

Elżbieta Kukier, Krzysztof Kwiatek, Magdalena Goldsztejn, Tomasz Grenda

z Zakładu Higieny Pasz Państwowego Instytutu Weterynaryjnego – Państwowego Instytutu Badawczego w Puławach

Produkcja żywności pochodzenia zwierzęcego zależy od dostępności pasz, które stanowią od 60 do 80% całkowitych kosztów produkcji zwierzęcej. W ciągu ostatnich dwóch lat cena pasz wzrosła od 40 do 60% (w zależności od gatunku zwierząt), czego powodem są m.in. coraz częściej obserwowane anomalie pogodowe (susze, powodzie) w różnych rejonach świata utrudniające pozyskanie dobrej jakości roślinnych materiałów paszowych. Pasje o dobrej jakości mikrobiologicznej są głównym czynnikiem, obok wartości pokarmowej paszy, warunkującym produkcję zdrowej i bezpiecznej żywności. Ponadto pasza o prawidłowej wartości odżywczej i bezpieczna mikrobiologicznie obniża częściowo koszty produkcji zwierzęcej poprzez poprawę zdrowia i dobrostanu zwierząt.

Mikroflora roślinnych materiałów paszowych jest odzwierciedleniem mikroflory gleby i środowiska, która zależy od rejonu geograficznego, jakości gleby, nawożenia, zwierząt występujących na danym terenie (owady, gryzonie, ptaki) czy warunków klimatycznych. Roślinne materiały paszowe stanowią podłoże o relatywnie niskiej wartości odżywczej dla mikroorganizmów, z wyjątkiem poekstrakcyjnych śrut z roślin oleistych, w porównaniu do materiałów paszowych pochodzenia zwierzęcego bogatych w łatwo przyswajalne składniki odżywcze, ułatwiające przeżywalność i namnażanie mikroorganizmów. Wydaje się jednak, że najważniejszym czynnikiem decydującym o jakości mikrobiologicznej materiałów paszowych pochodzenia zwierzęcego jest status zdrowotny zwierząt przed ubojem,

warunki higieniczne rzeźni oraz parametry przetwarzania ubocznych produktów pochodzenia zwierzęcego. Ponadto, zarówno materiały paszowe roślinne, jak i zwierzęce mogą ulec wtórnej kontaminacji w czasie ich pozyskiwania, przetwarzania, przechowywania i dystrybucji (1).

Najważniejszym zagrożeniem biologicznym w paszach są pałeczki z rodzaju *Salmonella*, które stanowią jeden z głównych bakteryjnych czynników zoonotycznych (2). Wieloletnie badania prowadzone w Polsce potwierdzają, że materiały i mieszanki paszowe mogą być zarówno wektorem, jak i rezerwuarem *Salmonella* spp. (3, 4). Wykazane zanieczyszczenie materiałów paszowych przez ten patogen jest zbieżne z wynikami badań w innych krajach (5), które dowodzą, że najczęstszym źródłem tego patogenu są wysokobiałkowe materiały paszowe pochodzenia roślinnego. Dlatego też śruty z nasion roślin oleistych są uważane za materiał paszowy o najwyższym ryzyku kontaminacji pałeczkami *Salmonella* (critical feed materials), gdzie dopiero w dalszej kolejności wymienione zostały mączki rybne i pochodne pszenicy (6).

Na drugim miejscu wśród zagrożeń biologicznych występujących w paszach wymienia się mikroorganizmy, które wykształciły zdolność wytwarzania spor opornych na działanie niekorzystnych warunków środowiskowych (beztlenowe laseczki przetrwalnikujące z rodzaju *Clostridium*, tlenowe laseczki przetrwalnikujące z rodzaju *Bacillus*, pleśnie) oraz *Escherichia coli* O157:H7 i *Listeria monocytogenes*.

## Microflora of feed

Kukier E., Kwiatek K., Goldsztejn M., Grenda T., Department of Hygiene of Animal Feedingstuffs, National Veterinary Research Institute, Pulawy

This paper aims at the presentation of crucial animal health problem which results from the possible contamination of feed with pathogenic microorganisms. Thus, the analysis of feed microbiota helps to understand and prevent important biological threats and potential hazards to animal and human health. Hygienic indicators in the assessment of microbiological feed quality are useful also for the quality evaluation of raw material and food of animal origin. Current microbiological requirements and feed quality used in Poland, in years 2003–2012, were presented and discussed.

