

INSTYTUT BIOTECHNOLOGII PRZEMYSŁU ROLNO-SPOŻYWCZEGO- PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY

im. prof. Waława Dąbrowskiego
Warszawa, ul. Rakowiecka 36

Dyrektor Instytutu: prof. dr hab. inż. Artur Hugo Świergiel

Raport z realizacji projektu

„Śruta rzepakowa w żywieniu trzody chlewnej”

Koordynator: dr Beata Bartodziejska, Zakład Jakości Żywności

Wykonawcy: Anna Szosland-Fałtyn, Beata Paziak-Domańska, Anna Stanisławska, Milena Krępska, Iwona Kasprzyk, Magdalena Gajewska, Agnieszka Kasperska, Renata Rybicka, Agnieszka Kaźmierczak, Olga Sęczkowska, Tomasz Gonera, Elżbieta Drożdżyńska, Stanisław Grzejszczyk, Piotr Janiszewski, Aneta Kern-Jędrychowska, Jakub Kern-Jędrychowski, Dorota Kosiewicz, Beata Lisiak, Dariusz Lisiak, Beata Łaszkiewicz, Anna Łepecka, Agnieszka Malitka, Anna Okoń, Łukasz Samardakiewicz, Urszula Siekierko, Piotr Szymański, Maria Wawrzyniewicz, Stefania Chamrol, Wiesława Popławska, Monika Deniszewska, Anna Piotrowska, Sylwia Onacik-Gür, Magdalena Skorupska, Dorota Grzeszczak, Edyta Juszczyk-Kubiak.

Konsultant naukowy: prof. dr hab. Zbigniew Dolatowski

Termin realizacji: 21.06.2021 r.- 30.06.2023 r.

Spis treści:

1. Wprowadzenie
2. Cel operacji
3. Zakres prac
4. Metodyka prac
5. Uzyskane wyniki
6. Podsumowanie i wnioski
7. Literatura

1. WPROWADZENIE

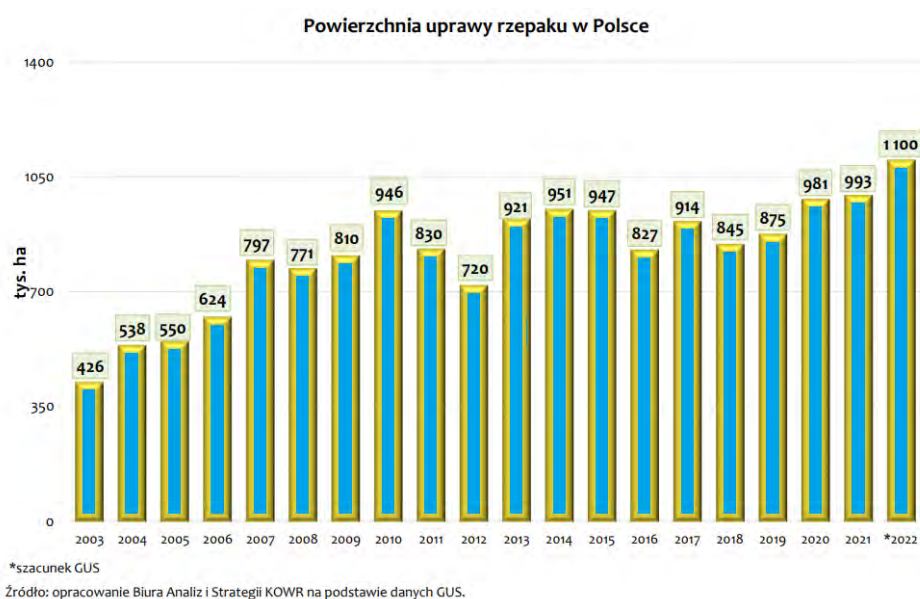
Jakość życia i zdrowia człowieka zależy w dużej mierze od spożywanej żywności. Składniki w niej zawarte mają ogromny wpływ na funkcjonowanie i sprawność fizyczną oraz umysłową ludzkiego organizmu. Istotnym wyznacznikiem jakości żywności, w tym szczególnie jakości mięsa i przetworów mięsnych, jest bezpieczeństwo zdrowotne zwierząt z których otrzymywane jest mięso. Obok wartości odżywczej, dietetycznej i energetycznej, surowiec ten powinien być wolny od antybiotyków i innych substancji stosowanych w hodowli np. pasz GMO.

W żywieniu zwierząt jest zakaz stosowania pasz pochodzących od ssaków i drobiu gospodarskich, dlatego też hodowcy zwierząt w kraju wykazują zainteresowanie paszą roślinną. Coraz większą popularność zdobywają nasiona roślin strączkowych (np. łubin, bób i groch) oraz produkty przemysłu olejowego, śruta i makuch rzepakowy. Te ostatnie śruta poekstrakcyjna i makuch rzepakowy- wpisane są do Rejestru Materiałów Paszowych Unii Europejskiej i można je stosować w żywieniu zwierząt. Oznacza to, że mogą być wykorzystywane do produkcji mieszanek paszowych lub stosowane w dietach dla zwierząt gospodarskich w sposób bezpośredni lub po ich przetworzeniu- np. fermentacji.

Należy jednak podkreślić, iż pomimo pojawiających się nowych trendów chów trzody chlewnej w Unii Europejskiej oraz Polsce, przede wszystkim opiera się na zastosowaniu śruty sojowej, jako dodatku białkowego, w paszach. Śruta sojowa, pochodzi głównie z importowanej genetycznie modyfikowanej soi. Rodzime ziarna soi są wykorzystywane w niewielkim stopniu. Pomimo tego, iż śruta sojowa jest najczęściej zagospodarowywana jako dodatek do pasz, wciąż poszukuje się krajowych produktów, alternatywnych do soi, nadających się do hodowli trzody chlewnej. Ma to na celu uniezależnienie producentów pasz od importowanego produktu oraz obniżenie kosztów tuczu trzody chlewnej. Jedną z możliwości jest zastąpienie jej odpowiednio przygotowaną śrutą rzepakową.

W związku z planowanym wprowadzeniem, z dniem 1 stycznia 2025 roku, ustawy o zakazie produkcji pasz zawierających GMO, ich sprzedaży oraz stosowania, tym bardziej dąży się do wycofania produktów GMO w skarmianiu trzody chlewnej. W Polsce uprawy rodzimej soi są na bardzo niskim poziomie, co zmusza producentów pasz do importu śruty sojowej, zwykle GMO, a to z kolei przekłada się na wysokie koszty skarmiania świń. Obiecującą alternatywą dla zastąpienia śruty sojowej jest śruta rzepakowa. W

Polsce uprawy rzepaku, na przestrzeni ostatnich kilku lat, nieustannie wzrastają. W roku 2022 sięgnęły poziomu blisko 1,1 mln ha (Ryc. 1) [1]. Zastąpienie surowca importowanego produktem uprawianym rodzimie znacznie ograniczyłoby koszty produkcji pasz, przeznaczonych dla trzody chlewnej, a to z kolei wpłynęłoby na obniżenie kosztów skarmiania tuczników.



Śruta rzepakowa jest produktem ubocznym przy produkcji oleju rzepakowego i biopaliw (Choi i in., 2015; Lehuger i in., 2009). Zawiera około 31-38% białka surowego, 10-12% włókna surowego, 1-2% lipidów, 6-8% popiołu oraz poniżej 1% wapnia. Zawartość fosforu wynosi natomiast 1,2%. W porównaniu ze śrutą sojową, śruta rzepakowa charakteryzuje się większą zawartością siarkowych aminokwasów oraz lepszą dostępnością fosforu i wapnia, dzięki czemu można ograniczyć koszty suplementacji związkami mineralnymi (Choi i in., 2015; Florou-Paneri i in., 2014; Okrouhla i in., 2012; Skoufos i in., 2016). Śruta rzepakowa posiada jednak mniejszą zawartość białka, w tym lizyny i większą zawartość włókna surowego (Grela i in., 2019). W składzie rzepaku naturalnie występują także antyodżywcze składniki, takie jak glukozytolany, kwas erukowy, tanina i synapina (Florou-Paneri i in., 2014; Okrouhla i in., 2012; Skoufos i in., 2016). W Polsce uprawiane są obecnie odmiany rzepaku, nazywane podwójnie ulepszonymi dwuzerowymi („00”) lub typu canola. Cechują się niską zawartością kwasu erukowego od 0 do 2% i ograniczoną zawartością glukozytolanów, która w śrucie poekstrakcyjnej, nie przekracza 15 $\mu\text{M/g}$ suchej masy beztłuszczowej (Kapusta, 2015). Powstały one drogą hodowli konwencjonalnej, krzyżowania i selekcji przy wykorzystaniu

naturalnej zmienności genetycznej, bez korzystania z technologii GMO. Wyłącznie takie odmiany są wpisane do Krajowego Rejestru Roślin Uprawnych (COBORU) w Polsce. Na podkreślenie zasługuje fakt, że do Katalogu Odmian Europejskich wpisywane są odmiany o wyższym stężeniu glukozynolanów tj. do 25 $\mu\text{M/g}$.

Niska zawartość glukozynolanów jest szczególnie istotna z punktu widzenia zdrowia zwierząt skarmianych paszą z dodatkiem śruty rzepakowej. Glukozynolany są substancjami syntetyzowanymi przez rośliny z aminokwasów, a ich biosynteza zostaje poprzedzona reakcjami, które doprowadzają do wydłużenia bocznego łańcucha aminokwasów (Bekaert i in., 2012; Kaczmarek i in., 2016). Mają wysoką stabilność chemiczną i odporne są na wysokie temperatury (Kaczmarek i in., 2016; Patyra i Kwiatek, 2015). W wyniku uszkodzenia struktury nasion rzepaku, podczas procesów takich jak: mielenie, miażdżenie i wyciskanie oraz w wyniku termicznej obróbki rzepaku dochodzi do aktywacji enzymu myrozynazy. Przekształca ona glukozynolany w związki trujące dla zwierząt, w tym oksazolidony (WOT), izotiocjaniany (ITC), tiocjaniany i nityle (Kaczmarek i in., 2016; Patyra i Kwiatek, 2015). Negatywne działanie WOT polega na blokowaniu wychwytu jodu przez tarczycę, co zaburza metabolizm jodowy i funkcje wydzielnicze tarczycy, wykazując działanie wolotwórcze (goitrogenne) i obniżające ogólny metabolizm oraz wzrost zwierząt. Badania wykazały, iż glukozynolany są odpowiedzialne za hamowanie przyswajania substancji odżywczych zwłaszcza u młodych zwierząt, na ich początkowym etapie wzrostu (Kaczmarek i in., 2016). Glukozynolany po zhydrolizowaniu do sinigriny i pirogotroin. posiadają gorzki smak, przez co zwierzęta niechętnie pobierają pasze. Trzoda chlewna charakteryzuje się różnorodną tolerancją na glukozynolany (Kaczmarek i in., 2016; Patyra i Kwiatek, 2015).

Proces unieczynnienia enzymu myrozynazy, określanej jako tostowanie nasion rzepaku lub śruty poekstrakcyjnej, polega na ich nawilżeniu, rozdrobnieniu, a następnie ogrzewaniu do około 80°C. Proces ten prowadzi do dezaktywacji enzymu myrozynazy, w wyniku czego glukozynolany nie przekształcają się w substancje toksyczne (Brzóska i in., 2010).

Jedną z technologii pozwalającą zastosować rzepak w skarmianiu świń, jest fermentacja śruty rzepakowej (Grela i in., 2019, Nega i Woldes, 2018; Wang i in., 2019). Fermentacja jest procesem biochemicznym, prowadzonym przez różne gatunki bakterii, drożdży i grzybów, zwłaszcza o udokumentowanych właściwościach korzystnych dla zdrowia. Do najczęściej wykorzystywanych mikroorganizmów należą odpowiednio wyselekcjonowane szczepy drożdży, grzybów oraz bakterii (Niu i in., 2015; Tomaszewska i in., 2019; Wang i

in., 2019). Mikroorganizmy te mogą stanowić cenne źródło enzymów takich jak: glukozydazy, amylazy, celulazy, chitynazy, inulinazy, fitazy, ksylanazy, esterazy, tanazy, inwertazy lub lipazy, oksydazy polifenolowej, lakazy. Dzięki procesom enzymatycznym następuje hydroliza białka rzepaku, rozkład substancji toksycznych, podział strukturalne ścian komórkowych. Dochodzi również do uwolnienia bioaktywnych związków przeciwutleniających, rozkładu węglowodanów i wytworzenia różnych towarzyszących produktów (Czech i in., 2019). Obecność oksydazy polifenolowej, katalizującej degradację synapiny sprawia, iż fermentowana śruta rzepakowa nie posiada nieprzyjemnego gorzkiego smaku i „rybiego” zapachu pochodzącego od aminy biogennej trimetyloaminy (TMA) (Niu i in., 2015). Dzięki fermentacji śruta zyskuje cenne właściwości odżywcze, takie jak wartościowe źródło aminokwasów siarkowych i strawnego białka, zmniejszoną zawartość substancji antyodżywczych, lepszy smak (kwaśny) a także prozdrowotne bakterie fermentacji mlekowej wraz z ich metabolitami, drożdże i substancje przeciwutleniające. Czynniki te mogą poprawić parametry hodowli, zmodyfikować mikroflorę jelitową, stymulować procesy metaboliczne i jednocześnie poprawić zdrowie zwierząt (Canibe i Jensen, 2012; Grela i in., 2019).

2. Cel operacji

Celem operacji było opracowanie innowacyjnej technologii fermentacji śruty rzepakowej jako paszy dla trzody chlewnej.

3. Zakres prac obejmował:

- Wytypowanie szczepów drożdży i bakterii kwasu mlekowego do przygotowania kultury startowej,
- dobranie odpowiedniej gęstości kultury startowej proporcjonalnie do ilości fermentowanej śruty rzepakowej w laboratorium,
- ustaleniu procentowego dodatku sfermentowanej śruty rzepakowej do paszy.
- zbadanie przyrostu masy zwierząt karmionych fermentowaną śrutą w stosunku do grupy kontrolnej, karmionej paszą konwencjonalną,
- ocenę jakościową gnojowicy i obornika,
- metagenomiczną i metataksonomiczną analiza mikrobiomu obu grup zwierząt (grupy kontrolnej i doświadczalnej),
- badania wpływu odchodów obu grup na mikrobiom nawożonej gleby,
- ustalenie warunków suszenia fermentowanej śruty,
- cykliczną ilościową i jakościową ocenę mięsa wieprzowego po uboju,
- cykliczną produkcję wyrobów mięsnych i ich jakościową ocenę oraz badania trwałości przechowalniczej.

4. METODYKA PRAC

Materiał badawczy

Materiał do badań stanowiły śruta rzepakowa, sfermentowana śruta rzepakowa, odchody świń, mięso oraz produkty mięsne. Mięso pozyskane było w II cyklach skarmiania z dwóch grup świń: pierwsza grupa żywiona paszą z udziałem fermentowanej śruty rzepakowej i druga grupa żywiona paszą przemysłową zgodnie z przyjętymi normami żywienia u hodowcy. Produkty mięsne, poddane i niepoddane obróbce cieplnej, wytworzone były z mięsa pozyskanego z dwóch grup świń, których opis hodowli zamieszczono w poniższym sprawozdaniu. Technologię produkcji wytworzonych produktów mięsnych opisano w Załączniku 1 „Technologia produkcji wyrobów mięsnych” załączonym do sprawozdania.

Parametry fizykochemiczne, sensoryczne i mikrobiologiczne oznaczane w materiale badawczym

Zawartość wody oznaczono metodą wagową zgodnie z normą ISO 1442:2000. Metoda polegała na dokładnym wymieszaniu próbki z piaskiem i wysuszeniu jej do stałej masy w suszarce laboratoryjnej w temperaturze 103°C. Wartość prezentowana jest w %.

Zawartość białka oznaczono metodą Kjeldahla zgodnie z PN-A-04018:1975/Az3:2002. Metoda polegała na oznaczeniu zawartości azotu ogólnego, a następnie z zastosowaniem współczynnika 6,25 obliczono zawartość białka. Wartość prezentowana jest w %.

Zawartość chlorków oznaczono metodą potencjometryczną wg ISO 1841-2:2002. Wartość prezentowana jest w %.

Zawartość tłuszczu wolnego. Oznaczenie wykonywano metodą wagową (ekstrakcja techniką Soxhleta) według PN-ISO 1444:2000. Wartość prezentowana jest w %.

Zawartość fosforu oznaczono zgodnie z PN-A-82060:1999. Próbkę spalono w piecu spalinowym w temperaturze 525°C. Po schłodzeniu do spopielonej próbki dodawano kwas azotowy i ogrzewano ją we wrzącej łaźni. Następnie zawartość tygla przefiltrowano przez bibułę filtracyjną. Równoległe przygotowano ślepą próbę. Do otrzymanych roztworów dodano odczynnik wytrącający i umieszczono na płycie grzejnej i zagotowano. Próbki ochłodzono do temperatury pokojowej. Za pomocą szklanego pręta osad przenoszono do lejka Goocha, uprzednio wysuszonego do stałej masy w temperaturze 250°C. Lejek z osadem suszono w temperaturze 250°C do stałej masy, następnie po schłodzeniu w eksykatorze ważono na wadze analitycznej.

Zawartość fosforu ogólnego w przeliczeniu na P₂O₅ obliczono według wzoru:

$$X = 2,29 (1,4 \times (A-B)/M) [\%]$$

gdzie: A jest masą wysuszonego osadu z badanej próbki; B to masa wysuszonego osadu z próby ślepej; M jest masą próbki; 1,4 to współczynnik, będący iloczynem współczynnika grawimetrycznego i przeliczenia na procenty; 2,29 to współczynnik konwersji dla P₂O₅.

Oznaczanie zawartości kadmu i ołowiu przeprowadzono techniką płomieniowej atomowej spektrometrii absorpcyjnej (FAAS) według PN-EN 14082:2004 „Artykuły żywnościowe. Oznaczanie pierwiastków śladowych. Oznaczanie zawartości ołowiu, kadmu, cynku, miedzi, żelaza i chromu metodą atomowej spektrometrii absorpcyjnej (AAS) po mineralizacji suchej.” (9). Próbkę do badań przygotowano i mineralizowano zgodnie z Instrukcją Własną.

Odważoną próbkę (ok. 5 g) spopieliło na płycie grzewczej i mineralizowano na sucho w piecu muflowym w temperaturze 420°C. Do popiołu dodawano stężonego kwasu azotowego, podgrzewano i ponownie prażono w temperaturze 420°C w piecu muflowym w celu otrzymania białej pozostałości. Biały popiół rozpuszczono w kwasie solnym rozcieńczonym w stosunku 1:1 i ogrzewano na płycie grzewczej 1-3 minuty. Roztwór przenoszono ilościowo za pomocą kwasu azotowego o stężeniu 0,1 mol/l do kolby miarowej o pojemności 10 ml, uzupełniono kwasem i dokładnie mieszano. Do oznaczenia zastosowano spektrometr absorpcji atomowej Z-2000 firmy HITACHI. Zawartość kadmu i ołowiu w próbkach określono na podstawie krzywej kalibracyjnej.

Tabela 1. Warunki oznaczania kadmu i ołowiu oraz parametry metody

Warunki i parametry metody	Cd	Pb
Długość fali, nm	228,8	217,0
Prąd zasilania lampy, mA	5	7
Szerokość szczeliny, nm	0,30	0,30
Prędkość przepływu powietrza, dm ³ /h	400	400
Prędkość przepływu acetylenu, dm ³ /h	60	60
Granica oznaczalności LOQ, mg/kg	0,003	0,02
Czułość, mg/kg	0,002	0,01

Zawartość rtęci oznaczono przy użyciu analizatora rtęci AMA 254, wykorzystując technikę wytwarzania par rtęci, według procedury własnej PS-02 edycja 3, 6 lipca 2009 r.: Badanie zawartości rtęci metodą atomowej spektrometrii absorpcyjnej.

Metoda ta nie wymagała wcześniejszej mineralizacji próbki, odważoną próbkę sera podawano na podajniku bezpośrednio do aparatu. W środku, w tubie katalitycznej następowało suszenie,

a następnie spalanie próbki w temperaturze około 1000°C w obecności tlenu. Uwolniona z próbki rtęć została „wyłapana” na amalgamatorze, z którego po podgrzaniu przepływała do kuwety pomiarowej. Następował pomiar absorbancji. Na podstawie krzywej wzorcowej, odczytano wynik pomiaru.

Tabela 2. Dane techniczne analizatora rtęci AMA 254 oraz parametry metody

Układ	jednowiązkowy; szeregowy układ kuwet pomiarowych
Sterowanie	z zewnętrznego komputera
Źródło światła	niskociśnieniowa lampa rtęciowa
Długość fali	253,65 nm
Filtr interferencyjny	254 nm, szerokość połówkowa 9 nm
Detektor	krzemowa dioda UV

Warunki analizy: wielkość analizowanej próbki: 100 mg, suszenie 120 s; rozkład 300 s
Granica oznaczalności metody, mg/kg: 0,001, Czułość metody, mg/kg: 0,0005.

Parametry barwy w systemie CIE L*a*b*

Metoda polega na pomiarze barwy za pomocą fotokolorymetru Chroma-Meter serii CR-300 firmy Minolta. Oznaczenia wykonywano przy oświetleniu rozproszonym pod kątem 0° i średnicy przesłony 8 mm. Do wykonania oznaczenia użyto wyciętych plastrów wędliny o grubości 20 mm. Aparat przed użyciem kalibrowano. Kalibrację spektrofotometru przeprowadzono na wzorcu bieli, którego parametry stanowią punkt odniesienia wszystkich dokonywanych analiz. Pomiaru barwy dokonano w systemie CIE L*a*b*

Oznaczenie potencjału oksydacyjno-redukcyjnego (ORP)

Pobierano 10 g rozdrobnionej wcześniej próby, mieszano z 50 ml wody destylowanej. Homogenizowano przy prędkości 6500 obr/min w czasie 1 minuty. Następnie umieszczano w homogenacie elektrodę InLab Redox Pro i mierzono potencjał oksydacyjno-redukcyjny oraz temperaturę urządzeniem SevenCompact™ S220 firmy Mettler Toledo.

Wartość pH

Wartość pH oznaczano za pomocą pH-metru. Próbkę 10 g rozdrobnionego uprzednio produktu, zmieszano z 50 cm³ wody destylowanej i homogenizowano przez 1 minutę przy 6500 obrotów na minutę. Pomiaru dokonano urządzeniem SevenCompact™ S220 firmy Mettler Toledo z elektrodą InLab poprzez zanurzenie elektrody w próbce i po ustaleniu wskazań elektrody odczytano wynik z dokładnością do 0,01.

Oznaczenie wskaźnika TBARS

Oznaczenie wykonywano według zmodyfikowanej metody Saliha wg Pikula (1989). Dokonywano pomiaru absorbancji przy długości fali 532 nm wobec próby ślepej zawierającej 5 cm³ 4 % kwasu nadchlorowego i 5 cm³ odczynnika TBA.

Skład kwasów tłuszczowych

Oznaczanie składu kwasów tłuszczowych wykonywano metodą GC (HP 6890 II z detektorem płomieniowo-jonizacyjnym) wg PN-EN ISO 12966-1:2015-01. Do rozdzielania estrów stosowano wysokopolarną kolumnę kapilarną BPX 70 (60 m×0,25 mm, 25 μm). Warunki analizy: temp. kolumny programowana w zakresie 140-210 °C, temp. dozownika: 210 °C, temp. detektora 250 °C, gaz nośny: hel.

Zawartość cholesterolu określono poprzez ekstrakcję frakcji lipidowej z próbki, estryfikację kwasów tłuszczowych i derywatyzację cholesterolu w obecności wzorca wewnętrznego. Próbkę analizowano metodą chromatografii gazowej z detekcją płomieniowo-jonizacyjną (GC-FID). Wartość cholesterolu wyrażano w mg/100 g produktu.

Parametry tekstury

Maksymalna siła cięcia gotowanego mięśnia LD została określona za pomocą aparatu Warner-Bratzler. Próbki mięśni po obróbce termicznej (zgodnie z metodyką) schłodzono (4°C) i przechowywano przez noc przed pomiarem. Maszynę ZWICK/ROELL Z0.5 zaprogramowano na wartość maksymalną 500 kN i prędkość głowicy 100 mm/min. Średnia wartości sił cięcia została obliczona na podstawie zarejestrowanych wartości maksymalnych dla cylindrycznych rdzeni (średnicy 25,4 mm (1 cal)) wyciętych równoległe do włókien z każdej próbki mięśniowej. Każdy pomiar przeprowadzano w trzech powtórzeniach, przyjmując ich średnią za wynik oznaczenia.

Ocena sensoryczna

Oceny sensoryczne przeprowadzono za pomocą metody Ilościowej Analizy Opisowej – QDA. Badania wykonywano zgodnie z wymaganiami normy ISO 13299:2016 przez przeszkolony zespół oceniających. Badane wyróżniki sensoryczne wybrano w dyskusji panelowej i dotyczyły one zapachu, barwy, konsystencji i smaku. Analizę badanych produktów przeprowadzono po ich produkcji oraz po przechowywaniu w chłodniczym w warunkach beztlenowych. Oceny QDA zostały przeprowadzone z udziałem 10-osobowego zespołu panelistów. Członkowie zespołu oceniającego byli przeszkoleni w zakresie metodyki wykonywanych analiz oraz przebadani pod względem wrażliwości sensorycznej. Na podstawie dyskusji panelowej zespół oceniających wybrał wyróżniki zapachu, smaku oraz wyróżniki dotyczące tekstury lub konsystencji. Wyróżnikiem podsumowującym cały profil sensoryczny badanych produktów była jakość ogólna produktów (brzegowe określenia „zła –

bardzo dobra”). Podstawą wyników średnich było 10 ocen jednostkowych. Uzyskane wyniki przedstawiono za pomocą wykresów biegunowych.

Próbki wędlin w ilości 15-20 g wkładano do jednorazowych plastikowych, bezbarwnych pudełek, nakrywano wieczkami i kodowano kodami literowymi i cyfrowymi. Po około 15 minutach próbki podawano oceniającym do oceny wraz z przygotowaną uprzednio kartą ocen.

Ocena konsumencka produktów mięsnych

Oceny konsumenckie mają na celu określenie reakcji konsumentów na badany produkt. Podstawowym zadaniem oceniających jest określenie stopnia akceptacji danego produktu, oraz określenie preferencji w warunkach wyboru. Ocenę konsumencką produktów mięsnych przeprowadzono w oparciu o ankietę zawierającą pytania o preferencje konsumentów. Konsumenty oceniali pożądalność ogólną produktów mięsnych (stopnia akceptacji produktu) na skali liniowej 0-9 jednostek umownych (j.u.), z oznaczeniami brzegowymi: minimum skali – niepożądana; maksimum- bardzo pożądana. Oceniający zaznaczali kreską na skali wrażenie zapachu, smaku, konsystencji, barwy oraz jakość ogólną produktu.

Metody badawcze oznaczania cech fizykochemicznych i sensorycznych mięsa

Polska Norma PN-ISO 3100:1999 Mięso i przetwory mięsne. Pobieranie i przygotowanie próbek do badań.

Próbę mięśnia np. LD oczyścić z tłuszczu zewnętrznego i omięsnej. Następnie rozdrobnić za pomocą szybkoobrotowego homogenizatora lub maszynki do mielenia mięsa z siatką o średnicy oczek nie większej niż 4 mm. Dwukrotnie zmieloną próbę dokładnie wymieszać.

Polska Norma PN-ISO 2917:2001 Mięso i przetwory mięsne. Pomiar pH. Metoda odwoławcza.

Do pomiaru pH w mięśniu stosowano pehametr z elektrodą zespoloną (kombinowaną), wyposażony w system korekcji temperatury oraz wyświetlacz cyfrowy. Pomiaru dokonywano z dokładnością do 0,01 jednostki (Radiometer PHM 80 Portable – prod. duńskiej).

Przewodność elektryczną mięsa określono konduktometrem LF-Star niemieckiej firmy Matthaus.

Oznaczanie wycieku naturalnego z tkanki mięśniowej

Próbę mięsa o masie ok. 100g umieścić w woreczku foliowym i w postaci wiszącej pozostawić w lodówce w temperaturze 4°C na 48 h. Z różnicy masy przed i po przechowywaniu obliczyć wielkość wycieku.

Określenie ubytku masy podczas obróbki termicznej mięsa wg Baryłko-Pikielna N., Matuszewska I., „Sensoryczne badania żywności. Podstawy –Metody - Zastosowania”. Wydawnictwo Naukowe PTTŻ, Kraków 2009.

Próbkę mięsa o masie ok. 200g ogrzewać do osiągnięcia temperatury wewnętrznej 75°C w geometrycznym centrum próbki mięsa. Wynik obliczyć z różnicy przed i po obróbce mięsa.

Wodochłonność (WHC) mięsa oznaczano metodą bibułową wg Grau'a i Hamma zmodyfikowanej przez Pohja i Ninivaara. Grau R., Hamm R., 1952 – „Eine einfache Methode zur Bestimmung der Wasserbindung in Fleisch. Fleischwirtschaft 4. 295-297; Pohja N.S. Ninivaara F.P. 1957 – Die Bestimmung der Wasserbindung des Fleisches mittels der Konstandruckmethods. Fleischwirtschaft 9, 193-195

Metoda bibułowa polegająca na zważeniu próbki mięsa homogenizowanego (ok. 5 g), umieszczeniu na bibule a następnie ścisaniu płytami szklanymi z siłą 5 kg przez okres 5 minut. Próbę waży się ponownie. Różnica z masy próby przed i po ścisaniu daje wynik wodochłonności (WHC).

Oznaczanie barwy surowego mięsa

a) Metoda subiektywna oceny barwy – dla mięsa wołowego polega na wzrokowym określeniu barwy za pomocą wzorca Soicarni w skali od 1 do 8 punktów (1 pkt. – barwa jasno różowa; 8 pkt. – barwa ciemnoczerwona), natomiast dla mięsa wieprzowego w skali od 1 do 5 pkt. (1 pkt. – barwa jasno różowa; 5 pkt. – barwa ciemnoczerwona).

b) Metoda obiektywna – polega na pomiarze barwy mięsa za pomocą aparatu Minolta Matters CR 400, wyznaczając parametry składowe barwy w systemie L*a*b*

Oznaczanie marmurkowatości mięsa

Stopień przetłuszczenia mięsa określano za pomocą wzorców opracowanych przez IPMiT w skali od 1 do 5 pkt. (1 – nieznaczne przetłuszczenie; 5 – silne przetłuszczenie)

Polska Norma PN-ISO 4121:1998 Analiza sensoryczna. Metodologia. Ocena produktów żywnościowych przy użyciu metod skalowania. Ocenę sensoryczną mięsa po obróbce termicznej przeprowadza kilkuosobowy zespół o sprawdzonej wrażliwości sensorycznej. Stosowano 5 punktową skalę ocen: zapachu, soczystości, kruchości i smakowitości (1 pkt. najniższa ocena, 5 pkt. najwyższa ocena – wg Baryłko-Pikielna N., Matuszewska I., „Sensoryczne badania żywności. Podstawy –Metody - Zastosowania”. Wydawnictwo Naukowe PTTŻ, Kraków 2009).

Aparaturowy pomiar kruchości mięsa po obróbce termicznej

Przygotowano próbki mięsa w kształcie walca odciętego w poprzek włókien mięśniowych. Pomiar siły cięcia gotowanego mięsa wykonano za pomocą urządzenia ZWICK Roell Z0.5 z przystawką Warner-Bratzlera.

Zawartość popiołu oznaczono za pomocą metody wagowej wg normy PN-ISO 936:2000 „Mięso i przetwory mięsne. Oznaczanie popiołu całkowitego” metodą polegającą na spopieleniu próbki w piecu muflowym w temperaturze $550\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 25^{\circ}\text{C}$.

Do wyprażonych w piecu przez 1 h w temperaturze $550\text{ }^{\circ}\text{C}$, a następnie zważonych z dokładnością do 0,0001 g tygli kwarcowych, odważono ok. 2,5 g rozdrobnionych próbek sera z dokładnością do 0,0001 g. Tygiel wraz z zawartością umieszczono w piecu muflowym i stopniowo podnoszono temperaturę do $550\text{ }^{\circ}\text{C}$. Próbkę spopieleno w temperaturze $550\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 25^{\circ}\text{C}$ do uzyskania białoszarej barwy popiołu, po czym ostudzono w ekсыkatorze do temperatury pokojowej i zważono z dokładnością do 0,0001 g. Zawartość popiołu w próbce obliczono w procentach na podstawie różnicy mas tygla ze spopieloną próbką i pustego tygla, uwzględniając wielkość naważonej próbki wg wzoru:

$$W_a = [(m_2 - m_0)/(m_1 - m_0)] * 100$$

m_0 – masa pustego tygla, g,

m_1 – masa tygla z próbką, g,

m_2 – masa tygla z popiołem, g.

Zawartość węglowodanów obliczono na podstawie oznaczenia zawartości wody, białka, tłuszczu i popiołu wg wzoru:

$$W_{og.} = 100 - (B + W + T + P)$$

$W_{og.}$ – zawartość węglowodanów ogółem [g/100g]

B – zawartość białka [g/100g]

W – zawartość wody [g/100g]

T – zawartość tłuszczu [g/100g]

P - zawartość popiołu [g/100g]

Wartość odżywcza i energetyczna wyrażoną w kcal/100 g i kJ/100 g obliczono na podstawie oznaczania zawartości wody, białka, tłuszczu, popiołu oraz węglowodanów, stosując średnie współczynniki przeliczeniowe, wg wzoru:

$$W_{energet.} [\text{kcal}/100\text{ g}] = 4xB + 9xT + 4xW_{og.}$$

$$W_{energet.} [\text{kJ}/100\text{ g}] = 17xB + 37xT + 17xW_{og.}$$

gdzie:

$W_{energet.}$ – wartość energetyczna

$W_{og.}$ – zawartość węglowodanów ogółem [g/100 g]

B – zawartość białka [g/100 g]

T – zawartość tłuszczu [g/100 g]

Zawartość soli obliczono na podstawie oznaczenia zawartości sodu, wg wzoru:

$$\text{Zawartość soli} = \text{Zawartość Na} \times 2,5 \text{ [mg/kg]}$$

a następnie wynik przeliczono na g/100 g.

Oznaczenie zawartości sodu przeprowadzono techniką płomieniowej atomowej spektrometrii absorpcyjnej (FAAS) według procedury własnej PS-01 edycja 3, 6 lipca 2009 r.: „Badanie zawartości cyny, manganu, chromu, sodu, potasu, wapnia, magnezu metodą absorpcyjnej spektrometrii atomowej w produktach żywnościowych”.

Odważoną próbkę mięsa (ok. 5 g) spopieleno na płycie grzewczej i mineralizowano na sucho w piecu muflowym w temperaturze 420°C. Do popiołu dodawano stężonego kwasu azotowego, podgrzewano i ponownie prażono w temperaturze 420°C w piecu muflowym w celu otrzymania białej pozostałości. Biały popiół rozpuszczono w kwasie solnym rozcieńczonym w stosunku 1:1 i ogrzewano na płycie grzewczej 1-3 minuty. Roztwór przenoszono ilościowo za pomocą kwasu azotowego o stężeniu 0,1 mol/l do kolby miarowej o pojemności 10 cm³, uzupełniono wodą destylowaną i dokładnie mieszano. Do odpowiednio rozcieńczonych próbek dodano buforu z chlorku cezu w ilości takiej, aby stężenie cezu było jednakowe we wzorcach i badanej próbce. Do oznaczenia zastosowano spektrometr absorpcji atomowej Z-2000 firmy HITACHI. Zawartość sodu w próbkach określono na podstawie krzywej kalibracyjnej.

Tabela 3. Warunki oznaczania sodu oraz parametry metody

Warunki i parametry metody	Na
Długość fali, nm	589,0
Prąd zasilania lampy, mA	10,0
Szerokość szczeliny, nm	0,4
Prędkość przepływu powietrza, dm ³ /h	400
Prędkość przepływu acetyleny, dm ³ /h	60
Granica oznaczalności LOQ , mg/kg	0,1
Czułość, mg/kg	0,05

Badania mikrobiologiczne śruty rzepakowej niefermentowanej i poddanej fermentacji

Oznaczenie liczby mezofilnych bakterii fermentacji mlekowej zgodnie z normą PN-ISO 15214, metodą płytkową w posiewie wgłębnym na podłożu MRS w 30°C, przez 72 ±3 h.

Oznaczenie liczby drożdży i pleśni zgodnie z normą PN ISO 7954 dokonując posiewów na podłożu selektywne YGC z chloramfenikolem do hodowli grzybów i drożdży. Inkubacja drobnoustrojów przebiegała w temperaturze 25°, do 5 dni.

Pomiar aktywności wody

Aktywność wody (a_w) oznaczano przy użyciu aparatu firmy AquaLab 4TE, w temp. 25 ± 0,2 °C, poprzez napełnienie jednorazowych naczyń pomiarowych i umieszczenie ich w komorze aparatu. Po szczelnym zamknięciu komory pomiarowej pomiaru dokonywano po ustaleniu się stanu równowagi. Wilgotność względna powietrza w komorze w stanie równowagi termodynamicznej odpowiadała a_w próby badanej. Pomiarów dokonywano w trzech powtórzeniach.

Badania mikrobiologiczne mięsa surowego i wyrobów mięsnych oraz kału

Oznaczenie ogólnej liczby drobnoustrojów zgodnie z normą PN-EN ISO 4833-1 na podłożu PCA. Płytki inkubowano przez 72 ±3 h w 30°C i zliczano wyrosłe kolonie.

Oznaczenie liczby bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* zgodnie z normą PN- ISO 21528-2 na selektywnym podłożu VRBD zawierającym fiolet krystaliczny, czerwień neutralną, żółć i glukozę. Płytki inkubowano przez 24 ±2 h w 37°C, następnie zliczano charakterystyczne kolonie. O obecności *Enterobacteriaceae* mogły świadczyć kolonie barwy purpurowej ze strefą precypitacji lub bez niej, które potwierdzano w testach na fermentację glukozy i obecność oksydazy.

Oznaczenie liczby *Escherichia coli* zgodnie z normą PN-EN ISO 16649 na podłożu TBX (Tryptone Bile X-Glucuronide Agar). TBX jest podłożem chromogennym zawierającym żółć, enzymatyczny hydrolyzaty kazeiny i substrat chromogeny do wykrywania charakterystycznego dla *E. coli* enzymu β-glukuronidazy. Płytki inkubowano przez 18-24 h w 44°C, następnie zliczano charakterystyczne kolonie. Wytwarzana przez *E. coli* β-glukuronidaza reaguje z substratem chromogennym z podłoża. O obecności *E. coli* świadczyły kolonie przyjmujące barwę turkusową.

Oznaczenie liczby mezofilnych bakterii fermentacji mlekowej zgodnie z normą PN-ISO 15214, metodą płytkową w posiewie wgłębnym na podłożu MRS w 30°C, przez 72 ±3 h.

Oznaczenie liczby drożdży i pleśni zgodnie z normą PN ISO 7954 dokonując posiewów na podłoże selektywne YGC z chloramfenikolem do hodowli grzybów i drożdży. Inkubacja drobnoustrojów przebiegała w temperaturze 25°, do 5 dni.

Oznaczenie liczby *Clostridium perfringens* zgodnie z normą PN-EN ISO 7937:2005 prowadzono na podłożu TSC z suplementem. Płytki inkubowano w warunkach beztlenowych, w systemie Anaerobe Gas Generating Pouch (Thermo Scientific), w temperaturze 37°C przez 20 ± 2 h. Bakterie z gatunku *Clostridium perfringens* tworzyły charakterystyczne kolonie, otoczone czarną strefą precypitatu, spowodowanego redukcją siarczanów (IV) do siarczków, co powodowało zaciemnienie kolonii w pożywce selektywnej TSC.

Oznaczanie liczby przypuszczalnych *Pseudomonas sp.* wg normy PN-ISO 13720:2010 określano na podłożu wybiórczym CFC (agar z cetrymidem, fucidyną i cefaloridyną). Płytki inkubowano w $25 \text{ °C} \pm 1 \text{ °C}$ przez 44 ± 4 h. Po upłygnięciu czasu inkubacji, zliczano kolonie z płytek, zawierających mniej niż 150 kolonii.

Oznaczenie liczby przypuszczalnych *Bacillus cereus* zgodnie z normą PN-EN ISO 7932:2005/A1 stosując podłoże selektywno- różnicujące MYP. Płytki inkubowano w warunkach tlenowych w temperaturze 30 °C przez 18 do 48 h. Po upłygnięciu czasu inkubacji do liczenia wybrano płytki zawierające mniej niż 150 kolonii. Przypuszczalne kolonie *Bacillus cereus* były duże, różowe i zazwyczaj otoczone strefą zmętnienia.

Oznaczenie liczby gronkowców koagulazododatnich (*Staphylococcus aureus* i innych gatunków) zgodnie z normą PN-EN ISO 6888-2:2001 + A1:2004 na podłożu RPF zawierającym plazmę krwi i fibrynogen. Płytki inkubowano w 37°C przez 24-48 h. Po inkubacji zliczano charakterystyczne kolonie – czarne lub szare (zabarwienie powstałe na skutek redukcji zawartego w podłożu tellurynu potasu), otoczone strefą zmętnienia. Zmętnienie wokół kolonii powstawało w wyniku reakcji koagulazy wytwarzanej przez gronkowce z protrombiną zawartą w plazmie.

Oznaczenie obecności *Listeria monocytogenes* zgodnie z normą PN-EN ISO 11290-1 stosując w I etapie bulion ½ Fraser zaś w II bulion Fradera. W obu etapach prowadzono inkubację przez 22 - 26 godziny w temperaturze odpowiednio 30°C i 37°C. Po inkubacji próbki posiewano na podłoże ALOA i Oxford, które inkubowano w temperaturze 37°C do 48 godzin. Po upłygnięciu określonego czasu zliczano charakterystyczne kolonie dla określonego podłoża (kolonie barwy niebieskozielonej z charakterystyczną strefą zmętnienia wokół na podłożu ALOA oraz kolonie barwy ciemnoszarej z zielonkawym odcieniem i zaciemnionym podłożem Oxford).

Oznaczenie liczby *Listeria monocytogenes* zgodnie z normą PN-EN ISO 11290-2 stosując w podłoże ALOA. Płytki inkubowano w temperaturze 37°C do 48 godzin. Po upływie określonego czasu zliczano charakterystyczne kolonie barwy niebieskozielonej z charakterystyczną strefą zmętnienia.

Oznaczenie obecność bakterii z rodzaju *Salmonella* spp. wg PN-EN ISO 6579 inkubując próbki w zbuforowanej wodzie peptonowej (WPZ) w temperaturze 37°C przez 18 ± 2 h. Po inkubacji próbki przesiewano do podłoża selektywno-namnażających Rappaport-Vassiliadis (RVS) i Muller Kauffmann (MKTTn) w ilości odpowiednio 0,1 ml oraz 1 ml. Inkubacje prowadzono przez 24 h (± 3 h) w temperaturach 41,5°C oraz 37°C, odpowiednio dla podłoża RVS i MKTTn. Po tym czasie wykonywano posiew redukcyjny na podłoże XLD oraz podłoże Rambach. Posiewy te inkubowano 24-48 h w temperaturze 37°C. W celu potwierdzeń charakterystycznych kolonii *Salmonella* spp. prowadzono identyfikacje serologiczną oraz biochemiczną.

