139, 12-18. **3. Felska-Błaszczyk L., Baranowski P., Seremak B., Pęzińska K., Nowak P., Lasota B., Stelter O.**, 2013 – Domestication of the red fox (*Vulpes vulpes*) captured in pectoral limb bones. Med. Weter. (w druku). **4. Hartl D.L., Clark A.G.**, 2009 – Podstawy genetyki populacyjnej. Wyd. UW, Warszawa. **5. Horecka B., Jeżewska-Witkowska G., Kasperek K., Jakubczak A., Ślaska B., Bugno-Poniewierska M., Piórkowska M.**, 2012 – Genetic structure of wild and farm-bred American Mink (*Neovison vison*). Genetic Days, Wrocław. **6. Jeżewska-Witkowska G., Horecka B., Jakubczak A., Kasperek K., Ślaska B., Bugno-Poniewierska M., Piórkowska M.**, 2012 – Annals of Animal Science 12 (4), 501-512. **7. Kidd A.G., Bowman J ., Lesbarréres D., Schulte-Hostedde A.I.**, 2009 – Molecular Ecology 18, 1175-1186. **8. Ślaska B.**, 2010 – Genomika strukturalna jenota (*Nyctereutes procyonoides procyonoides*). Rozprawy Naukowe UP w Lublinie, zeszyt 348. **9. Ślaska B., Grzybowska-Szatkowska L.**, 2011 – Mitochondrial DNA 22 (4), 105-110. **10. Ślaska B., Zięba G., Rozempolska-Rucińska I., Jeżewska-Witkowska G., Jakubczak A.**, 2010 – Folia Biologica (Kraków) 58, 3-4, 195-199.

Do breeding fur animals differ from wild-living mink, red fox and raccoon dog? – preliminary results of the studies

Summary

The project which is accomplished in the Department of Biological Backgrounds of Animal Production by a team of prof. Grażyna Jeżewska-Witkowska is aimed at development of the standards allowing for identification by phenotype and genotype of farm-bred and wild animals, including: American mink, red fox and raccoon dog. The obtained results suggest that the domestication process contributed to increase the diversity of farm animals (coat color, body weight), as well as to a number of changes in physiology and anatomy. Domestication is also associated with the formation of a number of mutations and polymorphisms at the molecular level. The differences observed at the phenotypic/DNA level will be used to develop tests enabling the identification of the affiliation of mink, fox and raccoon dog to a group of farm or wild-living animals. This fact will be important both for the environmental protection and also for the proper organization of the carnivorous fur farms.

KEY WORDS: American mink, red fox, raccoon dog, farm animals, wild animals

Zanieczyszczenia mikrobiologiczne powietrza zakładów utylizujących odpady pochodzenia zwierzęcego

Leszek Tymczyna, Anna Chmielowiec-Korzeniowska, Agata Drabik, Łukasz Krzosek

Katedra Higieny Zwierząt i Środowiska UP w Lublinie

Produkty uboczne pochodzenia zwierzęcego (PUPZ) to produkty nieprzeznaczone do spożycia przez ludzi, w tym tusze i części tusz, padłe zwierzęta, surowce odpadowe z rzeźni i odrzucone środki spożywcze zawierające surowce pochodzenia zwierzęcego. Do 2000 roku gospodarka odpadami pochodzenia zwierzęcego opierała się głównie na ich przetwarzaniu na mączki mięsno-kostne przeznaczone na pasze dla zwierząt gospodarskich. Z chwilą wprowadzenia w UE zakazu wykorzystywania ich w żywieniu zwierząt rzeźnych (w Polsce od 1999 r. dla bydła i od 2003 r. dla trzody chlewnej i drobiu) w wielu krajach pojawił się istotny problem z prawidłową i ekonomicznie opłacalną utylizacją odpadów poprodukcyjnych.

