

Zmienność mikroflory w czasie produkcji serów typu holenderskiego o różnej zawartości tłuszczu^{*)}

ANTONI PLUTA, ANNA RUTKA, ANNA BERTHOLD

Zakład Biotechnologii Mleka Katedry Biotechnologii, Mikrobiologii i Oceny Żywności Wydziału Technologii Żywności
SGGW, ul. Nowoursynowska 159c, 02-787 Warszawa

Pluta A., Rutka A., Berthold A.

Changes in microflora during production of Dutch-type cheese with varied fat content

Summary

The aim of the study was to compare changes in the quantity of various groups of bacteria during production and ripening between low-fat Dutch type cheese and full-fat cheese. The following groups of microorganisms were determined: total bacteria count, caseolytic bacteria, lipolytic bacteria, coliform bacteria, enterococci, yeasts and moulds. All the samples demonstrated the highest number of tested microorganisms, with the exception of enterococci, after the pressing stage. The number of enterococci was over 10^6 CFU per grams in the cheese after the 9 weeks of ripening, although they were not detected in 1 cm^3 of cheese milk. The differences between the number of tested microorganisms, excluding coliform bacteria, in low-fat and full-fat cheeses was not higher than one order of magnitude in all stages of production. Moulds and yeasts were not detected in 0.1 g of any of the tested samples after coliform bacteria ripened. The number and type of microflora have no influence on the eventual inferior properties of low-fat cheese.

Keywords: low-fat cheese, microbiological changes

W ostatnich latach coraz większą popularność zyskują sery podpuszczkowe dojrzewające o obniżonej zawartości tłuszczu. Mają one jednak bardzo często uboższe cechy organoleptyczne niż ich pełnotłuste odpowiedniki. Najczęstsze wady cech organoleptycznych dotyczą konsystencji określanej jako: gumowata, krucha, sucha, ziarnista oraz zbyt słabego smaku i zapachu.

Podczas wyrobu i dojrzewania sera zachodzi szereg procesów fizycznych, chemicznych oraz mikrobiologicznych, które w efekcie warunkują określone cechy sensoryczne i wartość odżywczą produktu. Jednym z głównych czynników decydujących o końcowej jakości sera jest jego jakość mikrobiologiczna. W głównej mierze zależy ona od jakości surowca, stosowanej technologii produkcji, warunków w czasie dojrzewania i późniejszego przechowywania w sieci handlowej i u konsumenta. W literaturze, zarówno krajowej, jak i zagranicznej brak jest publikacji na temat jakości mikrobiologicznej niskotłuszczowych serów typu holenderskiego oraz zmian liczebności różnych grup drobnoustrojów w trakcie wyrobu i dojrzewania tego typu produktów.

Celem badań było określenie zmian liczby wybranych grup drobnoustrojów w podpuszczkowym niskotłuszczowym serze typu holenderskiego w porównaniu z jego pełnotłustym odpowiednikiem w czasie

wyrobu i dojrzewania. Badania takie mogą przyczynić się ewentualnie do wyjaśnienia przyczyn uboższych cech smakowo-zapachowych serów niskotłuszczowych typu holenderskiego oraz określić źródła pochodzenia mikroflory niepożądanego.

Materiał i metody

Badania przeprowadzono na próbkach pobranych w trakcie wyrobu 6 warów serów niskotłuszczowych (N) (15-16% tł., 50-53% s.m., 30% tł. w s.m.) i 3 warów serów pełnotłustych (P) (26-28% tł., 57-60% s.m., 40% tł. w s.m.) wyprodukowanych w warunkach przemysłowych w oparciu o technologię produkcji sera gouda. Zmiany w procesie technologicznym produkcji sera niskotłuszczowego w stosunku do sera pełnotłustego polegały na zwiększeniu zawartości suchej masy mleka serowarskiego poprzez dodatek odtłuszczonego mleka w proszku, obniżeniu temperatury dogrzewania gęstwy serowej, zwiększeniu dodatku wody płuczającej do gęstwy serowej, skróceniu czasu prasowania właściwego sera i skróceniu czasu solenia.