Identyfikacja gatunkowa wyizolowanych bakterii kwasu mlekowego

Identyfikację biochemiczną wyizolowanych drobnoustrojów wykonano przy pomocy testów diagnostycznych API® 50 CH oraz podłoża API® 50 CHL (bioMérieux, Francja) przeznaczonego do identyfikacji mikroorganizmów z rodzaju *Lactobacillus* oraz rodzajów pokrewnych. Test API 50 CH zawierał 50 mikroprobówek, które umożliwiały określenie zdolności fermentacji substratów o charakterze węglowodanów i ich pochodnych tj.: heterozydów, polialkoholi, kwasów uronowych. Każdą mikroprobówkę napełniono uprzednio przygotowaną zawiesiną drobnoustrojów w podłożu API 50 CHL, uwadniając tym samym zawartość probówki. W celu zachowania warunków beztlenowych, do każdej probówki nakropiono olej mineralny. Tak przygotowany test inkubowano w 30° ± 2°C przez 48 ± 6 godzin. Fermentacja w probówkach uwidoczniła się poprzez zmianę koloru w probówce z purpurowej na żółtą. Zmiana koloru była wywołana poprzez beztlenowe wytworzenie kwasu i wykrycie go przez wskaźnik pH obecny w podłożu. Pierwsza mikroprobówka nie zawierała wskaźnika pH, stanowiąc kontrolę ujemną. Poniżej w Tabeli 1 przedstawiono szczegółowy skład testu API® 50 CH.

Tabela 4. Skład węglowodanów w teście API® 50 CH

0	Kontrola	10	D-galaktoza	20	Metylo- α D-mannopiranozyd	30	D-melibioza	40	D-turanoza
1	Glicerol	11	D-glukoza	21	Metylo- α D-glukopiranozyd	31	D-sacharoza	41	D-liksoza

2	Erytrytol	12	D-fruktoza	22	N-acetylo- glukozamina	32	D-trehaloza	42	D-tagatoza
3	D-arabinoza	13	D-mannoza	23	Amigdalina	33	Inulina	43	D-fukoza
4	L-arabinoza	14	L-sorboza	24	Arbutyna	34	D-melezytoza	44	L-fukoza
5	D-ryboza	15	L-ramnoza	25	Eskulina Cytrynian żelaza	35	D-rafinoza	45	D-arabitol
6	D-ksyloza	16	Dulcytol	26	Salicyna	36	Skrobia	46	L-arabitol
7	L-ksyloza	17	Inozytol	27	D-celobioza	37	Glikogen	47	Glukonian potasu
8	D-adonitol	18	D-mannitol	28	D-maltoza	38	Ksylitol	48	2- ketoglukonian potasu
9	Metylo-βD- ksylopiranozyd	19	D-sorbitol	29	D-laktoza	39	Gencjbioza	49	5- ketoglukonian potasu

Ocena wpływu modyfikowanej paszy na profil mikrobioty jelitowej i homeostazę jelita trzody chlewnej w kierunku promowania integralności bariery nabłonkowej i odpowiedzi przeciwzapalnej – korelacja ze zdrowiem i wydajnością produkcyjną trzody chlewnej

Analizy metagenomiczne i molekularne zostały wykonane na materiale pobranym od dwóch grup zwierząt- grupy kontrolnej (K) żywionej paszą konwencjonalną na bazie śruty sojowej oraz grupy doświadczalnej (B) żywionej paszą z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej. Po zakończeniu doświadczenia żywieniowego w celu realizacji zadań badawczych został pobrany materiał, stanowiący masę kałową z jelita grubego oraz tkanki nabłonka jelita cienkiego.

Analizy metagenomiczne: z pobranej masy kałowej wyizolowano bakteryjny DNA w celu określania profilu taksonomicznego mikrobioty jelitowej zarówno dla grupy kontrolnej (K) jak i eksperymentalnej (B). Po przygotowaniu i kwantyfikacji bibliotek DNA, analiza składu taksonomicznego mikrobioty jelitowej została wykonana z wykorzystaniem wysokoprzepustowego sekwencjonowania amplitonu 16S rDNA przy użyciu platformy Miseq (Illumina). Zmiany w składzie mikrobioty jelitowej pomiędzy grupami zwierząt zostały przeprowadzone z wykorzystaniem analiz bioinformatycznych w celu określenia różnic w α i β bioróżnorodności, wytypowania zmian w poszczególnych taksonach

bakteryjnych. W analizach zmian mikrobioty jelitowej badanych grup zwierząt zastosowano więc szereg podejść bioinformatycznych.

Odczyty surowej sekwencji 16S rDNA zostały zdemultipleksowane do plików FASTQ, poddane kontroli jakości ($>$ wynik jakości Q30) i odszumiono przy użyciu DADA2 v2022.8.0. Profilowanie taksonomiczne i analizę β -różnorodności przeprowadzono przy użyciu oprogramowania open source QIIME 2 v2022.8.3 (<https://github.com/qiime2/qiime2>).

Klasyfikacja taksonomiczna została przeprowadzona przy użyciu bazy danych SILVA v132 (<https://www.arb-silva.de/>). Następnie artefakty QIIME2 zostały zaimportowane do R v3.6.3 jako obiekt phyloseq przy użyciu qiime2R v0.99.20 (<https://github.com/jbisanz/qiime2R>). Analiza różnorodności α została przeprowadzona przy użyciu pakietów R phyloseq v1.30-4 (<https://github.com/joey711/phyloseq>) i wegan v2.6-4 (<https://github.com/vegandevs/vegan>).

Wykres niemetrycznego wielowymiarowego skalowania (NMDS) oparty na odległościach β -różnorodności uzyskano za pomocą narzędzia internetowego MicrobiomeAnalyst 2.0 (<https://www.microbiomeanalyst.ca/>).

Profile taksonomiczne i funkcjonalne były dalej analizowane w oprogramowaniu STAMP v2.1.3. Przeprowadzono liniową analizę dyskryminacyjną połączoną z wielkością efektu (LEfSe) v1.1.2, aby zidentyfikować taksony bakteryjne reprezentowane w różny sposób między różnymi grupami na poziomie rodzaju lub wyższej taksonomii.

Analizy statystyczne: różnorodność α między dwiema grupami zwierząt porównano z testem nieparametrycznym z użyciem testu H Kruskala-Wallisa. Różnorodność β oceniono za pomocą permutacyjnej wielowymiarowej analizy wariancji PERMANOVA. Dodatkowo przeprowadzono test PERMDISP w celu zbadania jednorodności dyspersji wśród badanych grup zwierząt. Analizę taksonów o istotnych różnicach w liczebności między grupami przeprowadzono za pomocą czynnikowego testu Kruskala-Wallisa i parowego testu Wilcoxa. Analizę LEfSe przeprowadzono z następującymi parametrami: $\alpha = 0,05$ i minimalny wynik LDA = 2,0.

Analizy molekularne: w pobranym nabłonku jelita grubego z grupy kontrolnej (K) i doświadczalnej (B) wyizolowano RNA, a następnie określono profil zmian ekspresji genu kładyny (OCLN), markera genetycznego szczelność nabłonka jelita oraz genów kodujących ważne cytokiny odpowiedzialne za homeostazę immunologiczną organizmu (IL-7, IL-13, CCL-2, IL-10). Profil ekspresji genów został wykonany za pomocą metody real-time PCR (qPCR) z wykorzystaniem sond ekspresyjnych TaqMan zaprojektowanych w oparciu o genom referencyjny świni domowej (*Sus domestica*), w aparacie QuantStudio3 (ThermoFisher). Relatywną ekspresję (RQ) genu na poziomie transkryptu wyrażono według

wzoru $RQ=2^{-\Delta\Delta CT}$. Analizy statystyczne wykonano przy użyciu oprogramowania *GraphPad Prism v.9* z wykorzystaniem analizy ANOVA.

5. UZYSKANE WYNIKI

Fermentacja śruty rzepakowej

Zastosowanie procesów mikrobiologicznej fermentacji surowców roślinnych w znaczący sposób może poprawić jakość materiałów paszowych. Wykorzystane w takim procesie różne grupy bakterii i szczepów drożdży, mają zdolność wytwarzania enzymów, które mogą skutecznie hydrolizować białko roślinne, ale co ważne rozkładać substancje antyodżywcze, poprawiać biodostępność różnych pierwiastków i przyczyniać się do syntezy przeciwutleniaczy. Fermentację pasz roślinnych można przeprowadzić z wykorzystaniem np. różnych szczepów mikroorganizmów np. *Enterococcus faecalis*, *Bacillus subtilis*, *Candida utilis*, które to mikroorganizmy przyczyniają się do obniżenia poziomu glukozyolanów, garbników i kwasu fitynowego. Proces ten wpływa również na zwiększenie poziomu białka. W projekcie przeprowadzono izolację i identyfikację bakterii fermentacji mlekowej i drożdży z naturalnych materiałów biologicznych (zakwasów piekarskich). Przeprowadzono selekcję szczepów, pod względem cech biotechnologicznych do opracowania składu kultury startowej, zdolnej do fermentacji śruty rzepakowej. Określono trwałość sfermentowanej śruty rzepakowej pobierając w określonych odstępach czasowych próbki fermentowanej śruty rzepakowej i wykonując analizy mikrobiologiczne i fizykochemiczne w celu oceny jakości pojawienia się oznak zepsucia mikrobiologicznego. Izolację i identyfikację bakterii fermentacji mlekowej przeprowadzono z wykorzystaniem odpowiednich podłoży i testów API opisanych dokładnie w metodyce. Wyizolowano ok. 50 izolatów bakterii i drożdży należących głównie do gatunków: *Lactilactobacillus curvatus*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Pediococcus damnosus*, *Lactiplantibacillus plantarum*, *Levilactobacillus brevis*, *Lactobacillus acidophilus*, *Candida glabrata*, *Saccharomyces cerevisiae*. Na podstawie uzyskanych wyników badań opracowano kulturę startową, w skład której wchodziły szczepy: *Lactiplantibacillus plantarum*, *Levilactobacillus brevis*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Saccharomyces cerevisiae*.

Przykładowe zdjęcie kolonii na podłożu MRS
--



Fermentacja śruty rzepakowej

Przygotowanie biomasy

Kulturę startową dodawano do mąki razowej (pszennej i żytniej) mieszając jednocześnie z letnią wodą w proporcji 1 (porcja mąki) : 3 porcje (wody). Dokładnie rozprowadzono do uzyskania jednolitej biomasy, w której gęstość wyjściowa drobnoustrojów wynosiła 10^5 jtk/g bakterii fermentacji mlekowej i 10^6 jtk/g drożdży. Biomaseę inkubowano w temperaturze pokojowej przez 72 godzin.

Przygotowanie zakwasu





W celu uzyskania zakwasu śrutowego zmieszano 1 porcję uzyskanej biomasy (zakwas na mące razowej) z 4 porcjami śrutu rzepakowej i 3 porcjami wody (stosunek **1 : 4 : 3**). Objętość wody była uzależniona od wysuszenia śrutu lub uwodnienia biomasy. Dokładnie wymieszano do uzyskania zawiesiny o konsystencji gęstej śmietany.

Proces ukwaszania prowadzono w temperaturze pokojowej, do 96 godzin. Jednocześnie kontrolowano liczbę bakterii fermentacji mlekowej i drożdży.

Tabela Dynamika wzrostu kultury startowej w czasie procesu fermentacji śruty rzepakowej wraz z kontrolą zanieczyszczenia

Czas fermentacji	Liczba bakterii mlekowych [log jtk/g]	Liczba drożdży [log jtk/g]	Liczba pleśni log jtk/g	Aktywność wody a_w	Kwasowość	pH
Surowiec	2,72±0,01	<1,00	3,46±0,02	0,694	-	-
Surowiec + biomasa T0	5,20±0,03	6,42±0,03	<1,00	0,997	0,58	5,26
Surowiec + biomasa T1 (24 h)	6,54±0,02	7,66±0,01	<1,00	0,997	1,18	4,70
Surowiec + biomasa T2 (48 h)	7,28±0,03	7,82±0,02	<1,00	0,993	1,37	4,62
Surowiec + biomasa T3 (72h)	7,85±0,03	7,89±0,03	<1,00	0,992	1,62	4,52
Surowiec + biomasa T2 (96 h)	8,46±0,02	7,82±0,02	<1,00	0,994	1,77	4,43

Fermentacja śruty rzepakowej

	
<p>nieukwaszona śruta rzepakowa (sucha), której a_w wynosiło 0,694</p>	<p>zakwas pszenno-żytni razowy(biomasa) służący do ukwaszenia śruty rzepakowej</p>
	
<p>śruta rzepakowa po 24 h fermentacji w temperaturze 18°C z dodatkiem wyselekcjonowanej kultury startowej</p>	<p>śruta rzepakowa po 48 h fermentacji w temperaturze 18°C z dodatkiem wyselekcjonowanej kultury startowej</p>

Badanie właściwości fizykochemicznych śruty rzepakowej niesfermentowanej i ukwaszonej

Jednym z ważniejszych problemów paszowych w żywieniu zwierząt monogastrycznych, obok stosowania genetycznie modyfikowanej soi, jest zrównoważenie deficytu białkowego, który wynika z coraz większej intensyfikacji produkcji zwierzęcej.

W celu opracowania odpowiednio zbilansowanej mieszanki paszowej dla zwierząt monogastrycznych- trzody chlewnej zbadano właściwości fizykochemiczne zarówno śruty rzepakowej nie poddanej fermentacji oraz sfermentowanej. Dodatkowo zbadano parametry fizykochemiczne śruty sfermentowanej przechowywanej w różnych warunkach temperaturowych przez okres do 5 miesięcy. Wyniki badań przedstawiono w tabelach poniżej.

Tabela. Skład chemiczny śruty rzepakowej (średnia \pm niepewność; n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)
ŚF	63,85 \pm 2,11	10,10 \pm 0,57	0,40 \pm 0,05	11,05 \pm 2,17
I(T0+T1)	68,75 \pm 2,27	9,90 \pm 0,55	0,20 \pm 0,10	9,20 \pm 1,80
II(T3+T4)	68,50 \pm 2,26	9,50 \pm 0,53	0,60 \pm 0,08	7,05 \pm 1,38
III(T8+T9)	69,45 \pm 2,29	10,15 \pm 0,57	0,65 \pm 0,08	7,00 \pm 1,37
IV(T1/1+T1/2)	72,40 \pm 2,39	10,10 \pm 0,57	0,30 \pm 0,10	6,00 \pm 1,18
V(T1/3+T1/9)	69,40 \pm 2,29	11,25 \pm 0,63	0,30 \pm 0,10	3,85 \pm 0,75
VI(T1/8+T1/9)	70,50 \pm 2,33	11,30 \pm 0,63	0,20 \pm 0,10	3,20 \pm 0,63
ŚS	12,05 \pm 0,40	28,90 \pm 1,62	1,00 \pm 0,13	17,85 \pm 3,50

ŚF- śruta fermentowana; ŚS- surowa śruta niefermentowana, I- śruta ; II- śruta; III- śruta; IV- śruta ; V- śruta; VI- śruta

Tabela. Kwasowość, potencjał oksydacyjno-redukcyjny i wskaźnik TBARS śruty rzepakowej w czasie 0 (średnia \pm odchylenie standardowe; n=4)

Wariant	pH	ORP (mV)	TBARS (mg MDA/kg produktu)
T1/W	4,66 \pm 0,07	396,93 \pm 1,74	2,01 \pm 0,03
SF0	4,36 \pm 0,04	387,75 \pm 4,90	1,98 \pm 0,04
ŚS	5,98 \pm 0,25	309,68 \pm 7,07	13,27 \pm 0,06

T1/W- śruta; SF0- śruta z dodatkiem kultury startowej przed rozpoczęciem procesu fermentacji, w czasie T0; ŚS- śruta sucha niefermentowana

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych śruty rzepakowej (średnia \pm odchylenie standardowe; n=2)

KT [%]	Wariant							
	ŚS	ŚF	I(T0+T1)	II(T3+T4)	III(T8+T9)	IV(T1/1+T1/2)	V(T1/3+T1/9)	VI(T1/8+T1/9)
12:0	n.w.	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0	0,10±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
15:0	0,10±0,00	0,20±0,00	0,10±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
16:0	7,40±0,05	14,90±0,20	12,55±0,05	13,20±0,00	15,15±0,05	10,10±0,00	8,90±0,00	8,90±0,00
16:1	0,70±0,00	2,55±0,35	0,75±0,05	1,10±0,00	2,25±0,05	0,95±0,05	1,20±0,00	2,20±0,00
17:0	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
17:1	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
18:0	1,90±0,05	1,20±0,10	1,55±0,05	1,50±0,00	1,55±0,05	1,60±0,00	1,80±0,00	1,70±0,00
18:1trans	0,30±0,00	0,40±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,60±0,00	0,40±0,00	0,50±0,00	0,50±0,00
18:1cis9	49,90±0,50	30,80±0,60	37,75±0,25	34,45±0,00	32,30±0,30	41,95±0,05	44,60±0,10	44,05±0,05
18:1cis11	5,60±0,00	2,70±0,00	3,25±0,05	3,30±0,00	3,55±0,05	3,90±0,00	4,20±0,00	4,50±0,00
18:1 c inne	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
18:2 trans	0,20±0,00	0,40±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,45±0,05	0,30±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00
18:2	25,90±0,10	38,65±0,15	35,45±0,25	36,95±0,00	35,70±0,20	32,05±0,05	29,50±0,00	28,20±0,10
18:3 trans	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
18:3 n3	4,90±0,15	5,70±0,40	5,10±0,10	5,55±0,05	5,20±0,20	5,55±0,05	5,70±0,00	6,10±0,00
18:2c9t11	0,40±0,00	0,45±0,05	0,40±0,00	0,50±0,00	0,60±0,00	0,60±0,00	0,60±0,00	0,70±0,00
20:0	0,50±0,00	0,20±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
20:1	0,70±0,00	0,50±0,00	0,60±0,00	0,60±0,00	0,55±0,05	0,60±0,00	0,60±0,00	0,60±0,00
20:2	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:0	0,40±0,00	0,20±0,00	0,30±0,00	0,25±0,05	0,20±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
22:1	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
24:0	0,20±0,00	0,10±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
24:1	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
SFA	10,75±0,05	17,20±0,30	15,40±0,10	16,05±0,05	18,0±0,10	13,10±0,00	12,10±0,00	12,0±0,00
MUFA	57,10±0,50	37,35±0,25	43,05±0,25	40,25±0,05	39,65±0,35	48,20±0,00	51,50±0,10	52,25±0,05
PUFA	31,45±0,05	45,00±0,50	41,15±0,35	43,30±0,10	41,80±0,40	38,40±0,00	36,00±0,00	35,20±0,10

ŚF- śruta fermentowana; ŚS- śruta sucha niefermentowana, I- śruta ; II- śruta; III- śruta; IV- śruta ; V- śruta; VI- śruta



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej śruty rzepakowej w czasie 0 (n=8)

Tabela. Skład chemiczny śruty fermentowanej po 1 miesiącu przechowywania (średnia ± niepewność; n=2)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)
ŚF4	63,40±2,09	10,20±0,57	<0,5	11,65±2,28
ŚFP	64,00±2,11	10,20±0,57	<0,5	12,45±2,44

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Wartość pH, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP) i wskaźnik TBARS śruty fermentowanej po 1 miesiącu przechowywania (średnia ± odchylenie standardowe; n=3)

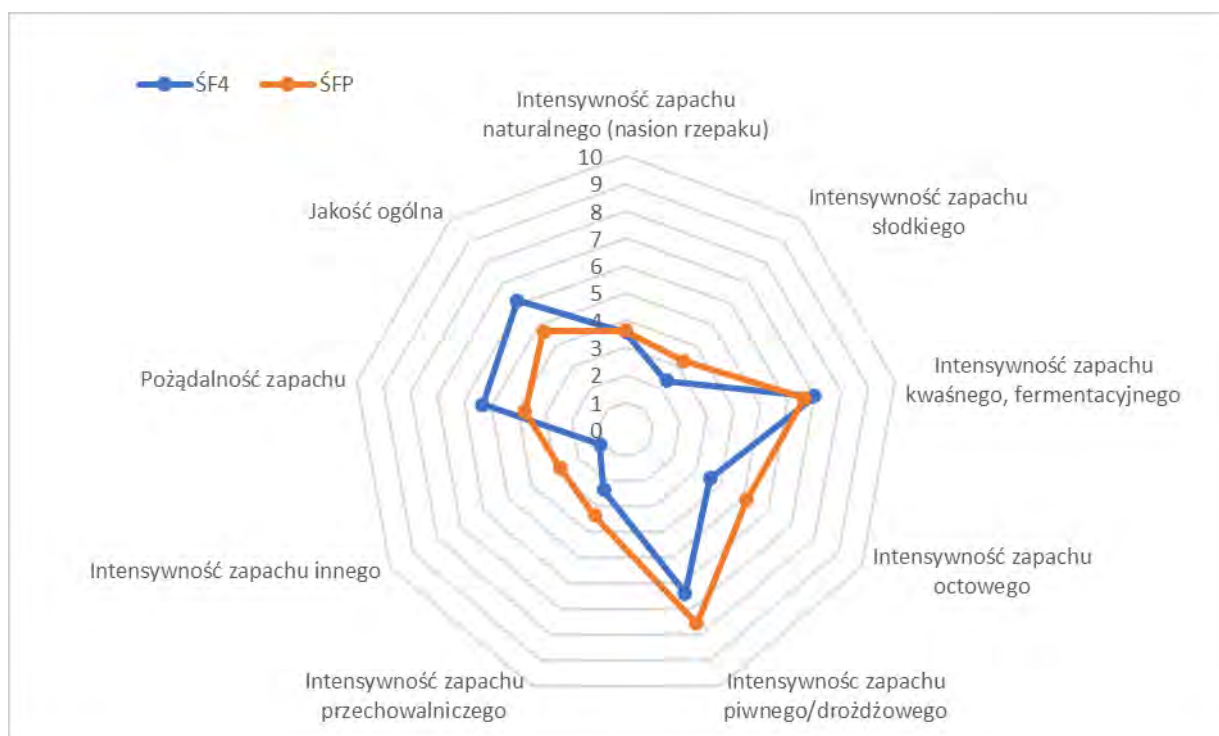
Wariant	pH	ORP (mV)	TBARS (mg MDA/kg produktu)
ŚF4	4,18±0,02	332,53±12,16	2,88±0,05
ŚFP	4,12±0,01	350,10±4,16	1,98±0,10

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych śruty rzepakowej po 1 miesiącu przechowywania (średnia ± odchylenie standardowe; n=4)

KT [%]	Wariant	
	ŚF4	ŚFP
10:0	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0	0,25±0,05	0,20±0,00
15:0	0,20±0,00	0,20±0,00
16:0	18,00±0,60	15,20±0,10
16:1	2,45±0,45	1,60±0,00
17:0	0,15±0,05	0,10±0,00
17:1	0,10±0,00	0,10±0,00
18:0	1,50±0,00	1,35±0,05
18:1trans	0,53±0,00	0,60±0,00
18:1cis9	29,93±0,93	34,93±0,28
18:1cis11	3,10±0,10	3,08±0,08
18:1 c inne	0,10±0,00	0,10±0,00
18:2 trans	0,40±0,00	0,50±0,00
18:2	35,93±0,38	35,00±0,35
18:3 trans	0,20±0,00	0,20±0,00
18:3 n3	5,00±0,00	4,75±0,05
18:2c9t11	0,45±0,05	0,35±0,05
20:0	0,23±0,04	0,23±0,04
20:1	0,70±0,00	0,73±0,04
20:2	0,10±0,00	0,10±0,00
22:0	0,20±0,00	0,20±0,00
22:1	0,10±0,00	0,10±0,00
24:0	0,10±0,00	0,10±0,00
24:1	0,10±0,00	0,10±0,00
SFA	20,83±0,63	17,78±0,04
MUFA	37,10±0,30	41,33±0,38
PUFA	42,08±0,33	40,90±0,35

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej śruty rzepakowej fermentowanej po 1 miesiącu przechowywania

Tabela. Skład chemiczny śruty fermentowanej po 2 miesiącach przechowywania (średnia ± niepewność; n=2)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)
ŚF4	64,55±2,13	9,95±0,56	<0,5	11,45±2,24
ŚFP	64,10±2,12	10,55±0,59	<0,5	11,20±2,20

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Wartość pH, potencjał oksydacyjno-redukcyjny i wskaźnik TBARS śruty fermentowanej po 2 miesiącach przechowywania (średnia ± odchylenie standardowe; n=3)

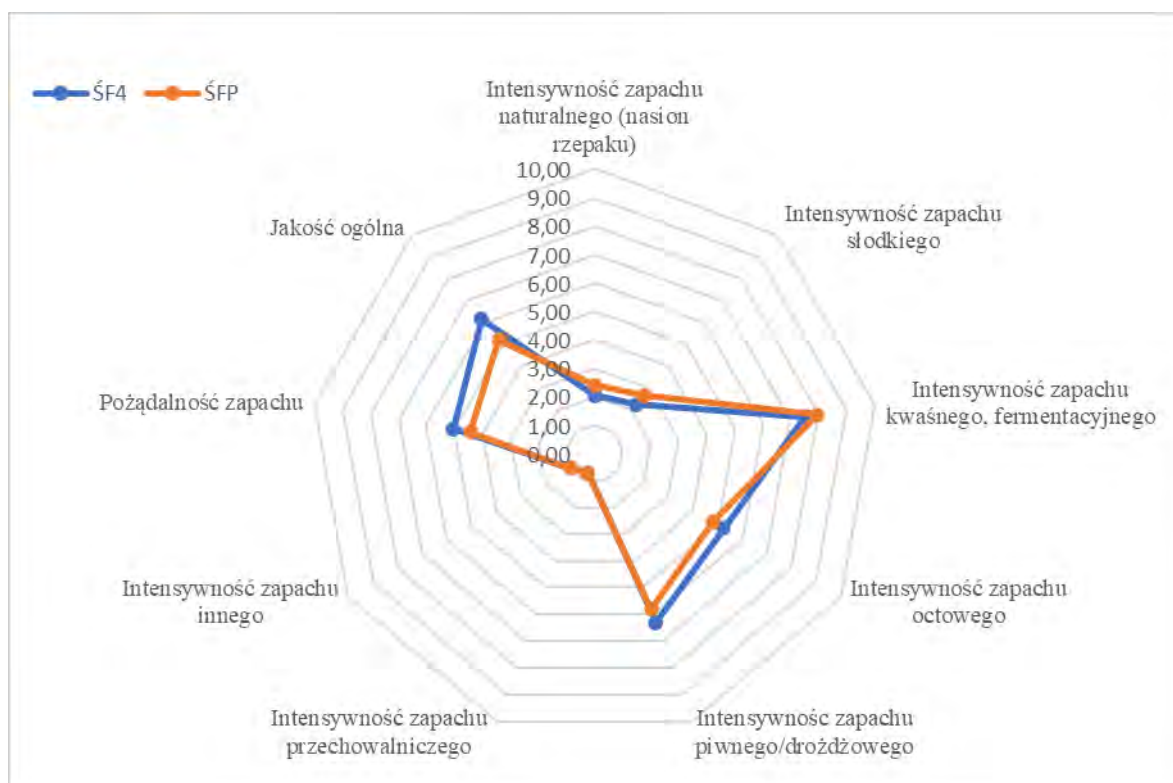
Wariant	pH	ORP (mV)	TBARS (mg MDA/kg produktu)
ŚF4	4,07±0,02	399,33±7,82	3,43±0,36
ŚFP	4,13±0,01	414,93±4,87	2,23±0,25

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych śruty rzepakowej po 2 miesiącach przechowywania (średnia ± odchylenie standardowe; n=4)

KT [%]	Wariant	
	ŚF4	ŚFP
14:0	0,20±0,00	0,20±0,00
15:0	0,23±0,04	0,20±0,00
16:0	18,13±0,19	14,45±0,25
16:1	1,08±0,04	1,15±0,05
17:0	0,10±0,00	0,10±0,00
17:1	0,18±0,13	0,10±0,00
18:0	1,43±0,04	1,33±0,04
18:1trans	0,50±0,00	0,53±0,04
18:1cis9	33,05±0,29	36,55±0,18
18:1cis11	2,85±0,05	3,10±0,07
18:1 c inne	0,10±0,00	0,10±0,00
18:2 trans	0,40±0,00	0,50±0,00
18:2	35,30±0,35	35,08±0,27
18:3 trans	0,20±0,00	0,20±0,00
18:3 n3	4,55±0,05	4,63±0,13
18:2c9t11	0,30±0,00	0,20±0,00
20:0	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1	0,58±0,04	0,63±0,04
20:2	0,10±0,00	0,10±0,00
22:0	0,20±0,00	0,23±0,04
22:1	0,10±0,00	0,10±0,00
24:0	0,10±0,00	0,20±0,00
24:1	0,10±0,00	0,10±0,00
SFA	20,58±0,23	16,90±0,25
MUFA	38,53±0,18	42,35±0,15
PUFA	40,85±0,39	40,70±0,37

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej śruty rzepakowej fermentowanej po 2 miesiącach przechowywania (n=8)

Tabela. Skład chemiczny śruty fermentowanej po 3 miesiącach przechowywania (średnia \pm niepewność; n=2)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)
ŚF4	63,30 \pm 2,12	10,31 \pm 0,58	<0,5	11,02 \pm 2,16
ŚFP	63,50 \pm 2,10	10,55 \pm 0,59	<0,5	11,30 \pm 2,21

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Wartość pH, potencjał oksydacyjno-redukcyjny i wskaźnik TBARS śruty fermentowanej po 3 miesiącach przechowywania (średnia \pm odchylenie standardowe; n=3)

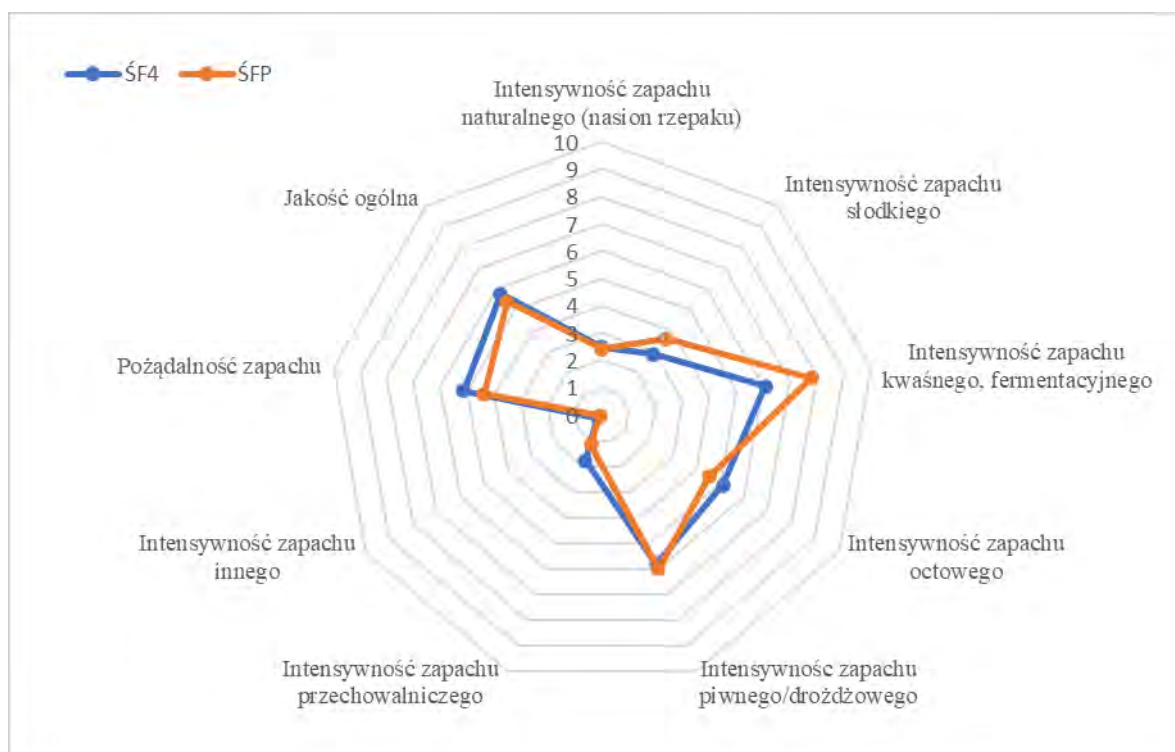
Wariant	pH	ORP (mV)	TBARS (mg MDA/kg produktu)
ŚF4	4,09 \pm 0,01	386,23 \pm 4,57	3,04 \pm 0,27
ŚFP	4,17 \pm 0,02	396,63 \pm 7,99	2,78 \pm 0,10

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych śruty rzepakowej po 3 miesiącach przechowywania (średnia \pm odchylenie standardowe; n=4)

KT [%]	Wariant	
	ŚF4	ŚFP
14:0	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
15:0	0,23 \pm 0,04	0,20 \pm 0,00
16:0	19,60 \pm 0,40	15,75 \pm 0,25
16:1	1,55 \pm 0,05	1,45 \pm 0,17
17:0	0,20 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
17:1	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
18:0	1,50 \pm 0,10	1,35 \pm 0,05
18:1trans	0,58 \pm 0,04	0,65 \pm 0,05
18:1cis9	31,90 \pm 0,35	35,08 \pm 0,11
18:1cis11	2,95 \pm 0,05	3,15 \pm 0,05
18:1 c inne	0,15 \pm 0,05	0,18 \pm 0,04
18:2 trans	0,55 \pm 0,09	0,60 \pm 0,07
18:2	34,40 \pm 0,16	34,70 \pm 0,50
18:3 trans	0,10 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
18:3 n3	4,53 \pm 0,04	4,50 \pm 0,10
18:2c9t11	0,30 \pm 0,00	0,25 \pm 0,05
20:0	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
20:1	0,43 \pm 0,04	0,55 \pm 0,05
20:2	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
22:0	0,13 \pm 0,04	0,15 \pm 0,05
22:1	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
24:0	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
SFA	22,15 \pm 0,55	18,05 \pm 0,35
MUFA	37,75 \pm 0,30	41,25 \pm 0,15
PUFA	39,98 \pm 0,18	40,35 \pm 0,50

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej śruty rzepakowej fermentowanej po 3 miesiącach przechowywania (n=8)

Tabela. Skład chemiczny śruty fermentowanej po 4 miesiącach przechowywania (średnia \pm niepewność; n=2)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)
ŚF4	64,93 \pm 2,14	10,37 \pm 0,58	<0,5	11,27 \pm 2,21
ŚFP	64,97 \pm 2,14	10,40 \pm 0,58	<0,5	11,63 \pm 2,28

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Wartość pH, potencjał oksydacyjno-redukcyjny i wskaźnik TBARS śruty fermentowanej po 4 miesiącach przechowywania (średnia \pm odchylenie standardowe; n=3)

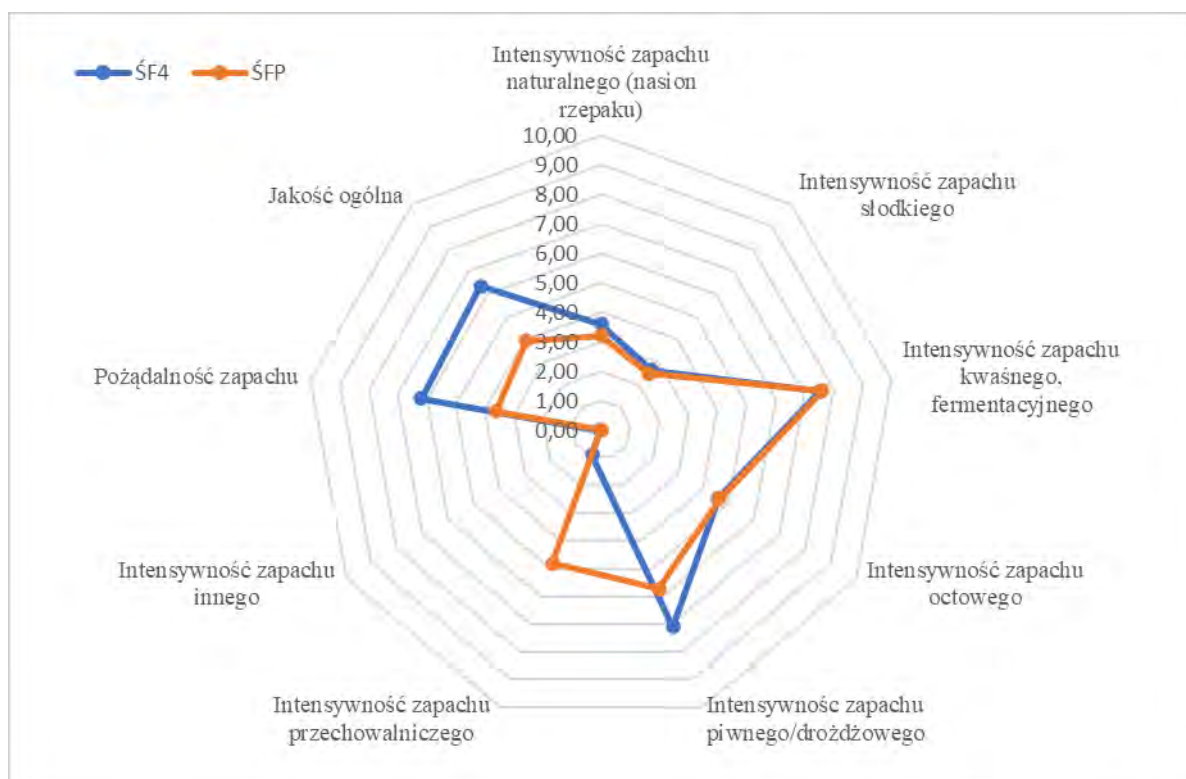
Wariant	pH	ORP (mV)	TBARS (mg MDA/kg produktu)
ŚF4	3,90 \pm 0,01	424,93 \pm 2,39	2,80 \pm 0,44
ŚFP	3,99 \pm 0,02	406,87 \pm 4,74	2,87 \pm 0,11

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych śruty rzepakowej po 4 miesiącach przechowywania (średnia \pm odchylenie standardowe; n=4)

KT [%]	Wariant	
	ŚF4	ŚFP
14:0	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
15:0	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
16:0	20,98 \pm 0,19	14,43 \pm 0,18
16:1	1,48 \pm 0,18	1,20 \pm 0,00
17:0	0,20 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
17:1	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
18:0	1,60 \pm 0,00	1,30 \pm 0,00
18:1trans	0,55 \pm 0,05	0,60 \pm 0,00
18:1cis9	31,00 \pm 0,07	36,23 \pm 0,26
18:1cis11	3,13 \pm 0,28	3,15 \pm 0,00
18:1 c inne	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
18:2 trans	0,50 \pm 0,00	0,55 \pm 0,05
18:2	33,58 \pm 0,08	35,38 \pm 0,15
18:3 trans	0,33 \pm 0,04	0,28 \pm 0,04
18:3 n3	4,43 \pm 0,04	4,75 \pm 0,05
18:2c9t11	0,28 \pm 0,04	0,10 \pm 0,00
20:0	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
20:1	0,48 \pm 0,04	0,50 \pm 0,00
20:2	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
22:0	0,20 \pm 0,00	0,15 \pm 0,00
22:1	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
24:0	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
24:1	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
SFA	23,68 \pm 0,19	16,68 \pm 0,13
MUFA	37,13 \pm 0,26	42,18 \pm 0,29
PUFA	39,20 \pm 0,07	41,15 \pm 0,18

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej śruty rzepakowej fermentowanej po 4 miesiącach przechowywania (n=8)

Tabela. Skład chemiczny śruty fermentowanej po 5 miesiącach przechowywania (średnia ± niepewność; n=2)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)
ŚF4	63,10±2,08	10,60±0,59	<0,5	10,73±2,10
ŚFP	63,20±2,09	10,77±0,60	<0,5	11,27±2,21

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

Tabela. Wartość pH, potencjał oksydacyjno-redukcyjny i wskaźnik TBARS śruty fermentowanej po 5 miesiącach przechowywania (średnia ± odchylenie standardowe; n=3)

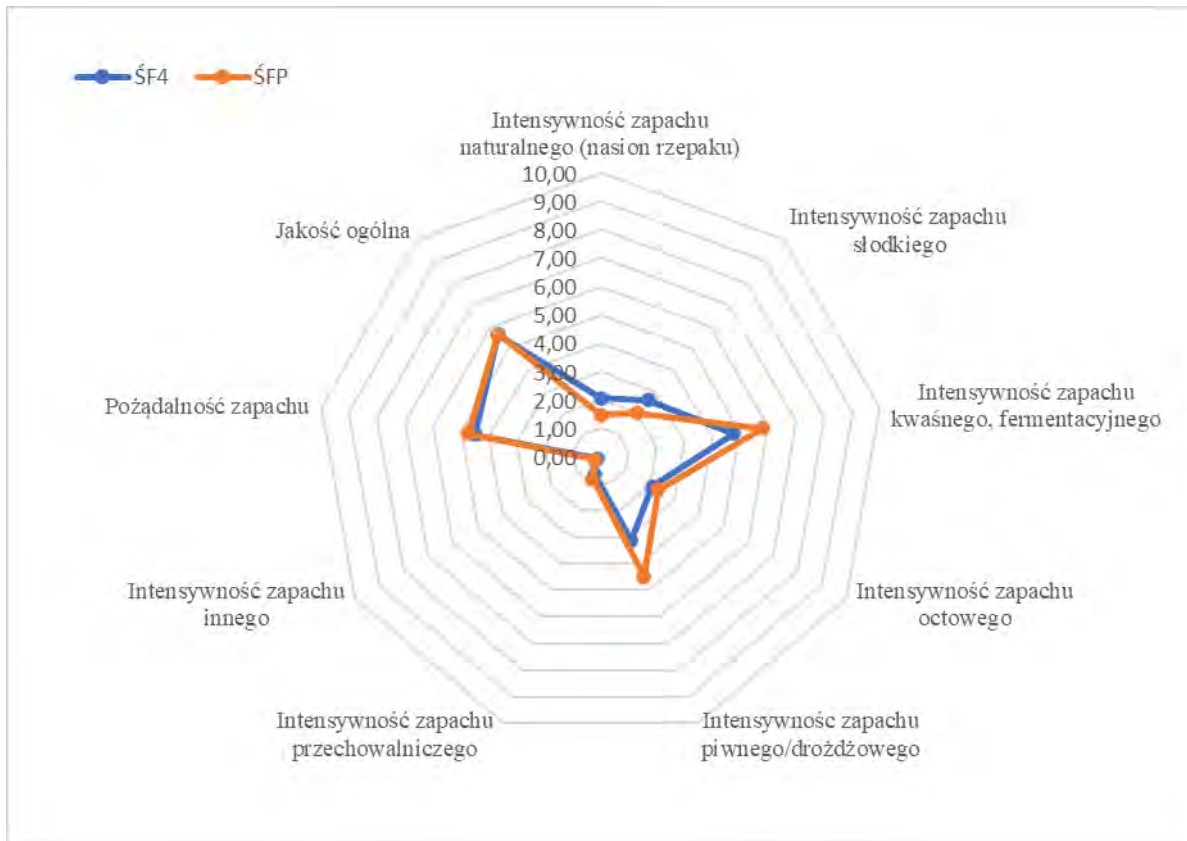
Wariant	pH	ORP (mV)	TBARS (mg MDA/kg produktu)
ŚF4	3,89±0,01	411,57±3,89	3,07±0,20
ŚFP	4,03±0,01	394,37±2,61	2,92±0,18