Według danych GUS, w Polsce w 2008 roku aż 95% odpadów, tj. ponad 1,5 mln ton odpadów zwierzęcych pochodziło z przemysłu spożywczego, głównie przemysłu mięsnego, z czego ponad 90% zbieranych było w zakładach ubojowych. W 2009 roku w zakładach mięsnych poddano ubojowi ponad 16,5 mln szt. trzody chlewnej, 1,4 mln szt. bydła oraz ponad 1,7 mln t drobiu. Uwzględniając wskaźniki wydajności rzeźnej, masa odpadów powstałych w tych zakładach wyniosła 1,4-1,6 mln ton. Część z nich była wykorzystana do produkcji żywności (tłuszcze jadalne, żelatyna) i paszy, część jako surowiec dla przemysłu garbarskiego, zaś reszta stanowiła odpad wymagający utylizacji. Według danych uzyskanych z biura Głównego Lekarza Weterynarii, ilość odpadowej tkanki zwierzęcej przekazanej w 2009 r. do zakładów utylizacyjnych wyniosła 854 712 ton. Masa ta obejmowała również zwierzęta padłe i ubite z konieczności oraz odpadową tkankę zwierzęcą, stanowiącą materiał szczególnego i wysokiego ryzyka.

Bezpieczne przetwarzanie odpadów pochodzenia zwierzęcego w zakładach utylizacyjnych eliminuje zagrożenia epidemiologiczne, zapewnia ochronę środowiska przyrodniczego przed drobnoustrojami chorobotwórczymi oraz pozwala na uzyskanie takich produktów, jak mączka zwierzęca i tłuszcz. Zatem cały proces utylizacji niejadalnych produktów zwierzęcych, począwszy od zbiórki padłych zwierząt, a skończywszy na procesie ich spalania, spełnia ważną rolę sanitarno-higieniczną, proekologiczną oraz ekonomiczną. Niestety sama działalność tego typu zakładów może być istotnym zagrożeniem dla środowiska naturalnego. Zwłaszcza że, jak donoszą raporty Programu Restrukturyzacji i Modernizacji Przemysłu Utylizacyjnego, prowadzonego przez Komitet Integracji Europejskiej, standard technologiczny i sanitarny polskiego przemysłu utylizacyjnego jest niski. Do podstawowych zagrożeń występujących w tego rodzaju przetwórstwie można zaliczyć zagrożenia chemiczne: pozostałości detergentów, pestycydy, metale ciężkie, zanieczyszczenia organiczne, mykotoksyny, PCB, dioksyny, produkty uboczne procesu technologicznego, w tym organiczne zanieczyszczenia gazowe oraz zagrożenia mikrobiologiczne, a zwłaszcza bakterie z rodzaju *Salmonella* i *Enterobacteriaceae*, oraz grzyby, pleśnie i priony.

Przeprowadzono badania, których celem była analiza składu mikrobiologicznego powietrza w zakładzie utylizującym odpady pochodzenia zwierzęcego.

Oznaczenia wykonano 3-krotnie. Próby powietrza do analiz mikrobiologicznych pobierano w 4 punktach kontrolnych: w sektorze „brudnym" – w hali sekcyjnej, w sektorze „czystym" – w hali destruktorów i magazynie produktów oraz poza obiektem, tj. 100 m od granicy zakładu.

Ocenę zanieczyszczenia mikrobiologicznego przeprowadzono zgodnie z polską normą PN-EN 13098:2007 metodą aspiracyjną, przy zastosowaniu aspiratora GilAir 5 (Sensdidyne, Inc., Clearwater, USA). Filtry z pobranym pyłem zanurzano w jałowym 0,85% NaCl (z dodatkiem 0,05% Tween 80 jako emulgatora) i ekstrahowano przez 1 godzinę. Następnie przygotowano szereg dziesięciokrotnych rozcieńczeń badanych próbek w roztworze soli fizjologicznej. Próby powietrza posiane na podłoże TSA inkubowano przez 7 dni w temperaturze 37°C (1 doba), 22°C (3 doby) i 4°C (3 doby). Po inkubacji wyrosłe kolonie mikroorganizmów oceniano makro- i mikroskopowo. Następnie wyznaczano liczbę poszczególnych typów morfologicznych, wyrażoną zawartością jednostek tworzących ko-

Tabela 1

Wyniki oznaczeń ogólnej liczby bakterii i grzybów oraz zapylenia w 1 m³ powietrza badanego zakładu