W próbkach pobranych z mleka po pasteryzacji (MP), mleka po dodaniu zakwasu i przed dodaniem podpuszczki (MZ), serów po prasowaniu (PR), serów po soleniu (SOL) i serów po 1, 3, 5, 7, i 9 tygodniach (T) dojrzewania oznaczono metodą płytkową: ogólną liczbę drobnoustrojów (OLD) (MRS Agar, Merck, pH = 7,0; 30°C/72 h), liczbę bakterii kazeolitycznych (agar wodny z 10% dodatkiem mleka; 30°C/72 h), bakterii lipolitycznych (Tributyryn Agar, Merck; 30°C/72 h), enterokoków (Kanamycyn Esculin Azi-de Agar, Merck; 37°C/48 h), bakterii z grupy *coli* (VRB

^{*)} Badania wykonano w ramach grantu KBN 3P06T 05 022.

Agar, Merck; 30°C/24 h) oraz pleśni i drożdży (YGC Agar, Merck; 25°C/5 dni).

Otrzymane wyniki stanowią wartości średnie obliczone z danych dla 6 warów serów niskotłuszczowych i 3 warów serów pełnotłustych.

Wyniki i omówienie

W tab. 1 podano ogólną liczbę bakterii, liczbę bakterii kazeolitycznych i lipolitycznych w badanych serach w poszczególnych etapach ich produkcji. Ogólna liczba drobnoustrojów (OLD) w mleku pasteryzowanym przeznaczonym na oba rodzaje serów wynosiła do kilku tysięcy j.t.k w 1 cm³. Po dodaniu szczepionki serowarskiej mikroflorę mleka stanowiły głównie bakterie mlekowe pochodzące z tej szczepionki, a ich liczba w obu przypadkach wynosiła ponad 10⁶ j.t.k. w 1 cm³. Największą ogólną liczbę bakterii stwierdzono w serach pełnotłustych i niskotłuszczowych po etapie prasowania. Wyniki te znajdują potwierdzenie w danych piśmiennictwa (11, 13). W serach pełnotłustych po etapie solenia ogólna liczba drobnoustrojów w 1 g zmniejszyła się, czego nie zaobserwowano w serach niskotłuszczowych. Różnica ta może wynikać z dłuższego czasu solenia serów pełnotłustych (48 h) w stosunku do niskotłuszczowych (36 h). W efekcie, nawet przy takiej samej końcowej zawartości soli w obu rodzajach serów, stężenie soli w fazie wodnej sera pełnotłustego mogło być większe ze względu na niższą zawartość wody w tych serach. Do końca badanego okresu OLD utrzymywała się zarówno w serach pełnotłustych, jak i niskotłuszczowych na poziomie około 10⁷ j.t.k. w 1 g. Różnice w ogólnej liczbie drobnoustrojów w serach na żadnym z etapów produkcji serów niskotłuszczowych i pełnotłustych nie przekraczały jednego rzędu wielkości. Odmienne wyniki otrzymali Haque i wsp. (7), którzy porównywali ogólną liczbę bakterii w pełnotłustym serze cheddar i jego niskotłuszczowym odpowiedniku. W początkowych etapach produkcji liczba ta była identyczna w obu rodzajach sera, natomiast przez cały okres dojrzewania (5 miesięcy) większą ogólną liczbę bakterii, a także bakterii fermentacji mlekowej badacze stwierdzili w serach z większą zawartością tłuszczu. Różnica ta wskazywać by mogła, że bakterie pochodzące z zakwasu mają generalnie większe powinowactwo do środowiska tłuszczowego. Tezę taką potwierdziły także badania Laloya i wsp. (10). Według tych autorów większą liczbę bakterii w serze pełnotłustym można tłumaczyć większym stopniem zatrzymywania bakterii starterowych w skrzepie i ewentualnie lepszymi warunkami ich rozwoju. Obserwacje dokonane przez wymienionych autorów za pomocą mikroskopu elektronowego wykazały, że około 85% populacji bakterii mlekowych było zlokalizowane w bliskim sąsiedztwie kuleczek tłuszczowych.