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej

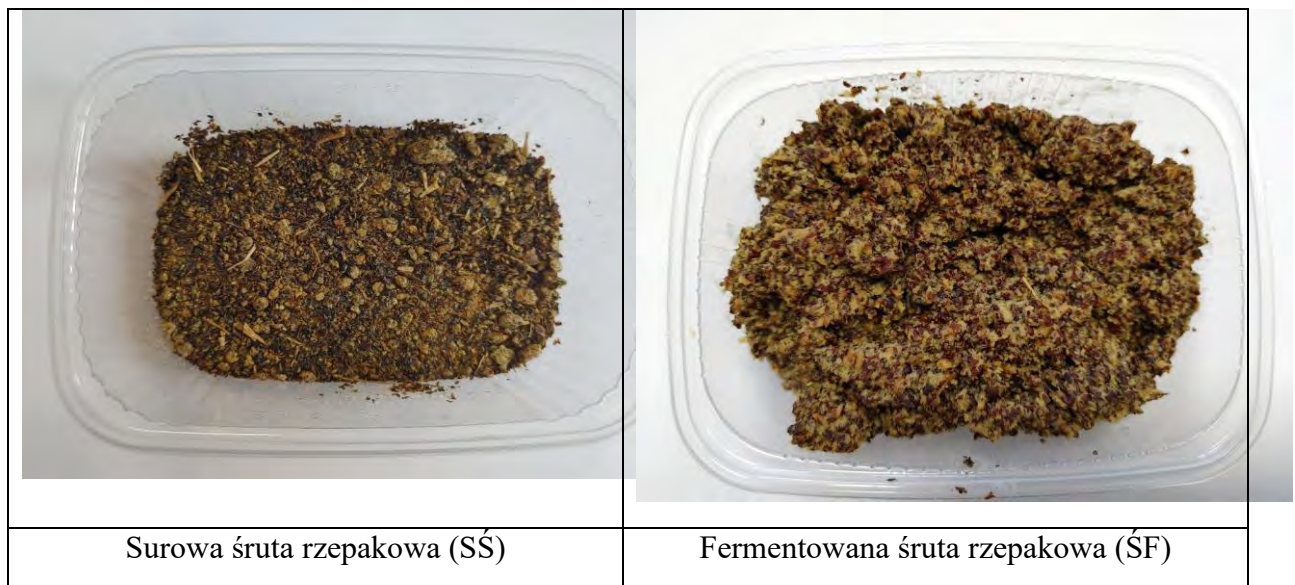
Tabela. Skład kwasów tłuszczowych śruty rzepakowej po 5 miesiącach przechowywania (średnia ± odchylenie standardowe; n=4)

KT [%]	Wariant	
	ŚF4	ŚFP
14:0	0,20±0,00	0,20±0,00
15:0	0,20±0,00	0,20±0,00
16:0	21,08±0,26	14,43±0,18
16:1	1,43±0,13	1,15±0,05
17:0	0,20±0,00	0,10±0,00
17:1	0,10±0,00	0,10±0,00
18:0	1,60±0,00	1,30±0,00
18:1trans	0,60±0,00	0,60±0,00
18:1cis9	31,03±0,04	36,30±0,25
18:1cis11	3,13±0,28	3,15±0,09
18:1 c inne	0,10±0,00	0,10±0,00
18:2 trans	0,50±0,00	0,50±0,00
18:2	33,55±0,09	35,35±0,11
18:3 trans	0,30±0,00	0,30±0,00
18:3 n3	4,45±0,05	4,75±0,05
18:2c9t11	0,28±0,04	0,15±0,05
20:0	0,28±0,04	0,20±0,00
20:1	0,40±0,00	0,50±0,00
20:2	0,10±0,00	0,10±0,00
22:0	0,20±0,00	0,20±0,00
22:1	0,10±0,00	0,10±0,00
24:0	0,10±0,00	0,10±0,00
24:1	0,10±0,00	0,10±0,00
SFA	23,85±0,22	16,73±0,18
MUFA	36,98±0,25	42,10±0,32
PUFA	39,18±0,04	41,15±0,18

ŚF4- śruta fermentowana przechowywana w 4°C; ŚFP- śruta fermentowana przechowywana w temperaturze pokojowej



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej śruty rzepakowej fermentowanej po 5 miesiącach przechowywania (n=8)



Jakość mikrobiologiczna surowej śruty rzepakowej i poddanej fermentacji

Tabela. Jakość mikrobiologiczna śruty rzepakowej

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Surowa śruta rzepakowa (SŚ)	Fermentowana śruta rzepakowa (ŚF)
<i>Enterobacteriaceae</i>	1,52±0,01	<1,00
<i>E. coli</i>	<1,00	<1,00
GKD	<1,00	<1,00
LAB	<1,00	9,41 ±0,01
OLD	3,64±0,04	9,80±0,03
Pleśnie	1,20±0,03	<1,00
Drożdże	2,60±0,03	8,08 ±0,03

Skróty: GKD – gronkowce koagulazododatnie, *E. coli*- *Escherichia coli*, LAB – mezofilne bakterie fermentacji mlekowej, OLD – ogólna liczba drobnoustrojów

Tabela 14. Obecność patogenów w próbkach śruty rzepakowej

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Surowa śruta rzepakowa (SŚ)	Fermentowana śruta rzepakowa (ŚF)
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw

Opracowanie warunków suszenia fermentowanej śruty

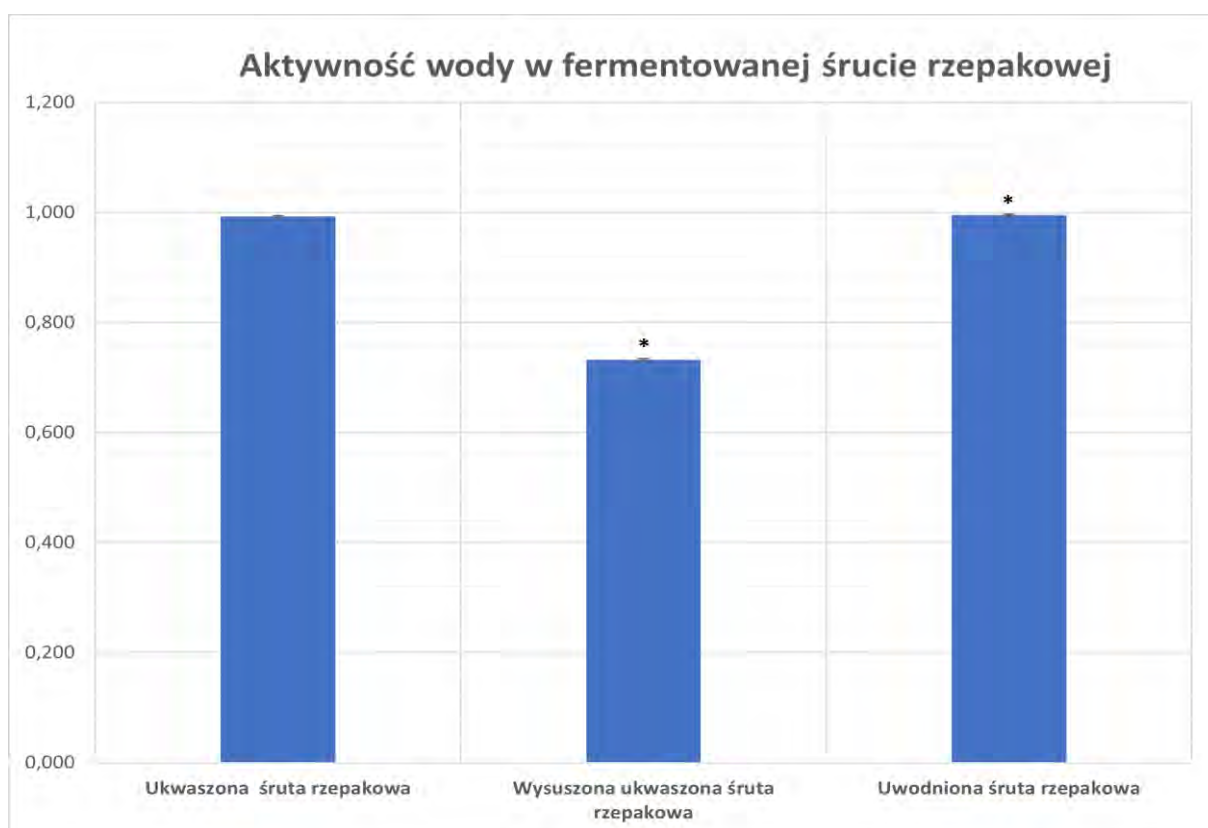
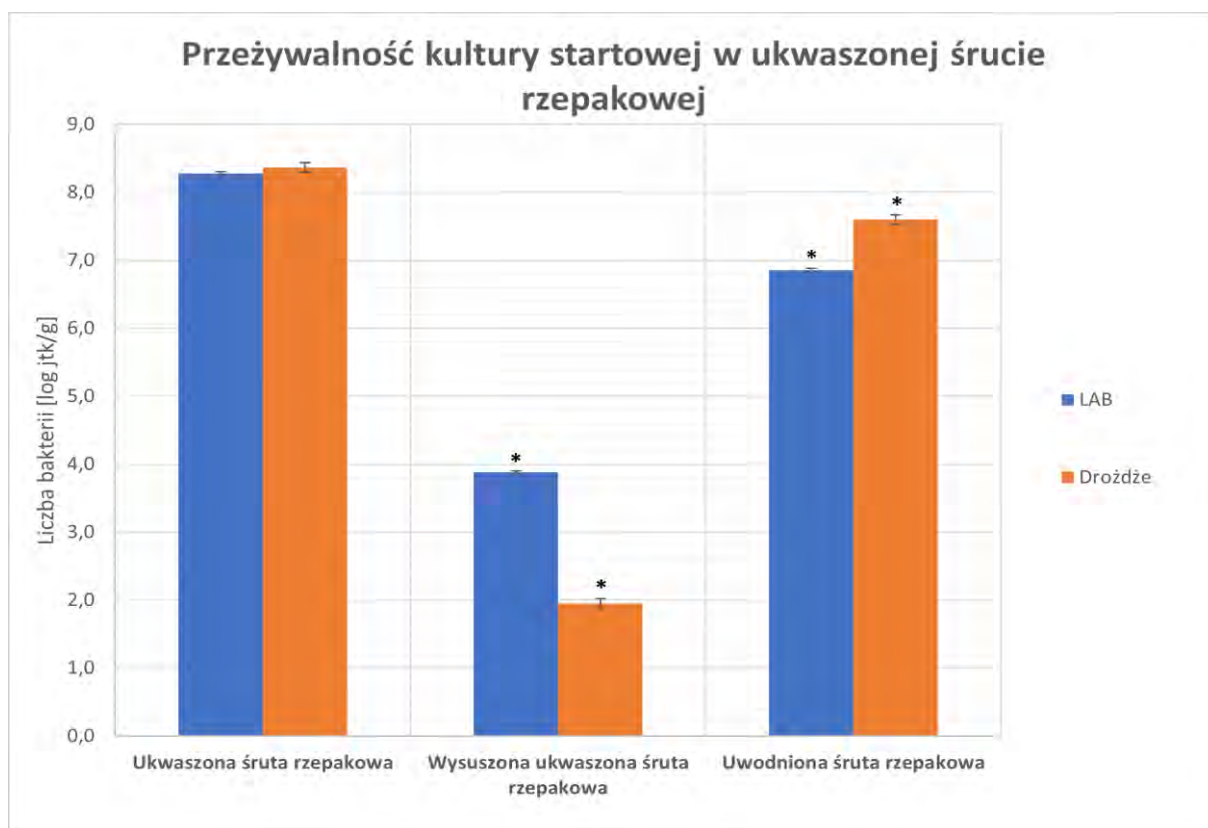
Ze względu na fakt, iż śruta rzepakowa przy dłuższym przechowywaniu może ulec zepsuciu mikrobiologicznemu, zwłaszcza zapleśnieniu oraz żeby ułatwić gospodarstwom rolnym jej przechowywanie, w projekcie zastosowano proces suszenia. W trakcie tego procesu, kontrolowano aktywność wody. Aktywność wody (a_w) - czynnik ograniczający wzrost drobnoustrojów, jest istotnym parametrem odpowiedzialnym za stabilność pasz. Moduluje reakcje mikroorganizmów i określa rodzaj drobnoustrojów w nich spotykanych. W trakcie procesu suszenia obniża się a_w i wydłuża się trwałość produktów, poprzez ograniczenie wzrostu mikroorganizmów. W czasie suszenia, może dojść również, do ograniczenia wzrostu korzystnych dla zdrowia bakterii fermentacji mlekowej czy drożdży. W projekcie zbadano wpływ procesu suszenia fermentowanej śruty rzepakowej, dedykowanej do skarmiania trzody chlewnej, na przeżywalność kultury startowej służącej do jej ukwaszenia. Proces suszenia miał umożliwić wydłużenie terminu przydatności do użycia paszy i ułatwić rolnikom jej przechowywanie oraz dozowanie do paszociągu.

Do procesu fermentacji śruty rzepakowej wykorzystano powyżej w sprawozdaniu kulturę startową (*Lactiplantibacillus plantarum*, *Levilactobacillus brevis*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Saccharomyces cerevisiae*). Po ukwaszeniu śruty rzepakowej, przystąpiono do

procesu jej suszenia, w którym wykorzystano suszarkę bez obiegu powietrza firmy BINDER GmbH, typ VD53 (Niemcy). Suszenie przeprowadzono w temperaturze 50°C przez 72 h. Po 30 dniach przechowywania wysuszonej śruty, reaktywowano ją poprzez uwodnienie. Aby sprawdzić przeżywalność kultury startowej, przeprowadzono oznaczenia mikrobiologiczne w kierunku liczby mezofilnych bakterii fermentacji mlekowej oraz drożdży, zgodnie z obowiązującymi normami, w śrucie ukwaszonej, wysuszonej oraz uwodnionej. Równolegle wykonywano pomiary aktywności wody, korzystając z aparatu AquaLab 4TE firmy METER Group w temp. $25 \pm 0,2^\circ\text{C}$. Pomiarów dokonywano w trzech powtórzeniach.

Wyjściowo, w zakwasie oraz w śrucie rzepakowej, liczba bakterii kwasu mlekowego (LAB) wynosiła odpowiednio $6,3 \pm 0,06 \log \text{ jtk/g}$ oraz $7,8 \pm 0,03 \log \text{ jtk/g}$, a liczba drożdży odpowiednio $4,0 \pm 0,08 \log \text{ jtk/g}$ oraz $< 1 \log \text{ jtk/g}$. Uzyskane wyniki, dotyczące wpływu procesu suszenia, na przeżywalność kultury startowej w ukwaszonej śrucie rzepakowej, wskazują na istotny statystycznie spadek liczby bakterii mlekowych, o 5 rzędów logarytmicznych, z $8,3 \pm 0,02 \log \text{ jtk/g}$ do $3,9 \pm 0,02 \log \text{ jtk/g}$. Z kolei po uwodnieniu suszonej, ukwaszonej śruty rzepakowej, zauważono wzrost liczby bakterii fermentacji mlekowej o 3 rzędy logarytmiczne, co również było istotne statystycznie. W przypadku drożdży, uzyskane wyniki kształtowały się analogicznie do liczby LAB. Proces suszenia powodował spadek liczby drożdży, o 7 rzędów logarytmicznych, z $8,4 \pm 0,1 \log \text{ jtk/g}$ do $1,9 \pm 0,03 \log \text{ jtk/g}$. Po uwodnieniu suszonej, ukwaszonej śruty rzepakowej, liczba drożdży wzrosła z $1,9 \pm 0,03 \log \text{ jtk/g}$ do $7,6 \pm 0,11 \log \text{ jtk/g}$. Wszystkie uzyskane wyniki były istotne statystycznie.

Analizując wyniki aktywności wody po procesie suszenia, zaobserwowano istotny statystycznie spadek a_w w fermentowanej śrucie rzepakowej, z wartości $0,992 \pm 0,001$ do $0,733 \pm 0,002$. Po procesie uwodnienia ukwaszonej śruty rzepakowej, zaobserwowano statystycznie istotny wzrost a_w , z $0,733 \pm 0,002$ do $0,995 \pm 0,002$. Doświadczenie potwierdziło wpływ parametru, jakim jest aktywność wody, na ograniczenie wzrostu badanych drobnoustrojów.



Suszenie fermentowanej śruty rzepakowej umożliwiło stabilizację paszy i pozwoliło na jej bezpieczne przechowywanie bez oznak zapleśnienia, **przez 30 dni**. Jednocześnie proces

suszenia nie wpłynął negatywnie na przeżywalność kultury startowej wykorzystywanej do ukwaszania śruty rzepakowej, pomimo spadku aktywności wody.

Badania żywieniowe świń z wykorzystaniem fermentowanej śruty rzepakowej oraz badania mięsa i produktów mięsnych

W pierwszym cyklu żywieniowym badań na przygotowanej próbie świń, sprawdzano rolę opracowanej kultury startowej na zachowanie i dobrostan zwierząt. Począwszy od warchlaków, o masie 30-35 kg, w ilości 4 sztuk, w wydzielonym pomieszczeniu aż do końca cyklu hodowli. W grupie badawczej, do stosowanej karmy przemysłowej, dodawano przygotowany i sprawdzony, w procesie fermentacji zestaw mikroorganizmów. Grupa kontrolna żywiona była bez dodatku mikroorganizmów. Trzodę chlewną hodowano do masy przyżyciowej 125 - 135 kg. Termin uboju był uwarunkowany zapotrzebowaniem na półtusze wieprzowe. Efekty żywieniowe dodawanych mikroorganizmów były oceniane podczas żywienia i końcowego etapu oceny masy przyżyciowej. W tym samym czasie grupa żywiona z dodatkiem mikroorganizmów miała zwiększone przyrosty końcowej masy średnio o ok. 14 kg. (rozzrzt był od 12 do 16 kg). Zwierzęta zachowywały się prawidłowo i chętnie spożywały sfermentowany zakwas zawierający kulturę startową podczas całego okresu chowu.

W drugim cyklu badań żywiono 4 sztuki trzody dodając do paszy przemysłowej 30% fermentowanej śruty rzepakowej w miejsce stosowanej śruty sojowej. Próbę kontrolną stanowiły żywione równolegle tuczniaki paszą przemysłową. Podczas uboju (masa zwierząt 120-130 kg) wykazano wyższą masę przyżyciową o 12-15 kg zwierząt żywionych z udziałem fermentowanej śruty rzepakowej. Wykonano ocenę mięsa i wykonanych kilku typowych produktów.

W trzecim cyklu badań żywiono 10 sztuk trzody chlewnej fermentowaną śrutą rzepakową (od poziomu warchlaka dawano do paszy białko tylko z fermentowaną śrutą rzepakową) jako podstawowym białkiem w żywieniu (kontrolna - 10 szt. żywiona paszą przemysłową z udziałem śruty sojowej). Po uboju tusze świń poddano szczegółowym badaniom oceny mięsności, jakości mięsa i dokonano oceny wyrobów mięsnych z obu grup hodowanych tuczników trzody chlewnej. Wyniki badań załączono w raporcie.

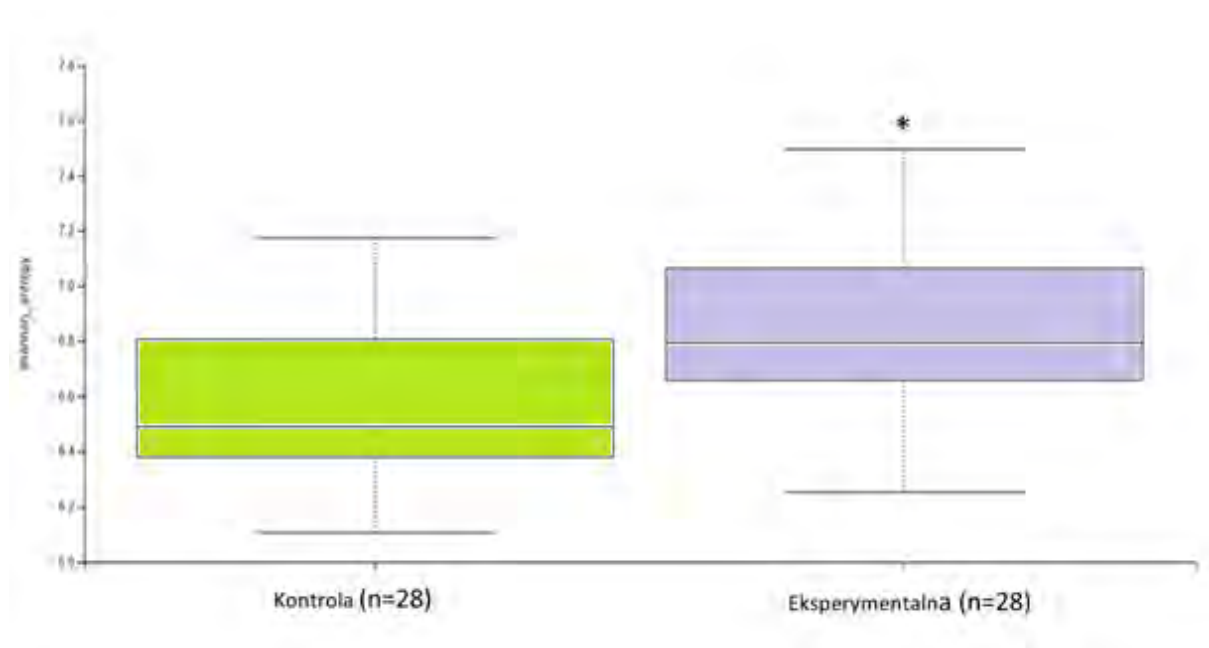
METAGENOMICZNA I METATAKSONOMICZNA ANALIZA MIKROBIOMU TRZODY CHLEWNEJ SKARMIANEJ PASZĄ Z DODATKIEM FERMENTOWANEJ ŚRUTY RZEPAKOWEJ W PORÓWNANIU Z GRUPĄ KONTROLNĄ SKARMIANĄ ŚRUTĄ SOJOWĄ

W badaniach projektowych oceniono wpływ diety na profil mikrobioty jelitowej i homeostazę jelita trzody chlewnej w kierunku promowania integralności bariery nabłonkowej i

odpowiedzi przeciwzapalnej oraz korelację ze zdrowiem i wydajnością produkcyjną trzody chlewnej. Fermentowana śruta rzepakowa jest cennym źródłem prozdrowotnych bakteryjnych metabolitów, enzymów czy witamin. Żywienie zwierząt przefermentowaną paszą nie tylko zwiększa biodostępność składników odżywczych, ale także optymalizuje i utrzymuje prawidłową homeostazę przewodu pokarmowego. Uczestniczące w procesie fermentacji kultury startowe zawierające prozdrowotne szczepy stymulują rozwój korzystnej mikroflory jelitowej gospodarza oraz zapobiegają rozwojowi szkodliwej mikroflory przez zakwaszenie środowiska przewodu pokarmowego. Prawidłowa kompozycja mikrobioty jelitowej i jej aktywność metaboliczna prowadzi do syntezy bioaktywnych metabolitów, tj. krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe (SCFA), które odgrywają istotną rolę w prawidłowym utrzymaniu integralności bariery jelitowej. Prawidłowa bariera jelitowa gwarantuje utrzymanie procesów prozapalnych pod kontrolą. Zaburzenia w strukturze nabłonka jelita prowadzą do zwiększonej przepuszczalności jelit, przemieszczenia się bakterii gram-ujemnych ze światła jelita do krwi i wywołania stanu zapalnego organizmu. Dlatego też, optymalizacja składu mikrobioty jelitowej poprzez prawidłowe żywienie trzody chlewnej jest istotnie skorelowana z prawidłowymi wskaźnikami statusu odpornościowego i kondycji zdrowotnej zwierząt. Ma to istotne znaczenie w efektywnej hodowli z zachowaniem dobrostanu zwierząt. Celem badań metagenomicznych i molekularnych prowadzonych w projekcie było: ocenienie zmian składu taksonomicznego i bioróżnorodności mikrobioty jelita trzody chlewnej, skarmianej paszą z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej, w porównaniu z grupą kontrolną, skarmianą śrutą sojową. Ponadto, dokonano charakterystyki taksonomicznej mikrobioty jelita pod względem zmian w profilu taksonomicznym ze szczególnym uwzględnieniem zmian α i β bioróżnorodności ekosystemu jelitowego badanych grup zwierząt. Dokonano również obserwacji zmian ekspresji genów białek połączeń ścisłych kluczowych w utrzymywaniu prawidłowej homeostazy jelita (integralność nabłonka jelita grubego, okludyny (OCLN) oraz odpowiedzi immunologicznej na poziomie zmian cytokin prozapalnych (np. IL-7, CCL-2 (MPC-1)) oraz przeciwzapalnych (np. IL-10, IL-13). Finalnie oceniono efektywność zastosowanej diety w modulowaniu korzystnych zmian taksonomicznych społeczności bakteryjnej jelita i modulacji odpowiedzi przeciwzapalnej. Realizacja powyższych etapów badawczych pozwoliła na uzyskanie odpowiedzi na pytanie – jak skarmianie fermentowaną śrutą rzepakową wpłynęło na modulację mikrobioty jelitowej i czy nadreprezentacja (obfitość) poszczególnych taksonów była skorelowana z integralnością bariery jelitowej i odpowiedzią immunologiczną gospodarza na poziomie ekspresji genów markerowych.

Wpływ diety na różnorodność α i β mikrobioty jelitowej świń

Struktura społeczności bakteryjnej mikrobioty jelitowej dla poszczególnych grup zwierząt została przeanalizowana jakościowo i ilościowo pod kątem bogactwa gatunkowego, wyrównania i różnorodności filogenetycznej. Wyniki oceny różnorodności α przy użyciu wskaźników Chao1, Shannon, Pielou, i Faith, które służą do identyfikacji bogactwa i równości poszczególnych taksonów przedstawiono w Tabeli 1. Analiza wykazała mniejsze zróżnicowanie próbek pochodzących od grupy kontrolnej (K) w porównaniu do grupy eksperymentalnej (B), dla której zaobserwowano istotnie statystycznie wyższe wartości różnorodności i bogactwa taksonów bakteryjnych (**Rycina 1**). Nie stwierdzono różnic statystycznych jedynie w bioróżnorodności w przypadku indeksu Faith ($P > 0.05$), który jest miarą różnorodności taksonów bakteryjnych w danej próbce z wykorzystaniem odległości filogenetycznej.

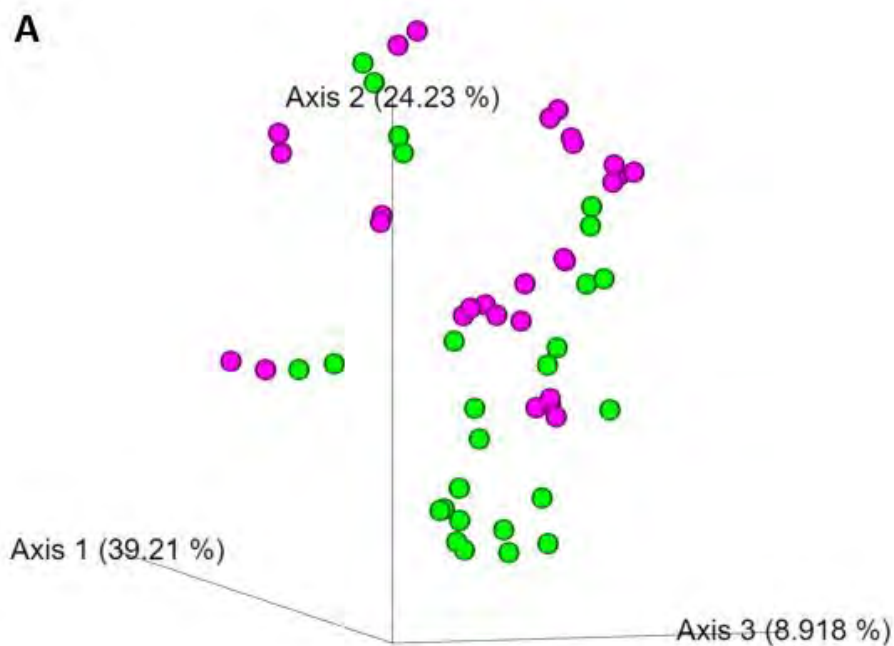


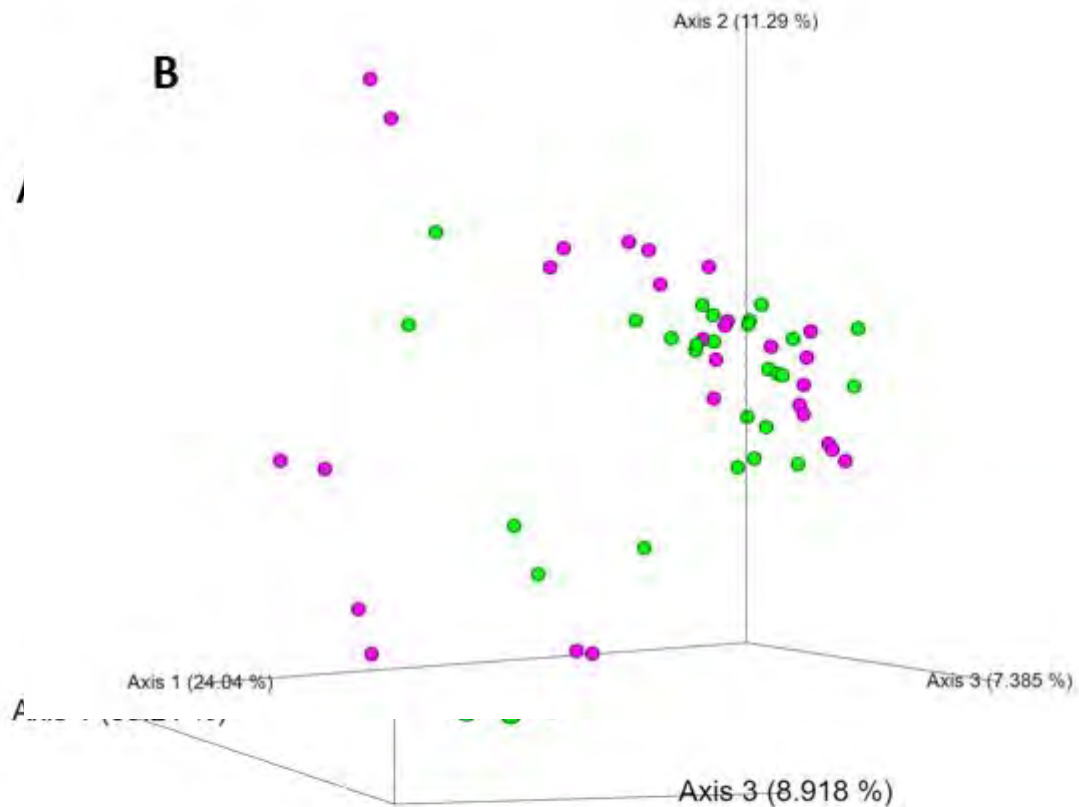
Rycina 1 Różnorodność α dla sekwencji genu 16S rDNA mikrobioty jelitowej dla grupy kontrolnej (K) i grupy eksperymentalnej (B) wyrażona indeksem Shannon ($P < 0.007$).

Tabela 1 Zestawienie indeksów określających różnorodność α taksonów bakteryjnych reprezentowanych w mikroflorze jelitowej badanych grup zwierząt.

Wskaźniki α -różnorodności	Grupa kontrolna	Grupa eksperymentalna	<i>p</i> -value
Chao 1	12.2145	12.9839	0.006
Pielou Evenness	0.914 ± 0.01	0.9378 ± 0.02	0.017
Shannon	6.570 ± 0.29	6.938 ± 0.41	0.007
Faith pd	11.96 ± 2.09	12.23 ± 2.09	0.25
ASV1	422 ± 398	604 ± 372	0.013

W przypadku różnorodności β , oceniającej różnice między społecznościami bakteryjnymi między grupami, testy PERMANOVA wykazały istotne różnice w strukturze społeczności analizowanych grup zwierząt pomimo wewnątrzgrupowego rozproszenia próbek. Wszystkie zastosowane algorytmy (Bray-Curtis, Jaccard, ważony i nieważony UniFrac) dały podobne wyniki, wskazując na istotne różnice ($P < 0.001$) między grupą kontrolną (K) a grupą eksperymentalną (B), niezależnie od tego, czy uwzględniono jakościowe lub ilościowe miary różnic między społecznościami i niezależnie od tego, czy zależności filogenetyczne między cechami były włączone lub wyłączone. Wykres analizy głównych współrzędnych (PCoA) oparty na ważonej (**Rycina 2a**) i nieważonej (**Rycina 2b**) macierzy odległości UniFrac pokazuje, że dieta znacząco wpłynęła na różnorodność mikrobioty jelitowej badanych grup zwierząt. Różnica między dwiema grupami była większa dla ważonej odległości UniFrac (39,21% na osi 1) niż dla nieważonej odległości UniFrac (24,04% na osi 1). Analiza nieważona uwzględnia tylko obecność/nieobecność taksonów, podczas gdy analiza ważona dodatkowo ocenia względną liczebność określonych bakterii. Wskazuje to, że względna obfitość niektórych bakterii przyczyniła się do odległości zbiorowisk bakteryjnych między badanymi grupami zwierząt.

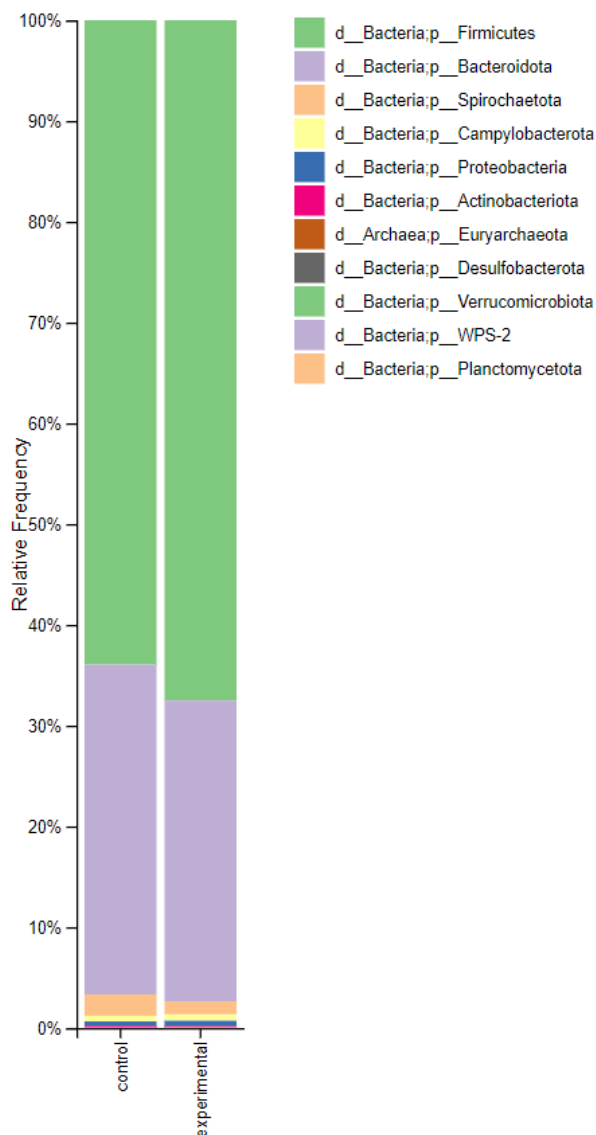




Rycina 2 Podsumowanie wskaźników różnorodności α wewnątrz badanej grupy. Analizy głównych współrzędnych (PCoA) pokazują ważoną (A) i nieważoną (B) macierz odległości UniFrac bakteryjnych amplikonów 16S rRNA z próbek kału grupy kontrolnej (K) (kolor zielony) i grupy eksperymentalnej (B) (kolor różowy). Każda kropka reprezentuje jedną próbkę. Procent zmienności wyjaśniony przez wykreślone współrzędne główne jest wskazany na osiach

Wpływ diety na skład taksonomiczny mikroflory jelitowej badanych grup zwierząt

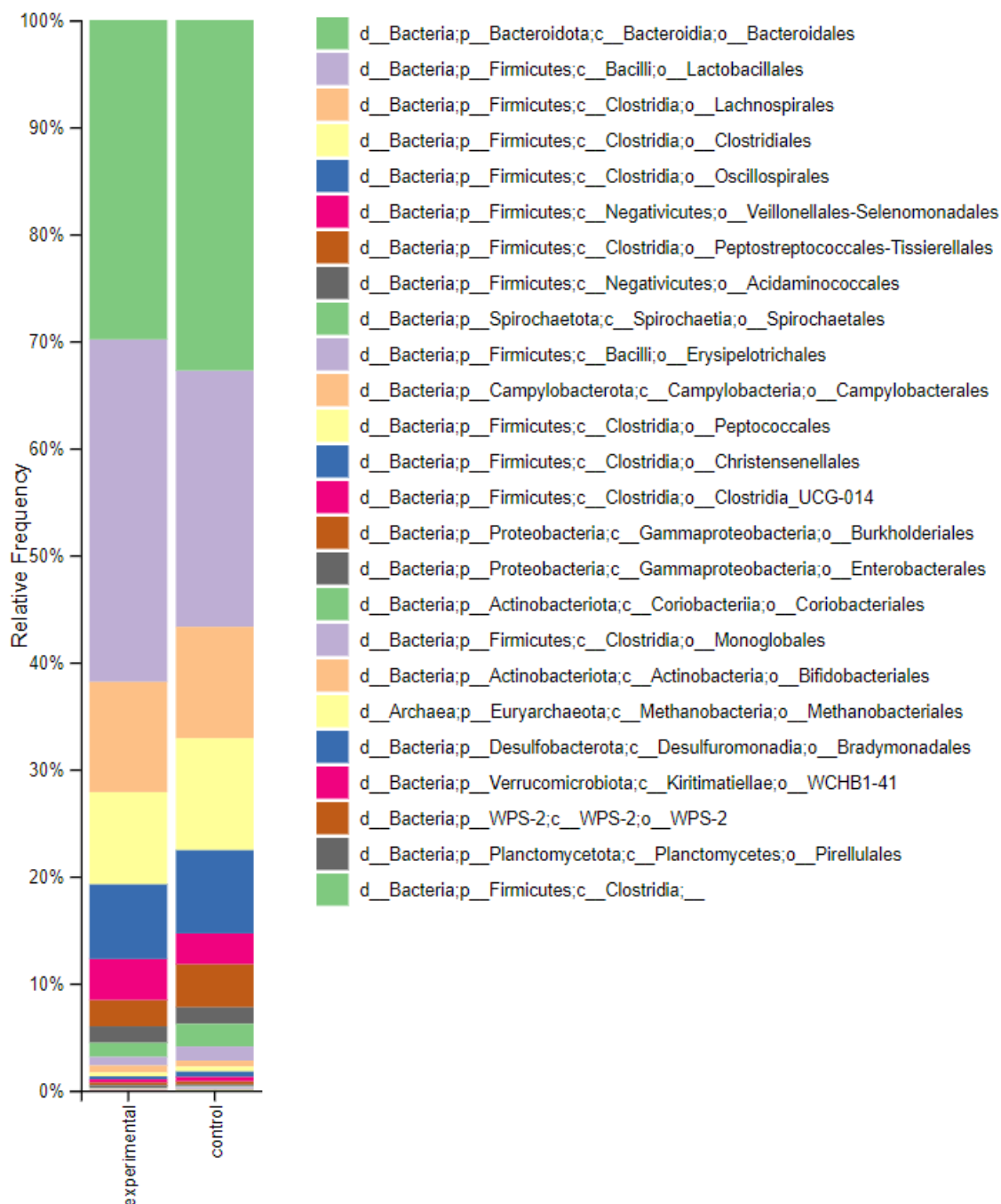
W całym zbiorze danych wykryto 11 typów. Wśród tych typów *Firmicutes*, *Bacteroidota*, *Spirochaetota* były dominującymi taksonami bakterii o względnej liczebności $>1\%$ w jelicie obydwu badanych grup zwierząt. Natomiast, liczebność taksonów *Campylobacterota*, *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Euryarchaeota*, *Desulfobacterota*, *Verrucomicrobiota*, *WPS-2* i *Planctmycetota* była $<0,5\%$ (**Rycina 3**).



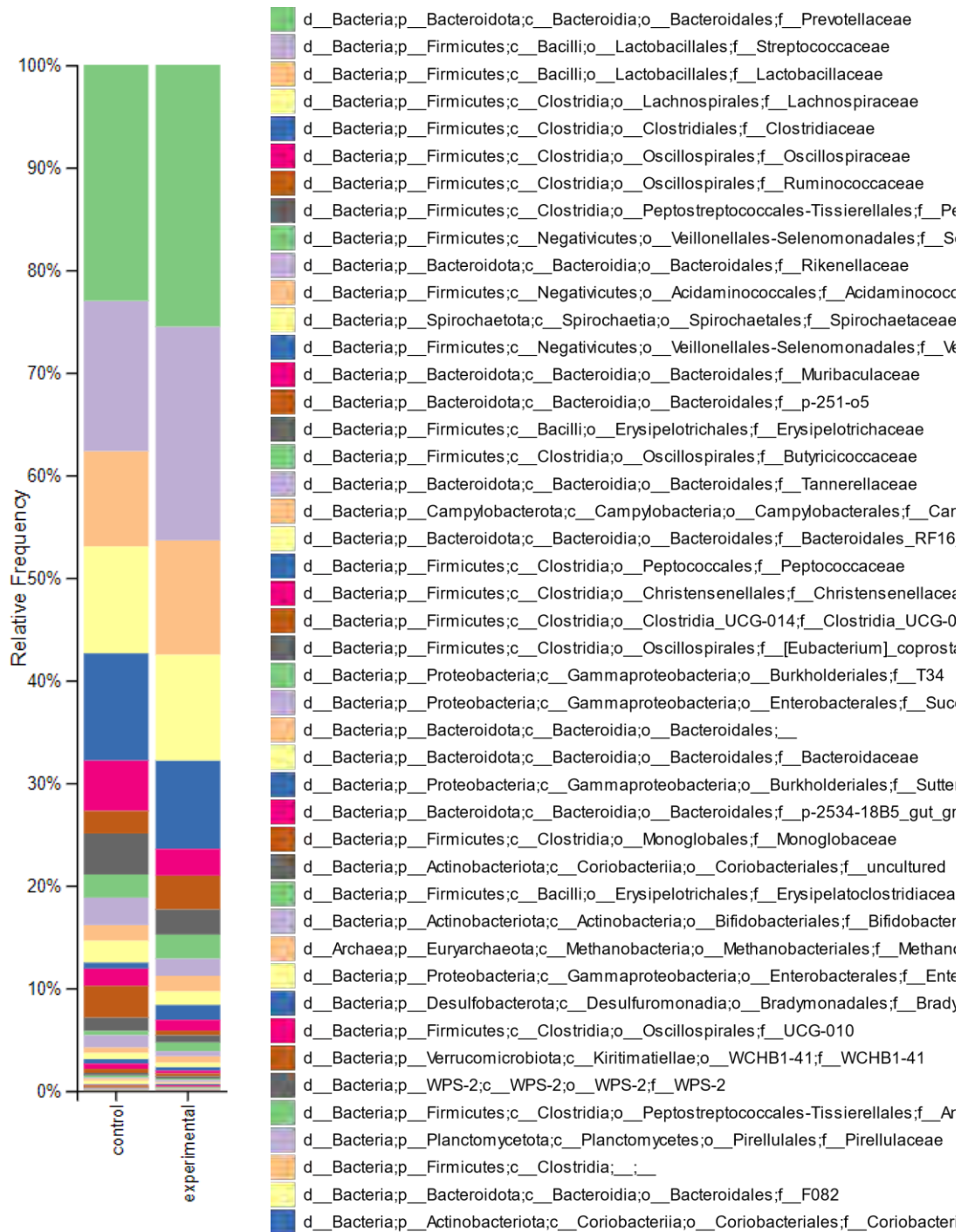
Rycina 3. Porównanie taksonów bakteryjnych mikrobioty jelitowej badanych grup zwierząt (kontrola, K i eksperymentalna, B) na poziomie gromady.