**Keywords:** feed, microbiological contamination, *Salmonella*, *Clostridium*.

Rodzaj *Clostridium* obejmuje około 150 gatunków, jednak tylko niektóre z nich mogą być przyczyną zachorowań zwierząt i człowieka, np. *C. perfringens*, *C. botulinum*, *C. novyi*, *C. septicum*, *C. difficile*, *C. colinum*, *C. spiriforme*, *C. chauvoei*, *C. tetani*. Poziom zanieczyszczenia pasz przez *Clostridium* spp. jest wskaźnikiem zanieczyszczenia glebowego (kurz) i kałowego (główne źródło *Clostridium* spp. w środowisku), w mniejszym zaś stopniu warunków higienicznych w trakcie ich produkcji i obrotu. Na poziom kontaminacji tymi drobnoustrojami wpływać może również stosowanie niewystarczającej obróbki termicznej w trakcie procesu produkcyjnego, zbyt wolne schładzanie produktów, stosowanie zanieczyszczonych surowców i urządzeń do produkcji lub dostępow zwierząt (wektorów) będących źródłem zanieczyszczenia. Najczęściej stosowane temperatury procesu produkcyjnego zabijają jedynie formy wegetatywne

mikroorganizmów przetrwalnikujących, stymulując jednocześnie kiełkowanie spor oraz stwarzając środowisko beztlenowe wewnątrz produktu, co w przypadku materiałów o dużej objętości niesie ryzyko namnażania bakterii beztlenowych. Ponadto zdolność wytwarzania przetrwalników przez *Clostridium* spp. umożliwiło tym bakteriom bytowanie w niekorzystnych warunkach środowiskowych. Spory tych bakterii stanowią poważny problem w przemyśle paszowym, a ich inaktywacja, jak w przypadku niektórych szczepów *C. botulinum*, wymaga sterylizacji w temperaturze 121°C. Biorąc pod uwagę zachowania zwierząt hodowlanych, za najważniejszy patogen wśród beztlenowców przetrwalnikujących uważany jest *C. perfringens*. Zachorowalność zwierząt na tle laseczki zgorzeli gazowej, w zależności od gatunku, waha się od 15 do 50%, a śmiertelność może sięgać nawet 100% (7). Największe straty są notowane w intensywnej hodowli drobiu, świń, bydła i owiec. *Clostridium perfringens* był wielokrotnie izolowany z pasz, które uważane są za główne źródło tego drobnoustroju w hodowli zwierząt. Obecność *C. perfringens* stwierdzano od 46 do 100% badanych próbek pasz w Polsce, w zależności od masy badanej próbki (8, 9). Drobnoustroj ten występował zarówno w paszach przeznaczonych dla trzody chlewnej, bydła (ponad 50%), jak i dla drobiu (ponad 48% próbek). Zmienny był również poziom zanieczyszczenia poszczególnych mieszanek paszowych tym drobnoustrojem, a ponad 4% badanych próbek pasz dla świń zawierało od 10<sup>3</sup> do 10<sup>4</sup> *C. perfringens* w gramie. W dochodzeniu epizootycznym prowadzonym w przypadku zachorowań zwierząt hodowlanych na tle *C. perfringens* należy pamiętać, że zdecydowana większość izolatów *C. perfringens* z pasz należy do toksotypu A, co oznacza ich warunkową chorobotwórczość, a zachorowanie musi poprzedzać immunosupresja lub zaburzenie homeostazy przewodu pokarmowego zwierząt. Może je wywołać nagła zmiana paszy, przekarmienie, dieta wysokobiałkowa, karmienie paszami o wysokim rozdrobnieniu ziaren zbóż bogatych w polisacharydy nieskrobiowe, inhibicja trypsyny, nadmierna podaż niektórych mikroelementów (np. cynku), antybiotykoterapia, współistniejące zakażenie (np. kokcydioza u drobiu), obecność mikotoksyn w paszy, obecność benzochinonów w paszy (toksyny wydzielane przez magazynowe szkodniki zbóż – trojszyk, wołek zbożowy), ale również karmienie paszą o wysokim zanieczyszczeniu mikroflorą czy inne czynniki wywołujące stres środowiskowy zwierząt (10, 11). Dodatkowym utrudnieniem w dochodzeniu epizootycznym jest występowanie

*C. perfringens* typu A w przewodzie pokarmowym zdrowych ptaków i ssaków, co w praktyce uniemożliwia wskazanie pierwotnego źródła *C. perfringens* (pasza czy zwierzę).