Tab. 1. Ogólna liczba drobnoustrojów, bakterii kazeolitycznych i lipolitycznych w poszczególnych etapach produkcji serów pełnotłustych i niskotłuszczowych

Etap produkcji*	Liczba j.t.k. w 1 cm ³ lub 1 g					
	OLD		Bakterie kazeolityczne		Bakterie lipolityczne	
	P	N	P	N	P	N
MP	5,0 × 10 ³	1,6 × 10 ³	6,5 × 10 ³	4,9 × 10 ²	9,9 × 10 ²	1,1 × 10 ³
MZ	7,3 × 10 ⁶	6,0 × 10 ⁶	8,9 × 10 ⁶	3,6 × 10 ⁶	2,2 × 10 ³	3,5 × 10 ³
PR	5,3 × 10 ⁸	7,4 × 10 ⁸	5,1 × 10 ⁸	5,3 × 10 ⁸	5,5 × 10 ³	1,4 × 10 ⁴
SOL	5,1 × 10 ⁷	4,3 × 10 ⁸	3,9 × 10 ⁷	1,3 × 10 ⁸	2,6 × 10 ³	6,8 × 10 ³
1T	4,6 × 10 ⁷	8,2 × 10 ⁷	3,4 × 10 ⁷	4,9 × 10 ⁷	2,2 × 10 ³	5,9 × 10 ³
3T	3,6 × 10 ⁷	5,0 × 10 ⁷	1,9 × 10 ⁷	3,0 × 10 ⁷	1,8 × 10 ³	4,3 × 10 ³
5T	2,8 × 10 ⁷	2,3 × 10 ⁷	1,4 × 10 ⁷	1,9 × 10 ⁷	1,7 × 10 ³	3,1 × 10 ³
7T	3,6 × 10 ⁷	1,9 × 10 ⁷	7,2 × 10 ⁶	1,3 × 10 ⁷	1,5 × 10 ³	2,8 × 10 ³
9T	5,5 × 10 ⁷	1,5 × 10 ⁷	5,0 × 10 ⁶	9,8 × 10 ⁶	9,3 × 10 ²	2,5 × 10 ³

Objaśnienie: * skróty podano w tekście

Podstawową grupą bakterii o uzdolnieniach kazeolitycznych występujących w serach są bakterie fermentacji mlekowej pochodzące ze szczepionki. W procesie dojrzewania sera istotną rolę odgrywają enzymy proteolityczne bakterii mlekowych. Oprócz proteinazy związanej z powierzchnią komórek i odpowiedzialnej za początkowy etap rozkładu kazeiny, aktywnie działają peptydazy, które po autolizie komórek i ich uwolnieniu do masy sera przyczyniają się do tworzenia peptydów i wolnych aminokwasów. Działalność ta, stanowiąc najważniejszy czynnik w procesie dojrzewania, wpływa zarówno na teksturę, jak i na cechy sensoryczne sera (1-3, 11, 12). Spośród drobnoustrojów przeżywających pasteryzację oraz pochodzących z reinfekcji najbardziej aktywne kazeolitycznie są rodzaje: *Pseudomonas*, *Alcaligenes*, *Proteus*, *Acinetobacter* i *Bacillus* oraz niektóre gatunki *Clostridium*. Wiele drobnoustrojów o zdolnościach kazeolitycznych wykazuje także właściwości psychrotrofowe i obie te grupy mają wiele cech wspólnych (14). Drobnoustroje kazeolityczne występowały w mleku po pasteryzacji w liczbie 10²-10³ j.t.k. w 1 cm³. W kolejnych etapach produkcji zmiana liczby drobnoustrojów tej grupy pokrywała się ze zmianami ogólnej liczby drobnoustrojów i miała podobny przebieg dla serów niskotłuszczowych i pełnotłustych. W serach po 9 tygodniach dojrzewania liczba bakterii kazeolitycznych wynosiła w serach niskotłuszczowych 5,0 × 10⁶, a w serach pełnotłustych – 9,8 × 10⁶ j.t.k. w 1 g.