Firmicutes i *Bacteroidota* były dominującymi taksonami w obu grupach badanych zwierząt. Względna liczebność *Firmicutes* dla grupy kontrolnej wynosiła 63,939%, dla grupy eksperymentalnej wynosiła 67,504%. *Bacteroidota* stanowiła odpowiednio dla grupy kontrolnej 32,748%, a dla grupy badanej 29,804%. Niezależnie od grupy badanej, głównym rzędem *Bacteroidota* były *Bacteroidales* (32,748% dla grupy kontrolnej (K); 29,840% dla grupy badanej (B)), które na poziomie rodziny były reprezentowane głównie przez *Prevotellaceae* (23,015% i 25,525% odpowiednio dla grupy K i B). Drugim pod względem liczebności rzędem należącym do *Firmicutes* był *Lactobacillales* (**Rycina 4**), które na poziomie rodziny były najobficiej reprezentowane przez *Streptococcaceae* (14,675% dla K; 20,856% dla B) i *Lactobacillaceae* (9,272% dla K; **11,142%** dla B) (**Rycina 5**). Ponadto, dominującą taksonami *Firmicutes* w obydwu badanych grupach zwierząt były *Clostridia*

reprezentowane głównie na poziomie rodziny przez *Lachnospiraceae* (10,397% dla K; 10,289% dla B), *Clostridiaceae* (10,470% dla K; 8,629%), *Oscillospiraceae* (4,914% dla K; 2,610% dla B) i *Ruminococcaceae* (2,192% dla K; 3,272% dla B) (Rycina 5).



Rycina 4. Diagram przedstawiający skład taksonomiczny mikrobioty jelitowej badanych grup zwierząt na poziomie rzędu.



Rycina 5. Diagram przedstawiający skład mikrobioty jelitowej badanych grup zwierząt na poziomie rodziny (f.).

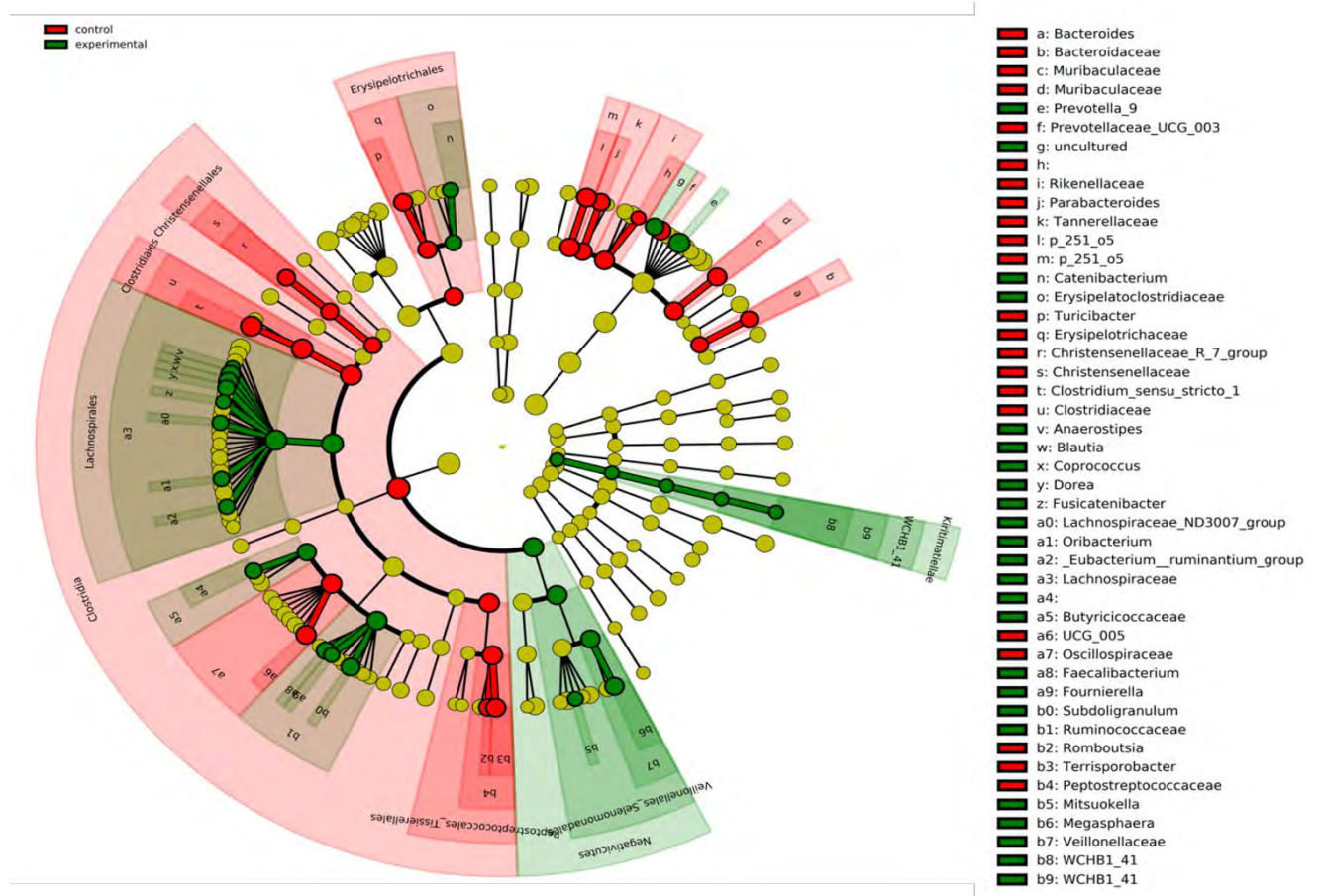


Rycina 6. Diagram przedstawiający skład mikrobioty jelitowej badanych grup zwierząt na poziomie rodzaju (g.). Legenda zawiera taksony o liczebności > 0,4%.

Z spośród 34 rodzajów (**Rycina 6**) największą względną liczebność >2% zaobserwowano min. dla *Streptococcus*, *Prevotella*, *Clostridium sensu stricto 1*, *Lactobacillus*, *Alloprevotella*, *Blautia* czy *Megasphaera*. Łącznie, w grupie zwierząt skarmianych paszą z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej, 14 taksonów należących do min. *Streptococcus* (14,675% dla K; 20,856% dla B), *Lactobacillus* (6,214% dla K; 7,993% dla B), czy *Prevotella 9* (5,067% dla K; 10,538% dla B) było relatywnie wzbogacone w grupie eksperymentalnej w porównaniu do grupy kontrolnej (**Rycina 6**). Natomiast *Clostridiaceae*, w tym *Clostridium sensu stricto 1* (10,291% dla K; 8,451% dla B) *Bacteroidaceae*, *Muribaculaceae*, *Rikenellaceae*, *Christensensellaceae* miały znacznie wyższą względną liczebność w grupie zwierząt kontrolnych w porównaniu do grupy eksperymentalnej.

Wpływ diety na profil taksonomiczny mikrobioty jelitowej między badanymi grupami zwierząt przeprowadzono z wykorzystaniem analizy dyskryminacji (LDA) z efektem wielkości (LEfSe) w celu określenia taksonów bakteryjnych o istotnie statystycznie różnych relatywnych

liczebnościach. Zróżnicowane taksony między badanymi grupami zwierząt są pokazane na kladogramie (Rycina 7).

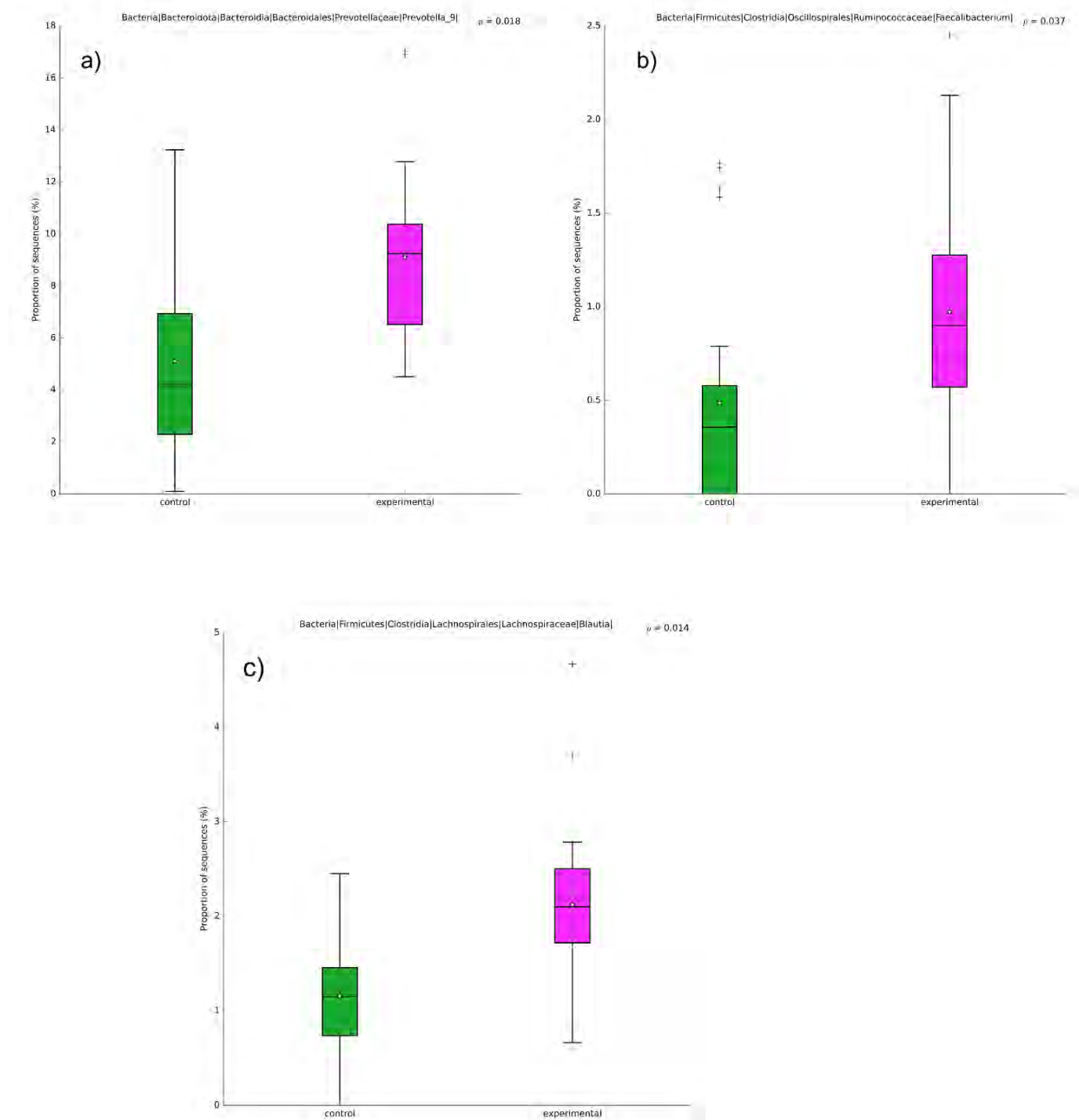


Rycina 7. Wyniki liniowej analizy dyskryminacji (LDA) dla filotypów bakteryjnych o istotnie ($P < 0,05$) różnych liczebnościach w mikrobiocie jelitowej badanych grup zwierząt. Kladogram przedstawia różnice we wzbożonych taksonach w grupie zwierząt skarmianych paszą z dodatkiem fermentowanej śruty sojowej (grupa kontrolna, K; kolor czerwony) oraz w grupie eksperymentalnej skarmianej paszą z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej (grupa eksperymentalna, B; kolor zielony).

Na podstawie przeprowadzonej analizy statystycznej (Rycina 8) istotne zróżnicowanie pomiędzy badanymi grupami wykazano min. dla rodzaju *Prevotella* 9 (5,067% dla K; 10,538%; $P < 0.018$), *Blautia* (1,140% dla K; 2,987% dla B; $P < 0.014$), *Faecalibacterium* (0,490% dla K; 1,316 dla B; $P < 0.037$), których relatywna liczebność (%) była istotnie wyższa w grupie zwierząt skarmianej mieszanką z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej (Rycina 8). W grupie kontrolnej (K) istotnie statystycznie wyższe wartości relatywnej liczebności (%) w porównaniu do grupy eksperymentalnej (B) zostały zanotowane min. dla *Clostridium sensu stricto 1* ($P < 0.018$), niehodowanych *Bacteroidales* ($P < 0,017$), *Oscillospirales* ($P < 0.020$) czy *Peptostreptococcaceae* ($P < 0.013$).



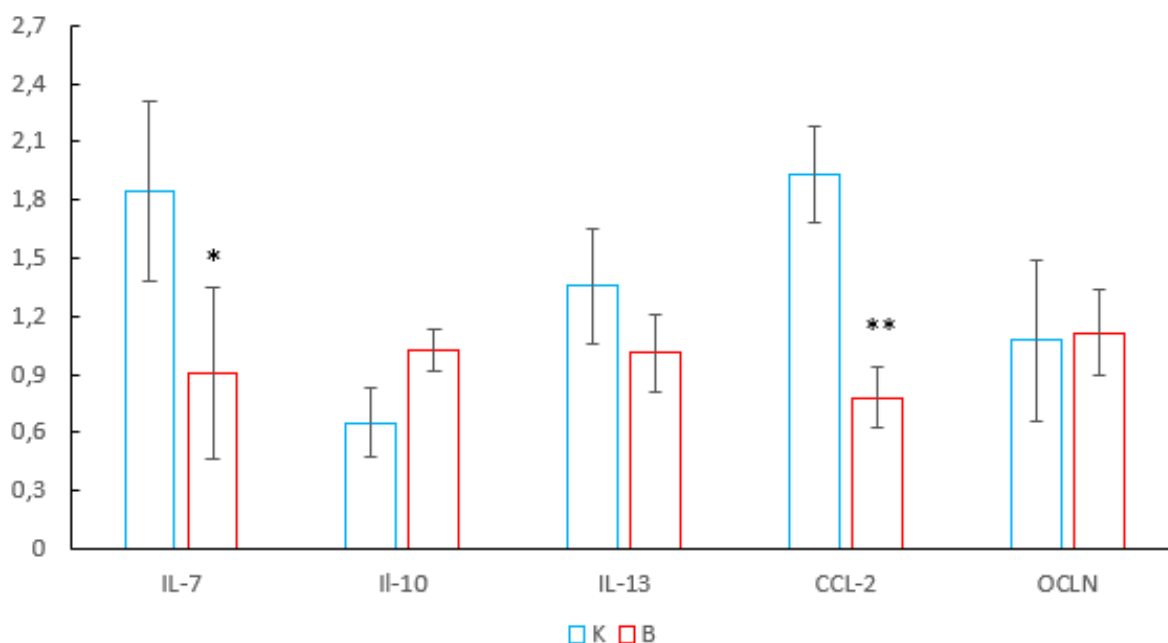
Rycina 8 Istotne statystyczne różnice w relatywnej liczebności (%) poszczególnych taksonów bakteryjnych, zaobserwowane pomiędzy badanymi grupami zwierząt.

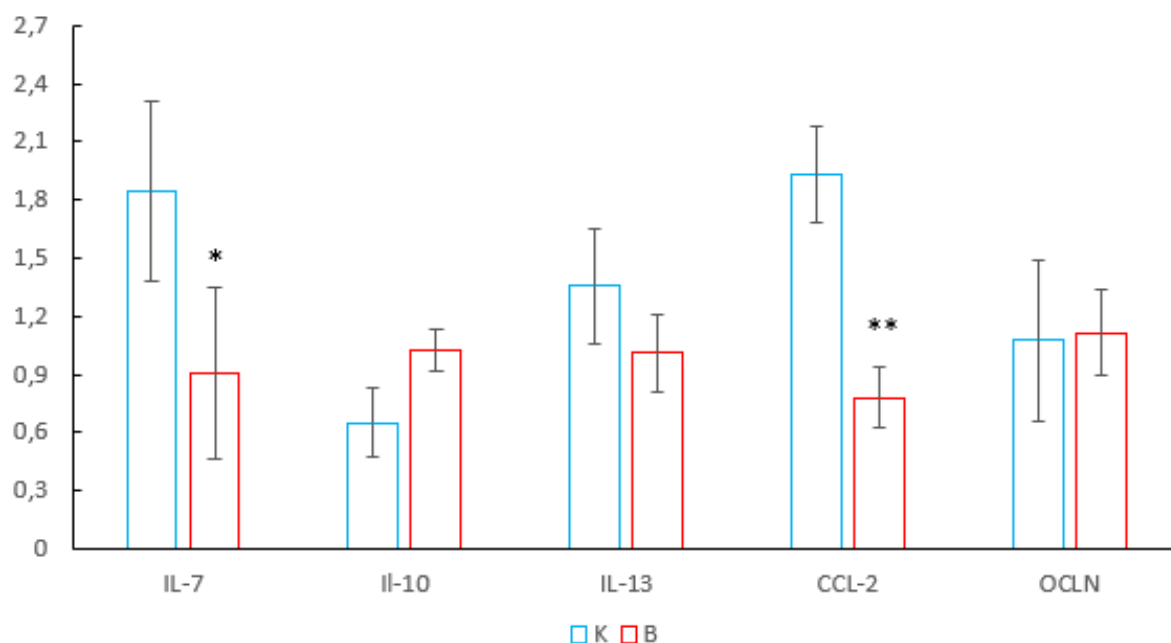


Rycina 9. Istotne statystyczne różnice w relatywnej liczebności (%) zaobserwowane dla: (a) rodzaju *Prevotella* 9, (b) *Faecalibacterium*, (c) *Blautia*, pomiędzy badanymi grupami zwierząt.

Wpływ diety na homeostazę jelita i wskaźniki stanu zapalnego

Dla obydwu grup zwierząt zostały wykonane badania z zakresu biologii molekularnej, w celu określenia zmian poziomu ekspresji genów wyrażanych w nabłonku jelita grubego, które są markerami kodującymi białka połączeń ścisłych odpowiedzialne za prawidłową barierę śluzową nabłonka jelita oraz cytokininy jako markery statutu odpornościowego. Celem badań była ocena wpływu diety na parametry immunologiczne zwierząt w tym ocena różnic poziomu ekspresji genów kodujących ważne cytokiny pro- i przeciwzapalne, których rola polega na modulacji odporności gospodarza, a w konsekwencji na stan zdrowia. Ponadto, ważnym czynnikiem równowagi odpornościowej organizmu jest prawidłowa homeostaza jelita, w tym zachowanie funkcji bariery jelitowej, która chroni przed wtargnięciem patogenów do krwioobiegu gospodarza, która również została przeanalizowana w projekcie. Do badań zostały wytypowane geny markerowe kodujące istotne cytokininy tj. IL-7, CCL-2, IL-13, IL-10 oraz gen kodujący białko połączeń ścisłych, okludyna, która jest istotnym markerem przerwania bariery jelitowej. Na podstawie przeprowadzonych analiz na poziomie transkryptu mRNA oraz analizy statystycznej (one-way ANOVA) wyniki pokazały istotne różnice w poziomie ekspresji genu kodującego cytokininy prozapalne, interleukinę IL-17 ($P < 0,05^*$) i CCL-2 ($P < 0,01^{**}$). Obniżony poziom ekspresji zaobserwowano w grupie eksperymentalnej (B) żywionej z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej. Natomiast nie stwierdzona istotnych różnic w poziomie ekspresji dla pozostałych mRNA transkryptów ($P > 0,05$) chociaż niższy poziom IL-13 i wyższy poziom IL-10 był obserwowany w grupie eksperymentalnej (**Rycina 10**).





Rycina 10. Profil zmian ekspresji genów połączeń ścisłych kluczowych w utrzymywaniu prawidłowej homeostazy jelita (integralność nabłonka jelita grubego, okludyny (OCLN), oraz odpowiedzi na poziomie zmian cytokin prozapalnych (np. IL-7, MPC-1)/przeciwzapalnych (np. IL-10, IL-13). * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$

MIĘSO

Mięso (surowiec mięsny) pozyskane z dwóch grup świń poddano następującemu zakresowi badań:

- dokonano pomiaru wydajności poubojowej,
- przeprowadzono pomiar mięsności tusz - klasyfikacje EUROP,
- wykonano ocenę jakości mięsa po uboju: badanie właściwości technologicznych mięsa,
- po 24 godzinach wychładzania dokonano rozbioru półtuszy na elementy i przeprowadzono ocenę masy poszczególnych elementów.
- dokonano również oceny czystości mikrobiologicznej

PRODUKTY MIĘSNE

Produkty mięsne poddane i niepoddane obróbce cieplnej wytworzone z mięsa pozyskane z dwóch grup świń poddano następującym badaniom:

- dokonano oceny fizykochemicznej, sensorycznej i mikrobiologicznej produktów mięsnych bezpośrednio po produkcji i odpowiednim dla asortymentu okresie przechowywania;
- przeprowadzono ponadto ocenę konsumencką 7 wybranych wyrobów mięsnych, której wyniki przedstawiono w Załączniku 2 do sprawozdania;

Ocena mięsności półtuszy wieprzowych po uboju (produkcja I - etap III)

Tabela. Badanie jakości półtuszy wieprzowych po uboju (średnia \pm odchylenie standardowe; n=10)

Parametry	Wariant	
	A	B
T1	24,48 \pm 3,78	25,99 \pm 3,62
M1	49,73 \pm 8,47	50,59 \pm 5,55
T2	25,63 \pm 3,93	25,40 \pm 6,11
M2	52,38 \pm 7,83	49,25 \pm 9,17
UF 300	50,39 \pm 3,01	49,83 \pm 3,56
KI	33,80 \pm 4,12	32,80 \pm 3,84
KII	26,70 \pm 4,80	26,00 \pm 3,55
KIII	39,70 \pm 5,62	37,70 \pm 5,59
GMP	80,20 \pm 7,48	84,10 \pm 5,84
Grzbiet	30,30 \pm 3,61	30,60 \pm 4,78
ŁOP	48,10 \pm 5,43	45,40 \pm 2,91
WBC	121,15 \pm 5,15	132,38 \pm 11,30
PE	3,79 \pm 1,02	3,65 \pm 0,68

A - wariant żywiony śrutą rzepakową, B - wariant kontrolny żywiony soją; T1 - grubość słoniny na wysokości ostatniego żebra mierzona UltraFom 300, M1 - grubość mięśnia na wysokości ostatniego żebra mierzona UltraFom 301, T2 - grubość słoniny na pomiędzy 3 i 4 żebrze żebra mierzona UltraFom 302, M2 - grubość mięśnia na pomiędzy 3 i 4 żebrze żebra mierzona UltraFom 303, UF 300 - mięsność mierzona aparatem UltraFom 300, KI - grubość słoniny w punkcie KI, KII - grubość słoniny w punkcie KII, KIII - grubość słoniny w punkcie KIII, GMP - grubość mięśni pośladkowych, Grzbiet - grubość słoniny na grzbiecie, ŁOP - grubość słoniny nad łopatką w najgrubszym punkcie, WBC - masa tuszy ciepłej, PE - przewodność elektryczna;

Ocena uzysku elementów zasadniczych półtuszy wieprzowych (produkcja I - etap III)

Tabela Rozbiór kontrolny (ocena uzysku elementów zasadniczych) dla 6 półtuszy wieprzowych pozyskanych ze świń skarmianych paszą kontrolną

Oznaczenie półtuszy	3	4	7	8	11	12
Waga (kg)	52,6	51	52,2	49,8	51	51,6
Szynka z/k z/s z/g	16,20	16	15,95	15,5	14,95	14,35
Szynka b/k	9,10	8,90	9,75	9,75	9,40	9,3
Kości	0,8	0,85	0,9	0,9	1,0	1,0
Golonka	1,4	1,4	1,35	1,3	1,5	1,35
„Łata” z/s z/tł	4,45	4,3	3,5	3,0	2,65	2,4
Łopata z/k z/g/ z/s	8,60	7,85	8,65	8,65	9,05	8,7
Łopata b/k	4,75	4,65	5,2	5,3	5,55	5,35
Zrazówka	0,6	0,75	0,95	1,05	0,9	0,9
Łopata zw	4,15	3,90	4,25	4,25	4,65	4,45

Kości	0,65	0,65	0,75	0,75	0,85	0,85
Golonka	0,8	0,8	1,1	0,9	0,9	0,95
„Łata” z /s z tł	2,4	1,8	1,75	1,65	1,75	1,55
Boczek z/s	6,45	8,3	7,05	6,95	6,80	8,15
Żeberka	2,45	2,6	2,95	2,15	2,35	2,35
Schab zk	2,5	1,95	2	1,65	2,6	2,45
Schab b/k	1,1	1,1	1,35	0,85	1,25	1,3
Kość ładna	1,05	0,7	0,65	0,55	1,05	1,0
Karkówka z/k	3,5	3,1	3,75	3,85	3,35	3,85
Nogi	1,1	1,1	1,15	1,2	1,35	1,45
Głowa	2,15	2,1	2,3	2,15	2,35	2,6
Ogon	0,45	0,4	0,4	0,45	0,4	0,3
Pachwina z/s	1,6	0,9	1,1	1,2	1,65	1,25
Podgardle	2,6	2,3	2,35	2,2	2,3	2,65
Słonina	3,6	4,8	2,5	2,25	2,2	1,55
blona	1,3	0,9	1,4	1,05	1,15	1,05

Tabela Rozbiór kontrolny (ocena uzysku elementów zasadniczych) dla 6 półtuszy wieprzowych pozyskanych ze świń skarmianych paszą z udziałem fermentowanej śruty rzepakowej

Oznaczenie półtuszy	1	2	5	6	9	10
Waga (kg)	48,2	45,4	49,4	48	52,8	51,8
Szynka z/k z/s z/g	15,7	15,15	15	14,65	15,45	16,6
Szynka b/k	8,9	9,75	8,65	8,95	9,15	9,65
Kości	1,0	0,95	1,0	0,85	0,95	1,0
Golonka	1,8	1,45	1,55	1,35	1,5	1,4
„Łata” z /s z tł	3,65	2,6	3,5	2,95	3,55	4,2
Łopatka z/k z/g/ z/s	8,4	8,2	7,7	8,45	8,15	8,2
Łopatka b/k	5,4	5,4	4,8	4,5	4,7	5,05
Zrazówka	1,1	0,9	1,0	0,6	0,85	0,75
Łopatka zw	4,3	4,5	3,8	3,9	3,85	4,3
Kości	0,75	0,75	0,8	1,1	0,75	0,75
Golonka	0,6	0,95	0,9	0,95	0,9	0,9
„Łata” z /s z tł	2,1	1,1	2,1	2,15	1,8	1,45
Boczek z/s	6,1	5,15	5,2	6,25	6,7	6,2
Żeberka	2,6	2,1	3,2	2,55	3,45	2,1
Schab zk (pozostały z wycięcia)	2,65	1,7	2,3	2,5	2,1	2,35
Schab b/k	1,9	0,65	1,5	1,0	0,75	1,55
Kość ładna	0,8	0,55	0,75	0,85	0,75	0,8
Karkówka z/k	3,5	3,7	3,6	3,55	3,75	3,45
Nogi	1,35	1,2	1,3	1,35	1,15	1,15
Głowa	2,6	2,3	2,55	2,25	2,4	2,3
Ogon	0,35	0,4	0,3	0,3	0,3	0,35
Pachwina z/s	1,5	1,15	1,6	0,85	0,95	1,65
Podgardle	1,7	1,75	2,4	1,8	2,2	2,5

Słonina	1,65	1,8	2,9	2,8	3,15	2,8
blona	1,6	1,35	1,15	0,95	1,05	1,0

Badanie właściwości fizykochemicznych surowca mięsnego (produkcja I - etap III)

Tabela. Skład chemiczny surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia \pm niepewność; n=4)

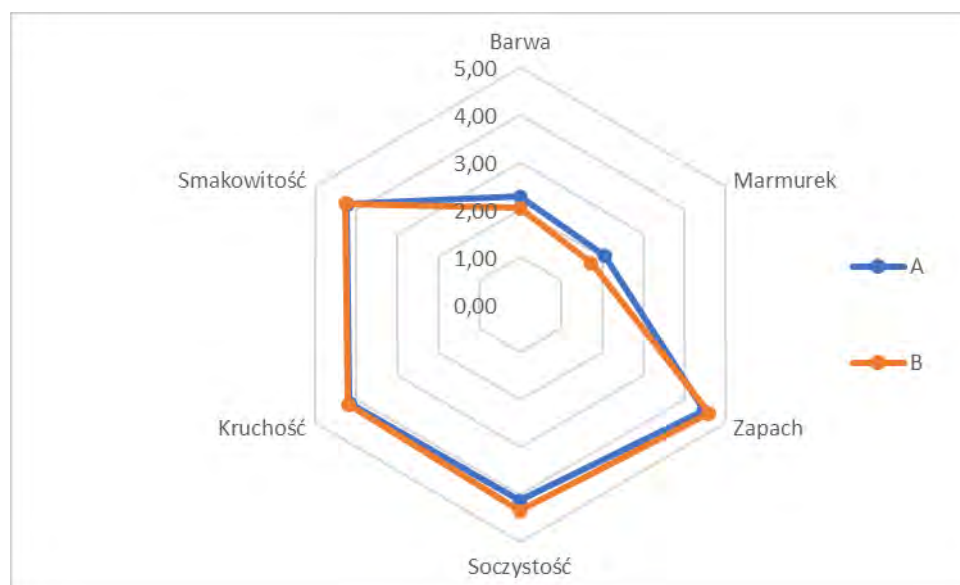
Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	73,05 \pm 2,41	23,08 \pm 1,29	1,95 \pm 0,25	0,50 \pm 0,07
B	72,25 \pm 2,38	23,70 \pm 1,33	2,18 \pm 0,28	0,52 \pm 0,08

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją

Tabela. Parametry fizykochemiczne surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia \pm odchylenie standardowe; n=10)

Wariant	pH45	pH48	Ubytek masy po gotowaniu [%]	Wyciek naturalny	Kruchość	Wodochłonność [%]
A	6,24 \pm 0,12	5,60 \pm 0,08	39,59 \pm 1,46	6,07 \pm 2,28	25,21 \pm 4,16	27,44 \pm 1,56
B	6,34 \pm 0,11	5,59 \pm 0,13	35,22 \pm 2,81	7,72 \pm 1,31	26,74 \pm 3,59	28,09 \pm 2,23

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją; pH45- pomiar pH 45 min po uboju; pH48- pomiar pH w 48h po uboju;



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej surowca mięsnego (schab wieprzowy)

Tabela. Parametry barwy w systemie L*a*b* surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia \pm odchylenie standardowe; n=10)

Wariant	Parametry barwy		
	L*	a*	b*

A	41,71±2,86	5,52±0,74	2,59±0,79
B	41,03±2,63	5,48±0,72	2,51±0,63

A - wariant żywiony śrutą rzepakową, B - wariant kontrolny żywiony soją

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia ± odchylenie standardowe; n=4)

KT [%]	Wariant	
	A	B
10:0	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0	1,33±0,11	1,20±0,07
15:0	n.w.	0,10±0,00
16:0	25,90±0,85	24,55±1,02
16:1	4,08±0,46	3,93±0,23
17:0	0,20±0,07	0,28±0,04
17:1	0,23±0,04	0,28±0,04
18:0	13,23±0,73	12,65±0,71
18:1trans	0,15±0,05	0,13±0,04
18:1cis9	39,70±1,04	40,68±1,23
18:1cis11	4,20±0,24	4,18±0,08
18:1 c inne	0,25±0,05	0,25±0,05
18:2	6,73±1,76	7,05±1,64
18:3 n3	0,23±0,04	0,28±0,04
18:2c9t11	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0	0,20±0,00	0,23±0,04
20:1	0,73±0,04	0,78±0,04
20:2	0,13±0,04	0,15±0,05
20:3n6	0,25±0,09	0,33±0,08
20:4n6	1,43±0,47	1,88±0,58
20:5 EPA	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6	0,25±0,09	0,33±0,08
22:5n3	0,25±0,09	0,33±0,08
22:6 DHA	0,10±0,00	0,10±0,00
SFA	41,05±1,29	39,18±1,67
MUFA	49,33±1,69	50,20±1,67
PUFA	9,55±2,56	10,63±2,54
cholesterol	41,73±2,28	42,83±2,48

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją

Ocena mięsności półtuszy wieprzowych po uboju (produkcja II- etap V)

Tabela. Badanie jakości półtuszy wieprzowych po uboju (średnia \pm odchylenie standardowe; n=6)

Parametry	Wariant	
	A	B
T1	18,47 \pm 4,23	19,90 \pm 5,10
M1	59,67 \pm 3,31	58,67 \pm 6,39
T2	20,10 \pm 2,99	22,20 \pm 6,50
M2	53,53 \pm 2,98	44,73 \pm 10,94
UF 300	55,15 \pm 2,72	53,27 \pm 3,39
KI	30,17 \pm 3,93	29,67 \pm 4,07
KII	21,67 \pm 4,89	22,67 \pm 3,20
KIII	37,17 \pm 6,79	36,00 \pm 8,02
GMP	83,50 \pm 4,65	75,83 \pm 2,79
Grzbiet	24,17 \pm 3,08	27,83 \pm 5,81
ŁOP	42,50 \pm 3,95	47,50 \pm 5,41
WBC	115,67 \pm 7,34	120,93 \pm 4,31
PE	3,38 \pm 0,58	3,85 \pm 1,03

A- wariant żywiony z udziałem śrutę rzepakowej, B- wariant kontrolny; T1 - grubość słoniny na wysokości ostatniego żebra mierzona UltraFom 300, M1 - grubość mięśnia na wysokości ostatniego żebra mierzona UltraFom 301, T2 - grubość słoniny pomiędzy 3 i 4 żebrem żebra mierzona UltraFom 302, M2 - grubość mięśnia pomiędzy 3 i 4 żebrem żebra mierzona UltraFom 303, UF 300 - mięsność mierzona aparatem UltraFom 300, KI - grubość słoniny w punkcie KI, KII - grubość słoniny w punkcie KII, KIII - grubość słoniny w punkcie KIII, GMP - grubość mięśni pośladkowych, Grzbiet - grubość słoniny na grzbiecie, ŁOP - grubość słoniny nad łopatką w najgrubszym punkcie, WBC - masa tuszy ciepłej, PE - przewodność elektryczna;

Ocena uzysku elementów zasadniczych półtuszy wieprzowych (produkcja II- etap V)

Tabela Rozbiór kontrolny (ocena uzysku elementów zasadniczych) dla 3 losowo wybranych półtuszy wieprzowych pozyskanych ze świń skarmianych paszą z udziałem fermentowanej śrutę rzepakowej (A) i paszą kontrolną (B)

Oznaczenie półtuszy	A	A	A	B	B	B
Waga półtuszy (kg)	60,20	58,40	57,80	70,00	72,60	61,40
Szynka z/k	8,85	9,30	9,40	11,15	11,45	11,50
Szynka b/k	7,65	8,35	8,45	10,15	9,95	10,40
Kości	0,9	0,95	0,95	1,00	1,20	1,10
Golonka	2,25	1,90	1,90	2,60	2,45	1,95
„Łata” z/s z tł	4,15	4,30	5,50	7,10	6,80	5,45
Łopatka z/k	6,20	5,45	5,75	6,65	6,75	5,40
Łopatka b/k	5,45	4,75	5,00	5,70	5,80	4,60
Kości	0,75	0,70	0,75	0,9	0,95	0,80
Golonka	0,85	0,9	0,95	1,10	1,25	1,05
„Łata” z/s z tł	3,15	1,75	2,25	3,20	3,60	3,40

Boczek z/s	5,15	5,80	5,30	6,20	6,90	5,00
Żeberka	2,65	2,10	2,55	2,25	2,40	2,05
Schab zk (pozostały z wycięcia)	5,60	5,2	5,90	5,80	5,70	5,55
Schab b/k	4,00	3,5	4,20	3,90	3,90	3,50
Kość ładna	1,60	1,75	1,70	1,80	1,85	2,05
Karkówka z/k	4,7	3,55	2,30	4,95	5,45	3,65
Nogi	1,20	1,30	1,15	1,35	1,30	1,20
Głowa	2,55	2,35	2,30	2,60	2,75	2,35
Ogon	0,25	0,45	0,5	0,60	0,6	0,25
Pachwina z/s	1,35	1,60	0,85	2,55	1,80	2,50
Podgardle	1,80	2,30	3,75	2,55	2,90	2,05
Połudwiczki	0,55	0,45	0,55	0,5	0,55	0,50
Słonina	5,20	5,60	4,10	4,20	6,25	5,05
II tłusta	3,70	3,65	2,70	4,00	4,35	2,60

Badanie właściwości fizykochemicznych surowca mięsnego (produkcja II- etap V)

Tabela. Skład chemiczny surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia ± niepewność; n=6)

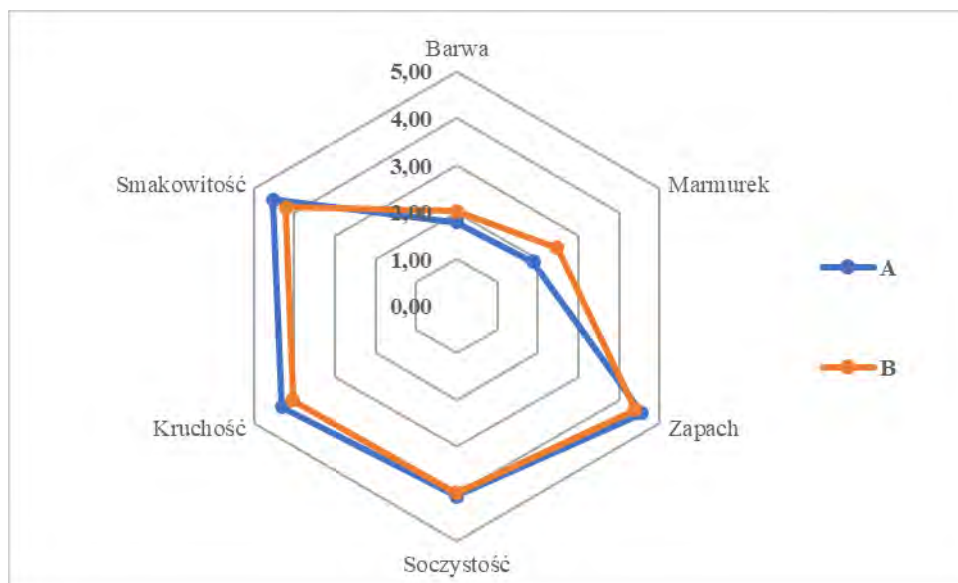
Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	72,4±2,4	23,3±1,3	2,4±0,3	0,50±0,07
B	72,8±2,4	23,9±1,3	2,2±0,3	0,49±0,07

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją

Tabela. Parametry fizykochemiczne surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia ± odchylenie standardowe; n=6)

Wariant	pH45	pH48	Ubytek masy po gotowaniu [%]	Wyciek naturalny	Kruchość	Wodochłonność [%]
A	6,65±0,16	5,50±0,07	31,87±1,22	5,45±2,12	23,16±6,73	29,72±1,52
B	6,29±0,21	5,53±0,07	32,23±2,20	6,55±1,49	29,61±3,18	27,94±2,04

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją; pH45- pomiar pH 45 min po uboju; pH48- pomiar pH w 48h po uboju;



Rysunek. Wyniki analizy sensorycznej surowca mięsnego (schab wieprzowy)

Tabela. Parametry barwy w systemie L*a*b* surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia ± odchylenie standardowe; n=6)

Wariant	Parametry barwy		
	L*	a*	b*
A	46,07±7,34	6,43±1,11	3,42±2,19
B	41,93±1,13	5,87±0,25	2,06±0,44

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych surowca mięsnego (schab wieprzowy) (średnia ± odchylenie standardowe; n=6)

KT [%]	Wariant	
	A	B
10:0	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0	1,43±0,00	1,35±0,13
15:0	n.w.	0,10±0,00
16:0	25,63±0,37	25,47±0,87
16:1	4,23±0,26	3,97±0,25
17:0	0,20±0,00	0,25±0,05
17:1	0,22±0,04	0,27±0,05
18:0	11,83±0,29	12,05±0,26
18:1trans	0,13±0,05	0,10±0,00
18:1cis9	41,28±0,72	41,27±1,15
18:1cis11	4,30±0,10	4,18±0,07
18:1 c inne	0,30±0,06	0,25±0,05
18:2	6,40±0,71	6,50±0,38

18:3 n3	0,20±0,00	0,20±0,00
18:2c9t11	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0	0,22±0,04	0,22±0,04
20:1	0,75±0,08	0,80±0,08
20:2	0,15±0,05	0,15±0,05
20:3n6	0,23±0,05	0,27±0,05
20:4n6	1,35±0,29	1,62±0,25
20:5 EPA	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6	0,25±0,05	0,27±0,05
22:5n3	0,22±0,04	0,20±0,00
22:6 DHA	0,10±0,00	0,10±0,00
SFA	39,52±0,58	39,55±1,04
MUFA	51,22±0,87	50,83±1,11
PUFA	9,03±1,15	9,42±0,52
cholesterol (mg/100 g)	45,32±1,06	43,15±1,55

A- wariant żywiony śrutą rzepakową, B- wariant kontrolny żywiony soją

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	1	2	5	6	9	10
Numer próbki						
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
OLD	< 1,00	< 1,00	szacunkowa liczba drobnoustrojów 1,60±0,03	szacunkowa liczba drobnoustrojów 1,95 ±0,03	2,04±0,01	2,00±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	1	2	5	6	9	10
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek mięsa świń żywionych tradycyjną paszą

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	3	4	7	8	11	12
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
OLD	szacunkowa liczba drobnoustrojów 1,90±0,02	< 1,00	2,04 ±0,05	2,00 ±0,05	< 1,00	< 1,00
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

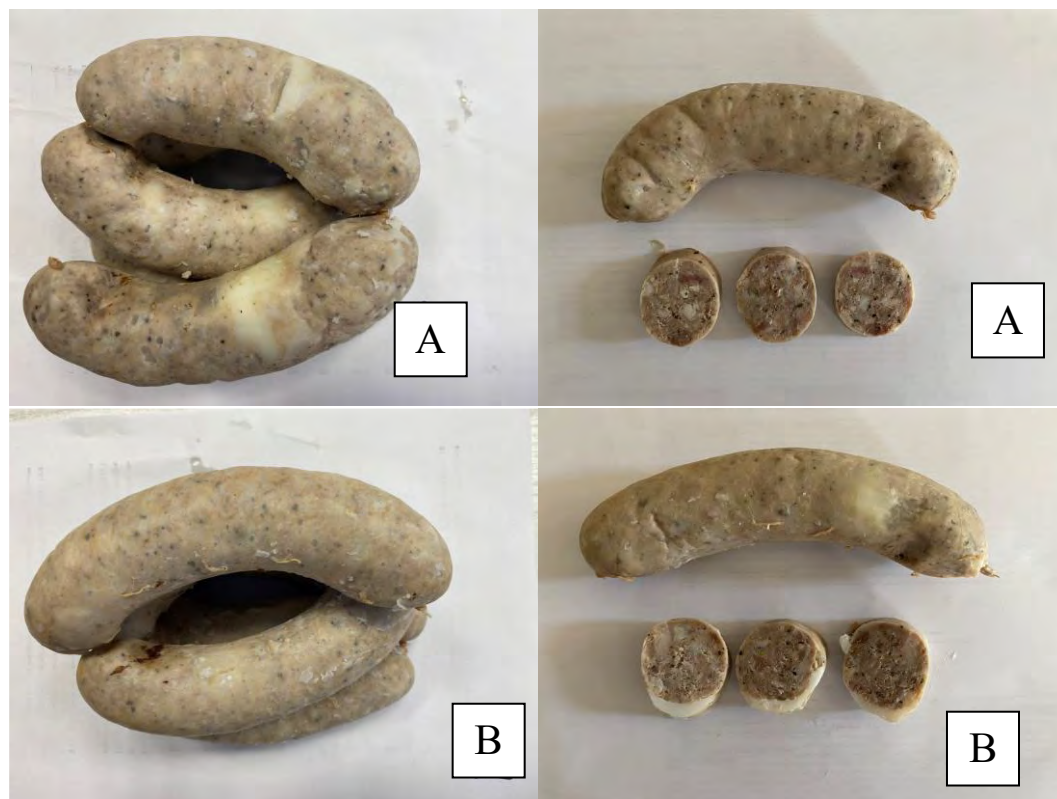
Tabela 14. Obecność patogenów w próbkach mięsa świń żywionych tradycyjną paszą

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	1	2	5	6	9	10
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

W żadnej z badanych próbek mięsa nie stwierdzono obecności takich patogenów jak *Salmonella spp.*, *L. monocytogenes*. Wszystkie próbki mięsa, niezależnie od sposobu żywienia świń, były bezpieczne mikrobiologicznie i charakteryzowały się niskimi wartościami mikrobiologicznych parametrów higienicznych, świadczących o wysokim standardzie higieny produkcji gospodarstwa rolnego i ubojni.