Źródłem *C. botulinum* jest gleba, osady wodne (rzeki, jeziora, morza, oceany) ale również owady wodne, mięczaki, skorupiaki i kręgowce (zdrowe ptaki). Zdolność wytwarzania termoopornych przetrwalników przez ten gatunek sprawia, że stosowanie standardowych parametrów obróbki termicznej paszy nie niszczy przetrwalników. Potwierdza to czas redukcji dziesiętnej spor *C. botulinum*, który wynosi 255, 98 i 4,2 minuty, odpowiednio w 75, 85 i 93°C (12). Na szczęście częstotliwość występowania *C. botulinum* w paszach nie jest powszechna i w kilogramie materiału lub mieszanki paszowej spotyka się zwykle nie więcej niż kilka przetrwalników tego beztlenowca. Ponadto prawidłowo przeprowadzona obróbka termiczna w trakcie procesu produkcyjnego paszy wyklucza ryzyko obecności wrażliwych na temperaturę toksyn botulinowych. Biorąc pod uwagę rezerwuuar patogenu, materiałem paszowym podwyższonego ryzyka produkowanym przemysłowo mogą być mączki rybne i drobiowe. Najwyższym ryzykiem wystąpienia *C. botulinum* i toksyn botulinowych wśród pasz są kiszonki (13). Kluczowe znaczenie ma tu pH paszy, które w prawidłowo przygotowanej kiszonce powinno wahać się od 4 do 5. Ponieważ toksyny botulinowe są produkowane przy pH wyższym niż 4,6, kiszonki o zbyt wysokiej zawartości suchej masy (zakiszanie przesuszonego materiału roślinnego lub zebranego w zbyt późnym stadium wegetacji) stanowią potencjalne źródło toksyn botulinowych. Warto dodać, że niższe pH kiszonek i wyższą stabilność tlenową kiszonki (hamowanie wzrostu pleśni i drożdży) niż metodą spontanicznej fermentacji można uzyskać, stosując biopreparaty do zakiszania (bakterie kwasu mlekowego; 14). Kiełkowanie spor *C. botulinum* i produkcję toksyn botulinowych w kiszonkach stymulują dodatkowo letnie upały, zastępujące pasteryzację stosowaną w laboratorium (70–80°C przez 10 minut). Źródłem *C. botulinum* w kiszonkach może być gleba (bogata w materię organiczną, z terenów zalewowych, podmokłych), szczątki padłych zwierząt (ptaki, ssaki) czy pomiot kurzy. Podejrzewa się również, że nawożenie upraw przeznaczonych na kiszonki pozostałościami fermentacyjnymi z biogazowni może być pierwotną przyczyną botulizmu bydła. Przemawia za tym masowe występowanie przewlekłej postaci tej choroby u bydła w północnej części Niemiec, gdzie znajduje się najwyższa liczba

instalacji biogazowych w tym kraju (informacja ustna). Dodatkowym potwierdzeniem tej hipotezy jest stwierdzana liczba przetrwalników *Clostridium* spp. w osadach pofermentacyjnych, która waha się od 10<sup>4</sup> do nawet 10<sup>6</sup> w gramie (niepublikowane dane własne).

Tlenowe laseczki przetrwalnikujące z gatunku *Bacillus cereus*, o ile nie stanowią groźnego patogenu dla zwierząt, obecne w dużej ilości w środowisku bytowania zwierząt hodowlanych (ściółka, pasza), mogą znacząco pogarszać jakość mikrobiologiczną pozyskiwanych surowców i produktów pochodzenia zwierzęcego (mleko, mięso, jaja; 15). Bakterie tego gatunku były stwierdzane w śrucie sojowej, suchych karmach dla zwierząt towarzyszących zawierających ryż oraz w karmach mokrych (batony; niepublikowane dane własne; 16).

Pleśnie są mikroorganizmami wszechobecnymi w świecie ożywionym dzięki m.in. wytwarzanym obficie zarodnikom, opornym na działanie wielu czynników. Aktywność enzymatyczna grzybów pleśniowych powoduje obniżenie wartości odżywczej materiałów paszowych, powodując zarazem niekorzystne zmiany organoleptyczne. Obecność pleśni produkujących mikotoksyny może wywoływać mikotoksykozy zwierząt, a poprzez skażoną żywność pochodzenia zwierzęcego mikotoksykozy ludzi. Jest to szczególnie niebezpieczne, biorąc pod uwagę, że mikotoksyny wykazują właściwości karcynogenne, mutagenne, teratogenne lub estrogenne. U zwierząt powodują także zmniejszenie wykorzystania paszy, pogorszenie stanu zdrowia oraz immunosupresję, prowadzącą do zakażeń oportunistycznych (*Clostridium perfringens* typu A, *Escherichia coli*). Głównym źródłem grzybów w paszach są materiały paszowe pochodzenia roślinnego, a w świeżych zbożach stwierdza się z reguły nie więcej niż 10<sup>4</sup> jtk/g. Grzyby zasiedlające materiały paszowe mogą być pochodzenia polowego lub magazynowego, a ich liczba zależy w dużym stopniu od warunków środowiskowych. Poza wilgotnością i temperaturą rozwój grzybów warunkuje dostępność substancji odżywczych, tlenu i pH podłoża. Aktywność enzymatyczna grzybów pleśniowych powoduje obniżenie wartości odżywczej materiałów paszowych, powodując zarazem niekorzystne zmiany organoleptyczne. Wyniki badań z ostatnich lat wskazują na obniżenie zanieczyszczenia mikologicznego mączek zwierzęcych i poekstrakcyjnych śrut z nasion roślin oleistych. Z kolei zanieczyszczenie zbóż, będących zasadniczym źródłem grzybów w mieszankach paszowych, utrzymuje się na stałym poziomie lub wzrasta w ziarnach zbóż pochodzących