Lipoliza jest procesem, któremu przypisuje się największy wpływ na aromat i w pewnym stopniu na smak serów. Bakterie fermentacji mlekowej wykazują aktywność lipolityczną i mogą hydrolizować tłuszcz mleczny, ale są to uzdolnienia stosunkowo słabe, w związku z czym rola bakterii starterowych w przemianach tłuszczu wydaje się ograniczona i najmniej znacząca w procesie dojrzewania. O wiele silniejsze właściwości lipolityczne w serach wykazują drobnoustroje

Tab. 2. Liczba bakterii z grupy *coli*, enterokoków oraz pleśni i drożdży w poszczególnych etapach produkcji serów pełnotłustych i niskotłuszczowych

Etap produkcji	Liczba j.t.k. w 1 cm ³ lub 1 g					
	Bakterie z grupy <i>coli</i>		Enterokoki		Pleśnie i drożdże	
	P	N	P	N	P	N
MP	nb w 1 cm ³		nb w 1 cm ³		nb w 1 cm ³	
MZ	nb w 1 cm ³		nb w 1 cm ³		nb w 1 cm ³	
PR	nb w 0,1 g	2,8 × 10 ²	7,6 × 10 ²	1,5 × 10 ³	nb w 0,1 g	
SOL	5,0 × 10 ²	1,9 × 10 ²	5,3 × 10 ³	1,5 × 10 ⁴		
1T	2,1 × 10 ²	6,2 × 10 ¹	4,3 × 10 ⁵	1,8 × 10 ⁵		
3T	1,3 × 10 ²	nb w 0,1 g	1,8 × 10 ⁶	2,7 × 10 ⁶		
5T	nb w 0,1 g		2,4 × 10 ⁶	6,1 × 10 ⁶		
7T			4,2 × 10 ⁶	4,4 × 10 ⁶		
9T			2,2 × 10 ⁶	2,9 × 10 ⁶		

Objaśnienie: nb – nieobecne

ustroje pochodzące z surowca lub z reinfekcji. Do najczęściej występujących w serach należą bakterie z rodzajów: *Pseudomonas*, *Alcaligenes*, *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Klebsiella*, *Moraxella*, *Enterobacter*, *Micrococcus* (14). W próbkach mleka po pasteryzacji bakterie lipolityczne występowały w liczbie około 10³ j.t.k. w 1 cm³. Liczba ta nie zmieniała się znacznie w trakcie produkcji serów i po 9 tygodniach dojrzewania wynosiła 9,3 × 10² j.t.k. w 1 g serów pełnotłustych i 2,5 × 10³ j.t.k. w 1 g serów niskotłuszczowych.

W tab. 2 podano liczbę bakterii z grupy *coli*, liczbę enterokoków oraz pleśni i drożdży w badanych serach w poszczególnych etapach ich produkcji. Bakterie z grupy *coli* są niepożądane w serach i stanowią wskaźnik poziomu higieny produkcji w zakładzie przemysłowym. Przy liczebności powyżej 10⁵ j.t.k. w 1 g sera mogą być przyczyną tzw. wczesnych wzdęć serów, objawiających się nieprawidłowym oczkowaniem, a w skrajnych przypadkach rozrywaniem mięszu sera i nietypowymi cechami smakowo-zapachowymi. Tempo rozwoju i wymierania bakterii z grupy *coli* zależy od wzrostu kwasowości, a dokładniej od użytej szczepionki powodującej spadek pH do wartości 5,4-5,5 (14, 15).

W badanych serach bakterie z grupy *coli* pojawiły się po etapach, w których najprawdopodobniej nie zachowano odpowiedniej higieny produkcji, to znaczy w przypadku serów pełnotłustych po etapie solenia serów, a w serach niskotłuszczowych – po etapie prasowania serów. Na poziomie ok. 10² j.t.k. w 1 g utrzymywały się aż do początkowego okresu dojrzewania, po czym wymierały. W żadnej z próbek serów w 5. tygodniu dojrzewania nie stwierdzono bakterii z grupy *coli* w 0,1 g. Badania krajowych serów rynkowych przeprowadzone przez Kazimierczak i wsp. (9) wykazały, że jedynie 41% przebadanych próbek nie zawierało w 0,1 g bakterii z grupy *coli*. Pozostałe próbki były zanieczyszczone tymi drobnoustrojami na poziomie 10-10⁴ j.t.k. w 1g.