Badanie właściwości fizykochemicznych produktów mięsnych (etap trzeci)

Kielbasa biała parzona



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kielbas białych parzonych

Tabela. Skład chemiczny badanych kielbas białych parzonych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	55,65 \pm 0,21	19,00 \pm 0,00	22,10 \pm 0,42	0,48 \pm 0,04
B	56,60 \pm 0,42	19,10 \pm 0,00	21,60 \pm 1,41	0,42 \pm 0,04

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kielbasach białych parzonych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00

12:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0 (%)	1,50±0,00	1,50±0,00	1,47±0,06	1,40±0,00
15:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
16:0 (%)	26,47±0,06	26,47±0,06	25,97±0,06	25,93±0,06
16:1 (%)	3,00±0,00	3,03±0,06	3,00±0,00	2,93±0,06
17:0 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
17:1 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
18:0 (%)	14,40±0,00	14,37±0,06	14,17±0,06	14,30±0,10
18:1trans (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	41,00±0,10	41,10±0,00	41,27±0,06	41,40±0,10
18:1cis11 (%)	3,20±0,00	3,13±0,06	3,10±0,00	3,10±0,00
18:1 c inne (%)	0,23±0,06	0,30±0,00	0,27±0,06	0,27±0,06
18:2 (%)	6,47±0,06	6,50±0,00	6,83±0,06	6,77±0,06
18:3 n3 (%)	0,30±0,00	0,33±0,06	0,40±0,00	0,40±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,00±0,00	0,10±0,00	0,00±0,00
20:0 (%)	0,23±0,06	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	0,83±0,06	0,87±0,06	0,83±0,06	0,90±0,00
20:2 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
20:3 n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	70,67±1,60	67,97±1,27	68,17±0,70	66,90±0,78

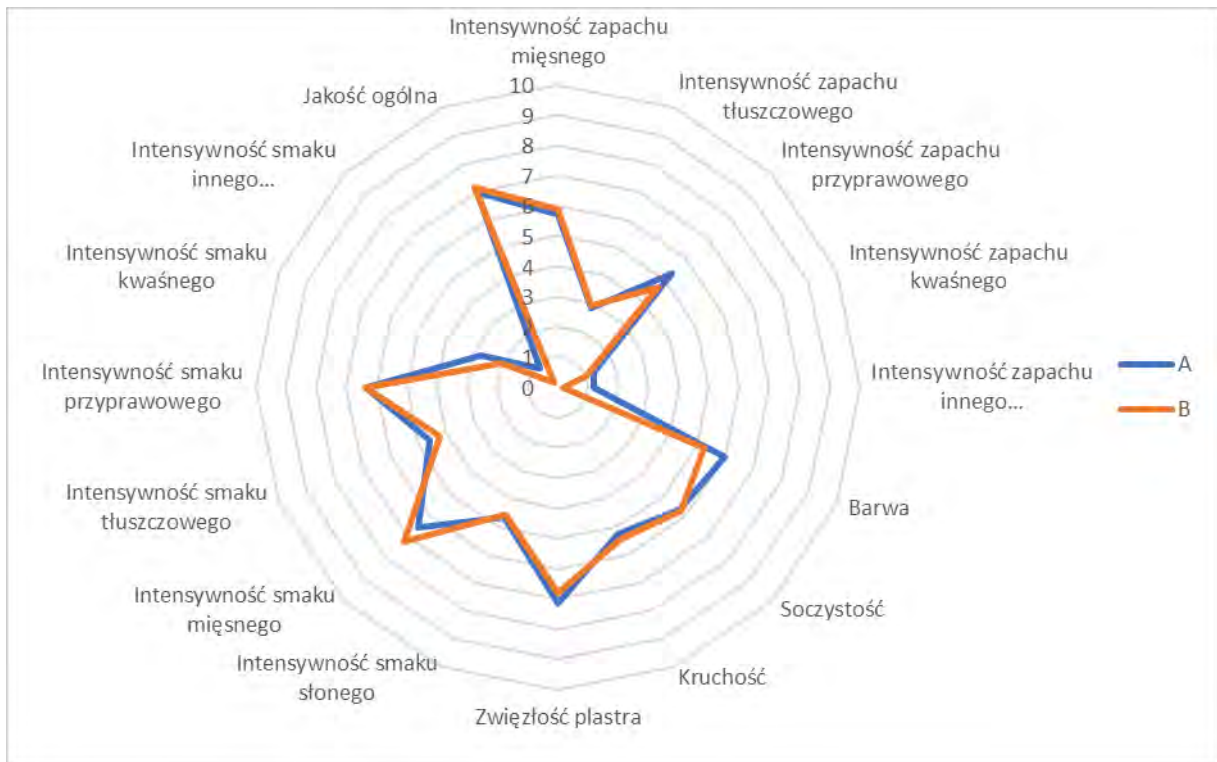
Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kiełbas białych parzonych (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	64,38±1,43	64,93±2,69	63,24±2,36

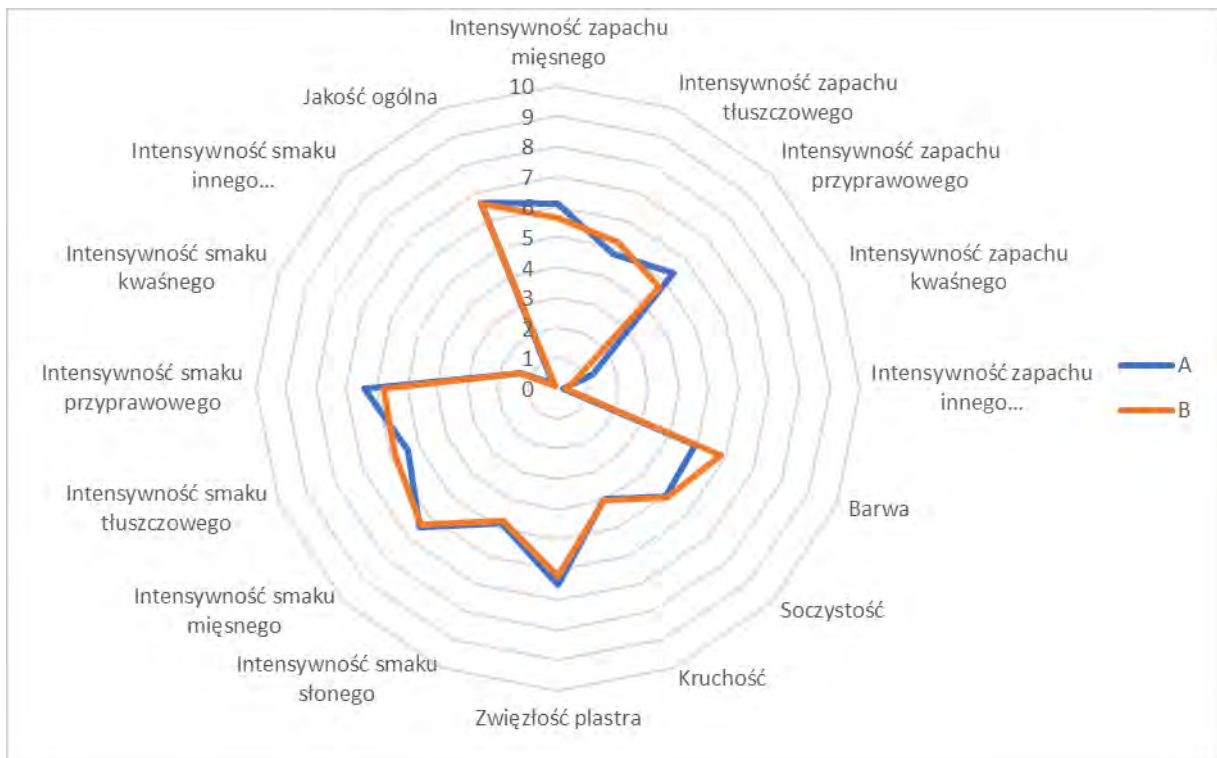
	B	65,34±2,59	63,96±2,43	64,76±3,19
a	A	1,04±0,69	0,59±1,02	1,47±1,04
	B	0,26±0,81	0,64±0,48	0,71±1,29
b	A	11,79±0,62	12,31±0,89	11,93±0,58
	B	11,90±0,66	12,14±0,55	12,48±0,66
ORP (mV)	A	285,90±2,26	312,97±2,29	309,73±3,10
	B	280,77±4,11	310,47±2,93	311,00±4,40
pH	A	6,20±0,02	6,18±0,02	6,14±0,02
	B	6,22±0,01	6,18±0,03	6,18±0,02
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	1,89±0,16	1,57±0,05	1,92±0,10
	B	1,81±0,05	1,82±0,09	2,21±0,06

Tabela. Parametry kruchości badanych kiełbas białych parzonych

Parametr	Wariant	Wynik
Kruchość (F_{\max})	A	49,40±4,43
	B	41,40±3,27
Kruchość (N/cm^2)	A	9,75±0,88
	B	8,17±0,65



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas po 7 dniach przechowywania (czas 1) (n=8)

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kiełbasy białej parzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy białej parzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	1,78±0,06	2,11±0,01	2,04±0,03	2,20 ±0,02	2,28±0,03	2,11±0,03
OLD	5,56±0,03	5,54±0,02	5,57±0,02	5,48 ±0,03	5,40±0,05	5,50±0,01
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kiełbasy białej parzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

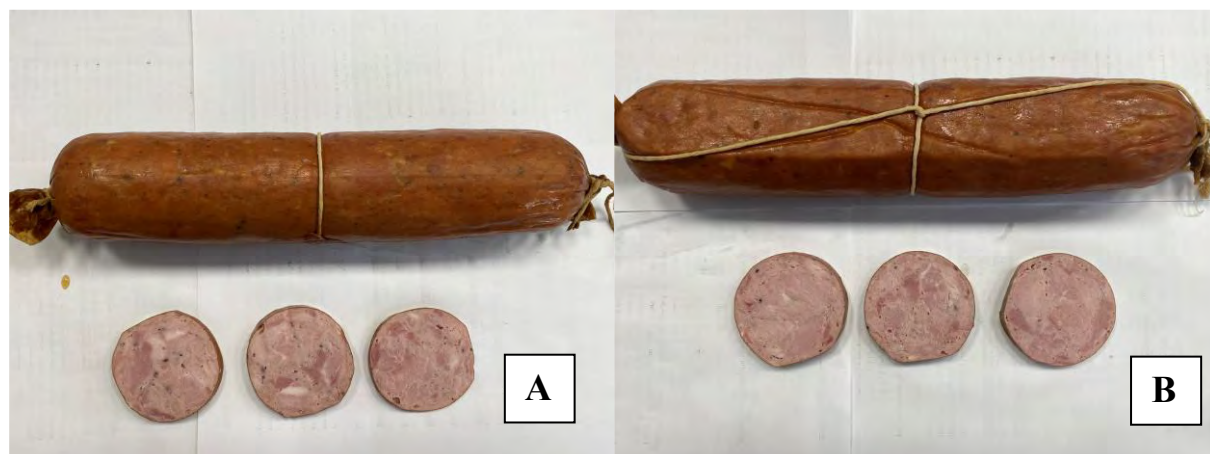
Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy białej parzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	3,77±0,02	3,87±0,01	3,84±0,03	5,76 ±0,01	5,86±0,02	5,79±0,01
OLD	7,38±0,02	7,23±0,04	7,26±0,01	7,79 ±0,02	7,94±0,03	7,90±0,05
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kiełbasy białej parzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Kielbasa szynkowa



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kiełbas szynkowych

Tabela. Skład chemiczny badanych kiełbas szynkowych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	69,57 \pm 0,23	21,50 \pm 0,17	5,17 \pm 0,31	0,49 \pm 0,01
B	69,37 \pm 0,12	21,50 \pm 0,20	5,20 \pm 0,10	0,48 \pm 0,01

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kiełbasach szynkowych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,57 \pm 0,06	1,67 \pm 0,06	1,67 \pm 0,06	1,60 \pm 0,00
15:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
16:0 (%)	24,23 \pm 0,06	24,20 \pm 0,10	24,33 \pm 0,15	24,50 \pm 0,26
16:1 (%)	3,40 \pm 0,00	3,40 \pm 0,00	3,43 \pm 0,06	3,40 \pm 0,00
17:0 (%)	0,27 \pm 0,06	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
17:1 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
18:0 (%)	12,20 \pm 0,00	12,27 \pm 0,15	12,20 \pm 0,00	12,30 \pm 0,17

18:1trans (%)	0,23±0,06	0,20±0,00	0,20±0,00	0,17±0,06
18:1cis9 (%)	40,97±0,15	41,17±0,06	41,63±0,21	41,90±0,10
18:1cis11 (%)	3,80±0,10	3,80±0,00	3,80±0,00	3,73±0,06
18:1 c inne (%)	0,30±0,00	0,23±0,06	0,30±0,00	0,27±0,06
18:2 (%)	8,30±0,17	8,13±0,06	7,53±0,12	7,37±0,23
18:3 n3 (%)	0,57±0,06	0,57±0,06	0,50±0,00	0,50±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	0,90±0,00	0,90±0,00	0,87±0,06	0,90±0,00
20:2 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:3n6 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:4n6 (%)	1,13±0,06	1,10±0,00	1,23±0,06	1,10±0,10
20:3 n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
22:5n3 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,17±0,06
cholesterol (mg/100 g produktu)	57,60±2,46	57,70±0,89	56,67±1,19	54,73±1,50

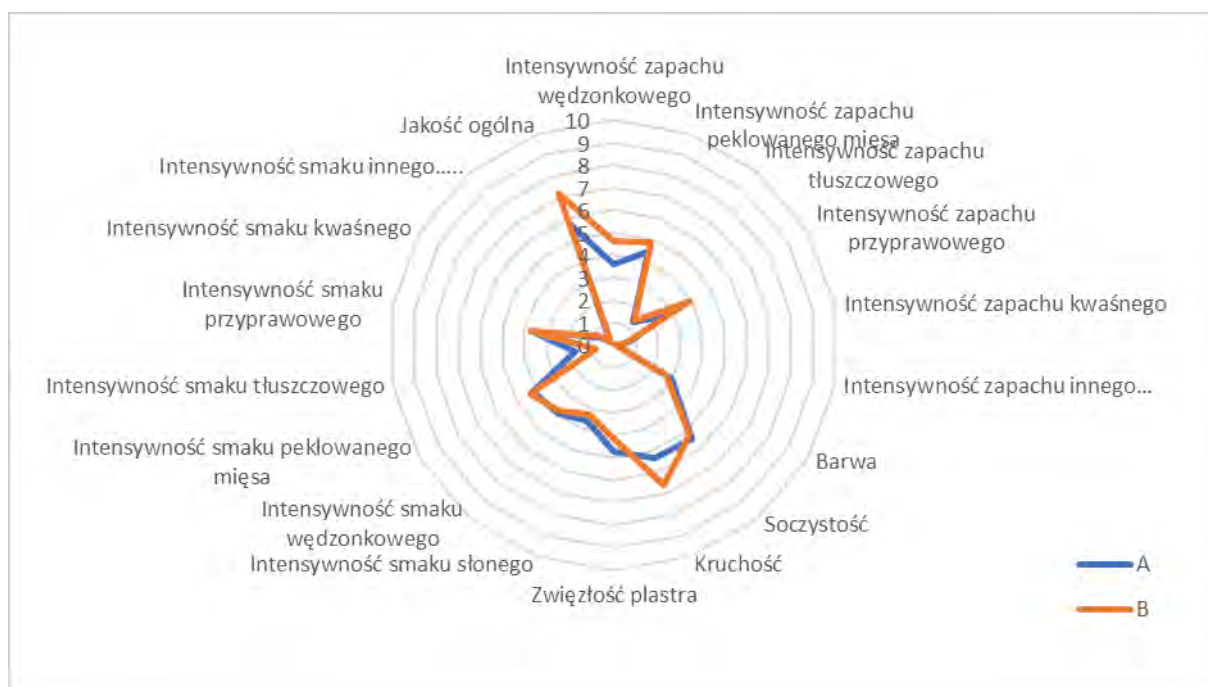
Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kiełbas szynkowych (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	67,95±2,57	66,95±2,42	65,07±3,27
	B	67,56±2,61	67,44±3,37	65,88±2,85
a	A	7,34±1,29	7,65±1,42	8,50±1,82
	B	7,83±1,68	7,70±1,58	8,18±1,32
b	A	10,89±0,59	10,68±0,39	10,36±0,60
	B	11,08±0,44	10,78±0,71	10,72±0,57
ORP (mV)	A	286,60±4,33	307,20±2,69	314,93±2,72
	B	287,57±0,40	313,67±0,25	307,53±0,85
pH	A	6,09±0,02	6,10±0,01	6,05±0,03

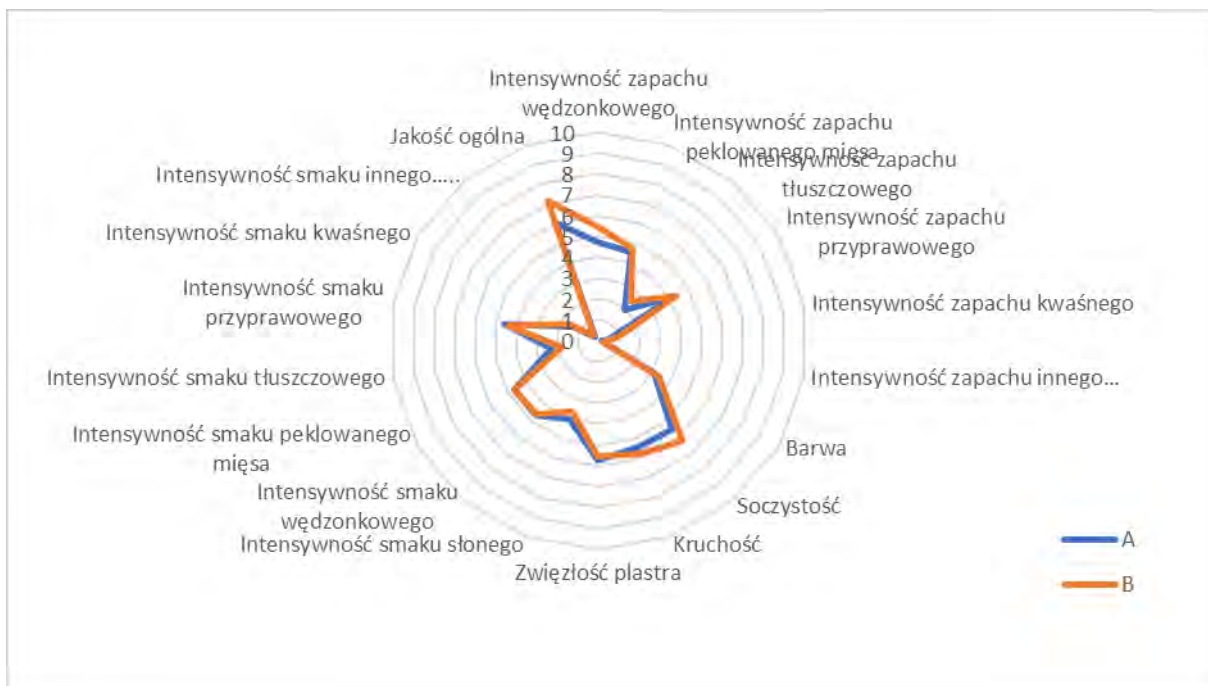
	B	6,06±0,02	6,05±0,01	5,98±0,01
TBARS	A	1,02±0,04	1,29±0,01	0,97±0,07
(mg MDA/kg produktu)	B	1,10±0,03	1,18±0,02	0,98±0,04

Tabela. Parametry kruchości badanych kiełbas szynkowych (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

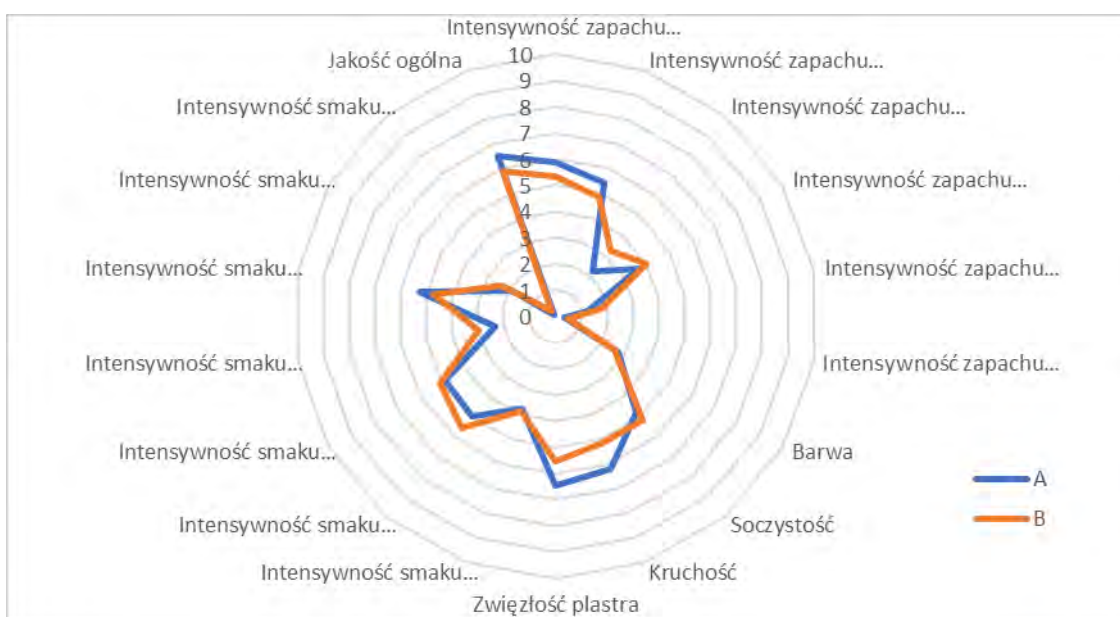
Parametr	Wariant	Wynik
Kruchość (F_{max})	A	35,97±7,76
	B	22,77±4,09
Kruchość (N/cm^2)	A	7,11±1,53
	B	4,49±0,81



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas szynkowych bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas szynkowych po 7 dniach przechowywania (czas 1) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas szynkowych po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Drożdże	2,46±0,02	2,43±0,04	2,40±0,02	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy szynkowej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

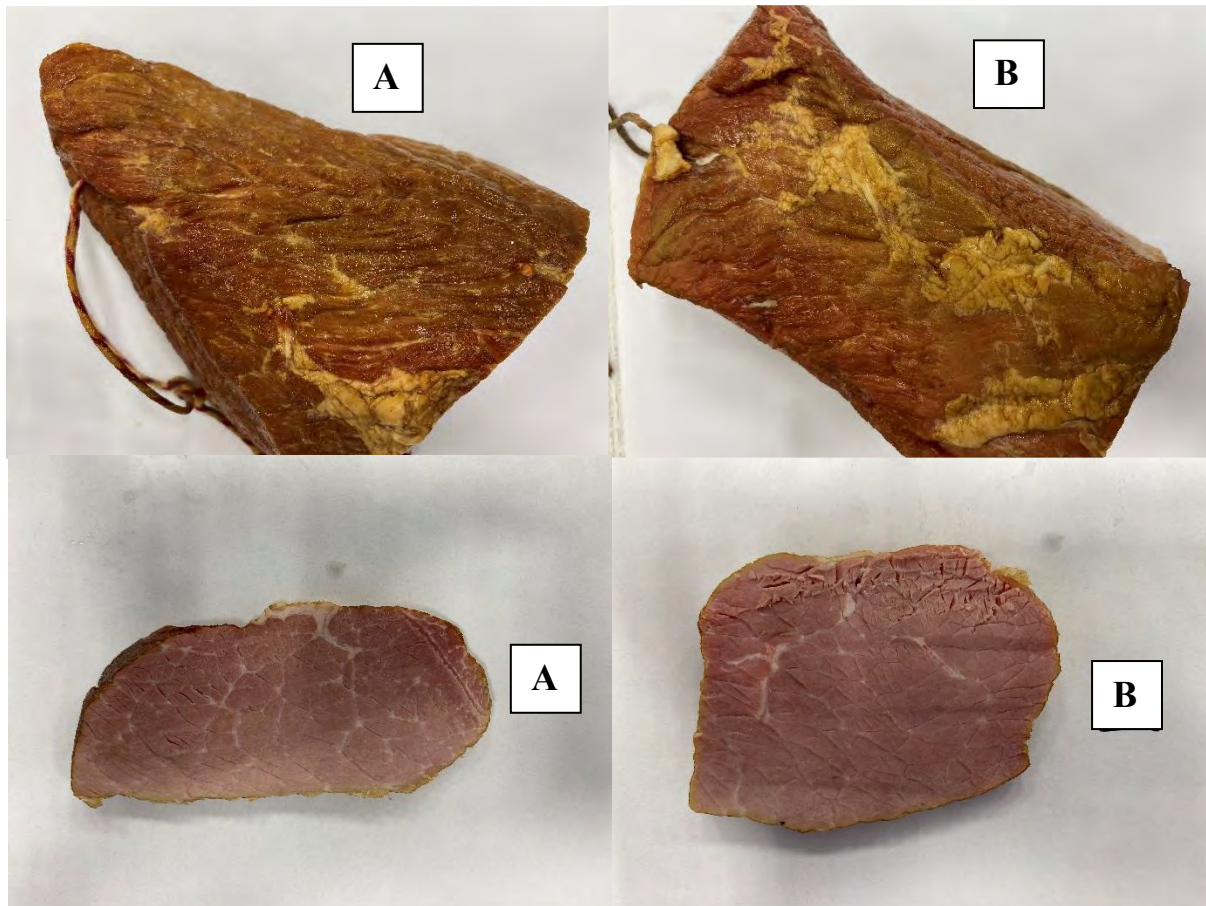
Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy szynkowej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	5,18±0,02	5,28±0,02	5,23±0,04	3,92 ±0,02	3,81±0,02	3,85±0,04
OLD	7,15±0,01	7,20±0,04	7,31±0,03	6,83 ±0,03	6,92±0,05	6,85±0,01
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	2,18±0,02	1,90±0,01	2,41±0,03	2,41 ±0,02	3,93±0,02	2,23±0,01
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy szynkowej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Szynka wieprzowa



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych szynek wieprzowych

Tabela. Skład chemiczny badanych szynek wieprzowych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	62,35 \pm 1,06	26,90 \pm 0,85	8,85 \pm 0,49	0,39 \pm 0,03
B	66,90 \pm 2,40	27,00 \pm 0,99	4,55 \pm 2,05	0,44 \pm 0,01

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych szynkach wieprzowych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,33 \pm 0,06	0,10 \pm 0,00	1,27 \pm 0,12	1,27 \pm 0,12

15:0 (%)	0,10±0,00	1,33±0,06	0,10±0,00	0,10±0,00
16:0 (%)	24,33±0,74	24,33±0,74	24,10±0,96	24,10±0,96
16:1 (%)	3,80±0,10	3,80±0,10	3,60±0,69	3,60±0,69
17:0 (%)	0,23±0,06	0,23±0,06	0,33±0,15	0,33±0,15
17:1 (%)	0,27±0,06	0,27±0,06	0,40±0,10	0,40±0,10
18:0 (%)	11,30±0,46	11,30±0,46	11,53±0,85	11,53±0,85
18:1trans (%)	0,13±0,06	0,13±0,06	0,17±0,06	0,17±0,06
18:1cis9 (%)	42,80±1,50	42,80±1,50	41,73±1,27	41,73±1,27
18:1cis11 (%)	4,30±0,10	4,30±0,10	4,00±0,53	4,00±0,53
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:2 (%)	7,20±1,80	7,20±1,80	8,07±0,51	8,07±0,51
18:3 n3 (%)	0,33±0,06	0,33±0,06	0,33±0,06	0,33±0,06
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	0,80±0,00	0,80±0,00	0,80±0,10	0,80±0,10
20:2 (%)	0,23±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06
20:3n6 (%)	0,20±0,10	0,20±0,10	0,30±0,10	0,30±0,10
20:4n6 (%)	1,30±0,46	1,30±0,46	1,63±0,65	1,63±0,65
20:3 n3 (%)	0,07±0,06	0,10±0,00	0,03±0,06	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,03±0,06	0,17±0,06	0,07±0,06	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,27±0,06	0,27±0,06	0,30±0,10	0,30±0,10
cholesterol (mg/100 g produktu)	65,77±4,03	65,27±4,83	67,13±1,76	66,60±2,69

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych szynek wieprzowych (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	65,78±2,73	64,41±3,02	65,50±2,15
	B	64,36±2,69	61,78±2,89	63,60±2,52
a	A	7,84±0,84	8,16±1,31	8,77±1,10
	B	8,08±1,65	8,88±1,63	9,23±1,66

b	A	10,28±0,61	10,38±0,95	10,34±0,63
	B	10,31±0,64	9,76±0,55	9,98±0,60
ORP (mV)	A	317,40±5,91	334,80±0,53	344,90±4,42
	B	323,77±12,61	324,50±0,72	350,77±6,32
pH	A	5,94±0,03	5,96±0,06	5,46±0,02
	B	5,98±0,02	5,83±0,01	5,40±0,05
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	0,87±0,00	0,54±0,02	0,59±0,04
	B	0,75±0,01	0,84±0,04	0,51±0,04



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych szynek wieprzowych po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych szynek wieprzowych po 7 dniach przechowywania (czas 1) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej szynki z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	3,98±0,03	3,04±0,02	3,00±0,03	3,00 ±0,05	2,92±0,02	2,98±0,02
OLD	4,73±0,03	4,04±0,01	4,97±0,01	5,08 ±0,03	4,79±0,02	4,97±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,04±0,04	4,08±0,02	4,08±0,01	2,18 ±0,02	2,15±0,02	2,18±0,01

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej szynce z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
-------------------------	----	----	----	----	----	----

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek szynki z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	4,08±0,02	3,24±0,02	3,10±0,03	3,62 ±0,02	3,92±0,01	3,38±0,01
OLD	4,83±0,01	4,24±0,01	4,97±0,01	5,38 ±0,03	4,99±0,02	5,21±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,04±0,04	4,08±0,02	4,08±0,01	3,15 ±0,02	3,45±0,01	3,58±0,03
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach szynki z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek szynki z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

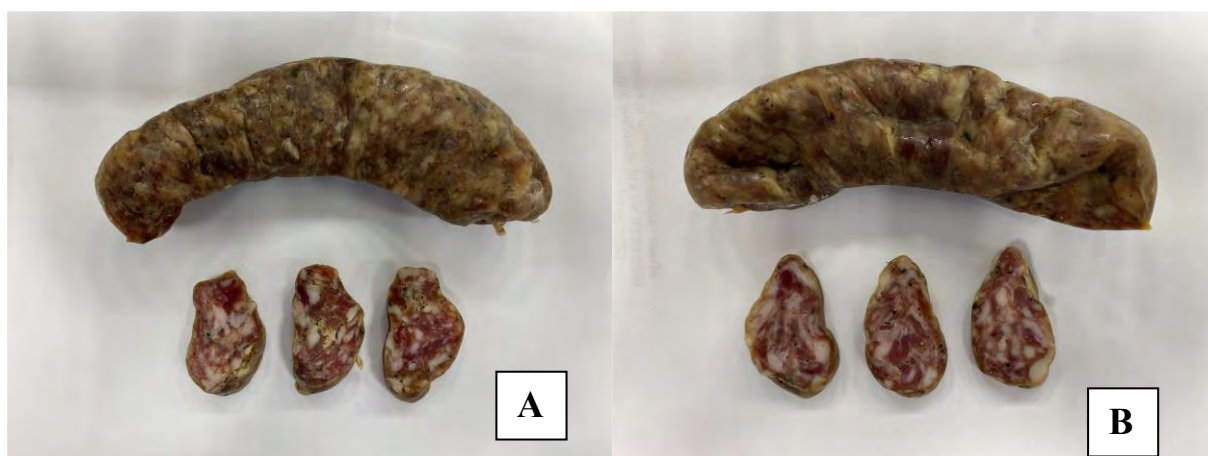
Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	6,26±0,01	6,15±0,02	6,18±0,01	6,04±0,03	5,95±0,02	5,95±0,01

OLD	7,20±0,02	6,94±0,02	7,08±0,04	6,86 ±0,02	6,93±0,01	6,90±0,06
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	5,04±0,02	5,53±0,01	5,43±0,03	2,47±0,02	2,59±0,02	2,53±0,01
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach szynki z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella</i> spp.	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Kielbasa polska surowa dojrzewająca



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kielbas polskich surowych dojrzewających

Tabela. Skład chemiczny badanych kielbas polskich surowych dojrzewających (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	36,30±1,48	25,40±0,62	32,23±1,40	0,56±0,04
B	35,10±1,93	24,83±1,40	34,93±1,66	0,56±0,01

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kielbasach polskich surowych dojrzewających (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A	Wariant B
----------	-----------	-----------

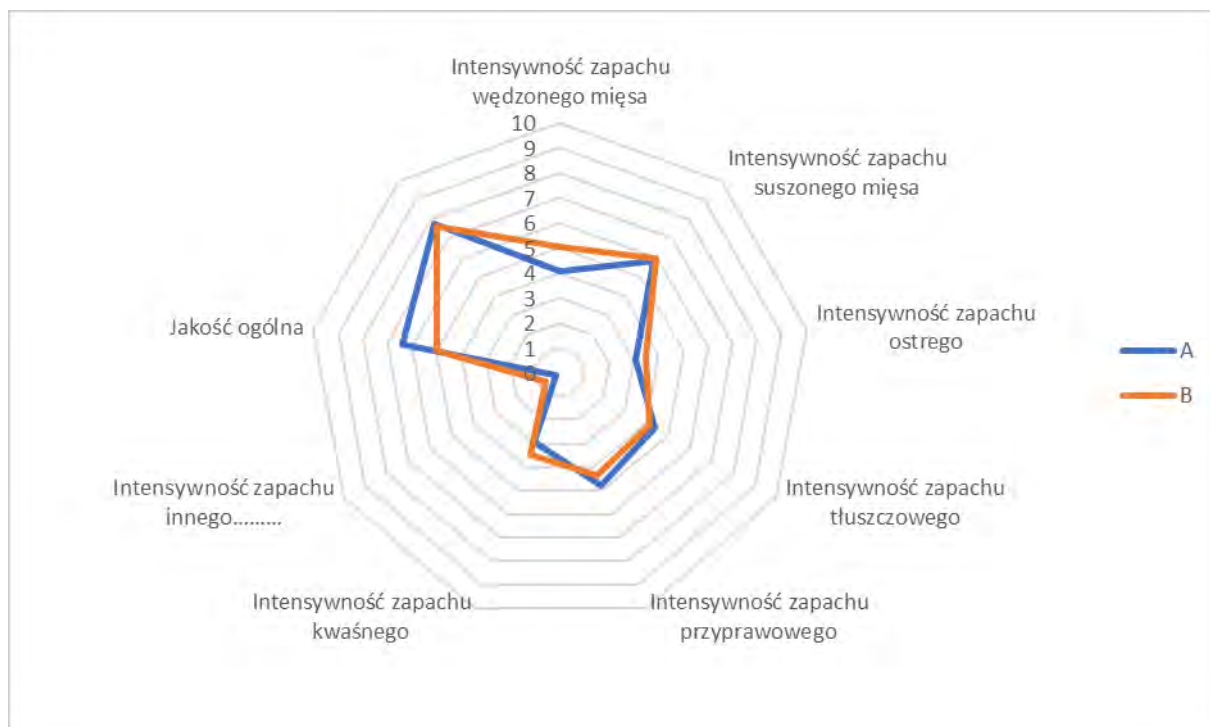
	Przechowywanie (dni)			
	0	28	0	28
10:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0 (%)	1,50±0,00	1,50±0,00	1,50±0,00	1,50±0,00
15:0 (%)	0,10±0,00	0,00±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
16:0 (%)	26,47±0,06	26,67±0,06	26,13±0,06	26,18±0,06
16:1 (%)	3,00±0,00	3,00±0,00	2,93±0,06	2,93±0,06
17:0 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
17:1 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
18:0 (%)	14,37±0,06	14,67±0,06	14,30±0,00	14,30±0,00
18:1trans (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	41,07±0,06	41,07±0,06	41,17±0,06	41,12±0,06
18:1cis11 (%)	3,20±0,00	3,20±0,00	3,10±0,00	3,10±0,00
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:2 (%)	6,47±0,06	6,45±0,06	6,73±0,06	6,71±0,06
18:3 n3 (%)	0,33±0,06	0,33±0,06	0,40±0,00	0,40±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	0,90±0,00	0,91±0,00	0,83±0,06	0,82±0,06
20:2 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
20:3 n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,00±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,00±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	94,53±1,91	93,33±1,93	89,90±3,41	88,90±2,22

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kiełbas polskich surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	14	28
L	A	53,30 \pm 3,79	53,38 \pm 3,52	51,80 \pm 3,29
	B	52,75 \pm 2,47	54,12 \pm 4,05	52,45 \pm 6,14
a	A	6,12 \pm 1,39	5,30 \pm 1,77	4,78 \pm 2,84
	B	4,43 \pm 1,16	6,44 \pm 1,38	4,01 \pm 1,98
b	A	7,91 \pm 1,20	7,61 \pm 1,17	8,40 \pm 1,39
	B	7,77 \pm 0,69	7,90 \pm 0,96	7,32 \pm 1,09
ORP (mV)	A	329,43 \pm 1,67	349,57 \pm 0,96	332,00 \pm 7,73
	B	351,57 \pm 6,49	376,87 \pm 4,95	341,97 \pm 4,44
pH	A	5,50 \pm 0,03	5,50 \pm 0,02	5,46 \pm 0,02
	B	5,42 \pm 0,05	5,34 \pm 0,02	5,39 \pm 0,03
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	0,50 \pm 0,02	0,90 \pm 0,04	0,84 \pm 0,01
	B	0,46 \pm 0,02	0,50 \pm 0,01	0,74 \pm 0,00



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas polskich surowych dojrzewających po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas polskich surowych dojrzewających po 14 dniach przechowywania (czas 1) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej kielbasy polskiej surowo dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	3,60±0,02	3,56±0,01	3,58±0,04	2,76±0,01	2,18±0,02	2,57±0,02
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	7,48±0,03	7,56±0,02	7,43±0,01	7,44±0,02	7,38±0,02	7,54±0,01
OLD	7,97±0,03	7,96±0,02	7,95±0,01	8,48 ±0,03	7,94±0,03	8,04±0,01
Pleśnie	3,85±0,03	3,00±0,01	3,08±0,02	4,44±0,01	4,36±0,02	4,30±0,03
Drożdże	3,84±0,01	3,26±0,01	3,28±0,02	5,18±0,03	4,60±0,02	5,00±0,02

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kielbasy polskiej surowo dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie

	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy polskiej surowo dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	2,88±0,03	3,00±0,01	2,94±0,04	2,18±0,01	2,10±0,02	2,16±0,01
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	7,49±0,03	7,66±0,04	7,82±0,01	8,00±0,02	7,78±0,02	7,94±0,02
OLD	7,98±0,03	7,62±0,02	7,50±0,02	7,73 ±0,03	7,51±0,03	7,66±0,01
Pleśnie	2,11±0,03	2,04±0,01	2,03±0,02	3,01±0,02	3,27±0,02	3,65±0,02
Drożdże	4,12±0,01	4,13±0,01	4,14±0,02	5,88±0,02	6,00±0,02	5,96±0,01
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy polskiej surowo dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy polskiej surowo dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
Numer próbki	1	2	3	1	2	3

<i>Enterobacteriaceae</i>	3,08±0,07	3,00±0,01	3,04±0,04	2,48±0,02	2,38±0,02	2,46±0,01
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	7,89±0,03	7,86±0,04	7,88±0,01	8,30±0,03	8,18±0,02	8,23±0,03
OLD	8,08±0,02	7,91±0,02	8,00±0,02	8,23 ±0,02	8,41±0,03	8,03±0,03
Pleśnie	4,11±0,03	4,04±0,01	4,00±0,05	3,51±0,02	3,97±0,02	3,77±0,02
Drożdże	4,56±0,02	4,53±0,01	4,54±0,03	6,34±0,02	6,20±0,02	6,26±0,03
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy polskiej surowo dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Polędwica

Tabela. Skład chemiczny badanych polędwic (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	45,33±1,18	39,60±0,76	9,70±0,36	<0,05
B	45,58±1,65	38,93±0,21	7,93±1,02	<0,05

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych polędwicach (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0 (%)	1,45±0,21	1,35±0,21	1,40±0,00	1,45±0,07
15:0 (%)	0,05±0,07	0,05±0,07	0,00±0,00	0,05±0,07

16:0 (%)	26,40±1,70	25,60±1,27	27,15±0,35	26,50±0,71
16:1 (%)	2,85±0,49	3,40±0,57	3,05±0,35	3,20±0,14
17:0 (%)	0,35±0,07	0,25±0,07	0,20±0,00	0,25±0,07
17:1 (%)	0,30±0,00	0,25±0,07	0,20±0,00	0,25±0,07
18:0 (%)	15,55±0,35	13,75±0,21	15,95±1,63	15,00±0,14
18:1trans (%)	0,15±0,07	0,15±0,07	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	41,50±0,42	42,20±1,56	40,30±0,99	39,90±1,13
18:1cis11 (%)	3,10±0,14	3,65±0,07	3,20±0,28	3,45±0,07
18:1 c inne (%)	0,25±0,07	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:2 (%)	5,25±1,06	5,60±0,14	5,20±0,14	6,20±1,41
18:3 n3 (%)	0,25±0,07	0,25±0,07	0,25±0,07	0,25±0,07
18:2c9t11 (%)	0,05±0,07	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,25±0,07	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
20:1 (%)	0,90±0,14	0,80±0,14	0,85±0,07	0,85±0,07
20:2 (%)	0,25±0,07	0,20±0,00	0,25±0,07	0,25±0,07
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,20±0,00	0,10±0,00	0,20±0,00
20:4n6 (%)	0,50±0,28	1,10±0,28	0,65±0,35	0,85±0,07
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,20±0,00	0,15±0,07	0,20±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,15±0,07	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	106,50±2,55	95,30±12,59	103,50±9,62	102,35±13,51