z lat, w których suma rocznych opadów deszczu przekracza średnią wartość krajową (lata 2007 i 2010). Ponadto zaobserwowano, że wraz ze wzrostem zanieczyszczenia mikologicznego zbóż w latach deszczowych, maleje odsetek próbek zbóż zanieczyszczonych przez *Salmonella* spp. w tym okresie.

Enterokrwotoczne szczepy *E. coli* O157:H7 były rzadko wykrywane w paszy dla bydła, a jedynie bydło było uważane za źródło tego patogenu dla człowieka. Niektóre badania potwierdzają jednak, że pasza może być źródłem *E. coli* O157 dla bydła i choć nie opisano dotąd zachorowań człowieka na tle tego szczepu, to nie można wykluczyć, że pasza jest niezależnym źródłem *E. coli* O157:H7 w środowisku (17, 18, 19). *Escherichia coli* O157 stwierdzano w 0,5% badanych próbek pasz przemysłowych pobieranych z gospodarstw (20). Wykazano też, że *E. coli* O157 może namnażać się w paszach dla bydła, w których jest wystarczająca ilość wody (21, 22). Z kolei inne badania dowiodły, że kombinacje czasu i temperatury stosowane w przemysłowych procesach granulacji nie zabijają dużej liczby *E. coli* O157 obecnej w paszach (23). Dowiedziano też, że wytrzymałość ciepła *E. coli* O157:H7 w koncentratkach paszowych dla bydła była wyższa niż pałeczek *Salmonella* i działanie 70°C przez 120 sekund obniżało jej liczbę o nie więcej niż 2,2 log, a gorsze wyniki uzyskiwano w paszach o wyższej zawartości tłuszczu.

*Listeria monocytogenes* występuje powszechnie w przyrodzie i charakteryzuje się rzadko spotykaną w świecie bakterii opornością na czynniki fizykochemiczne. Drobnoustroj ten może przeżyć do 2 lat w glebie, kilka lat w chłodni i nawet do 5 min w 80°C (24). Ponadto rośnie on w bardzo szerokim zakresie temperatur (0–45°C), przy pH od 4,3 do 9,6, toleruje wysokie stężenia soli (do 10%), niską aktywność wody (~0,83) i jest względnie beztlenowcem. Był on wielokrotnie izolowany z gleby, wody (jeziora, rzeki, wody przybrzeżne), gnijących roślin, ścieków i przewodów pokarmowego zdrowych zwierząt (6–30% bydła, owiec, kóz, świń, drobiu; 25, 26). Ocenia się że *L. monocytogenes* może występować w około 10% kiszzonek, zwłaszcza złej jakości, tj. niewystarczająco sprasowanych (liczne kieszenie tlenowe), słabo sfermentowanych, o pH wyższym niż 4,5 czy eksponowanej na dostęp powietrza. Wyższym ryzykiem kontaminacji *L. monocytogenes* obarczone są kiszzonek przyzwoitych, co wynika z trudności w prasowaniu, słabszej fermentacji i dużej powierzchni belki podatnej na uszkodzenia stosowanych opakowań. Opisane dotąd przypadki

listeriozy zwierząt hodowlanych wskazują na kiszzonek, jako pierwotne lub wysoce prawdopodobne źródło tego patogenu (27, 28, 29, 30, 31).

Do trzeciej grupy zagrożeń biologicznych w paszach należą antybiotykooporne bakterie lub geny oporności. Nieliczne, jak dotąd, badania nad opornością izolatów bakteryjnych z pasz w Polsce wykazały, że charakteryzowały się one rzadziej występującą opornością na substancje antybakteryjne niż izolaty od zwierząt hodowlanych (32).