Nie stwierdzono obecności enterokoków w 1 cm³ mleka po pasteryzacji ani w mleku po dodaniu zakwasu. Ich obecność w serach w liczbie ok. 10³ j.t.k. w 1 g odnotowano dopiero po prasowaniu obu rodzajów. Znaczne zwiększenie liczby enterokoków stwierdzono w pierwszym tygodniu dojrzewania (o 1-2 rzędy wielkości). Pod koniec okresu dojrzewania liczba paciorkowców kałowych przekraczała 10⁶ j.t.k. w 1 g, zarówno w serach pełnotłustych, jak i o obniżonej zawartości tłuszczu. Enterokoki występują w mleku surowym i przeżywają obróbkę cieplną stosowaną przy produkcji serów podpuszczkowych dojrzewających (72-75°C/15-20 sek.), w związku z czym ich obecność w serach może świadczyć zarówno o niskiej jakości mikrobiologicznej surowca, jak i o zanieczyszczeniach popasteryzacyjnych. Niektórzy badacze (1) wyrażają pogląd, że enterokoki odgrywają

pozytywną rolę w dojrzewaniu serów. W porównaniu z bakteriami starterowymi przeżywają one w serze dłużej przede wszystkim ze względu na lepszą tolerancję na podwyższoną kwasowość i stężenie NaCl oraz na szerszy zakres temperatury wzrostu. Enterokoki także aktywniej hydrolizują tłuszcz mleczny, co może korzystnie wpływać na cechy smakowo-zapachowe dojrzalego sera. Jednocześnie dane piśmiennictwa (14) sugerują, że w serach kierowanych do sprzedaży liczba enterokoków nie powinna być większa niż 10⁶ j.t.k. w 1 g, co jest podyktowane aspektami zdrowotnymi i możliwością wywoływania zatruc pokarmowych przez tę grupę bakterii. W badaniach Kazimierczak i wsp. (9) ponad 92% próbek krajowych serów rynkowych spełniało te zalecenia. W niniejszych badaniach żadna z próbek serów po 9 tygodniach dojrzewania nie spełniała tych wymagań. Pomimo braku w danych literaturowych doniesień o zatruciach pokarmowych wywołanych przez enterokoki po spożyciu serów, wydaje się uzasadnione oznaczanie enterokoków w serach po dojrzewaniu, gdyż otrzymane wyniki wskazują na możliwość ich rozwoju w czasie dojrzewania.

Obecność pleśni i drożdży w serach jest efektem zanieczyszczeń popasteryzacyjnych, a głównymi źródłami: powietrze, powierzchnia urządzeń, solanka oraz pracownicy. Najczęściej występującymi w serowniach rodzajami drożdży są: *Debaryomyces*, *Candida*, *Kluyveromyces*, *Rhodotorula*, *Saccharomyces*, *Trichosporon* i *Cryptococcus* (6, 16-18). Występowanie drożdży w serach twardych i półtwardych jest dość powszechne. Ich rozwój w nadmiernych ilościach może powodować niewłaściwe oczkowanie, odbarwienia, goryczkę, wady smaku oraz wzdęcia serów (4, 5, 16, 17). Aktywność drożdży w serach związana jest z ich zdolnością do wytwarzania zewnątrzkomórkowych proteaz i lipaz oraz tolerancją na niską temperaturę dojrzewalną i wysoką koncentrację soli (4, 17). Badania przeprowadzone przez Hoorwood i wsp. (8) wskazu-

ją, że w przypadku niedotrzymania zalecanych warunków produkcji (zbyt niska aktywność bakterii mlekowych i zawartość NaCl, zbyt wysoka zawartość wody) drożdże z rodzaju *Candida* mogą się swobodnie rozwijać w serze i powodować powstawanie niepożądanych cech organoleptycznych. Inni autorzy (16) stwierdzili natomiast, że pomimo faktu występowania drożdży nawet na poziomie 10^5 j.t.k./g, nie zawsze muszą one wywierać szkodliwy wpływ na jakość sera.

