R. et al. Chicken Gut Microbiome and Human Health: Past Scenarios, Current Perspectives, and Futuristic Applications, *Indian J. Microbiol.*, 2020, Vol.60, p.2–11. DOI: [10.1007/s12088-019-00785-2](https://doi.org/10.1007/s12088-019-00785-2)
- Su Q.J., Wei B., Yan C., Qiao M., Guan Y. Functional metagenomic characterization of antibiotic resistance genes in agricultural soils from China, *Environment International*, 2014, Vol.65, p.9–15. DOI:[10.1016/j.envint.2013.12.010](https://doi.org/10.1016/j.envint.2013.12.010)
- Subirats J., Murray R., Scott A., Lau C.H., Topp E. Composting of chicken litter from commercial broiler farms reduces the abundance of viable enteric bacteria, Firmicutes, and selected antibiotic resistance genes, *Sci Total Environ.*, 2020, Vol.746, Art.141113. DOI: [10.1016/j.scitotenVol.2020.141113](https://doi.org/10.1016/j.scitotenVol.2020.141113)
- Thomas C., Idler C., Ammon C., Amon T. Effects of the C/N ratio and moisture content on the survival of ESBL-producing *Escherichia coli* during chicken manure composting, *Waste Manag.*, 2020, Vol.105, p.110–118. DOI: [10.1016/j.wasman.2020.01.031](https://doi.org/10.1016/j.wasman.2020.01.031)
- Wan L., Wang X., Cong C., Li J., Xu Y., Li X., Hou F., Wu Y., Wang L. Effect of inoculating microorganisms in chicken manure composting with maize straw, *Bioresour Technol.*, 2020, Vol.301, Art. 122730. DOI: [10.1016/j.biortech.2019.122730](https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.122730)
- Wang Y., Gong J., Li J., Xin Y., Hao Z., Chen C., Li H., Wang B., Ding M., Li W., Zhang Z., Xu P., Xu T., Ding G.C., Li J. Insights into bacterial diversity in compost: Core microbiome and prevalence of potential pathogenic bacteria, *Sci. Total Environ.*, 2020, Vol.718, Art.137304. DOI: [10.1016/j.scitotenVol.2020.137304](https://doi.org/10.1016/j.scitotenVol.2020.137304)
- Wang F.-H., Qiao M., Chen Z., Su J.-Q., Zhu Y.-G. Antibiotic resistance genes in manure-amended soil and vegetables at harvest, *Journal of Hazardous Materials*, 2015, Vol.299, p.215–221. DOI:[10.1016/j.jhazmat.2015.05.028](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2015.05.028)
- Wan J., Wang X., Yang T., Wei Z., Banerjee S., Friman VOL.P., Mei X., Xu Y., Shen Q. Livestock Manure Type Affects Microbial Community Composition and Assembly During Composting, *Front Microbiol.* 2021, Vol.12, Art. 621126. DOI: [10.3389/fmicb.2021.621126](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.621126)
- World Health Organization (WHO). Antimicrobial resistance in the food chain. [WWW Document]. WHO. 2017. [Electronic resource]. URL: https://www.who.int/foodsafety/areas_work/antimicrobial-resistance/amrfoodchain/en/ (Accessed June 01, 2021)
- Wu S., Wu Y., Huang Q., Cai P. Insights into conjugative transfer of antibiotic resistance genes affected by soil minerals, *Eur J Soil Sci.*, 2021, Vol. 72, p. 1143–1153. DOI:[10.1111/ejss.13004](https://doi.org/10.1111/ejss.13004)
- Xiao Y., Xiang Y., Zhou W., Chen J., Li K., Yang H. Microbial community mapping in intestinal tract of broiler chicken, *Poult. Sci.*, 2016, Vol.96, p.1387–1393. DOI: [10.3382/ps/pew372](https://doi.org/10.3382/ps/pew372)
- Yang Y., Ashworth A.J., DeBruyn J.M., Willett C., Durso L.M., Cook K., Moore P.A. Jr., Owens P.R. Soil bacterial biodiversity is driven by long-term pasture management, poultry litter, and cattle manure inputs, *PeerJ*, 2019, Vol. 7, e7839. DOI: [10.7717/peerj.7839](https://doi.org/10.7717/peerj.7839)
- Yegani M., Korver D.R. Factors affecting intestinal health in poultry, *Poult. Sci.*, 2008, Vol.87, p.2052–2063. DOI: [10.3382/ps.2008-00091](https://doi.org/10.3382/ps.2008-00091)
- Zhang Y.J., Hu H.W., Chen Q.L., Singh B.K., Yan H., Chen D., He J.Z. Transfer of antibiotic resistance from manure-amended soils to vegetable microbiomes, *Environ. Int.*, 2019, Vol.130, 104912. DOI: [10.1016/j.envint.2019.104912](https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.104912)
- Zhang Y.J., Hu H.W., Gou M., Wang J.T., Chen D., He J.Z. Temporal succession of soil antibiotic resistance genes following application of swine, cattle and poultry manures spiked with or without antibiotics, *Environ. Pollut.*, 2017, Vol.231, p.1621–1632. DOI: [10.1016/j.envpol.2017.09.074](https://doi.org/10.1016/j.envpol.2017.09.074)
- Zhang Y.J., Hu H.W., Chen Q.L., Yan H., Wang J.T., Chen D., He J.Z. Manure Application Did Not Enrich Antibiotic Resistance Genes in Root Endophytic Bacterial Microbiota of Cherry Radish Plants, *Appl. Environ. Microbiol.*, 2020, Vol.86, e02106-19. DOI: [10.1128/AEM.02106-19](https://doi.org/10.1128/AEM.02106-19)
- Zhang J., Lin H., Ma J., Sun W., Yang Y., Zhang X. Compost-bulking agents reduce the reservoir of antibiotics and antibiotic resistance genes in manures by modifying bacterial microbiota, *Sci. Total Environ.*, 2019, Vol.649, p.396–404. DOI: [10.1016/j.scitotenVol.2018.08.212](https://doi.org/10.1016/j.scitotenVol.2018.08.212)
- Zhao J., Liu J., Liang H., Huang J., Chen Z., Nie Y., Wang C., Wang Y. Manipulation of the rhizosphere microbial community through application of a new bio-organic fertilizer improves watermelon quality and health, *PloS one*, 2018, Vol.13, No.2, e0192967. DOI: [10.1371/journal.pone.0192967](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192967)

Received 01 June 2021

Accepted 24 June 2021

Published 02 July 2021

About the authors:

Naumova Natalia B. – Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher in the Laboratory of Agrochemistry of the Institute of Soil Science and Agrochemistry of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia; naumova@issa-siberia.ru

Ruchko Elena N. – Student of the Stolypin Omsk State Agrarian University, Omsk, Russia.

Savenkov Oleg A. – Candidate of Biological Sciences, Researcher in the Laboratory of Agrochemistry of the Institute of Soil Science and Agrochemistry of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia; savenkov@issa-siberia.ru

Pleshakova Valentina I. – Doctor of Veterinary Sciences, Professor, Head of the Veterinary Microbiology Chair in the Stolypin Omsk State Agrarian University, Omsk, Russia;
vi.pleshakova@omgau.org

The authors read and approved the final manuscript



The article is available under [Creative Commons Attribution 4.0 License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)