Ocena jakości mikrobiologicznej pasz obejmuje również grupy drobnoustrojów pełniące rolę tzw. wskaźników higienicznych, do których należą: liczba bakterii tlenowych, liczba drobnoustrojów, liczba grzybów, liczba Enterobacteriaceae czy miano *Clostridium* spp. Znaczenie wskaźników higienicznych pasz wyjaśnia reguła mówiąca o tym, że prawdopodobieństwo wystąpienia mikroorganizmów patogennych i ich toksycznych metabolitów w paszy rośnie wraz z całkowitą liczbą drobnoustrojów w niej obecnych. Z kolei występowanie w paszach patogenów i ich toksyn stwarza ryzyko zachorowań zwierząt oraz zanieczyszczenia surowców i produktów żywnościowych pochodzenia zwierzęcego, co zagraża zdrowiu człowieka. Ponadto stała ekspozycja zwierząt na drobnoustroje licznie występujące w otoczeniu zwierząt, w tym także w paszy, powoduje produkcję cytokin prozapalnych, aktywację odpowiedzi ostrej fazy, resorpcję aminokwasów z mięśni, zużywanie składników odżywczych na syntezę białek ostrej fazy, stymulację produkcji leptyny i obniżenie apetytu, co prowadzi do obniżenia produktywności (33).

Zasadniczym, choć ogólnym kryterium higienicznym informującym o stanie mikrobiologicznym paszy jest ogólna liczba bakterii tlenowych i liczba drobnoustrojów. Parametry te informują o jakości mikrobiologicznej użytych materiałów paszowych, efektywności dekontaminacji w trakcie procesu produkcyjnego oraz warunkach sanitarno-higienicznych w trakcie pozyskiwania, przetwarzania i obrotu paszy oraz jej komponentów. Ponadto rozkład białek i tłuszczów przez bakterie proteolityczne i lipolityczne obecne w paszach prowadzi do obniżenia ich wartości odżywczej.

Rodzina Enterobacteriaceae obejmuje, m.in. rodzaje *Salmonella*, *Escherichia*, *Shigella* i *Yersinia*, w obrębie których występują gatunki i szczepy patogenne dla zwierząt i ludzi. Zdecydowana większość bakterii należących do tej rodziny to pałeczki jelitowe, których naturalnym środowiskiem bytowania jest przewód pokarmowy ludzi i zwierząt. Niektóre gatunki

z rodziny Enterobacteriaceae zasiedlają rośliny, co może tłumaczyć spotykane zanieczyszczenie roślinnych materiałów paszowych na poziomie nieprzekraczającym zwykle 10<sup>2</sup> jtk/g. Ulegając niewielkiej redukcji w trakcie przechowywania pasz, liczba Enterobacteriaceae jest użytecznym wskaźnikiem zanieczyszczenia kałowego, a jednocześnie pośrednim indykatorem obecności *Salmonella* spp. Jego znaczenie jest tym większe, że rozmieszczenie pałeczek *Salmonella* w paszach jest niejednolite, a prawdopodobieństwo wykrycia tego drobnoustroju w kilku- lub kilkusettonowej partii paszy jest stosunkowo niskie. Jest to także wskaźnik dekontaminacji pasz w trakcie procesu produkcyjnego, służący monitorowaniu jakości produktu, a informacja o poziomie zanieczyszczenia stosowanych materiałów paszowych przez Enterobacteriaceae ułatwia wybór metody i parametrów procesu przetwarzania. Parametr ten, ważny zwłaszcza dla materiałów paszowych, stanowi krytyczny punkt kontroli w łańcuchu produkcji pasz. Za główne źródło zanieczyszczenia pasz przez bakterie z tej rodziny uważano dotychczas materiały paszowe pochodzenia zwierzęcego, w mniejszym zaś stopniu warunki sanitarno-higieniczne ich produkcji i obrotu. Jednak, biorąc pod uwagę poprawę jakości mikrobiologicznej mączek zwierzęcych w omawianym kryterium mikrobiologicznym oraz towarzyszący jej spadek liczby próbek zanieczyszczonych przez pałeczki *Salmonella*, ten parametr mikrobiologiczny staje się jedynie indykatorem warunków sanitarno-higienicznych w trakcie produkcji i obrotu materiału paszowego.