Stwierdzono także, że drożdże obecne w serach podpuszczkowych dojrzewających mogą być odpowiedzialne za pożądane zmiany biochemiczne, ponieważ pewne ich gatunki współdziałają w tworzeniu cech organoleptycznych i tekstury w niektórych serach. Jest to związane ze zdolnością kilku gatunków do fermentacji laktozy i w rezultacie do produkcji etanolu i aldehydu octowego. W konsekwencji ich aktywności proteolitycznej i lipolitycznej niektóre drożdże pośrednio pełnią ważną rolę w formowaniu prekursorów aromatu (aminokwasów, kwasów tłuszczowych, estrów) i stymulowaniu rozwoju innych organizmów poprzez wydzielanie stymulatorów wzrostu bakterii mlekowych (17, 18).

Badane próbki mleka serowarskiego i obu rodzajów serów na wszystkich etapach produkcji nie zawierały drożdży i pleśni w $1 \text{ cm}^3/0,1 \text{ g}$, co świadczy o braku reinfekcji.

Podsumowanie

Zarówno w serach niskotłuszczowych, jak i pełnotłustych największą liczbę bakterii ogółem i liczby pozostałych grup drobnoustrojów, z wyjątkiem enterokoków, stwierdzono po etapie prasowania serów. Liczba enterokoków przekroczyła w serach przeznaczonych do spożycia poziom 10^6 j.t.k./g, pomimo że nie stwierdzono ich obecności w 1 cm^3 mleka serowarskiego, co świadczy o możliwości ich rozwoju w czasie dojrzewania serów. Równocześnie tak duża ich liczba w badanych serach może wskazywać na niedostateczne warunki higieniczne w czasie procesu produkcyjnego.

Wszystkie badane sery nie zawierały po zakończeniu dojrzewania bakterii z grupy *coli* oraz drożdży i pleśni w $0,1 \text{ g}$, co świadczy o braku możliwości ich rozwoju w serach.

Porównując ogólną liczbę bakterii i liczbę poszczególnych grup drobnoustrojów w serach niskotłuszczowych i pełnotłustych można sądzić, że przyczyną ewentualnych uboższych cech organoleptycznych serów niskotłuszczowych nie jest liczba i rodzaj mikroflory. Ewentualną przyczyną gorszych cech organoleptycznych serów niskotłuszczowych najprawdopodobniej jest zmniejszenie prawie o połowę zawartości tłuszczu, który jest głównym czynnikiem kształtującym teksturę serów.