Punkty poboru prób	Ogólna liczba bakterii (jtk/m³)		Ogólna liczba grzybów (jtk/m³)		Zapylenie (mg/m³)	
	M	SD	M	SD	M	SD
Hala sekcyjna	$1,58 \times 10^5$	$1,77 \times 10^5$	$8,33 \times 10^3$	$1,18 \times 10^3$	0,4	0,5
Hala destruktorów	$2,88 \times 10^6$	$1,25 \times 10^6$	$1,67 \times 10^4$	$2,36 \times 10^4$	1,6	1,2
Magazyn produktów	$5,63 \times 10^8$	$7,67 \times 10^8$	$1,08 \times 10^4$	$8,25 \times 10^4$	22,0	34,2
100 m od zakładu	$2,17 \times 10^7$	$3,06 \times 10^7$	$9,17 \times 10^4$	$1,06 \times 10^5$	2,0	1,8

lonie w 1 m³ powietrza (jtk/m³). Identyfikację izolowanych bakterii przeprowadzano mikroskopowo oraz na podstawie ich właściwości biochemicznych, za pomocą testów API (bioMerieux Polska, Warszawa). Wyniki oznaczeń zestawiono tabelarycznie, podając średnią arytmetyczną (M) i odchylenie standardowe (SD).

Przeprowadzone badania wykazały stosunkowo wysokie zanieczyszczenie mikrobiologiczne powietrza zakładu (tab. 1). W hali sekcyjnej średnia koncentracja bakterii wynosiła $1,58 \times 10^5$ jtk/m³. Bardzo wysokie zapylenie powietrza w hali destruktorów oraz w magazynie (rys.) wpłynęło na wielokrotny wzrost zanieczyszczenia bakteryjnego i grzybowego. Zanieczyszczenia te kanałem wyciągowym układu wentylacyjnego hali były usuwane na zewnątrz do powietrza atmosferycznego, stąd jeszcze 100 m od zakładu stwierdzono bardzo wysokie stężenie zanieczyszczeń mikrobiologicznych, rzędu 10^7 dla bakterii i 10^4 dla grzybów.

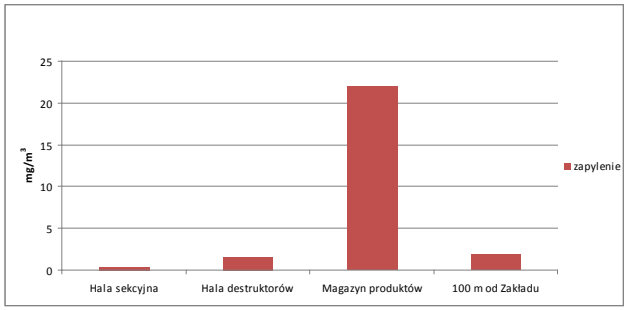
Na podstawie analiz biochemicznych (testy API – Biomerieux) wyizolowanych komórek bakteryjnych w powietrzu stwierdzano obecność bakterii Gram-dodatnich, w tym gronkowców i paciorkowców, bakterii Gram-ujemnych oraz maczugowców (tab. 2). Wśród grzybów pleśniowych zidentyfikowano obecność grzybów z rodzaju *Penicillum*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Acremonium*, *Ulocladium*, *Botryotrichum* i *Cladosporium.*

Skład mikroflory powietrza zakładów utylizacyjnych zależy przede wszystkim od stanu higienicznego surowca, warunków higienicznych ich składowania, jak również od poziomu technologicznego zakładu. Większość mikroorganizmów wprowadzanych z surowcem zwierzęcym, a także rozwijających się na magazynowanej materii organicznej to bakterie saprofityczne. Tu najliczniej występować będą bakterie stanowiące fizjologiczną florę skóry i błon śluzowych zwierząt, tj. bakterie z rodzaju *Staphylococcus*, *Corynebacterium* i *Streptococcus*, ale także bakterie stanowiące naturalną florę przewodu pokarmowego: ziarniaki Gram-dodatnie z rodzaju *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Staphylococcus* oraz bakterie z rodzaju *Lactobacillus*, *Escherichia* i *Bacillus* [4]. Obok nich w powietrzu mogą wystąpić również bakterie patogenne, których obecność zależy od miejsca pochodzenia surowca, stąd każde działanie zmniejszające wielkość emitowanych zanieczyszczeń mikrobiologicznych do powietrza atmosferycznego można uznać za istotny element bioasekuracji.