Produkcja przemysłowych mieszanek paszowych w Polsce wzrosła niemal dwukrotnie w ciągu ostatniej dekady i w 2014 r. szacuje się ją na około 9 mln ton. Profil i skala produkcji przemysłu paszowego, są ściśle związane z sytuacją w innych dziedzinach gospodarki, co potwierdziły wydarzenia ostatnich dekad (BSE, grypa ptaków o wysokiej zjadliwości, dioksyny, afrykański pomór świń). Istotny wpływ na produkcję w sektorze paszowym ma również polityka Unii Europejskiej dążąca do poprawy jakości i bezpieczeństwa żywności pochodzenia zwierzęcego, którą definiuje koncepcja „Jednego zdrowia”. Mając na uwadze, że pasze mogą być rezerwuarem lub wektorem drobnoustrojów patogennych, w tym czynników zoonotycznych, niezwykle istotna jest troska o możliwie jak najlepszą ich jakość mikrobiologiczną, ze strony zarówno rolników, jak i przemysłowych producentów pasz. Zgodnie z prawem Unii Europejskiej „Zasadniczą odpowiedzialnością za bezpieczeństwo

paszy ponosi przedsiębiorstwo paszowe” (34), a obowiązujące obecnie wymagania mikrobiologiczne nie dopuszczają jedynie obecności pałeczek *Salmonella* spp. w 25 g paszy i ograniczają liczbę bakterii z rodziny Enterobacteriaceae w materiałach paszowych pochodzenia zwierzęcego (w 2 spośród 5 próbek badanej partii dopuszcza się od 10 do 300 jtk/g) i w surowej karmie dla zwierząt domowych (w 2 spośród 5 próbek badanej partii dopuszcza się od 10 do 5000 jtk/g; 35, 36).

Obowiązek stosowania ostatnich polskich kryteriów oceny mikrobiologicznej pasz opisanych w normie PN-R-64791:1994 zniósła z początkiem 2003 r. ustawa o normalizacji, wprowadzając dobrowolność stosowania norm (37, 38). Prowadzone w naszym kraju badania mikrobiologiczne pasz i ich analiza obejmująca lata 2003–2012 wykazała, że jakość higieniczna pasz uległa istotnej statystycznie poprawie w porównaniu do wymagań obowiązujących do końca 2002 r., w takich wskaźnikach higienicznych, jak liczba drobnoustrojów, liczba grzybów, liczba Enterobacteriaceae oraz miano *Clostridium* spp. Na tej podstawie można stwierdzić, że poziom zanieczyszczenia mikrobiologicznego mieszanek paszowych stosowanych obecnie w Polsce wynosi:

- liczba Enterobacteriaceae – poniżej 10<sup>2</sup> jtk/g
- liczba bakterii tlenowych mezofilnych – poniżej 10<sup>6</sup> jtk/g
- liczba grzybów – poniżej 10<sup>5</sup> jtk/g
- miano *Clostridium* spp. – nie mniej niż 0,001
- liczba *C. perfringens* - poniżej 10<sup>3</sup> jtk/g.

Przekroczenie którejkolwiek z tych wartości jest sygnałem wątpliwej jakości higienicznej paszy i stanowi podstawę do szczegółowej analizy mikrobiologicznej produktu. W krajach Europy Zachodniej na potrzeby producentów pasz i hodowców zwierząt zostały opracowane kryteria jakości mikrobiologicznej pasz, które stanowią orientacyjny wzorzec jakości higienicznej tych produktów. W Holandii pasze zawierające poniżej 10<sup>4</sup> zarodników grzybów w 1 g uznaje się za bardzo dobrej jakości; od 10<sup>4</sup> do 5,0 × 10<sup>4</sup> za dobre; od 5,0 × 10<sup>4</sup> do 5,0 × 10<sup>5</sup> za budzące zastrzeżenia, a od 5,0 × 10<sup>5</sup> do 10<sup>6</sup> za pasze o złej jakości higienicznej. Gdy liczba zarodników przekroczy 1 mln w gramie, pasza jest dyskwalifikowana (39). W Saksonii-Anhalt (Niemcy) za normalne zanieczyszczenie bakteryjne uważa się od 0,5 × 10<sup>6</sup> do 1 × 10<sup>7</sup> jtk/g, a zanieczyszczenie przez pleśń od 5 × 10<sup>3</sup> do 5 × 10<sup>4</sup> jtk/g, w zależności od gatunku zwierząt i ich grupy produkcyjnej (40). Warto dodać, że czynnikiem zachęcającym hodowcę zwierząt do kupna danej

paszy może być również deklarowana przez producenta paszy maksymalna liczba bakterii w gramie jego produktu, co jest praktykowane w krajach Europy Zachodniej.