Piśmiennictwo

1. Bockelmann W.: The proteolytic system of starter and non-starter bacteria: components and their importance for cheese ripening. *Int. Dairy J.* 1995, 5, 977-994.
2. Crow V. L., Coolbear T., Gopal P. K., Martley F. G., McKay L. L., Riepe H.: The role of autolysis of lactic acid bacteria in the ripening of cheese. *Int. Dairy J.* 1995, 5, 855-875.
3. El Soda M. A.: The role of lactic acid bacteria in accelerated cheese ripening. *FEMS Microbiol. Rev.* 1993, 12, 239-252.
4. Fleet G. H., Mian M. A.: The occurrence and growth of yeasts in dairy products. *Int. J. Food Microbiol.* 1987, 4, 145-155.
5. Fleet G. H.: Yeasts in dairy products. *J. Appl. Bacteriol.* 1990, 68, 199-211.
6. Hocking A. D., Faedo M.: Fungi causing thread mould spoilage of vacuum packaged Cheddar cheese during maturation. *Int. J. Food Microbiol.* 1992, 16, 123-130.
7. Haque Z. U., Kucukoner E., Aryana K. J.: Aging-induced changes in populations of Lactococci, Lactobacilli and aerobic microorganisms in low-fat and full-fat Cheddar cheese. *J. Food Prot.* 1997, 60, 1095-1098.
8. Hoorwood J. F., Stark W., Hull R. R.: A „fermented, yeasty” flavour defect in Cheddar cheese. *Australian J. Dairy Technol.* 1987, 42, 25-26.
9. Kazimierzak A., Molska I., Nowosielska R.: Jakość mikrobiologiczna serów podpuszczkowych dojrzewających. *Przem. Spoż.* 1999, 53, 18-21.
10. Laloy E., Vuilleumard J.-C., El Soda M., Simard R. E.: Influence of the fat content of Cheddar cheese on retention and localization of starters. *Int. Dairy J.* 1996, 6, 729-740.
11. Lane C. N., Fox P. F.: Contribution of starter and adjunct Lactobacilli to proteolysis in Cheddar cheese during ripening. *Int. Dairy J.* 1996, 6, 715-728.
12. Lane C. N., Fox P. F.: Role of starter enzymes during ripening of Cheddar cheese made from pasteurized milk under controlled microbiological conditions. *Int. Dairy J.* 1997, 7, 55-63.
13. Lynch C. M., McSweeney P. L. H., Fox P. F., Cogan T. M., Drinan F. D.: Manufacture of Cheddar cheese with and without adjunct Lactobacilli under controlled microbiological conditions. *Int. Dairy J.* 1996, 6, 851-867.
14. Molska I.: Zarys mikrobiologii mleczarskiej. PWRiL, Warszawa 1988.
15. Piątkiewicz A.: Mikroflora mleka i produktów mleczarskich. *Przegl. Mlecz.* 1988, nr 12, 24-26.
16. Prentice G. A., Brown J. V.: The microbiology of Cheddar cheese manufacture. *Dairy Industries Intern.* 1983, 48, 23-26.
17. Viljoen B. C., Greyling T.: Yeasts associated with Cheddar and Gouda making. *Int. J. Food Microbiol.* 1995, 28, 79-88.
18. Welthagen J. J., Viljoen B. C.: Yeast profile in Gouda cheese during processing and ripening. *Int. J. Food Microbiol.* 1998, 41, 185-194.

Adres autora: dr inż. Antoni Pluta, ul. Nowoursynowska 159c, 02-787 Warszawa

DE CARLO E., RE G. N., LETERIELELLO R., DEL VECCHIO V., GIORDANELLI M. P., MAGNINO S., FABBI M., BAZZOCCHI C., BANDI C., GALIERO G.: Molekularna charakterystyka terenowego szczepu herpeswirusa bawołów izolowanego od bawołów (*Bubalus bubalis*) po reaktywacji farmakologicznej. (Molecular characterisation of a field strain of bubaline herpesvirus isolated from buffaloes (*Bubalus bubalis*) after pharmacological reactivation). *Vet. Rec.* 154, 171-174, 2004 (6)

U 2 bawołów (*Bubalus bubalis*) nie szczepionych przeciwko IBR stosowano codziennie iniekcje fosforanu sodowego deksametazonu w dawce 5 mg/kg przez 5 kolejnych dni. W surowicy bawołów występowały przeciwciała dla glikoproteiny herpeswirusa typ 1 (BoHV-1). Próbkę krwi, wymazy z jamy nosowej i pochwy badano w kierunku obecności wirusa codziennie począwszy od 5. do 15. dnia po zakończeniu stosowania deksametazonu. Wymazy z pochwy oraz krew nie zawierały wirusa BoHV-1. Wirus był obecny w 13 z 22 wymazów pochodzących z jamy nosowej. Izolaty dawały efekt cytopatyczny w pierwotnej hodowli komórek nerki płodu cielęcia i metodą PCR zostały zidentyfikowane jako herpeswirus. Obydwa izolaty posiadały identyczne geny kodujące glikoproteinę D i B. Były one ściśle spokrewnione bardziej z herpeswirusami typu 5 aniżeli z wirusem BoHV-1.