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych połówców (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	48,98±2,76	x	49,68±2,91
	B	49,66±2,06	x	48,98±2,97
a	A	6,51±2,08	x	4,99±1,27
	B	4,05±0,92	x	3,19±1,24
b	A	5,03±1,37	x	4,85±1,36

	B	5,45±1,13	x	5,09±1,79
ORP (mV)	A	334,13±2,64	x	5,37±0,04
	B	326,33±3,17	x	5,47±0,05
pH	A	5,39±0,02	x	5,37±0,04
	B	5,53±0,01	x	5,47±0,05
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	2,22±0,10	x	2,88±0,14
	B	3,38±0,28	x	3,02±0,03

x – nie badano

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej polędwicy z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
Numer próbki	1	2	1	2
<i>Enterobacteriaceae</i>	2,00±0,03	1,60±0,02	1,00 ±0,04	2,89±0,03
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	7,43±0,01	5,94±0,02	6,86 ±0,05	6,40±0,02
OLD	8,08±0,02	6,49±0,02	7,11 ±0,02	7,23±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	6,26±0,01	5,04±0,02	5.40 ±0,03	6,15±0,05

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej polędwicy z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
	1	2	1	2
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek polędwicy z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
Numer próbki	1	2	1	2
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	7,18±0,01	7,75±0,02	7,38 ±0,04	7,72±0,02
OLD	7,54±0,03	6,49±0,02	7,11 ±0,02	7,23±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	6,61±0,03	4,93±0,05	5,25 ±0,02	5,57±0,02
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach polędwicy z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
	1	2	1	2
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw

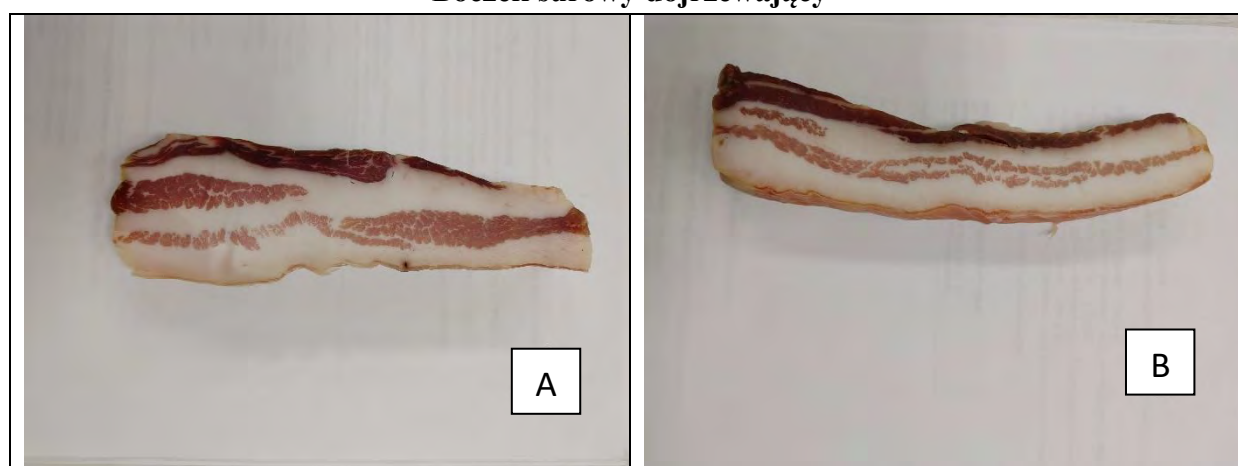
Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek polędwicy z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
Numer próbki	1	2	1	2
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	6,57±0,03	6,26±0,01	6,67 ±0,05	4,00±0,01
OLD	6,89±0,03	5,96±0,04	7,18 ±0,03	6,00±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,90±0,05	4,80±0,03	5,08 ±0,01	4,51±0,07
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach polędwicy z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
	1	2	1	2
<i>Salmonella</i> spp.	nw	nw	nw	nw

Boczek surowy dojrzewający



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych boczków

Tabela. Skład chemiczny badanych boczków surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	20,53 \pm 3,26	13,65 \pm 3,65	61,43 \pm 5,46	<0,05
B	24,18 \pm 4,53	16,18 \pm 2,37	57,18 \pm 7,40	<0,05

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych boczках surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,0	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,43 \pm 0,23	1,43 \pm 0,23	1,53 \pm 0,06	1,53 \pm 0,06

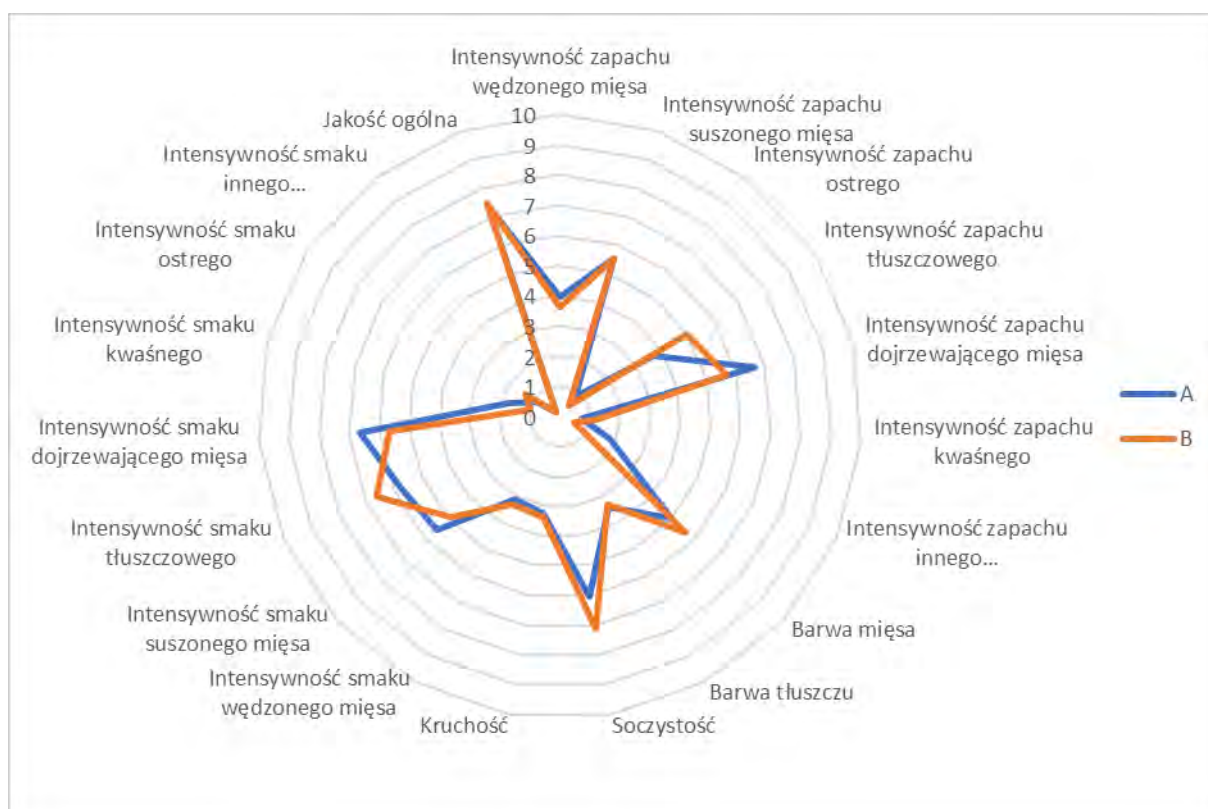
15:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,00±0,00	0,03±0,06
16:0 (%)	25,47±2,11	25,80±1,65	27,17±0,25	26,93±0,12
16:1 (%)	2,87±0,15	2,63±0,23	3,43±0,31	3,30±0,35
17:0 (%)	0,40±0,00	0,43±0,06	0,27±0,06	0,30±0,00
17:1 (%)	0,47±0,06	0,47±0,06	0,30±0,00	0,30±0,00
18:0 (%)	13,33±1,11	14,53±0,15	13,77±0,15	13,70±0,26
18:1trans (%)	0,17±0,06	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	43,60±1,39	42,53±0,93	41,90±0,44	41,83±0,49
18:1cis11 (%)	3,20±0,10	2,83±0,06	3,37±0,15	3,27±0,15
18:1 c inne (%)	0,23±0,06	0,20±0,00	0,27±0,06	0,20±0,00
18:2 (%)	6,07±1,38	6,23±1,00	5,37±0,67	5,87±0,35
18:3 n3 (%)	0,30±0,10	0,33±0,06	0,27±0,06	0,30±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,00±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,27±0,06	0,30±0,00	0,23±0,06	0,30±0,00
20:1 (%)	0,93±0,12	0,90±0,00	0,83±0,06	0,90±0,10
20:2 (%)	0,27±0,06	0,27±0,06	0,23±0,06	0,27±0,06
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,27±0,06	0,27±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	73,33±7,65	70,17±1,89	83,27±6,34	76,37±3,36

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych boczków surowych dojrzewających (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

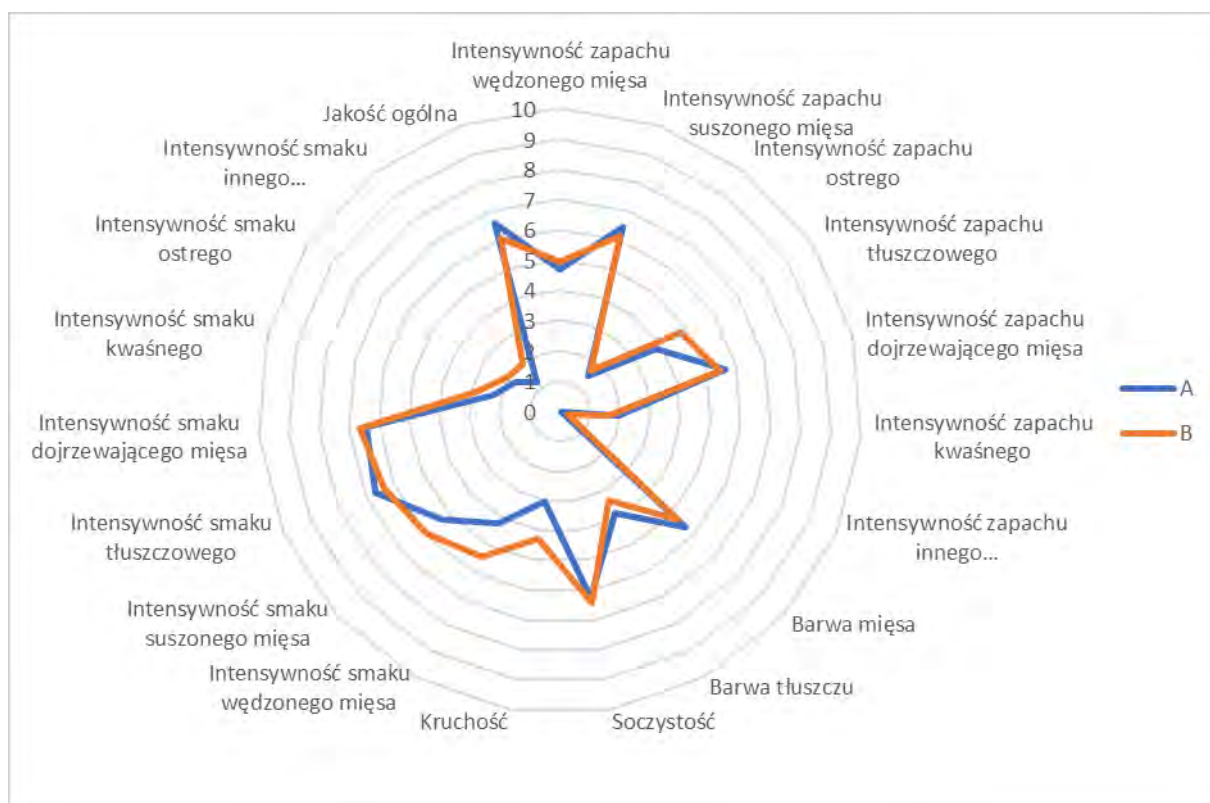
Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	14	28
L	A	66,71±7,99	x	70,87±7,90
	B	68,70±8,66	x	72,20±5,76
a	A	1,28±2,30	x	1,22±2,13

	B	0,13±1,82	x	0,56±1,40
b	A	6,99±0,64	x	7,49±1,33
	B	7,42±1,01	x	7,51±0,70
ORP (mV)	A	319,40±7,76	x	339,67±13,68
	B	312,83±7,94	x	320,43±11,62
pH	A	5,56±0,21	x	5,82±0,21
	B	5,77±0,11	x	5,80±0,21
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	2,17±0,11	x	2,11±0,01
	B	2,36±0,19	x	2,26±0,15

x – nie badano



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych boczków surowych dojrzewających po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych boczków surowych dojrzewających po 14 dniach przechowywania (czas 1) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
Numer próbki	1	2	1	2
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	3,51±0,01	3,24±0,01	2,61 ±0,02	2,40±0,03
OLD	3,65±0,02	2,62±0,02	4,79±0,02	3,69±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	3,44±0,01	3,14±0,02	2,39 ±0,02	3,45±0,02

Tabela. Obecność patogenów w próbkach boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]
---------------------------	-------------------------------

	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
	1	2	1	2
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
Numer próbki	1	2	1	2
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	4,28±0,01	3,95±0,02	7,38 ±0,04	3,85±0,02
OLD	5,67±0,03	5,43±0,01	6,86 ±0,02	6,33±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,61±0,03	4,93±0,02	2,86 ±0,02	2,57±0,03
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
	1	2	1	2
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
Numer próbki	1	2	1	2
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	5,08±0,01	4,95±0,01	6,4 8 ±0,02	4,55±0,01
OLD	6,37±0,02	6,43±0,02	6,99 ±0,01	6,93±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,31±0,03	4,23±0,02	3,36 ±0,01	3,59±0,03
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]			
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową		Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie	
	1	2	1	2
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw

ETAP 5

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową w drugim cyklu hodowli

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	1	2	3	4	5	6
Numer próbki						
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
OLD	3,85±0,01	3,90±0,02	3,40±0,03	3,95 ±0,03	4,08±0,01	4,20±0,03
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową w drugim cyklu hodowli

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	1	2	3	4	5	6
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

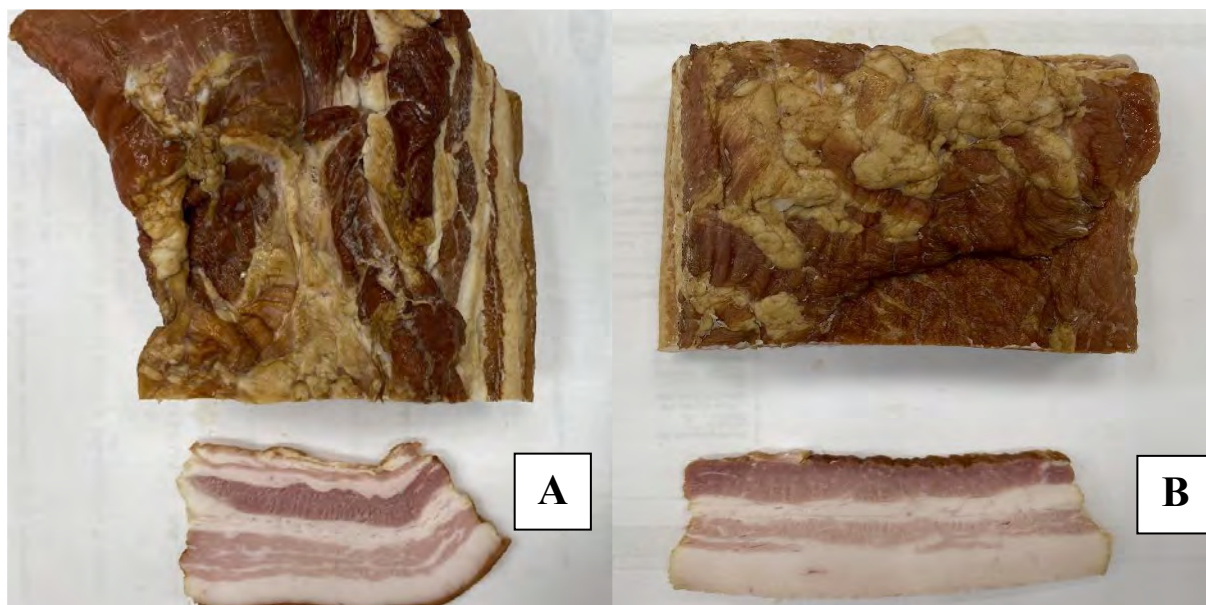
Tabela Jakość microbiologiczna próbek mięsa świń żywionych tradycyjną paszą w drugim cyklu hodowli

Parametr microbiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]					
	7	8	9	10	11	12
Numer próbki						
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
OLD	4,05±0,02	3,99±0,02	4,40±0,03	3,58 ±0,03	4,18±0,02	3,70±0,01
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela 14. Obecność patogenów w próbkach mięsa świń żywionych tradycyjną paszą w drugim cyklu hodowli

Parametr microbiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	7	8	9	10	11	12
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Boczek



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych boczków

Tabela. Skład chemiczny badanych boczków (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	44,63±4,36	18,20±1,15	36,07±3,38	0,29±0,03
B	33,60±1,53	14,17±1,05	50,50±3,53	0,23±0,02

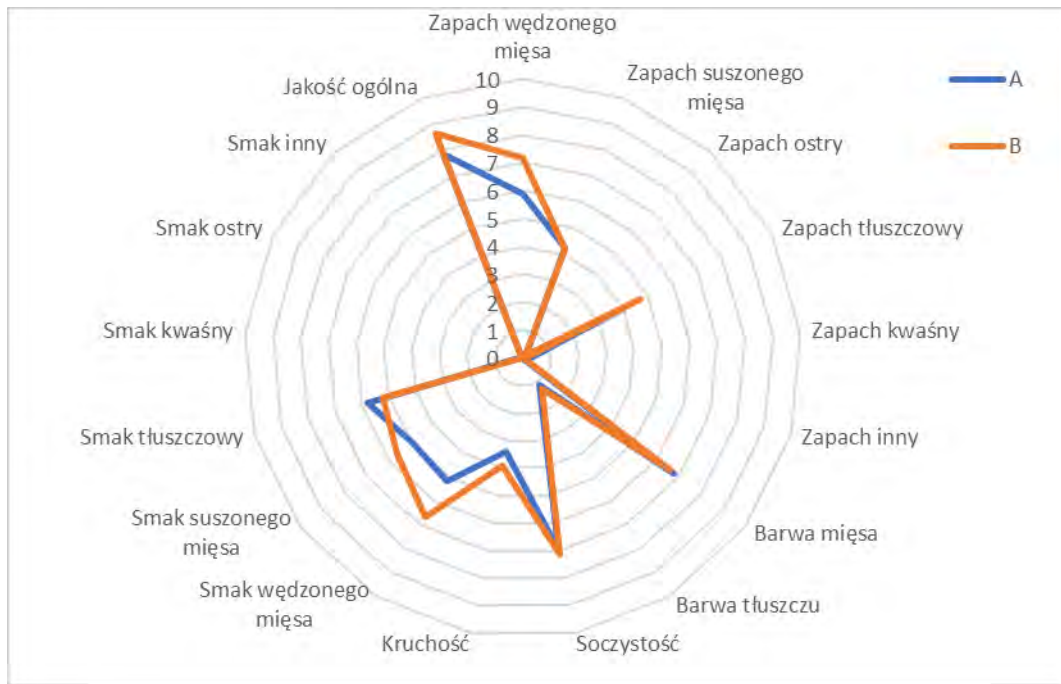
Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w boczków (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0 (%)	1,27±0,05	1,37±0,05	1,33±0,05	1,30±0,08
15:0 (%)	n.w.	n.w.	0,03±0,05	0,07±0,05
16:0 (%)	25,63±0,12	25,33±0,34	26,67±0,17	27,07±0,05
16:1 (%)	2,60±0,16	2,73±0,09	3,20±0,22	2,93±0,12
17:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,33±0,05	0,43±0,05
17:1 (%)	0,23±0,05	0,27±0,05	0,33±0,05	0,40±0,08
18:0 (%)	14,23±0,34	14,43±0,83	14,83±0,09	15,53±0,17
18:1trans (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,17±0,05	0,10±0,00
18:1cis9 (%)	44,13±0,17	43,33±1,09	42,20±0,65	40,77±0,90
18:1cis11 (%)	3,27±0,12	3,10±0,16	3,17±0,05	2,87±0,12
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:2 (%)	4,90±0,22	5,83±0,17	4,97±0,59	5,60±0,57
18:3 n3 (%)	0,30±0,00	0,40±0,00	0,33±0,05	0,37±0,05
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,30±0,00	0,20±0,00	0,23±0,05	0,27±0,05
20:1 (%)	1,20±0,00	1,07±0,05	0,87±0,09	0,90±0,08
20:2 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,23±0,05	0,27±0,05

20:3n6 (%)	0,13±0,05	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,33±0,19	0,23±0,05	0,20±0,00	0,20±0,00
20:5 EPA (%)	n.w.	0,10±0,00	n.w.	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	60,40±3,35	76,83±3,19	66,43±5,36	69,07±2,18

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych boczków (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	72,58±5,83	74,60±4,82	73,06±7,94
	B	74,85±6,24	76,27±2,86	77,65±4,63
a	A	3,22±3,27	3,21±2,75	4,28±4,00
	B	2,01±3,22	1,27±1,72	2,22±2,22
b	A	9,89±0,68	9,95±0,77	10,03±0,69
	B	9,97±0,58	9,39±0,68	9,80±0,54
ORP (mV)	A	428,93±3,71	452,57±1,06	434,70±2,11
	B	407,07±3,85	449,87±1,70	432,43±0,87
pH	A	5,55±0,05	5,96±0,02	5,92±0,01
	B	5,66±0,02	6,02±0,01	5,95±0,05
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	0,42±0,03	0,52±0,03	0,42±0,03
	B	0,32±0,01	0,48±0,02	0,39±0,00



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych boczków po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych boczków po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżego boczku z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

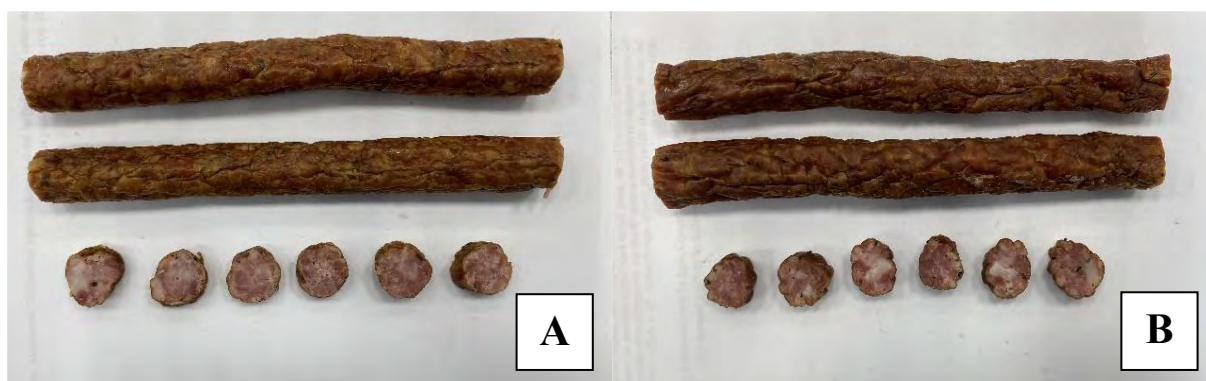
Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]
---------------------------	-----------------------------------

Numer próbki	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
OLD	3,15±0,03	3,11±0,02	3,11±0,01	3,45 ±0,02	2,93±0,03	3,04±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kiełbasy szynkowej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]					
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową			Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie		
	1	2	3	1	2	3
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw	nw	nw	nw	nw

Kabanosy



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kabanosów

Tabela. Skład chemiczny badanych kabanosów (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	38,36 \pm 0,33	27,00 \pm 0,10	29,69 \pm 0,29	0,56 \pm 0,01
B	37,64 \pm 0,03	30,10 \pm 0,51	30,30 \pm 2,10	0,61 \pm 0,02

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kabanosów (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,40 \pm 0,00	1,35 \pm 0,05	1,35 \pm 0,05	1,30 \pm 0,00
15:0 (%)	0,10 \pm 0,00	n.w.	0,10 \pm 0,00	n.w.
16:0 (%)	25,90 \pm 0,10	25,95 \pm 0,05	26,10 \pm 0,10	25,90 \pm 0,00
16:1 (%)	2,80 \pm 0,00	2,80 \pm 0,00	3,10 \pm 0,00	3,10 \pm 0,00
17:0 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
17:1 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
18:0 (%)	15,10 \pm 0,10	15,15 \pm 0,15	15,10 \pm 0,10	15,05 \pm 0,05
18:1trans (%)	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00	0,20 \pm 0,00
18:1cis9 (%)	41,75 \pm 0,05	41,90 \pm 0,00	41,40 \pm 0,00	41,60 \pm 0,00

18:1cis11 (%)	3,20±0,00	3,15±0,05	3,30±0,00	3,35±0,05
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,25±0,05	0,25±0,05
18:2 (%)	5,80±0,00	5,75±0,05	5,75±0,05	5,75±0,05
18:3 n3 (%)	0,40±0,00	0,35±0,05	0,40±0,00	0,40±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	1,00±0,00	1,00±0,00	0,85±0,05	0,90±0,00
20:2 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,40±0,00	0,30±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:6 DHA (%)	n.w.	n.w.	0,05±0,05	n.w.
cholesterol (mg/100 g produktu)	87,65±2,05	0,0±0,00	89,50±2,00	105,45±0,65

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kabanosów (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	53,88±3,66	54,29±2,25	55,13±2,60
	B	48,84±3,34	49,15±3,63	50,30±3,71
a	A	7,26±1,07	7,98±0,94	7,67±1,19
	B	6,86±1,14	7,94±2,69	8,61±1,10
b	A	9,62±0,69	10,30±0,49	10,74±0,67
	B	8,81±1,00	9,49±1,84	9,75±0,89
ORP (mV)	A	374,40±4,63	369,43±1,07	394,70±3,55
	B	380,47±1,65	375,07±1,21	395,20±1,91
pH	A	5,57±0,06	5,54±0,05	5,98±0,06
	B	5,61±0,02	5,63±0,02	5,94±0,01
TBARS	A	1,21±0,07	1,37±0,05	1,29±0,01

(mg MDA/kg produktu)

B

1,38±0,03

1,07±0,02

1,31±0,04



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kabanosów bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kabanosów po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżych kabanosów z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	2,81±0,03	3,63 ±0,02
OLD	3,54±0,02	3,67 ±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżych kabanosów z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kabanosów z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	2,81±0,03	2,81 ±0,01
OLD	3,08±0,02	3,45 ±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kabanosów z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

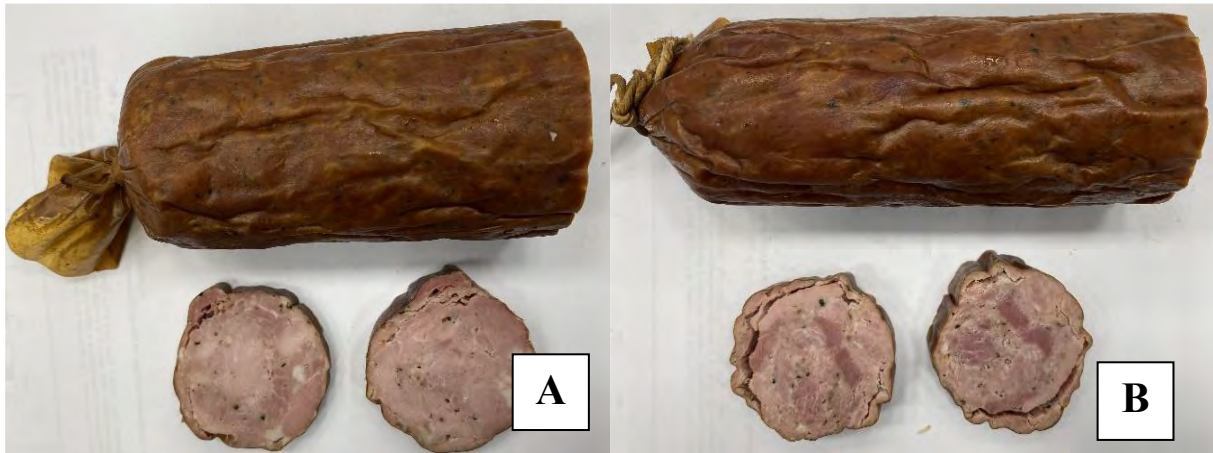
Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kabanosów z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	3,63 ±0,02
OLD	3,04±0,03	3,81 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kabanosów z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Kielbasa dukielska



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kielbas dukielskich

Tabela. Skład chemiczny badanych kielbas dukielskich (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	60,54 \pm 0,78	25,21 \pm 0,27	11,17 \pm 0,05	0,55 \pm 0,01
B	59,48 \pm 0,59	25,46 \pm 0,12	11,50 \pm 0,43	0,57 \pm 0,01

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kielbas dukielskich (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,30 \pm 0,00	1,30 \pm 0,00	1,30 \pm 0,00	1,30 \pm 0,00
15:0 (%)	0,10 \pm 0,00	n.w.	0,07 \pm 0,05	n.w.
16:0 (%)	25,60 \pm 0,08	25,0 \pm 0,00	25,43 \pm 0,05	25,40 \pm 0,00
16:1 (%)	2,93 \pm 0,05	2,80 \pm 0,00	3,30 \pm 0,00	3,20 \pm 0,00
17:0 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
17:1 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00

18:0 (%)	14,70±0,08	14,70±0,00	14,07±0,12	14,25±0,05
18:1trans (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	41,93±0,12	41,95±0,05	42,40±0,00	42,25±0,05
18:1cis11 (%)	3,37±0,05	3,35±0,05	3,67±0,05	3,65±0,05
18:1 c inne (%)	0,27±0,05	0,25±0,05	0,27±0,00	0,30±0,00
18:2 (%)	5,87±0,19	6,0±0,00	5,67±0,09	5,80±0,00
18:3 n3 (%)	0,33±0,05	0,30±0,00	0,33±0,05	0,30±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	1,00±0,00	1,00±0,00	0,87±0,05	0,90±0,00
20:2 (%)	0,30±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,57±0,05	0,65±0,05	0,63±0,05	0,65±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:6 DHA (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	60,50±4,99	62,40±0,40	60,27±2,98	64,85±1,25

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kielbas dukielskich (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	64,78±4,09	63,50±2,34	62,02±3,25
	B	64,76±2,47	61,60±2,59	64,24±3,06
a	A	8,13±2,59	7,38±1,60	8,91±1,98
	B	7,02±1,20	7,97±1,28	7,62±1,26
b	A	11,64±0,73	11,78±0,55	11,67±0,73
	B	11,88±0,95	11,52±0,73	11,77±0,66
ORP (mV)	A	393,90±1,44	394,17±0,55	390,23±1,43
	B	404,10±1,41	392,13±2,51	390,87±0,50

pH	A	5,74±0,01	5,48±0,04	5,91±0,01
	B	5,69±0,02	5,52±0,06	5,89±0,00
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	1,25±0,04	1,28±0,01	1,04±0,02
	B	0,94±0,01	1,05±0,02	0,97±0,03



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas dukielskich bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas dukielskich po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej kielbasy dukielskiej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	3,11 ±0,02
OLD	3,58±0,03	3,64 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kielbasy dukielskiej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy dukielskiej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	5,48 ±0,04	4,34 ±0,02
OLD	7,39±0,01	4,38 ±0,01
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy dukielskiej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy dukielskiej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	6,08±0,04	2,30 ±0,02
OLD	8,15±0,03	7,26 ±0,06
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy dukielskiej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella</i> spp.	nw	nw

Kiełbasa krucha



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kiełbas kruchych

Tabela. Skład chemiczny badanych kiełbas kruchych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	52,68 \pm 0,33	21,18 \pm 0,88	22,85 \pm 0,15	0,43 \pm 0,01
B	55,87 \pm 0,19	20,61 \pm 0,43	20,15 \pm 0,25	0,44 \pm 0,01

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kiełbas kruchych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	-	0,10 \pm 0,00	-
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	-	0,10 \pm 0,00	-
14:0 (%)	1,40 \pm 0,00	-	1,35 \pm 0,05	-

15:0 (%)	0,10±0,00	-	0,05±0,05	-
16:0 (%)	25,55±0,55	-	25,85±0,05	-
16:1 (%)	2,90±0,00	-	3,15±0,05	-
17:0 (%)	0,30±0,00	-	0,30±0,00	-
17:1 (%)	0,30±0,00	-	0,30±0,00	-
18:0 (%)	14,90±0,00	-	14,60±0,00	-
18:1trans (%)	0,20±0,00	-	0,20±0,00	-
18:1cis9 (%)	41,80±0,10	-	42,00±0,10	-
18:1cis11 (%)	3,20±0,00	-	3,40±0,00	-
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	-	0,20±0,00	-
18:2 (%)	5,80±0,00	-	5,70±0,00	-
18:3 n3 (%)	0,40±0,00	-	0,40±0,00	-
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	-	0,10±0,00	-
20:0 (%)	0,20±0,00	-	0,20±0,00	-
20:1 (%)	0,95±0,05	-	0,90±0,00	-
20:2 (%)	0,30±0,00	-	0,20±0,00	-
20:3n6 (%)	0,10±0,00	-	0,10±0,00	-
20:4n6 (%)	0,30±0,00	-	0,40±0,00	-
22:4n6 (%)	0,10±0,00	-	0,10±0,00	-
22:5n3 (%)	0,10±0,00	-	0,10±0,00	-
22:6 DHA (%)	0,05±0,05	-	0,05±0,05	-
cholesterol (mg/100 g produktu)	61,85±1,85	-	67,75±1,45	-

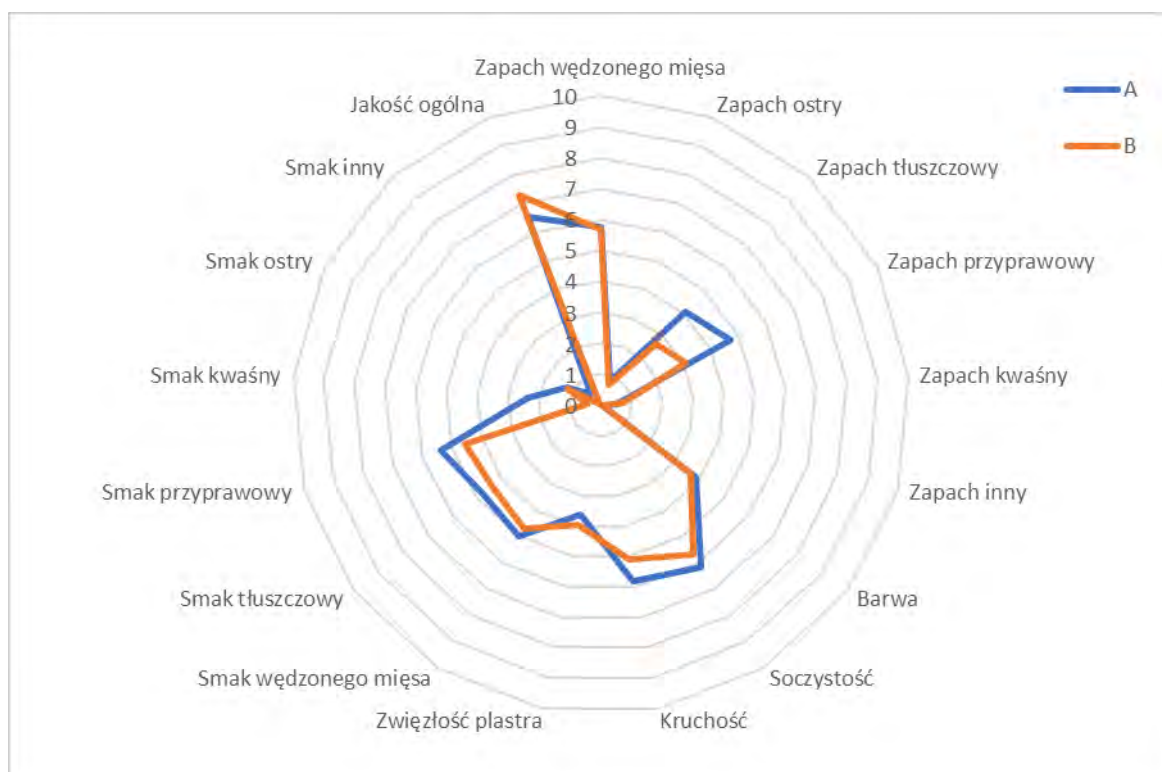
Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kiełbas kruchych (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	62,32±1,62	65,96±6,30	63,88±2,44
	B	63,12±1,86	61,59±2,37	61,44±3,02
a	A	4,57±1,01	4,46±1,30	6,14±1,55

	B	4,12±0,84	6,21±1,47	6,69±1,80
b	A	11,48±0,50	14,56±0,82	14,38±1,44
	B	11,58±0,53	13,41±1,05	13,71±0,91
ORP (mV)	A	385,43±2,08	396,63±3,25	395,13±0,00
	B	387,23±1,60	392,33±3,06	394,17±1,59
pH	A	5,78±0,02	5,37±0,13	5,94±0,01
	B	5,79±0,03	5,48±0,04	5,98±0,01
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	1,96±0,01	1,82±0,03	1,92±0,05
	B	2,09±0,03	1,49±0,03	2,14±0,04



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas kruchych bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas kruchych po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej kielbasy kruchej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	1,90 ±0,01
OLD	2,53±0,03	2,46 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kielbasy kruchej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy kruchej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	4,76 ±0,02	4,34 ±0,02
OLD	7,39±0,02	5,11 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy kruchej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy kruchej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	6,34±0,04	2,90 ±0,02
OLD	8,00±0,02	8,04 ±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,94±0,04	4,74±0,04
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy kruchej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie

<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
------------------------	----	----

Kielbasa polska wędzona



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kielbas polskich wędzonych

Tabela. Skład chemiczny badanych kielbas polskich wędzonych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	54,24 \pm 0,18	21,41 \pm 0,11	21,10 \pm 0,40	0,45 \pm 0,00
B	56,55 \pm 0,03	21,60 \pm 0,13	18,50 \pm 0,40	0,46 \pm 0,02

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kielbas polskich wędzonych (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,40 \pm 0,00	1,40 \pm 0,00	1,35 \pm 0,05	1,30 \pm 0,00
15:0 (%)	0,10 \pm 0,00	n.w.	0,05 \pm 0,05	n.w.
16:0 (%)	26,00 \pm 0,10	25,95 \pm 0,05	25,85 \pm 0,15	25,80 \pm 0,00
16:1 (%)	2,80 \pm 0,00	2,85 \pm 0,05	3,15 \pm 0,05	3,15 \pm 0,05
17:0 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00

17:1 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
18:0 (%)	15,15±0,05	14,95±0,05	14,50±0,10	14,60±0,20
18:1trans (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	41,75±0,05	41,95±0,05	42,20±0,10	42,25±0,05
18:1cis11 (%)	3,20±0,00	3,20±0,00	3,50±0,00	3,40±0,00
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	0,25±0,05	0,25±0,05	0,25±0,05
18:2 (%)	5,65±0,05	5,70±0,00	5,65±0,05	5,70±0,10
18:3 n3 (%)	0,35±0,05	0,40±0,00	0,35±0,05	0,40±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	1,00±0,00	1,00±0,00	0,85±0,05	0,85±0,05
20:2 (%)	0,30±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00	0,40±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	63,40±1,60	76,70±1,50	61,35±0,05	65,55±4,55

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kielbas polskich wędzonych (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	63,44±2,64	59,71±1,08	61,43±1,81
	B	62,95±1,72	59,79±1,69	60,95±2,45
a	A	4,96±1,10	5,81±1,19	6,66±1,58
	B	4,93±0,86	4,62±1,32	6,42±1,47
b	A	14,09±1,30	11,61±0,41	11,55±0,50
	B	14,04±1,36	12,10±0,53	11,39±0,68
ORP (mV)	A	390,80±2,72	370,10±2,60	386,20±0,85
	B	389,57±1,42	373,23±0,21	376,33±0,98

pH	A	5,31±0,09	5,74±0,01	5,95±0,01
	B	5,35±0,03	5,72±0,02	5,94±0,00
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	1,23±0,04	1,42±0,03	1,30±0,02
	B	1,43±0,05	1,63±0,02	1,53±0,02



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas polskich wędzonych bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas polskich wędzonych po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej kielbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00
OLD	2,66±0,02	2,91 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kielbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	4,83 ±0,01	5,11 ±0,02
OLD	6,82±0,02	5,72 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,15 ±0,02	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 7 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

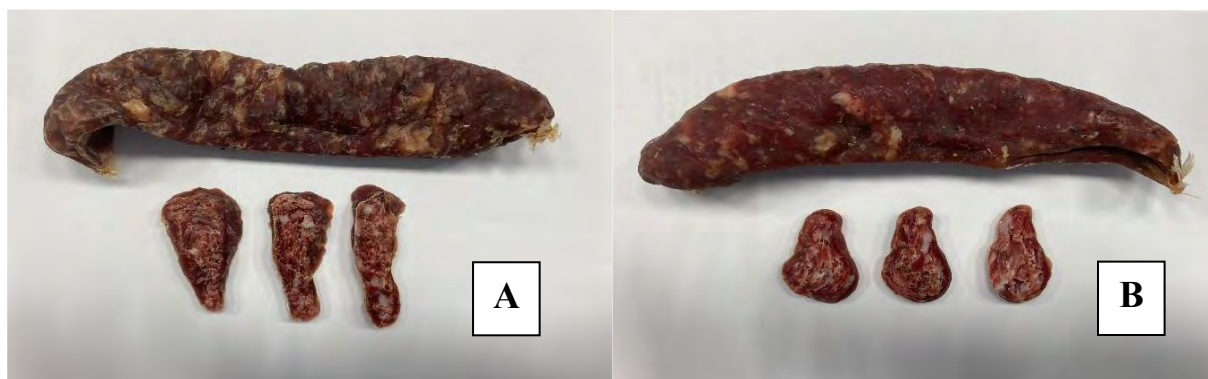
Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	3,67 ±0,02
OLD	5,65±0,02	7,79 ±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	3,15±0,04	4,75±0,02
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych	Wyrób z mięsa świń żywionych

	sfermentowaną śrutą rzepakową	konwencjonalnie
Salmonella spp.	nw	nw

Kielbasa surowa dojrzewająca



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych kielbas surowych dojrzewających

Tabela. Skład chemiczny badanych kielbas surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)	Węglowodany (%)
A	24,32 \pm 0,12	51,25 \pm 0,75	15,53 \pm 0,35	1,11 \pm 0,02	<0,50
B	25,47 \pm 0,47	52,90 \pm 0,56	12,73 \pm 0,40	1,11 \pm 0,02	<0,50

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych kielbas surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