### Piśmiennictwo

1. Maciorowski K.G., Herrera P., Jones F.T., Pillai S.D., Ricke S.C.: Effects on poultry and livestock of feed contamination with bacteria and fungi. *Anim. Feed. Sci. Tech.* 2007, **133**, 109–136.
2. European Food Safety Authority: Microbiological risk assessment in feedingstuffs for food-producing animals. Scientific opinion of the panel on biological hazards. *EFSA J.* 2008, **720**, 1–84.
3. Kukier E., Goldsztejn M., Grenda T., Kwiatek K., Wasyl D., Hoszowski D.: Microbiological quality of compound feed used in Poland. *Bull. Vet. Inst. Pulawy* 2012, **56**, 349–354.
4. Kukier E., Goldsztejn M., Grenda T., Kwiatek K., Bocian Ł.: Microbiological quality of feed materials used between 2009 and 2012 in Poland. *Bull. Vet. Inst. Pulawy* 2013, **57**, 107–111.
5. European Food Safety Authority: Scientific report of EFSA and ECDC. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2010. *EFSA J.* 2012, **10**, 2597.
6. Product Board Animal Feed. Evaluation of the measures to control *Salmonella* in the animal feed sector 2004. Hague, Netherlands, 2005.
7. Songer J.G., Meer R.R.: Genotyping of *Clostridium perfringens* by polymerase chain reaction is a useful adjunct to diagnosis of clostridial enteric disease in animals. *Anaerob.* 1996, **2**, 197–203.
8. Kukier E., Kwiatek K.: Phenotypical and genotypical characterisation of *Clostridium perfringens* strains isolated from feedingstuffs. *Bull. Vet. Inst. Pulawy* 2010, **54**, 501–511.
9. Kukier E., Kwiatek K.: Occurrence of *Clostridium perfringens* in food chain. *Bull. Vet. Inst. Pulawy* 2010, **54**, 571–576.
10. Annett C.B., Viste J.R., Chirino-Trejo M., Classen H.L., Middleton D.M., Simko E.: Necrotic enteritis: effect of barley, wheat and corn diets on proliferation of *Clostridium perfringens* type A. *Avian Pathol.* 2002, **31**, 598–601.
11. Nikpiran H., Shojadoost B., Peighambari S.M.: Experimental induction of necrotic enteritis in broiler chickens by *Clostridium perfringens* isolates from the outbreaks in Iran. *J. Vet. Res.* 2008, **63**, 127–132.
12. Lindström M., Nevas M., Hielm S., Lähteenmäki L., Peck M.W., Korkeala H.: Thermal inactivation of nonproteolytic *Clostridium botulinum* type E spores in model fish media and in vacuum-packaged hot-smoked fish products. *Appl. Environ. Microbiol.* 2003, **69**, 4029–4036.
13. Saeed E.M.A.: *Studies on isolation and identification of Clostridium botulinum investigating field samples specially from equine grass sickness cases.* PhD dissertation, Faculty of Agriculture, Goettingen University 2004.
14. Kapturowska A.U., Zielińska K.J., Stecka K.M.: Ocena jakości mleka surowego w powiązaniu z jakością kiszonych pasz objętościowych w wybranych gospodarstwach ekologicznych. *J. Res. Appl. Agri. Eng.* 2012, **57**, 194–197.
15. Magnusson M., Christiansson A., Svensson B.: *Bacillus cereus* spores during housing of dairy cows: factors affecting contamination of raw milk. *J. Dairy Sci.* 2007, **90**, 2745–54.
16. Raevuori M., Pekkanen T.J.: The occurrence of *Bacillus cereus* in Finnish dog food sausages; a microbiological and physicochemical survey. *Nord. Vet. Med.* 1976, **28**, 309–315.
17. Dargatz D.A., Strohmeyer R.A., Morley P.S., Hyatt D.R., Salman, M.D.: Characterization of *Escherichia coli* and *Salmonella enterica* from cattle feed ingredients. *Food-borne Pathog. Dis.* 2005, **2**, 341–347.
18. Dodd C.C., Sanderson M.W., Sargeant J.M., Nagaraja T.G., Oberst R.D., Smith R.A., Dee Griffin D.: Prevalence of *Escherichia coli* O157 in cattle feeds in Midwestern feedlots. *Appl. Environ. Microbiol.* 2003, **69**, 5243–5247.
19. Sargeant J.M., Sanderson M.W., Griffin D.D., Smith, R.A.: Factors associated with the presence of *Escherichia coli* O157 in feedlot-cattle water and feed in the Midwestern USA. *Prev. Vet. Med.* 2004, **66**, 207–237.
20. Hancock D.D., Besser T.E., Lejeune J., Davis M., Rice D.H.: The control of VTEC in the animal reservoir. *Int. J. Food Microbiol.* 2001, **66**, 71–78.