Tabela 2

Skład gatunkowy mikroflory powietrza badanego zakładu

Bakterie Gram-dodatnie	Gronkowce: *Staphylococcus* sp., *S. xylosus*, *S. epidermidis*, *S. paucimobilis*, *S. saprophyticus* Paciorkowce: *Streptococcus sanguinis*, *Aerococcus viridians* Mikrokoki: *Micrococcus* sp., *Kocuria varians*, *K. kristinae* Maczugowce: *Cellulomonas* sp., *Arthrobacter* sp.
Bakterie Gram-ujemne	*Neiseriameningtidis*, *N. subflava*, *Haemophilus parainfluenzae*
Grzyby	*Peniciilium chrysogenum*, *Aspergillus versicolor*, *Fusarium* sp., *Acremonium* sp., *Acremonium charticola*, *Acremonium strictum*, *Ulocladium chartarum*, *Botryotrichum* sp., *Cladosporium* sp., *Cladosporium macrocarpum*



Rys. Zapylenie na terenie badanego zakładu

Powietrze zanieczyszczone mikroorganizmami, a zwłaszcza ich pozostałościami, może powodować zachwianie homeostazy enzymatycznej organizmu. Wdychany bioaerozol wraz z wytwarzanymi przez nie substancjami (endotoksynami, peptydoglikanami, glukanami oraz mykotoksynami) wywiera na układ odpornościowy płuc działanie immunotoksyczne [2]. Dutkiewicz i wsp. [1] zwracają szczególną uwagę na bakterie Gram-ujemne. Bakterie te, mimo że nie są chorobotwórcze, są głównym źródłem wysoko aktywnych endotoksyn – lipopolisacharydów (LPS); poziom 10 ng/m³ w powietrzu wdychanym może być przyczyną infekcji u osób wystawionych na taką ekspozycję [5].

Powszechnie znany jest negatywny wpływ grzybów pleśniowych na zdrowie ludzi. Grzyby występujące w powietrzu pomieszczeń zanieczyszczonych substancjami odzwierzęcymi mogą wywoływać reakcję alergiczną, astmę i zapalenie spojówek, a także przyczyniać się do powstawania grzybic, zwłaszcza narządowych. Badania epidemiologiczne wykazały, iż najczęstszą przyczyną alergii wziewnej są grzyby z rodzaju *Alternaria* i *Cladosporium*, a także *Penicillium* i *Aspergillus* [3]. Rzadziej uczulają grzyby z rodzaju *Mucor*, *Botrytis*, *Fusarium*, *Pullularia*, *Curvularia*, *Phoma* i *Rhizopus*.

Należy pamiętać, że mieszkańcy terenów przylegających do tego typu zakładów są wystawiani na działanie całego kompleksu czynników przenoszonych drogą powietrzną. Oprócz czynników biologicznych, zakłady te emitują lotne związki gazowe wykazujące działanie drażniące i toksyczne, a przede wszystkim odorogenne. Z tych też powodów w Rozporządzeniu Ministra Rolnictwa i Gospodarki Żywieniowej z 1999 roku (Dz.U. nr 3, poz. 23) pojawiły się szczegółowe zapisy dotyczące lokalizacji i minimalnego dystansu zakładów utylizacyjnych od zabudowań mieszkalnych.

Literatura: 1. **Dutkiewicz J., Pomorski Z.J.H., Sitkowska J., Krysińska-Traczyk E., Skórska Cz., Prażmo Z., Cholewa G., Wojtowicz H.**, 1994 – Grana 33, 85-90. **2. Schierl R., Heise A., Egger U., Schneider F., Eichelser R., Neser S., Nowak D.,** 2007 – Annals of Agricultural and Environmental Medicine 14, 129-136. **3. Wultsch G., Haas D., Galler H., Feierl G., Melkes A., Reinthaler F.F.**, 2010 – Aerobiologia 26, 63-73. **4. Zhu J.**, 2000 – Agric. Ecosyst. Environ. 78, 93-106. **5. Zucker B.A., Müller W.**, 2004 – Berliner und Münchner Tierarztliche Wochenschrift 117 (1-2), 6-11.

Microbiological air contamination in animal-origin waste processing plants

Summary

The aim of this study was to analyze microbial pollution and composition of the air in the meat waste processing plant. The analysis was carried out 3 times. Air samples for microbiological analysis were collected in 4 control points in plant area: in “dirty sector” – in sectional hall, in “clean” sector – destructors’ hall and product magazine, and outside the object, i.e., 100 m from the edge of the site. The study showed a relatively high air microbial contamination of facility and its surroundings. In composition of the microbial species there were detected Gram-positive bacteria, including staphylococci and streptococci, Gram-negative bacteria and coryneforms. Among the mold fungi, the presence of the genus *Penicillium, Aspergillus, Fusarium, Acremonium, Ulocladium, Botryotrichum* and *Cladosporium* was identified.

KEY WORDS: utlization plants, animal waste, microbiological contamination