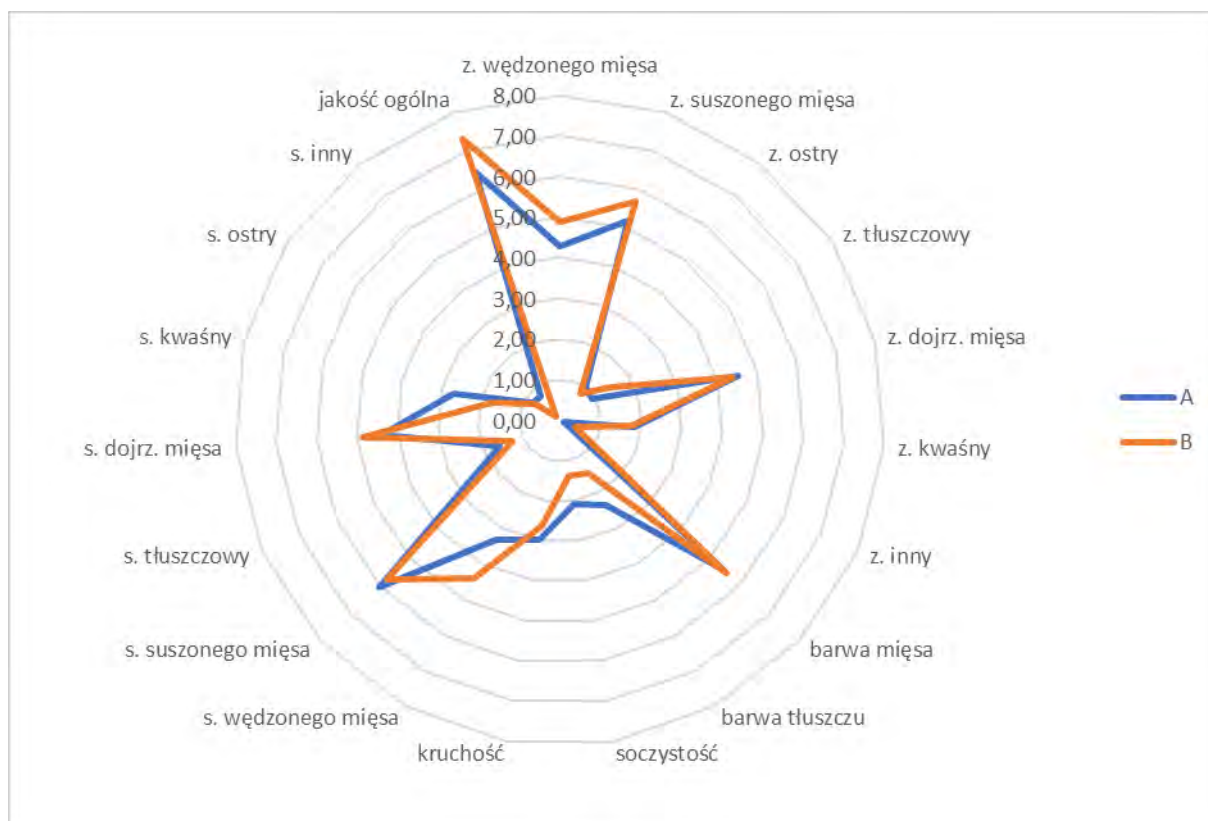
Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	28	0	28
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,30 \pm 0,00	1,25 \pm 0,07	1,30 \pm 0,00	1,30 \pm 0,00
16:0 (%)	24,93 \pm 0,06	24,80 \pm 0,28	24,90 \pm 0,10	25,20 \pm 0,14
16:1 (%)	3,57 \pm 0,06	3,55 \pm 0,07	3,23 \pm 0,06	3,00 \pm 0,00
17:0 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
17:1 (%)	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,00
18:0 (%)	13,33 \pm 0,12	13,25 \pm 0,21	13,73 \pm 0,32	14,25 \pm 0,21

18:1trans (%)	0,20±0,00	0,10±0,00	0,17±0,06	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	42,23±0,15	42,15±0,35	42,17±0,32	42,20±0,14
18:1cis11 (%)	3,83±0,06	3,95±0,07	3,70±0,10	3,50±0,00
18:1 c inne (%)	0,30±0,00	0,25±0,07	0,30±0,00	0,30±0,00
18:2 (%)	6,10±0,10	6,45±0,21	6,23±0,21	6,20±0,14
18:3 n3 (%)	0,40±0,00	0,35±0,07	0,37±0,06	0,40±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:1 (%)	0,80±0,00	0,80±0,00	0,97±0,06	0,95±0,07
20:2 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,25±0,07
20:3n6 (%)	0,17±0,06	0,20±0,00	0,17±0,06	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,83±0,06	1,00±0,00	0,83±0,06	0,65±0,07
22:4n6 (%)	0,17±0,06	0,20±0,00	0,20±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,13±0,06	0,20±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:6 DHA (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,00±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	125,60±8,96	135,15±2,47	108,70±6,43	113,90±3,68

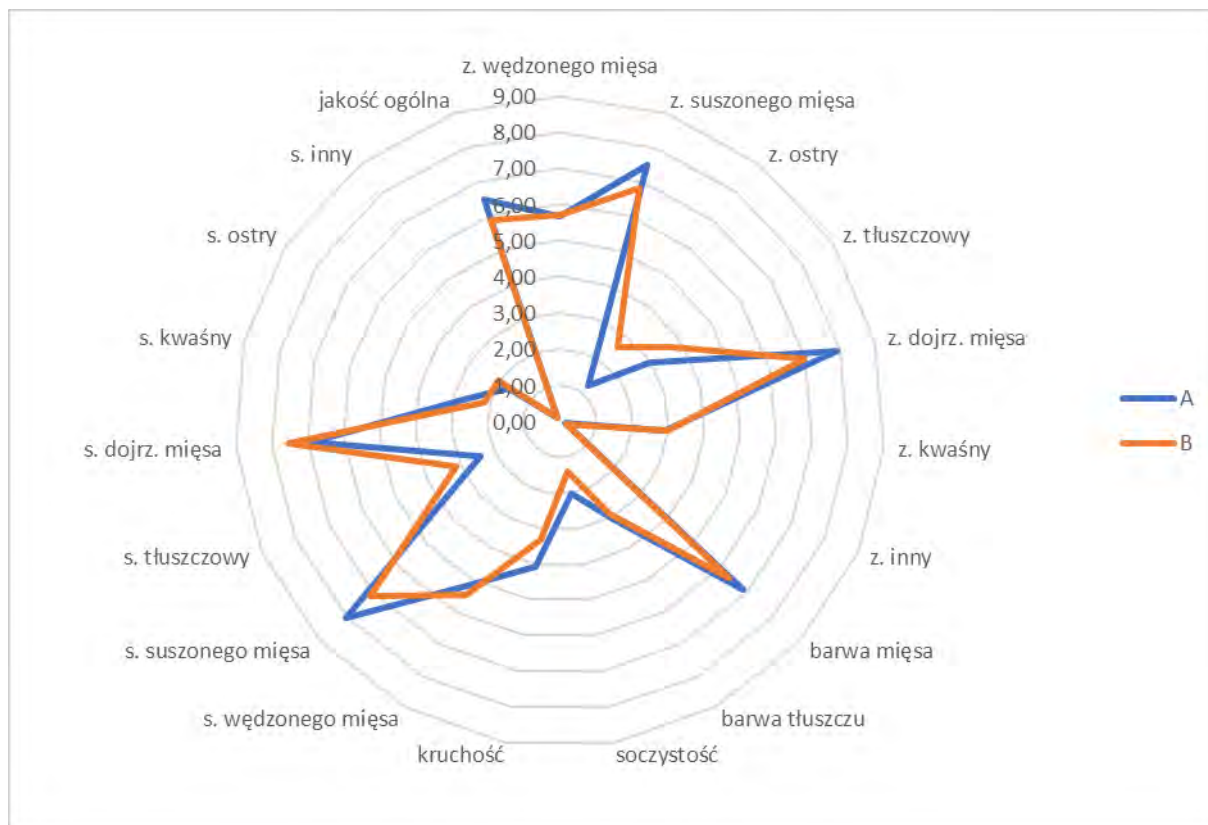
Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych kiełbas surowych dojrzewających (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	14	28
L	A	40,35±4,07	44,30±3,60	46,76±3,75
	B	39,45±2,94	44,80±2,53	43,87±2,60
a	A	6,22±3,23	5,28±1,32	5,54±1,33
	B	8,39±2,05	8,87±1,34	5,59±1,36
b	A	8,92±2,11	8,84±1,49	8,16±1,36
	B	8,69±1,75	9,84±1,19	7,48±1,00
ORP (mV)	A	444,97±2,02	468,57±6,95	450,60±2,91
	B	424,23±10,90	448,10±3,15	453,50±1,57
pH	A	5,37±0,03	5,44±0,03	5,63±0,03

	B	5,61±0,21	5,45±0,01	5,44±0,02
TBARS	A	0,58±0,03	0,54±0,01	0,54±0,05
(mg MDA/kg produktu)	B	0,49±0,04	0,71±0,03	0,70±0,02



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kiełbas surowych dojrzewających bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych kielbas surowych dojrzewających po 28 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek świeżej kielbasy polskiej wędzonej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	< 1,00
OLD	2,66±0,02	2,91 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	< 1,00	< 1,00
a_w	0,751	0,782

Tabela. Obecność patogenów w próbkach świeżej kielbasy surowej dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie

<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy surowej dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	4,83 ±0,01	5,11 ±0,02
OLD	6,82±0,02	5,72 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,15 ±0,02	< 1,00
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00
a _w	0,778	0,745

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy surowej dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 14 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek kiełbasy surowej dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 21 dniach przechowywania

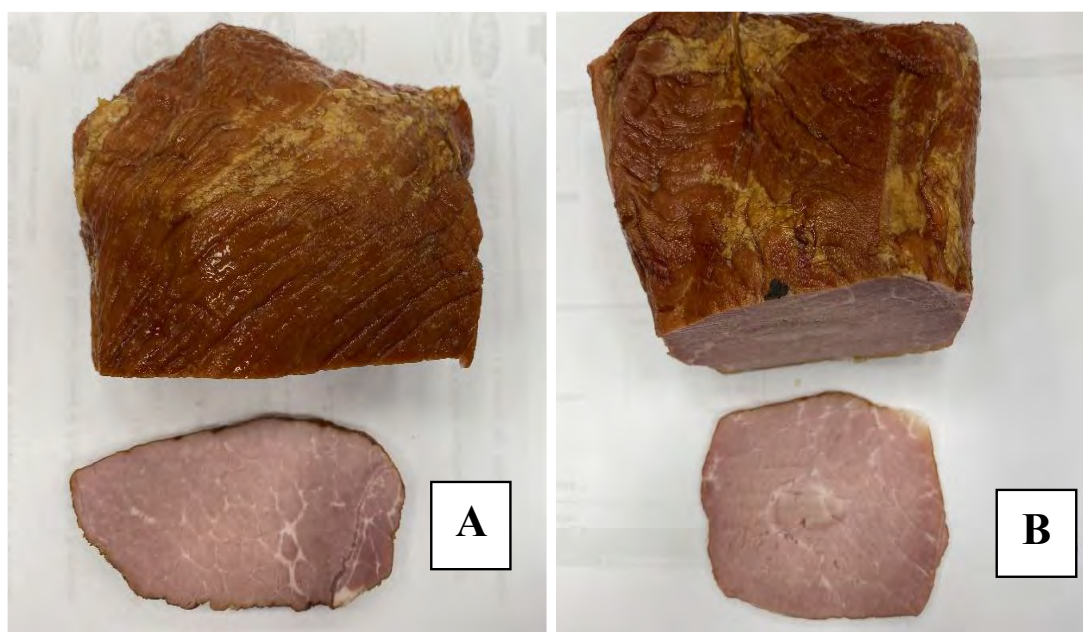
Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	< 1,00	3,67 ±0,02
OLD	5,65±0,02	7,79 ±0,04
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	3,15±0,04	4,75±0,02

<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00
a_w	0,764	0,800

Tabela. Obecność patogenów w próbkach kiełbasy surowej dojrzewającej z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 21 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Szynka



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych szynek

Tabela. Skład chemiczny badanych szynek

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	64,50±1,57	28,70±1,28	3,87±0,32	0,50±0,01
B	64,30±0,10	27,93±0,68	4,60±0,62	0,53±0,02

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych szynkach (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A	Wariant B
----------	-----------	-----------

	Przechowywanie (dni)			
	0	14	0	14
10:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0 (%)	1,17±0,06	1,17±0,06	1,17±0,06	1,10±0,00
15:0 (%)	0,00±0,00	0,10±0,00	0,07±0,06	0,07±0,06
16:0 (%)	24,20±1,11	24,30±0,26	23,60±0,20	23,20±0,17
16:1 (%)	3,30±0,36	3,43±0,38	3,80±0,36	3,93±0,25
17:0 (%)	0,20±0,00	0,33±0,06	0,27±0,06	0,27±0,06
17:1 (%)	0,20±0,00	0,33±0,06	0,27±0,06	0,27±0,06
18:0 (%)	13,37±0,65	12,97±0,35	12,53±0,47	11,83±0,35
18:1trans (%)	0,17±0,06	0,17±0,06	0,20±0,00	0,17±0,06
18:1cis9 (%)	42,03±1,42	42,13±0,80	42,63±1,50	42,90±1,31
18:1cis11 (%)	3,90±0,10	3,83±0,21	4,37±0,38	4,37±0,21
18:1 c inne (%)	0,33±0,06	0,30±0,00	0,33±0,06	0,30±0,00
18:2 (%)	6,87±0,55	6,77±0,46	6,60±1,14	6,97±0,76
18:3 n3 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,27±0,06	0,30±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,23±0,06	0,23±0,06
20:1 (%)	0,83±0,12	0,83±0,15	0,80±0,00	0,77±0,06
20:2 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
20:3n6 (%)	0,23±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06	0,33±0,06
20:4n6 (%)	1,43±0,25	1,37±0,40	1,40±0,20	1,63±0,25
20:5 EPA (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,23±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06	0,27±0,06
22:5n3 (%)	0,23±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06	0,23±0,06
22:6 DHA (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	60,73±2,91	68,07±14,69	59,43±4,81	65,80±8,75

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych szynek (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	7	14
L	A	62,95±1,77	64,59±2,66	65,75±1,14
	B	62,50±1,99	64,10±3,15	65,07±3,31
a	A	10,22±0,71	9,23±1,02	9,86±0,96
	B	10,30±0,83	9,58±1,55	10,10±1,34
b	A	10,69±0,41	10,41±0,52	10,59±0,44
	B	10,19±2,01	10,59±0,33	10,54±0,36
ORP (mV)	A	409,07±4,05	450,17±3,74	437,77±2,62
	B	406,93±1,15	443,60±2,26	437,77±2,62
pH	A	5,42±0,09	5,88±0,03	5,88±0,02
	B	5,47±0,02	5,84±0,03	5,89±0,01
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	0,57±0,03	0,72±0,03	0,64±0,01
	B	0,63±0,02	0,70±0,01	0,63±0,01

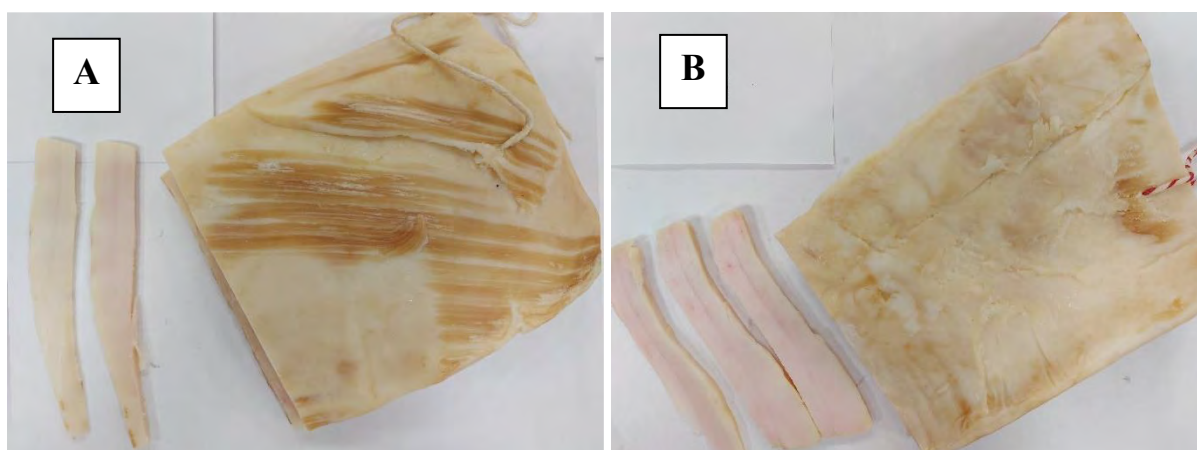


Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych szynek bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych szynek po 14 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Słonina



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych słonin

Tabela. Skład chemiczny badanych słonin (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)
A	2,00	1,90	88,8	0,00
B	1,50	2,40	93,4	0,00

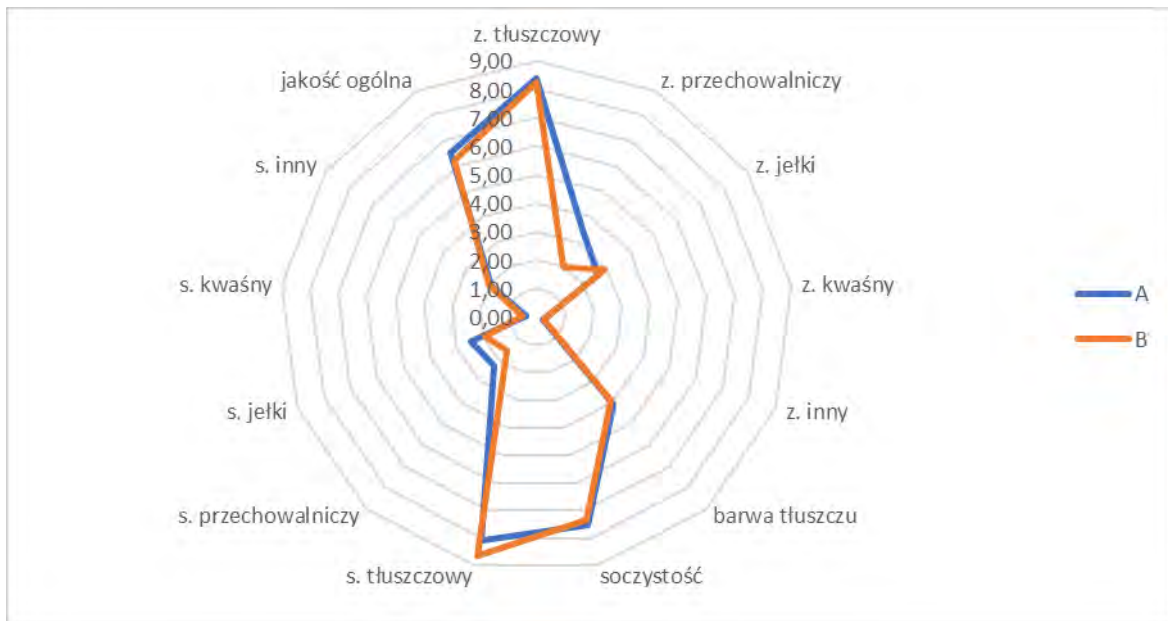
Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych słoninach (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	28	0	28
10:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
12:0 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
14:0 (%)	1,37±0,05	1,37±0,06	1,40±0,00	1,40±0,00
15:0 (%)	0,10±0,00	0,00±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
16:0 (%)	27,19±0,25	27,87±0,06	28,18±0,08	28,00±0,10
16:1 (%)	2,46±0,21	2,57±0,06	2,67±0,05	2,80±0,10
17:0 (%)	0,37±0,05	0,30±0,00	0,39±0,03	0,30±0,00
17:1 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
18:0 (%)	16,12±0,42	16,80±0,10	16,34±0,20	15,43±0,32
18:1trans (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	39,48±0,27	40,27±0,06	39,29±0,13	40,30±0,17
18:1cis11 (%)	2,64±0,15	2,63±0,06	2,74±0,05	2,97±0,06
18:1 c inne (%)	0,20±0,00	0,00±0,00	0,20±0,00	0,00±0,00
18:2 (%)	6,02±0,39	5,37±0,06	5,60±0,10	5,47±0,06
18:3 n3 (%)	0,38±0,04	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,00±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
20:1 (%)	0,92±0,04	0,90±0,00	1,00±0,00	1,07±0,06
20:2 (%)	0,30±0,00	0,20±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00

22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	48,36±1,91	57,33±3,00	42,51±1,97	48,60±0,79

Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych słonin (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	14	28
L	A	72,42±0,85	74,16±1,44	74,54±2,00
	B	74,44±1,21	74,74±2,12	75,13±2,84
a	A	-2,44±1,12	-2,34±0,93	-2,67±0,33
	B	-0,79±0,98	-2,38±1,50	-2,79±1,69
b	A	9,58±0,84	9,27±2,10	9,63±1,11
	B	7,82±0,36	8,78±1,30	8,83±0,71
ORP (mV)	A	549,97±12,94	526,90±2,42	509,00±3,41
	B	556,63±2,76	525,30±5,66	517,33±4,21
pH	A	5,16±0,12	6,34±0,07	5,19±0,03
	B	5,16±0,03	6,38±0,03	5,26±0,01
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	2,05±0,02	2,31±0,02	1,18±0,02
	B	1,55±0,03	1,54±0,09	1,36±0,06



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych słonin bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych słonin po 28 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek słoniny po produkcji z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie

<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	2,77±0,02	4,04 ±0,01
OLD	3,88±0,02	5,61 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	2,34±0,02	4,58 ±0,02
a _w	0,668	0,668

Tabela. Obecność patogenów w próbkach słoniny po produkcji z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw

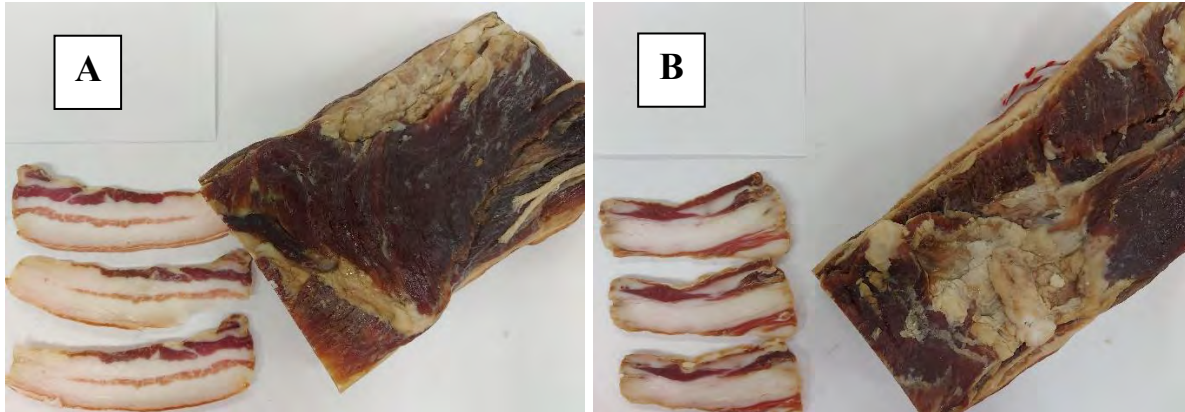
Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek słoniny z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 28 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	< 1,00	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	3,90 ±0,02	3,21 ±0,01
OLD	3,52±0,01	4,15 ±0,01
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	2,75 ±0,02	2,75 ±0,01
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00
a _w	0,659	0,676

Tabela. Obecność patogenów w próbkach słoniny z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 28 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

Boczek dojrzewający



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych boczków dojrzewających

Tabela. Skład chemiczny badanych boczków dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)	Fosfor (%)
A	18,70 \pm 0,35	18,40 \pm 0,49	63,00 \pm 0,78	<0,50	0,37 \pm 0,01
B	10,80 \pm 0,28	12,60 \pm 0,35	74,90 \pm 0,21	<0,50	0,28 \pm 0,02

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych boczków dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

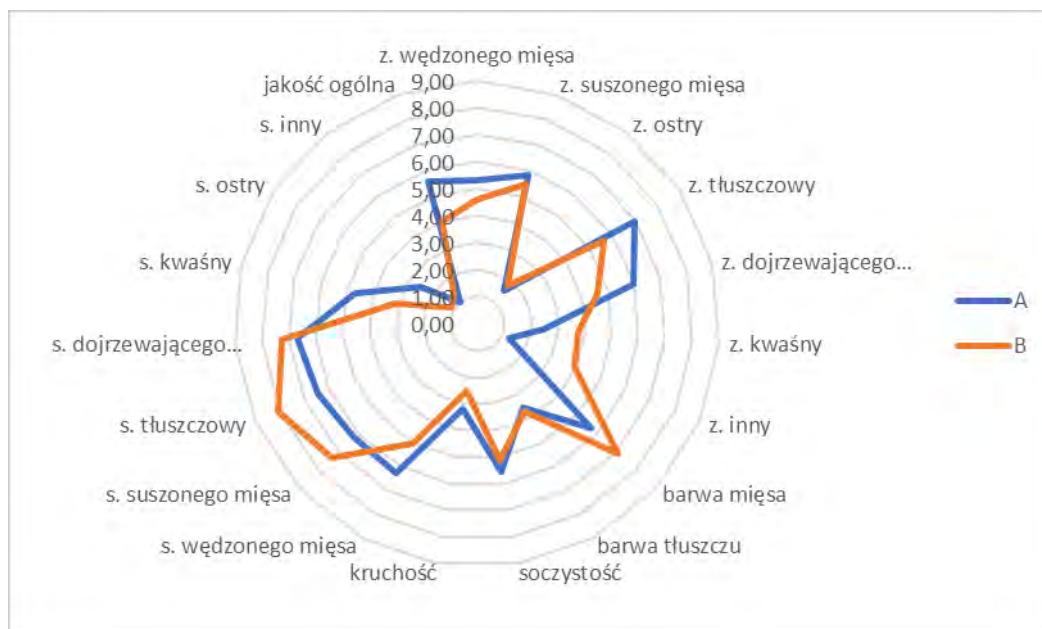
Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	28	0	28
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
14:0 (%)	1,40 \pm 0,00	1,30 \pm 0,00	1,39 \pm 0,03	1,50 \pm 0,00
16:0 (%)	26,82 \pm 0,38	27,43 \pm 0,06	26,62 \pm 0,41	27,67 \pm 0,06
16:1 (%)	3,18 \pm 0,14	2,70 \pm 0,00	2,64 \pm 0,05	2,40 \pm 0,00
17:0 (%)	0,24 \pm 0,05	0,30 \pm 0,00	0,22 \pm 0,04	0,30 \pm 0,00
17:1 (%)	0,29 \pm 0,03	0,30 \pm 0,00	0,30 \pm 0,73	0,30 \pm 0,00
18:0 (%)	14,97 \pm 0,36	16,50 \pm 0,10	15,42 \pm 0,73	17,43 \pm 0,06

18:1trans (%)	0,11±0,03	0,13±0,06	0,11±0,03	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	41,99±0,20	41,57±0,06	42,68±0,93	39,93±0,06
18:1cis11 (%)	3,19±0,30	2,70±0,00	2,85±0,05	2,60±0,00
18:1 c inne (%)	0,26±0,05	0,00±0,00	0,20±0,00	0,00±0,00
18:2 (%)	5,12±0,13	4,83±0,06	4,89±0,08	5,17±0,06
18:3 n3 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,29±0,03	0,30±0,00
18:2c9t11 (%)	0,07±0,05	0,00±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,27±0,05	0,20±0,00	0,30±0,00	0,30±0,00
20:1 (%)	0,87±0,05	0,80±0,00	1,03±0,10	0,90±0,00
20:2 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,21±0,03	0,20±0,00
20:3n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:4n6 (%)	0,20±0,00	0,13±0,06	0,19±0,03	0,20±0,00
22:4n6 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	82,10±6,13	63,80±3,27	79,68±8,02	63,80±6,45

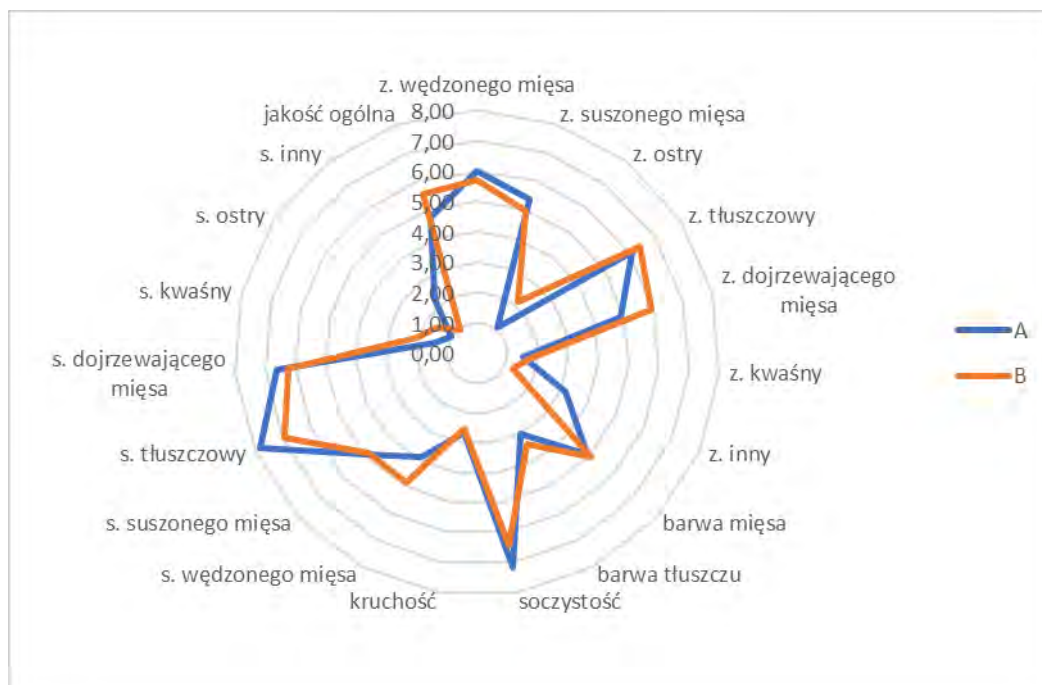
Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych boczków dojrzewających (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)		
		0	14	28
L	A	57,13±8,53	70,41±4,73	72,88±4,25
	B	68,01±7,35	66,54±8,06	70,51±8,21
a	A	4,16±4,86	-1,53±1,90	-0,23±2,37
	B	-0,88±2,29	-0,04±2,68	-0,46±2,48
b	A	7,16±1,88	0,00±0,74	0,00±1,43
	B	7,82±1,16	7,23±0,92	9,25±2,01
ORP (mV)	A	434,47±1,37	469,23±3,58	445,07±6,20
	B	438,07±7,82	445,23±10,94	471,77±6,27
pH	A	5,44±0,12	5,62±0,20	5,65±0,06
	B	5,49±0,12	5,84±0,03	5,43±0,01

TBARS	A	1,60±0,02	0,78±0,02	1,91±0,14
(mg MDA/kg produktu)	B	1,59±0,01	1,42±0,05	1,11±0,07



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych boczków dojrzewających bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych boczków dojrzewających po 28 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek boczków dojrzewających po produkcji z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	3,53±0,02	5,04 ±0,02
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	6,57±0,02	4,24 ±0,03
OLD	6,08±0,02	5,71 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	2,34±0,02	4,58 ±0,02
a _w	0,910	0,903

Tabela. Obecność patogenów w próbkach boczaków dojrzewających po produkcji z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek boczaków dojrzewających z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 28 dniach przechowywania

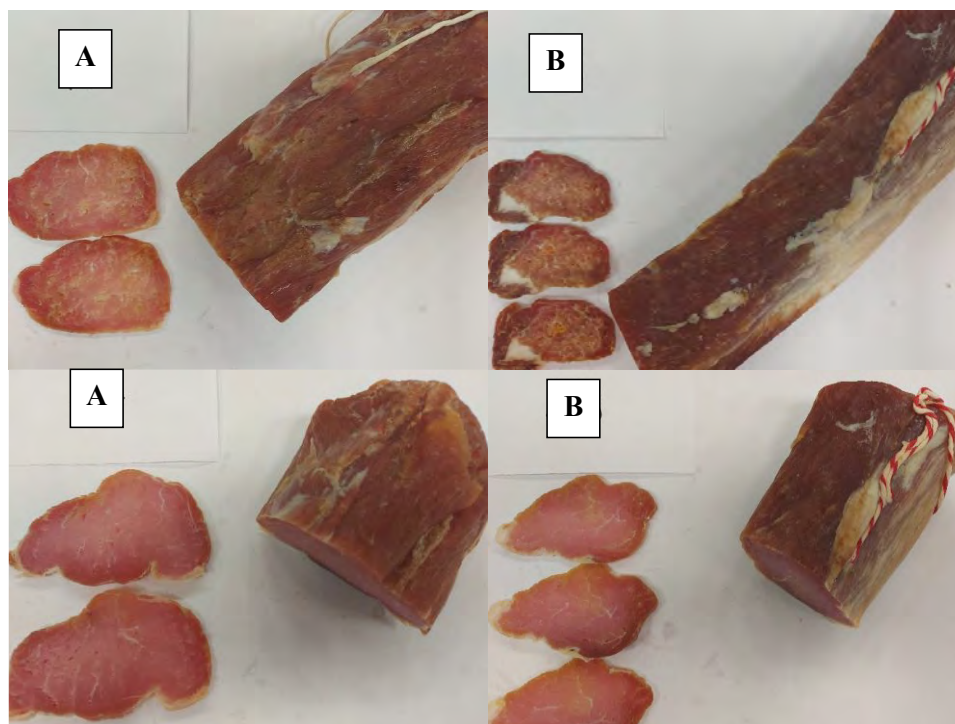
Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	3,20 ±0,02	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	5,60 ±0,02	5,31 ±0,01
OLD	6,32±0,02	5,11 ±0,03
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	5,15 ±0,02	5,15 ±0,02
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00
a _w	0,915	0,856

Tabela. Obecność patogenów w próbkach boczaków dojrzewających z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 28 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]
---------------------------	-------------------------------

	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella</i> spp.	nw	nw

Polędwica surowa dojrzewająca



Rysunek. Zdjęcia wyprodukowanych polędwic dojrzewających

Tabela. Skład chemiczny badanych polędwic surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

Wariant	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Węglowodany (%)	Fosfor (%)
A	42,40 \pm 6,50	45,87 \pm 7,11	4,77 \pm 1,95	<0,50	0,91 \pm 0,14
B	39,30 \pm 1,49	46,60 \pm 2,59	7,17 \pm 1,10	0,77 \pm 0,31	0,94 \pm 0,08

Tabela. Skład kwasów tłuszczowych i zawartość cholesterolu w badanych polędwic surowych dojrzewających (średnia \pm odchylenie standardowe, n=4)

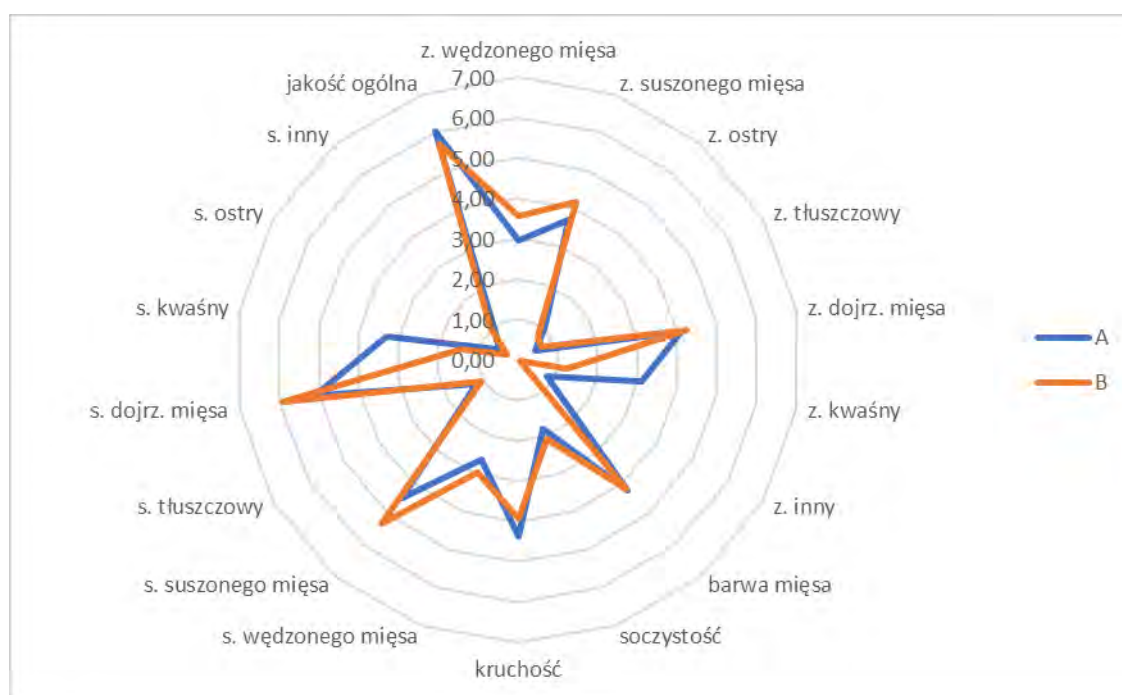
Parametr	Wariant A		Wariant B	
	Przechowywanie (dni)			
	0	28	0	28
10:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00
12:0 (%)	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00	0,10 \pm 0,00

14:0 (%)	1,18±0,07	1,20±0,00	1,29±0,03	1,30±0,00
15:0 (%)	0,08±0,04	0,10±0,00	0,00±0,00	0,00±0,00
16:0 (%)	25,31±0,42	26,00±0,00	26,44±0,49	27,53±0,06
16:1 (%)	3,40±0,22	3,63±0,06	3,24±0,57	3,50±0,00
17:0 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
17:1 (%)	0,30±0,00	0,30±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:0 (%)	14,19±0,37	14,97±0,12	15,69±1,24	15,77±0,06
18:1trans (%)	0,24±0,05	0,20±0,00	0,20±0,00	0,20±0,00
18:1cis9 (%)	39,67±0,93	41,30±0,10	39,54±0,52	40,40±0,10
18:1cis11 (%)	3,70±0,17	3,60±0,00	3,57±0,41	3,73±0,06
18:1 c inne (%)	0,30±0,05	0,00±0,00	0,30±0,05	0,00±0,00
18:2 (%)	6,91±0,43	4,90±0,10	5,56±0,64	4,33±0,06
18:3 n3 (%)	0,29±0,03	0,20±0,00	0,27±0,05	0,20±0,00
18:2c9t11 (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
20:0 (%)	0,20±0,00	0,20±0,00	0,22±0,04	0,30±0,00
20:1 (%)	0,72±0,10	0,70±0,00	0,73±0,05	0,80±0,00
20:2 (%)	0,19±0,03	0,10±0,00	0,17±0,05	0,10±0,00
20:3n6 (%)	0,29±0,09	0,20±0,00	0,23±0,05	0,10±0,00
20:4n6 (%)	1,64±0,49	1,07±0,06	1,21±0,30	0,60±0,00
20:5 EPA (%)	0,10±0,00	0,20±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00
22:4n6 (%)	0,26±0,05	0,20±0,00	0,21±0,03	0,10±0,00
22:5n3 (%)	0,24±0,05	0,10±0,00	0,17±0,05	0,00±0,00
22:6 DHA (%)	0,10±0,00	0,10±0,00	0,10±0,00	0,00±0,00
cholesterol (mg/100 g produktu)	89,42±8,55	89,37±7,62	93,51±6,79	62,00±2,10

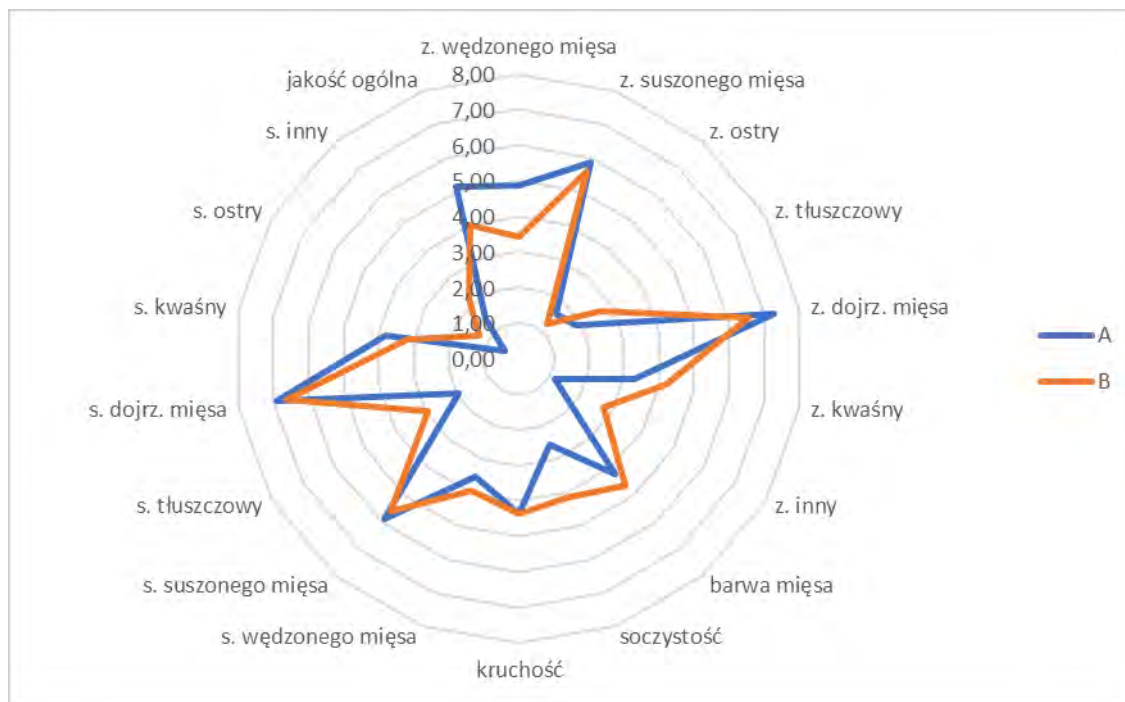
Tabela. Parametry barwy, potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP), wartość pH i wskaźnik TBARS badanych polędwic surowych dojrzewających (średnia ± odchylenie standardowe, n=4)

Parametr	Wariant	Przechowywanie (dni)
----------	---------	----------------------

		0	14	28
L	A	49,25±3,27	52,51±3,47	48,62±2,44
	B	50,69±2,23	49,83±2,49	49,16±2,41
a	A	5,07±2,38	5,65±1,96	10,55±2,24
	B	5,96±2,11	5,14±1,67	5,17±1,62
b	A	8,50±4,32	7,32±2,30	10,07±2,00
	B	7,11±2,09	6,33±1,59	7,12±2,91
ORP (mV)	A	456,00±6,16	433,87±4,68	433,17±3,02
	B	456,00±3,32	430,27±6,91	436,47±1,05
pH	A	5,14±0,04	5,16±0,09	5,12±0,01
	B	5,17±0,01	5,36±0,09	5,14±0,01
TBARS (mg MDA/kg produktu)	A	1,33±0,01	1,17±0,03	1,71±0,03
	B	1,28±0,01	1,32±0,02	1,36±0,05



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych połówców surowych dojrzewających bezpośrednio po produkcji (czas 0) (n=8)



Rycina. Wyniki oceny sensorycznej badanych połówców surowych dojrzewających po 28 dniach przechowywania (czas 2) (n=8)

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek połówców surowych dojrzewających po produkcji z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	4,60±0,02	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	7,15±0,02	7,04 ±0,03
OLD	6,48±0,02	6,31 ±0,02
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,74±0,02	6,28 ±0,01
a_w	0,934	0,943