21. Lynn T.V., Hancock D.D., Besser T.E., Harrison J.H., Rice D.H., Stewart N.T., Rowan L.L.: The occurrence and replication of *Escherichia coli* in cattle feed. *J. Dairy Sci.* 1998, **81**, 1102–1108.
22. Fenlon D.R., Wilson J.: Growth of *Escherichia coli* O157 in poorly fermented laboratory silage: a possible environmental dimension in the epidemiology of *E. coli* O157. *Let. Appl. Microbiol.* 2000, **30**, 118–121.
23. Hutchinson M.L., Thomas, D.J., Avery S.M.: Thermal death of *Escherichia coli* O157: H7 in cattle feed. *Let. Appl. Microbiol.* 2007, **44**, 357–263.
24. Ryser E.T., Marth E.H.: *Listeria, listeriosis and food safety.* 2<sup>nd</sup> ed., NY 1999, Marcel Dekker.
25. Goulet V., Leclercq A., Vaillant V., Le Monnier A., Laurent E., Thierry-Bled E., Pihier N. De Valk H.: Recrudescence récente des cas de listériose en France *BEH.* 2008, **30–31**, 268–272.
26. Quinn P.J., Carter M.E., Markey B., Carter G.R.: *Veterinary Microbiology Microbial Diseases-Bacterial causes of Bovine Mastitis*, 8<sup>th</sup> ed., Mosby International Limited, London 2002, 170.
27. Dennis, S.M.: Listeriosis (circling disease, silage sickness). W: *Current Veterinary Therapy. Food Animal Practice.* Philadelphia, W. B. Saunders. 1993, 580–583.
28. Fenlon D. R.: Wild birds and silage as reservoir of *Listeria monocytogenes* in the agricultural environment. *J. Appl. Bacteriol.* 1985, **59**, 537–543.
29. Salwa A., Kopczewski A., Borkowska-Opacka B., Przewoski W., Strzałkowski L., Sroka A., Arent Z., Malinowski E., Lachowski A.: Entzootia listeriozy u bydła na Kaszubach. *Medycyna Weter.* 2007, **63**, 1579–1582.
30. Schweizer G., Ehrensperger F., Torgerson P. R., Braun U.: Clinical findings and treatment of 94 cattle presumptively diagnosed with listeriosis. *Vet. Rec.* 2005, **29**, 588–592.
31. Weiss J., Seeliger H.P.R.: Incidence of *Listeria monocytogenes* in nature. *Appl. Microbiol.* 1975, **29**, 29–32.
32. Wasyl D., Hoszowski A.: Antimicrobial resistance of *Salmonella* isolated from animals and feed in Poland. *Bull. Vet. Inst. Pulawy* 2004, **48**, 233–240.
33. Colditz I.G.: Effects of the immune system on metabolism: implications for production and disease resistance in livestock. *Livest. Prod. Sci.* 2002, **3**, 257–268.
34. Rozporządzenie (WE) Nr 183/2005 Parlamentu Europejskiego i Rady z dnia 12 stycznia 2005 r. ustanawiające wymagania dotyczące higieny pasz.
35. Rozporządzenie Komisji (UE) Nr 142 z dnia 25 lutego 2011 r. w sprawie wykonania rozporządzenia Parlamentu Europejskiego i Rady (WE) nr 1069/2009 określającego przepisy sanitarne dotyczące produktów ubocznych pochodzenia zwierzęcego, nieprzeznaczonych do spożycia przez ludzi, oraz w sprawie wykonania dyrektywy Rady 97/78/WE w odniesieniu do niektórych próbek i przedmiotów zwolnionych z kontroli weterynaryjnych na granicach w myśl tej dyrektywy.
36. Commission Regulation of on microbiological criteria for feedstuffs (SANCO/2009/JHR/2009-EN.doc).
37. PN-R-64791:1994 Pasze. Wymagania i badania mikrobiologiczne.
38. Ustawa z dnia 12 września 2002 r. o normalizacji (Dz.U. z 2002 r. nr 169, poz. 1386 z późn. zm.).
39. Kleuskens H.: Hygiene of feed production process, mold inhibitors used in Holland. *III Seminarium pt. Mikotoksyny w żywności, surowcach i paszach przemysłowych.* WSP Bydgoszcz, 1996.
40. Matzke U.: *Landesanstalt für Landwirtschaft, Forsten und Gartenbau, 2008, Sachsen-Anhalt, Landwirtschaftliches Untersuchungswesen Standort Halle-Lettin, Schiepziger Straße 29, 06120 Halle-Lettin.*

Dr n. wet. Elżbieta Kukier, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach, al. Partyzantów 57, 24–100 Puławy, e-mail: elawoj@piwet.pulawy.pl