Tabela. Obecność patogenów w próbkach połówców surowych dojrzewających po produkcji z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw
<i>L. monocytogenes</i>	nw	nw

Tabela Jakość mikrobiologiczna próbek polędwic surowych dojrzewających z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 28 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Liczba drobnoustrojów [log jtk/g]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Enterobacteriaceae</i>	4,80 ±0,02	< 1,00
<i>E. coli</i>	< 1,00	< 1,00
GKD	< 1,00	< 1,00
LAB	7,90 ±0,02	5,61 ±0,00
OLD	7,32±0,02	5,66 ±0,03
Pleśnie	< 1,00	< 1,00
Drożdże	4,09 ±0,02	4,36 ±0,02
<i>L. monocytogenes</i>	< 1,00	< 1,00
a _w	0,929	0,926

Tabela. Obecność patogenów w próbkach polędwic surowych dojrzewających z mięsa świń żywionych konwencjonalnie oraz sfermentowaną śrutą rzepakową po 28 dniach przechowywania

Parametr mikrobiologiczny	Obecność patogenów w 25 g [-]	
	Wyrób z mięsa świń żywionych sfermentowaną śrutą rzepakową	Wyrób z mięsa świń żywionych konwencjonalnie
<i>Salmonella spp.</i>	nw	nw

**Badanie właściwości fizykochemicznych produktów mięsnych wyprodukowanych ze
świń żywionych śrutą rzepakową**



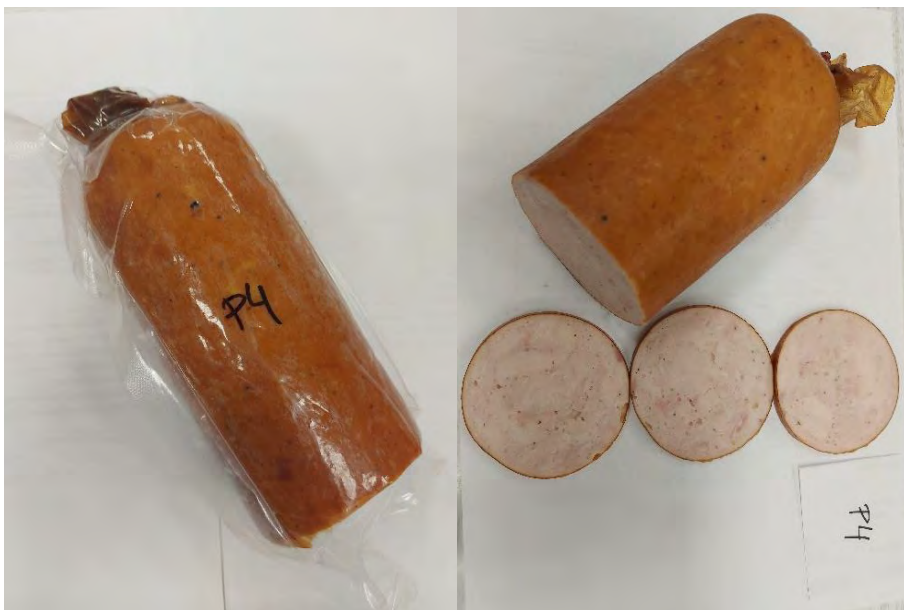
Rysunek. Parówki wieprzowe (P1)



Rysunek. Frankfurterki (P2)



Rysunek. Kielbasa kanapkowa (P3)



Rysunek. Kielbasa (P4)



Rysunek. Kielbasa dukielska (P5)



Rysunek. Kielbasa węgierska wędzona (P6)



Rysunek. Pasztet zapiekany (P7)



Rysunek. Szynka rolowana (P8)



Rysunek. Kabanosy (P9)



Rysunek. Boczek (P10)



Rysunek. Kielbasa bieszczadzka (P11)



Rysunek. Klops galicyjski (P12)



Rysunek. Kielbasa szynkowa (P13)

Tabela. Skład chemiczny (średnia ± odchylenie standardowe; n=2)

Produkt	Woda (%)	Białko (%)	Tłuszcz (%)	Fosfor (%)	Węglowodany (%)
Parówki wieprzowe (P1)	60,80±0,30	16,95±0,05	19,30±0,20	0,33±0,01	<0,50
Frankfurterki (P2)	61,30±0,00	20,70±0,10	14,60±0,20	0,46±0,00	<0,50
Kielbasa kanapkowa (P3)	68,45±0,15	21,25±0,15	14,60±0,20	0,46±0,00	<0,50
Kielbasa (P4)	70,85±0,05	23,55±0,05	2,65±0,05	0,53±0,01	0,55±0,05
Kielbasa dukielska (P5)	62,45±0,05	25,60±0,10	9,10±0,10	0,53±0,01	<0,50
Kielbasa węgierska wędzona (P6)	55,10±0,10	25,30±0,00	13,75±0,05	0,56±0,00	1,15±0,05
Pasztet zapiekany (P7)	46,55±0,15	22,10±0,10	27,60±0,30	0,43±0,00	1,55±0,05
Szynka rolowana (P8)	63,75±0,25	21,05±0,15	12,70±0,40	0,38±0,01	<0,50
Kabanosy (P9)	43,80±0,00	27,95±0,05	22,80±0,30	0,63±0,01	0,80±0,20
Boczek (P10)	43,15±0,15	16,15±0,05	38,50±0,40	0,26±0,01	<0,50
Kielbasa bieszczadzka (P11)	55,85±0,15	21,50±0,10	19,15±0,15	0,46±0,01	<0,50
Klops galicyjski (P12)	53,40±0,00	18,45±0,35	18,80±0,20	0,40±0,01	7,40±0,60
Kielbasa szynkowa (P13)	69,65±0,25	21,55±0,15	4,50±0,20	0,53±0,02	0,55±0,05

Tabela. Wartość pH i potencjał oksydacyjno-redukcyjny (ORP) (średnia ± odchylenie standardowe; n=2)

Produkt	pH	ORP
Parówki wieprzowe (P1)	5,19±0,06	489,60±6,22
Frankfurterki (P2)	4,83±0,01	485,00±2,83
Kiełbasa kanapkowa (P3)	5,72±0,00	438,45±1,91
Kiełbasa (P4)	5,93±0,01	429,20±11,17
Kiełbasa dukielska (P5)	5,81±0,01	426,20±3,39
Kiełbasa węgierska wędzona (P6)	5,88±0,00	402,05±1,06
Pasztet zapiekany (P7)	6,07±0,00	420,85±0,07
Szynka rolowana (P8)	5,76±0,07	423,15±3,61
Kabanosy (P9)	5,83±0,02	378,45±2,05
Boczek (P10)	5,95±0,00	411,60±2,55
Kiełbasa bieszczadzka (P11)	5,93±0,01	383,95±2,33
Klops galicyjski (P12)	5,98±0,01	378,70±1,56
Kiełbasa szynkowa (P13)	5,81±0,01	407,95±1,77

Tabela. Parametry barwy w systemie L*a*b* (średnia ± odchylenie standardowe; n=10)

Produkt	Parametry barwy		
	L*	a*	b*
Parówki wieprzowe (P1)	66,01±0,84	3,56±0,32	22,47±0,63
Frankfurterki (P2)	61,01±2,94	4,74±1,39	12,18±1,45
Kiełbasa kanapkowa (P3)	66,00±1,95	6,73±1,56	10,49±0,47
Kiełbasa (P4)	74,02±1,47	1,37±0,49	11,31±0,47
Kiełbasa dukielska (P5)	65,36±2,95	6,58±1,82	11,45±0,86
Kiełbasa węgierska wędzona (P6)	56,87±1,27	9,69±1,37	21,84±1,94
Pasztet zapiekany (P7)	57,21±1,33	0,24±0,45	13,87±0,87
Szynka rolowana (P8)	70,29±2,89	3,23±1,55	8,86±0,71
Kabanosy (P9)	53,11±2,62	8,81±1,29	10,48±0,69
Boczek (P10)	66,20±8,84	6,16±4,39	9,71±0,69
Kiełbasa bieszczadzka (P11)	58,33±2,05	5,98±1,69	12,00±0,72
Klops galicyjski (P12)	60,02±2,04	2,99±1,13	12,75±0,61
Kiełbasa szynkowa (P13)	66,66±2,00	5,54±1,00	9,88±0,61

PODSUMOWANIE

Otrzymane wyniki hodowli oraz jakości mięsa i produktów wskazują, że odpowiednia fermentacja śruty rzepakowej może spowodować bardzo dobre efekty w żywieniu trzody chlewnej. Jednak, aby w pełni wykorzystać potencjał białka pochodzącego ze śruty rzepakowej należy przestrzegać dawkowania i poddać odpowiedniemu procesowi jakim może być fermentacja, co pozytywnie zrealizowano w niniejszych badaniach. Proces fermentacji wzbogaca paszę w krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe, witaminy i różne enzymy, stymulując w ten sposób środowisko przewodu pokarmowego świń do rozwoju korzystnej mikroflory jelitowej (m.in. pałeczki kwasu mlekowego *Lactobacillus* czy *Bifidobacterium*). Fermentacja poprawia bezpieczeństwo pasz: eliminuje szkodliwe bakterie i rozkłada substancje antyodżywcze i toksyczne w tym np. mykotoksyny i inne związki. Zwierzęta nie otrzymywały żadnych antybiotyków lub innych substancji wspomagających zdrowie zwierząt podczas hodowli. Wykazano, że została wzmocniona ich odporność immunologiczna. Fermentacja wywołując podział strukturalny ścian komórkowych roślin uwalnia i/lub indukuje syntezę różnych związków bioaktywnych w tym przede wszystkim przeciwutleniaczy. Wykazano również, że zwierzęta bez dodatkowych substancji przyrastają podobnie jak w hodowli przemysłowej z paszami z odpowiednimi dodatkami. Zastosowane drobnoustroje i technologia procesu fermentacji zostały sprawdzone w hodowli przemysłowej trzykrotnie w cyklu hodowlanym z bardzo dobrymi wynikami żywieniowymi i jakością mięsa. Proces fermentacji wzbogaca paszę w wiele biologicznie aktywnych związków odżywczych co obserwowano w zachowaniu zwierząt podczas hodowli. Proponowana technologia fermentacji może być prowadzona w każdym gospodarstwie hodowlanym. Fermentowana śruta obniża koszty żywienia i może całkowicie zastąpić śrutę sojową otrzymywaną w większości z genetycznie modyfikowanych nasion soi. Wyższa strawność białka pasz rzepakowych u świń związana jest z dłuższym przewodem pokarmowym i tym samym z dłuższym czasem hydrolizy enzymatycznej i wchłaniania aminokwasów oraz cząsteczek peptydów. Większa strawność jelitowa śruty rzepakowej jest wynikiem niższej zawartości włókna, które prawdopodobnie zostało przez drobnoustroje do prostych przyswajalnych składników w przewodzie pokarmowym. W związku z powyższym, zasadnym procesem technologicznym jest przeprowadzenie procesu fermentacji śruty w celu eliminacji gorzkiego smaku i zwiększenia wartości żywieniowej śruty czy makuchu, ale i dalszych badaniach w hodowli drobiu i bydła mięsnego i mlecznego. Zastosowanie fermentowanej śruty rzepakowej w żywieniu zwierząt może dać podobne, a nawet większe efekty żywieniowe w porównaniu do pasz opartych na białku sojowym, które jak wcześniej zaznaczono jest z nasion GMO i pozyskiwane z importu, mimo , że dysponujemy jako kraj wartościową paszą białkową z nasion rzepaku. Jest to również wzmocnienie pracy i efektów ekonomicznych przez naszych rolników. Fermentacja pozwala w pełni wykorzystać potencjał białka zawartego w śrucie rzepakowej. W związku z powyższym fermentacja śruty jest w pełni zasadna w żywieniu zwierząt i może być naszą krajową alternatywą dla soi która w większości jest genetycznie modyfikowana. Przeprowadzone badania korelują z

wcześniejszymi informacjami literaturowymi, które zalecają modulację mikroflory jelitowej i odporności prosiąt za pomocą odpowiednich szczepów bakterii, co doprowadzi do lepszej wydajności wzrostu i zwiększonej odporności na choroby. Dlatego, konieczne jest ustanowienie nietoksycznego systemu żywienia i systemu bezpieczeństwa żywności w celu zapewnienia bezpiecznej i zdrowej produkcji hodowli zwierząt. Ostatnie badania sugerują, że pasze zawierające prozdrowotne drobnoustroje szczególnie złożone z wielu gatunków znacznie poprawiają stan zdrowia, wydajność wzrostu i mikrobiotę jelit u świń.

Jakość mięsa i wyrobów mięsnych

Surowcem mięsnym wykorzystanym do badań była podstawowe elementy tuszy: schab, szynka, karczek i mięso z surowcem tłuszczowym do produkcji kiełbas. Do oceny wpływu żywienia trzody chlewnej fermentowaną śrutą rzepakową na właściwości mięsa i produktu wykonano cykl doświadczeń produkcji różnych wyrobów ze względu na proces technologiczny jak i odpowiednie wykorzystanie mięsa drobnego i tłuszczu kształtującego produkt o pożądanych właściwościach fizykochemicznych i sensorycznych. Podział półtuszy na elementy zasadnicze i rozbiór wykonano w warunkach przemysłowych, produkcję wędlin wykonano w warunkach półtechnicznych. Dokonano oceny fizykochemicznej, sensorycznej i mikrobiologicznej wszystkich produktów. Część produktów (zależnie od wielkości partii produkcyjnej) przechowywano i po odpowiednim czasie dokonywano ponownej oceny jakości oceniając zmiany przechowalnicze wyrobów. Wykonano ocenę konsumencką wybranych wyrobów. Podczas przechowywania oceniano dynamikę zmian poziomu mikroflory i przede wszystkim zmian chemicznych w wyniku utleniania. Wyniki przeprowadzonych analiz fizykochemicznych, mikrobiologicznych i ocen sensorycznych wskazują na możliwość produkcji bardzo wartościowych żywieniowo produktów z wykorzystaniem mięsa i tłuszczu pozyskanego ze świń skarmianych śrutą rzepakową poddanej procesowi fermentacji. Zastosowanie proponowanych szczepów drobnoustrojów w fermentacji śruty rzepakowej wpłynęło na uzyskanie właściwej jakości i trwałości produktów pasteryzowanych i surowo dojrzewających. Wyniki badań analizy sensorycznej dla wyrobów surowo dojrzewających bezpośrednio po dojrzewaniu jak i po przechowywaniu wykazały poprawne wyróżniki oceny sensorycznej. Przez okres przechowywania nie zmieniły się istotnie wyróżniki oceny sensorycznej, a nawet w niektórych przypadkach okres przechowywania wpłynął na poprawę jakości ogólnej wyrobów dojrzewających. Zaobserwowano w wyrobach spadek udziału nasyconych kwasów tłuszczowych, wzrost kwasów tłuszczowych nienasyconych takich jak: kwas γ -linolenowy oraz α -linolenowy a także kwas linolowy oraz linolelaidonowy. Zastosowane żywienie w większości zrealizowanych serii chroniły lipidy przed utlenianiem podczas chłodniczego przechowywania, czego wskaźnikiem jest wartość wskaźnika TBARS.

PODSUMOWANIE WYNIKÓW METAGENOMICZNYCH

Badania projektowe wykazały, że mieszanka paszowa wzbogacona fermentowaną śrutą rzepakową znacząco wpłynęła na bioróżnorodność i skład taksonomiczny społeczności bakteryjnej mikrobioty jelitowej w badanej grupie zwierząt. Przedstawione wyniki dowodzą, iż w grupie zwierząt skarmianych sfermentowaną śrutą rzepakową występowały prozdrowotne rodzaje bakterii: *Lactobacillus*, *Prevotella*, *Blautia* czy *Faecalibacterium*.

Te komensalne bakterie są powiązane ze zdrowym jelitem. *Lactobacillus* są grupą bakterii o szerokim działaniu probiotycznym. Modułują strukturę mikrobioty jelitowej i jej metaboliczną aktywność, zapiegając dysbiozie jelitowej. *Lactobacillus* są ważnymi producentami SCFAs, które jako bioaktywne metabolity, które odgrywają kluczową rolę w prawidłowym funkcjonowaniu układu pokarmowego, w tym prawidłowej funkcji nabłonka jelita. Zaburzenie bariery jelitowej, spowodowanej dysbiozą prowadzi do nieuszczelnności jelita i stanu zapalnego o niskim nasileniu. W żywieniu zwierząt gospodarskich suplementacja probiotycznymi szczepami *Lactobacillus* wpływa na wiele korzystnych efektów, tj poprawa struktury nabłonka jelita, zmniejszenie ogólnoustrojowych cytokin zapalnych czy zwiększenie procesu fermentacji.

Natomiast rodzaj *Faecalibacterium* jest obecnie zaliczany do potencjalnych probiotyków następnej generacji (NGP) w leczeniu stanu zapalnego jelita u ludzi. Jego obfitość (pomiędzy 1-5%) w jelicie zapewnia prawidłowe funkcjonowanie nabłonka jelitowego. Jako główny producent maślanu istotnie reguluje i utrzymuje homeostazę jelita i odpowiedź immunologiczną gospodarza. Maślan zapewnia 60-70% źródła energii dla kolonocytów oraz chroni przed stanem zapalnym jelita. Spadek *Faecalibacterium* jest skorelowany z podwyższonym stanem zapalnym jelit. Charakterystyczną cechą tego taksonu jest zdolność syntezy mikrobiologicznej cząsteczki przeciwzapalnej (MAM), która istotnie wpływa na zmniejszenie sekrecji cytokin prozapalnych i indukcji cytokin przeciwzapalnych (IL-10). Ponadto, rodzaj *Faecalibacterium* wytwarza metabolity zwiększające integralność bariery jelitowej poprzez aktywację ekspresji genów połączeń ścisłych (klaudyny (OCLN)). Wzbogacenie tego taksonu w grupie zwierząt eksperymentalnych może być istotnie skorelowane z obserwowaną wyższą ekspresją genu OCLN oraz obniżeniem ekspresji genów cytokin prozapalnych (IL-7 i CCL-2). Może to mieć istotny wpływ na zdrowie tuczników, które przekłada się na wzrost odporności i zmniejszenie wskaźnika chorób z jednoczesnym wzrostem wydajności produkcyjnej zwierząt. Podobne właściwości może wykazywać *Blautia*. Ta komensalna bakteria jelitowa odgrywa ważną rolę

w produkcji octanu. Obecnie jest zaliczana do potencjalnie probiotycznych mikroorganizmów, ze względu na zdolność do wytwarzania bakteriocyn. Ponadto, w grupie zwierząt skarmianych fermentowaną śrutą rzepakową obserwowano wzbogacenie rodzaju *Prevotella* 9. Fakt ten jest istotnie skorelowany z wydajnością zachodzącego, w jelicie badanej grupy zwierząt, procesu fermentacji składników pokarmowych. Wiadomo, że *Prevotella* wytwarza różne enzymy, takie jak hydrolazy glikozydowe i enzymy liazy polisacharydowej, a zmiany liczebności tego rodzaju są związane z dostępem błonnika pokarmowego w diecie. Tak więc, większa obfitość *Prevotella* w mikroflorze jelita zwierząt skarmianych dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej, może wynikać z wyższej zawartości błonnika. Ponadto, *Prevotella* może wytwarzać SCFAs, które są wykorzystywane przez gospodarza.

Podsumowując, wyniki wyraźnie wykazały, że dieta zwierząt wzbogacona w fermentowaną śrutę rzepakową modulowała strukturę mikroflory jelitowej. Na uwagę zasługuje fakt iż, zwiększyła się liczebność ważnych komensalnych taksonów bakteryjnych, które są producentami bioaktywnych metabolitów, tj. octanu, maślanu, propionianu. SCFAs wywierają korzystne działanie na funkcjonowanie nabłonka jelitowego, zapewniając zachowanie szczelnej bariery jelitowej oraz statusu odpornościowy gospodarza. Wpływa to na poprawę zdrowia zwierząt i dobrostan, a w konsekwencji na efektywność produkcji.

BADANIE WPŁYWU SKARMIANIA TRZODY CHLEWNEJ INNOWACYJNĄ PASZĄ, ZAWIERAJĄCĄ SFERMENTOWANĄ ŚRUTĄ RZEPAKOWĄ NA MIKROBIOT ZWIERZĄT ORAZ NA JAKOŚĆ GNOJOWICY I OBORNIKA

Materiał do badań stanowiły odchody dwóch grup świń tuż przed ubojem. Pierwsza grupa karmiona była paszą konwencjonalną, na bazie śruty sojowej, druga grupa karmiona była paszą z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej. W badaniach wykorzystano metody zgodne z obowiązującymi normami ISO, opisane powyżej w metodyce. Średnie wyniki, uzyskane w ramach przeprowadzonych badań zostały przedstawione w tabeli poniżej. W odchodach świń karmionych paszą wzbogaconą w fermentowaną śrutę rzepakową oraz paszą konwencjonalną (śruta sojowa), stwierdzono obecność: mezofilnych bakterii fermentacji mlekowej na poziomie odpowiednio 9,26 log jtk/g oraz 6,23 log jtk/g. Liczba drożdży w odchodach świń karmionych sfermentowaną śrutą rzepakową była wyższa niż w przypadku paszy konwencjonalnej i wynosiła odpowiednio 4,56 log jtk/g i 2,45 log jtk/g, co jest zjawiskiem naturalnym, gdyż w kulturze startowej do ukwaszenia śruty rzepakowej znajdowały się szczepy drożdży. W żadnej próbce odchodów nie wykryto obecności bakterii patogennych: *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp. Zaobserwowano statystycznie istotnie niższą liczbę *Enterobacteriaceae*, pleśni, gronkowców koagulazododatnich, *Escherichia coli*, *Clostridium*

perfringens oraz *Pseudomonas* w próbkach kału świń karmionych paszą, wzbogaconą w fermentowaną śrutę rzepakową, w porównaniu z liczbą tych mikroorganizmów w odchodach świń skarmianych paszą konwencjonalną. W eksperymentach projektowych nie zaobserwowano różnic w przyroście masy świń żywionych paszą konwencjonalną oraz paszą z fermentowaną śrutą rzepakową.

Tabela. Wyniki mikrobiologicznej analizy odchodów świń karmionych paszami z dodatkiem śruty sojowej i fermentowanej śruty rzepakowej

Parametr mikrobiologiczny liczba [log jtk/g] obecność w 25 g	Odchody świń	
	karmionych paszą konwencjonalną (grupa kontrolna K)	karmionych fermentowaną śrutą rzepakową (grupa eksperymentalna B)
Liczba bakterii fermentacji mlekowej	6,23	9,26
Liczba <i>Enterobacteriaceae</i>	5,82	4,23
Liczba pleśni	3,48	1,78
Liczba drożdży	2,45	4,56
Liczba gronkowców koagulazododatnich	3,48	< 10
Liczba <i>Escherichia coli</i>	4,52	3,81
Liczba <i>Clostridium perfringens</i>	5,00	3,00
Liczba <i>Pseudomonas</i>	4,15	< 10
Obecność <i>Listeria monocytogenes</i>	nw	nw
Obecność <i>Salmonella</i> spp.	nw	nw

Wyniki prezentowanej pracy są zgodne z danymi publikowanymi przez innych naukowców. W eksperymentach Czech i in., dotyczących wpływu fermentowanej śruty rzepakowej i śruty sojowej w skarmianiu prosiąt badano całkowitą liczbę bakterii, grzybów oraz bakterii z grupy coli, a także wykonano oznaczenia w kierunku liczby *E. coli* i *C. perfringens*. Porównując uzyskane wyniki badań, przez w/w autorów, można zaobserwować podobne trendy do wyników opisanych w niniejszym raporcie. Zaobserwowano, w grupach badanych, spadek liczby *E. coli* i *C. perfringens*, jak również odnotowano spadek całkowitej liczby bakterii z grupy coli oraz całkowitej liczby grzybów. Wyniki Czech i in. wskazują na

pozytywny wpływ skarmiania paszą, z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej, już w procesie skarmiania prosiąt (Czech i in. 2021).

Ze względu na fakt iż, w odchodach świń karmionych sfermentowaną paszą rzepakową, nie wykryto obecności patogennych bakterii takie odchody doskonale nadają się jako naturalny nawóz (gnojowica czy obornik), stanowiąc doskonale źródło składników organicznych dla roślin. Ponadto, w próbkach kału świń karmionych sfermentowaną paszą rzepakową stwierdzono statystycznie istotne wyższe poziomy liczby bakterii fermentacji mlekowej niż w przypadku próbek kału pochodzących od świń skarmianych paszą konwencjonalną. Obecność bakterii mlekowych w gnojowicy czy oborniku jest szczególnie ważna, gdyż ten naturalny nawóz, wyrzucany na pole, będzie intensyfikował procesy mikrobiologiczne w glebie, przyspieszał humifikację oraz rozkład resztek poźniwnych, zwiększał zawartość próchnicy i wody w glebie. Stwierdzone w badaniach, w wysokiej liczbie, powyżej 10^9 jtk/g kału żywe bakterie fermentacji mlekowej (LAB) pozytywnie będą wpływać na rozkład materii organicznej, kondycjonując glebę, zwiększając zawartość próchnicy i wody w glebie. Dzięki temu będą łagodzone skutki suszy. Za sprawą prozdrowotnych mikroorganizmów tj: drożdży na poziomie powyżej 10^4 jtk/g kału oraz LAB zostaną przywrócone do obiegu trudno dostępne składniki. Dobroczynna mikrobiota odchodów świń karmionych sfermentowaną śrutą rzepakową, potwierdzona w powyższych badaniach, aktywuje fermentację gnojowicy i obornika, a zahamowuje procesy gnilne, zmniejszając tym samym możliwość rozwoju patogenów i wielu szkodników glebowych. W glebie poprawiany jest proces kompostowania oraz przyspieszany jest rozkład pozostałości po pestycydach przez co rozpoczęte są procesy detoksyfikacji i biodezynfekcji. Dzięki wysokiej liczbie LAB i drożdży w odchodach świń karmionych sfermentowaną śrutą rzepakową podnosi się biologiczną aktywność gleby oraz poprawia jej żyzność i urodzajność, wzbogaca w bioaktywne składniki takie jak: enzymy, witaminy.

Podsumowanie i wnioski

1. Opracowano i wdrożono innowacyjną technologię fermentacji śruty rzepakowej jako paszy dla trzody chlewnej .
2. Do ukwaszenia śruty rzepakowej wykorzystano, opracowaną w laboratorium, kulturę startową, składającą się z wyselekcjonowanych szczepów bakterii fermentacji mlekowej oraz odpowiednich ras drożdży.
3. Grupę kontrolną zwierząt skarmiano paszą z dodatkiem fermentowanej śruty, a następnie po osiągnięciu odpowiedniej wagi zwierząt, dokonano ich uboju.

4. W trakcie tuczu systematycznie badano przyrosty mas obu grup zwierząt (grupy badanej i kontrolnej – skarmianej paszą konwencjonalną).
5. Przeprowadzono dwa cykle tuczu zwierząt. Po każdym cyklu wykonano badania jakościowe mięsa i jego wyrobów, badania przechowalnicze, ocenę organoleptyczną pozyskanych z obu grup zwierząt z każdego cyklu tuczu wyrobów mięsnych. Ponadto przeprowadzono dla wybranych wyrobów ankietę konsumencką.
6. Po każdym cyklu tuczu, wykonano badania metagenomiczne i molekularne gnojowicy i obornika oraz mikrobiomu zwierząt obu grup. Polegały one na ocenie zmian składu taksonomicznego i bioróżnorodności mikrobioty jelita trzody chlewnej, skarmianej paszą z dodatkiem fermentowanej śruty rzepakowej w porównaniu z grupą kontrolną skarmianą fermentowaną śrutą sojową.
7. Na podstawie uzyskanych wyników, wykazano, iż mieszanka paszowa wzbogacona fermentowaną śrutą rzepakową znacząco wpłynęła na bioróżnorodność i skład taksonomiczny społeczności bakteryjnej mikrobioty jelitowej w badanej grupie zwierząt. Nasze wyniki pokazały, że korzystne rodzaje bakterii, *Lactobacillus*, *Prevotella*, *Blautia* czy *Faecalibacterium* występowały częściej w grupie zwierząt skarmianych paszą z dodatkiem sfermentowanej śruty rzepakowej.
8. Dieta zwierząt wzbogacona w fermentowaną śrutę rzepakową modulowała strukturę mikroflory jelitowej. Co ważne, zwiększyła liczebność ważnych komensalnych taksonów bakteryjnych, które są producentami bioaktywnych metabolitów, tj. octanu, maślanu, propionianu. SCFAs wywierają korzystne działanie na funkcjonowanie nabłonka jelitowego, zapewniając zachowanie szczelnej bariery jelitowej oraz statusu odpornościowego gospodarza. Wpływa to na poprawę zdrowia zwierząt i dobrostan, a w konsekwencji na efektywność produkcji.
9. Prowadzone badania jakościowe mięsa i jego wyrobów, pozwoliły na postawienie hipotezy, że jakość mięsa i wyrobów mięsnych jest na wyższym poziomie dla surowca ze sztuk świń żywionych fermentowaną śrutą rzepakową, w porównaniu z obecnie stosowanymi powszechnie paszami z dodatkiem śruty sojowej.
10. Fermentowana śruta rzepakowa może całkowicie zastąpić białko sojowe (najczęściej z nasion GMO) w żywieniu trzody chlewnej. Wykazano, że produkty otrzymane z mięsa trzody żywionej fermentowaną śrutą rzepakową są bezpieczne mikrobiologicznie.

11. W żadnej z badanych próbek mięsa i wyrobów mięsnych nie stwierdzono obecności takich patogenów jak *Salmonella* spp., *L. monocytogenes*. Wszystkie próbki mięsa, niezależnie od sposobu żywienia świń, były bezpieczne mikrobiologicznie i charakteryzowały się niskimi wartościami mikrobiologicznych parametrów higienicznych, świadczących o wysokim standardzie higieny produkcji gospodarstwa rolnego, ubojni oraz higieny produkcji.
12. Podczas przechowywania oceniano dynamikę zmian poziomu mikroflory i przede wszystkim zmian chemicznych w wyniku utleniania. Wyniki przeprowadzonych analiz fizykochemicznych, mikrobiologicznych i ocen sensorycznych wskazały na możliwość produkcji bardzo wartościowych żywieniowo produktów z wykorzystaniem mięsa i tłuszczu pozyskanego ze świń skarmianych śrutą rzepakową poddaną procesowi fermentacji.
13. Wykazano wzrost właściwości prozdrowotnych mięsa w zakresie tłuszczu mięśniowego produktów z mięsa zwierząt żywionych fermentowaną śrutą rzepakową.
14. Badania przechowalnicze wytworzonych wyrobów mięsnych, produkowanych z mięsa świń karmionych dwoma różnymi sposobami, w celu ustalenia ewentualnych różnic w terminach ich przydatności do spożycia nie wykazały różnic istotnych statystycznie w badanych terminach.
15. Żywienie zwierząt fermentowaną śrutą rzepakową zmniejszyło koszty hodowli, stanowiąc korzystną alternatywę dla małych producentów trzody chlewnej.
16. Otrzymane oceny konsumenckie wyrobów mięsnych wykazały celowość badań i wdrożeń proponowanej technologii do produkcji zwierzęcej.
17. Wyniki badań były prezentowane na konferencjach naukowych oraz opublikowane w czasopiśmie krajowych i zagranicznych.

Literatura

1. Baryłko-Pikielna N., Matuszewska I., (2009). Sensoryczne badania żywności. Podstawy –Metody - Zastosowania. Wydawnictwo Naukowe PTTŻ, Kraków.
2. Bekaert M., Edger P.P., Hudson C.M., Pires J.C, Conant G.C. Metabolic and evolutionary cost of herbivory defences. Systems biology of glucosinolate synthesis. New. Phytol., 2012, 196(2), 596-605.
3. Biel W., Gawęda D., Łysoń E., Hury G. Wpływ czynników genetycznych i agrotechnicznych na wartość odżywczą nasion soi. Acta Agroph., 2017, 24(3), 395-404.
4. Boerema A., Peeters A., Swolfs S., Vandevenne F., Jacobs S., Staes J. Meir P. Soybean trade: balancing environmental and socio-economic impacts of an intercontinental market. PLoS One, 2016, 1-13.
5. Brzóska F. Soja niemodyfikowana genetycznie- jej produkcja i możliwości wykorzystania w żywieniu zwierząt w Polsce Cz. 2. Pasze sojowe w żywieniu zwierząt. Wiad. Zootech., 2017, 1, 67-79.
6. Brzóska F., Bogdan Śliwiński B., Michalik-Rutkowska O. Pasze rzepakowe- miejsce w bilansie białkowym kraju oraz wartość pokarmowa. Cz. 1. Wiad. Zootech., 2010, 2-3, 11-18.
7. Canibe N., Jensen B.B. Fermented liquid feed-microbial and nutritional aspects and impact on enteric diseases in pigs. Anim. Feed Sci. Tech., 2012, 173, 17-40.

8. Canibe, N., & Jensen, B. B. (2012). Fermented liquid feed—Microbial and nutritional aspects and impact on enteric diseases in pigs. *Animal Feed Science and Technology*, 173(1-2), 17-40.
9. Choi H.B., Jeong J.H., Kim D.H., Lee Y., Kwon H., Kim Y.Y. Influence of rapeseed meal on growth performance, blood profiles, nutrients digestibility and economic benefit of growing-finishing pigs. *Asian-Australasian J. Anim. Sci.*, 2015, 28, 1345-1355.
10. Choi, H. B., Jeong, J. H., Kim, D. H., Lee, Y., Kwon, H., & Kim, Y. Y. (2015). Influence of rapeseed meal on growth performance, blood profiles, nutrient digestibility and economic benefit of growing-finishing pigs. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 28(9), 1345.
11. Czech A., Grela E.R., Kiesz M. Dietary fermented rapeseed or/and soybean meal additives on performance and intestinal health of piglets. *Scientific Reports.*,2021, 11 (16952),1-9.
12. Czech A., Kiesz M., Klos S. Efektywność wykorzystania fermentowanej poekstrakcyjnej śruty rzepakowej w żywieniu loch. *Naukovo-tehničnij buleten' Deržavnogo Naukovo-Doslidnogo Kontrol'nogo Institutu Veterinarnih Preparativ Ta Kormovih Dobavok i Institutu Biologii Tvarin*, 2019, 20(2), 406-416.
13. De Visser C.L.M., Schreuder R., and Stoddard F. The EU's dependency on soya bean import for the animal feed industry and potential for EU produced alternatives. *OCL*, 2014, 21(4), D407.
14. Florou-Paneri P., Christaki E., Giannenas I., Bonos E., Skoufos I. Alternative protein sources to soybean meal in pig diets. *J. Food Agric. Environ.*, 2014, 12, 655-660.
15. Grau R., Hamm R. (1952). Eine einfache Methode zur Bestimmung der Wasserbindung in Fleisch. *Fleischwirtschaft* 4. 295-297.
16. Grela, E. R., Czech, A., Kiesz, M., Wlazło, Ł., & Nowakowicz-Dębek, B. (2019). A fermented rapeseed meal additive: Effects on production performance, nutrient digestibility, colostrum immunoglobulin content and microbial flora in sows. *Animal Nutrition*, 5(4), 373-379.
17. Hou, G., Li, R., Yin, Y., YIN, J., Wei, L., Peng, W., ... & Huang, X. (2022). *Lactobacillus delbrueckii* might lower serum triglyceride levels via colonic microbiota modulation and SCFA-mediated fat metabolism in parenteral tissues of growing-finishing pigs. *Frontiers in Veterinary Science*, 1459.
18. https://ec.europa.eu/info/sites/default/files/food-farming_fisheries/farming/documents/eu-feed-protein-balance-sheet_2020-2021_en.pdf 14.06.2023
19. Hyeok M.Y., Xin J.L., Sang I.L., In H.K. Rapeseed meal and canola meal can partially replace soybean meal as a protein source in finishing pigs. *J. Appl. Anim. Res.*, 2017, 46, 195-199.
20. ISO 13299:2016 Sensory analysis — Methodology — General guidance for establishing a sensory profile
21. Kaczmarek P., Korniewicz D., Lipiński K., Mazur M. Chemical composition of rapeseed products and their use in pig nutrition. *Pol. J. Natur. Sc.*, 2016, 31(4), 545-562.
22. Kapusta F. Ewolucja miejsca i roli rzepaku w rolnictwie oraz gospodarce Polski. *Zesz. Nauk. SGGW w Warszawie. Probl. Rol. Świat.*, 2015, 15(2), 85-95.
23. Kober, A. H., Riaz Rajoka, M. S., Mehwish, H. M., Villena, J., & Kitazawa, H. (2022). Immunomodulation potential of probiotics: a novel strategy for improving livestock health, immunity, and productivity. *Microorganisms*, 10(2), 388.
24. Kwak, M. J., Tan, P. L., Oh, J. K., Chae, K. S., Kim, J., Kim, S. H., ... & Whang, K. Y. (2021). The effects of multispecies probiotic formulations on growth performance, hepatic metabolism, intestinal integrity and fecal microbiota in growing-finishing pigs. *Animal Feed Science and Technology*, 274, 114833.
25. Lehuger S., Benoît G., Gagnaire N. Environmental impact of the substitution of imported soybean meal with locally-produced rapeseed meal in dairy cow feed. *J. Clean Prod.*, 2009, 17, 616-624.
26. Li, J., Li, H., Zhou, Y., Xiang, H., Lv, M., Ruan, B., ... & Sun, P. (2023). Effects of Compound Probiotics on Cecal Microbiota and Metabolome of Swine. *Animals*, 13(6), 1006.
27. Mounir, M., Ibjibijen, A., Farih, K., Rabetafika, H. N., & Razafindralambo, H. L. (2022). Synbiotics and Their Antioxidant Properties, Mechanisms, and Benefits on Human and Animal Health: A Narrative Review. *Biomolecules*, 12(10), 1443.
28. Nega T., Woldes Y. Review on nutritional limitations and opportunities of using rapeseed meal and other rape seed by products in animal feeding. *J. Nutr. Health Food Eng.*, 2018, 8(1), 43-48.
29. Niu Y, Jiang M, Guo M, Wan C, Hu S. Characterization of the factors that influence sinapine concentration in rapeseed meal during fermentation. *PLOS ONE*, 2015, 10(1), e0116470.
30. Okrouhla M., Stupka R., Citek J., Sprysl M., Brzobohaty L., Kluzakova E. The effect of replacing soybean meal with rapeseed meal on the production performance and meat chemical compositions in pigs. *Res. Pig Breed.*, 2012, 6, 36-39.

31. Patyra, E. (2015). Kwiatek K.: Glukozytolany–składniki antyżywnieniowe pasz. *Życie Weterynaryjne*, 90, 674-677.
32. Pereira, W. A., Franco, S. M., Reis, I. L., Mendonça, C. M., Piazzentin, A. C., Azevedo, P. O., & Oliveira, R. P. (2022). Beneficial effects of probiotics on the pig production cycle: An overview of clinical impacts and performance. *Veterinary Microbiology*, 109431.
33. Pikul, J., Leszczynski, D. E., & Kummerow, F. A. (1989). Evaluation of three modified TBA methods for measuring lipid oxidation in chicken meat. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 37(5), 1309-1313.
34. PN-A-04018:1975/Az3:2002 Produkty rolniczo-żywnościowe -- Oznaczanie azotu metodą Kjeldahla i przeliczanie na białko.
35. PN-A-82060:1999 Mięso i przetwory mięsne -- Oznaczanie zawartości fosforu.
36. PN-EN ISO 12966-1:2015-01 Oleje i tłuszcze roślinne oraz zwierzęce -- Chromatografia gazowa estrów metylowych kwasów tłuszczowych -- Część 1: Przewodnik do nowoczesnej chromatografii gazowej estrów metylowych kwasów tłuszczowych.
37. PN-ISO 1442:2000 Mięso i przetwory mięsne -- Oznaczanie zawartości wody (metoda odwoławcza).
38. PN-ISO 1444:2000 Mięso i przetwory mięsne -- Oznaczanie zawartości tłuszczu wolnego.
39. PN-ISO 1841-2:2002 Mięso i przetwory mięsne -- Oznaczanie zawartości chlorków -- Część 2: Metoda potencjometryczna.
40. PN-ISO 2917:2001 Mięso i przetwory mięsne. Pomiar pH. Metoda odwoławcza.
41. PN-ISO 3100:1999 Mięso i przetwory mięsne. Pobieranie i przygotowanie próbek do badań.
42. PN-ISO 4121:1998 Analiza sensoryczna -- Metodologia -- Ocena produktów żywnościowych przy użyciu metod skalowania.
43. Pohja N.S. Ninivaara F.P. (1957). Die Bestimmung der Wasserbindung des Fleisches mittels der Konstanzdruckmethods. *Fleischwirtschaft* 9, 193-195.
44. Quiniou, N., Quinsac A., Crepon K., Evrard J., Peyronnet C. Effects of feeding 10% rapeseed meal (*Brassica napus*) during gestation and lactation over three reproductive cycles on the performance of hyperprolific sows and their litters. *Can. J. Anim. Sci.*, 2012, 92, 513-524.
45. Skoufos I., Tzora A., Giannenas I., Bonos E., Papagiannis N., Tsinas A., Christaki E., Florou-Paneri P.: Dietary inclusion of rapeseed meal as soybean meal substitute on growth performance, gut microbiota, oxidative stability and fatty acid profile in growing-fattening pigs. *Asian J. Anim. Vet. Adv.*, 2016, 11, 89-97.
46. Sobotka W., Fiedorowicz-Szatkowska E. The effect of replacing genetically modified soybean meal with 00-rapeseed meal, faba bean and yellow lupine in grower-finisher diets on nutrient digestibility, nitrogen retention, selected blood biochemical parameters and fattening performance of pigs. *Animals*, 2021, 11, 960.
47. Sobotka, W., Pomianowski, J. F., & Wójcik, A. (2012). Wpływ zastosowania genetycznie zmodyfikowanej poekstrakcyjnej śrutu sojowej oraz poekstrakcyjnej śrutu rzepakowej, 00'na efekty tuczu, właściwości technologiczne i sensoryczne mięsa świń. *Żywność Nauka Technologia Jakość*, 1(80), 106-115.
48. Świątkiewicz S., Świątkiewicz M., Arczewska-Włosek A., Józefiak D.: Genetically modified feed and their effect on the metabolic parameters of food-producing animals: A review of recent studies. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 2014, 198, 1-19.
49. Tomaszewska E, Muszyński S, Dobrowolski P, Kamiński D, Czech A, Grela ER, Wiącek D., Tomczyk-Warunek A.: Dried fermented post extraction rapeseed meal given to sows as an alternative protein source for soybean meal during pregnancy improves bone development of their offspring. *Livest. Sci.*, 2019, 4, 60-8.
50. Torres-Pitarch A., Moset V., Ferrer P., Cambra-lopez M., Hernandez P. The inclusion of rapeseed meal in fattening pig diets, as partial replacer of soybean meal, alters nutrient digestion, faecal composition and biochemical methane potential from faeces. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 2014, 198, 215-223.
51. Wang, Y.; Liu, J.; Wei, F.; Liu, X.; Yi, C.; Zhang, Y. Improvement of the nutritional value, sensory properties and bioavailability of rapeseed meal fermented with mixed microorganisms. *LWT* 2019, 112, 108238.
52. Zamojska, D., Nowak, A., Nowak, I., & Macierzyńska-Piotrowska, E. (2021). Probiotics and postbiotics as substitutes of antibiotics in farm animals: A review. *Animals*, 11(12), 3431.