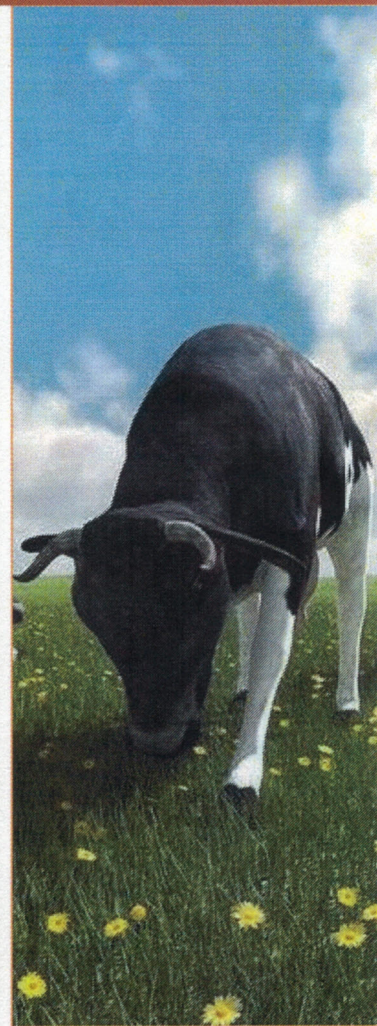


INSTYTUT ŻYWIENIA ZWIERZĄT I BROMATOLOGII
WYDZIAŁ BIOLOGII, NAUK O ZWIERZĘTACH I BIOGOSPODARKI
UNIwersytet PRZYRODNICZY W LUBLINIE

**XLVI Sesja Naukowa Sekcji
Żywienia Zwierząt
Komitet Nauk Zootechnicznych
i Akwakultury
Polska Akademia Nauk
21-23 czerwca 2017 rok**



Institute of Animal Nutrition and Bromatology



**FACULTY
OF BIOLOGY, ANIMAL SCIENCES
AND BIOECONOMY**

**XLVI Scientific Session of Group of Animal
Nutrition of The Committee on Animal Sciences
and Aquaculture
Polish Academy of Sciences**

**Lublin
June 21-23, 2017**

FERMENTACJA MIKROBIOLOGICZNA WYSOKOBIAŁKOWYCH SUROWCÓW PASZOWYCH

Kasprowicz-Potocka M.*, Zaworska A., Józefiak D.

Katedra Żywienia Zwierząt i Gospodarki Paszowej, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wołyńska 33, 60-637 Poznań; *malgokas@poczta.onet.pl

Wstęp Rzepak jest główną rośliną oleistą uprawianą w Polsce. Wg GUS krajową produkcję pasz rzepakowych szacuje się na poziomie 1200-1350 tys. ton. Tymczasem produkcja mieszanek paszowych dla samego drobiu w Polsce wynosi około 4 mln ton, co stanowi prawie 60% wszystkich mieszanek paszowych. Na cele paszowe wykorzystywać można surowe nasiona, makuchy, wytloki i śrutę poekstrakcyjną. Produkty te są bogatym źródłem białka, energii i kwasów tłuszczowych. Pasze rzepakowe zawierają jednak znaczne ilości włókna, a także kwas erukowy, glukozynolany, taniny i fityniany. Możliwości lokowania pasz rzepakowych w mieszankach paszowych dla drobiu są zatem niewielkie, gdyż, ze względu na skład, ogranicza się ich udział do 3-10 % w paszach dla niosek, 5-6% w paszach typu grower oraz do 10% w paszach finisz. Jednocześnie w Polsce i Europie od lat aktualny jest problem deficytu białka paszowego. Pasze rzepakowe mogłyby stanowić istotną alternatywę w dywersyfikacji źródeł białka, pod warunkiem poprawy ich cech funkcjonalnych i wartości odżywczej. Celem badań było wykorzystanie aktywnych mikroorganizmów (bakterie, drożdże, grzyby) do poprawy wartości pokarmowej śruty poekstrakcyjnej rzepakowej i wtyłoków rzepakowych.

Materiały i metody Fermentację prowadzono w fermentorach biologicznych z kontrolowanymi warunkami pracy (temperatura, pH). Do naczynia odważano po 100g śruty poekstrakcyjnej rzepakowej lub wtyłoków rzepakowych w 3 powtórzeniach. Komponenty fermentowano przez 24 godz. w 30°C stosując rozcieńczenie 1:3 (w/w). Jako inokulanty zastosowano preparat wielobakteryjny P, zawierający 3 szczepy bakterii kwasu mlekowego; drożdże *Saccharomyces cerevisiae*; drożdże i preparat P lub grzyby *Aspergillus niger*. We wszystkich materiałach oznaczono suchą masę i pH, a następnie wysuszono na tacach aluminiowych w suszarce laboratoryjnej w temp. 50-55°C. W otrzymanym materiale, jak i w wyjściowych komponentach, prowadzone były analizy chemiczne składników odżywczych i antyodżywczych.

Wyniki Fermentacja wtyłoków rzepakowych i śruty poekstrakcyjnej z wykorzystaniem wszystkich mikroorganizmów wpłynęła na zwiększenie udziału w produktach białka ogólnego (od 2 do 15%) i tłuszczu surowego (nawet do 38%). W niektórych preparatach stwierdzono wzrost udziału włókna. W przypadku wtyłoków rzepakowych obniżono także udział fosforu fitynowego nawet do 35%.

Tab. 1. Średni skład chemiczny produktów surowych i po fermentacji mikrobiologicznej

Komponenty	Składniki (% w uchej masie)	Komponenty surowe	Fermentowane			
			Preparat P	Drożdże	Preparat P + drożdże	<i>Aspergillus niger</i>
Wtyłoki rzepakowe	Sucha masa %	91,20	93,86	96,64	92,82	95,27
	Białko ogólne	32,51	34,24	37,24	35,75	34,34
	Popiół surowy	6,70	6,67	7,07	7,30	6,79
	Włókno surowe	15,51	16,17	16,53	20,28	16,30
	Tłuszcz surowy	9,96	9,73	10,68	11,02	9,46
	P-fitynowy	0,31	0,20	0,25	0,23	0,24
	P-ogólny	1,15	1,16	1,27	1,14	1,14
Śruta poekstrakcyjna rzepakowa	Sucha masa %	88,86	94,61	92,31	93,30	94,56
	Białko ogólne	39,39	40,11	42,77	44,48	40,31
	Popiół surowy	7,64	7,47	8,24	7,57	7,21
	Włókno surowe	15,51	16,23	17,56	17,75	15,75
	Tłuszcz surowy	1,27	1,44	1,48	1,76	1,46
	P-fitynowy	0,38	0,33	0,38	0,36	0,36
	P-ogólny	1,32	1,32	1,39	1,42	1,34

Podsumowanie Najbardziej efektywna okazała się fermentacja z udziałem drożdży oraz jednoczesne zastosowanie drożdży i preparatu P.

MICROBIAL FERMENTATION OF HIGH PROTEIN FEED COMPONENTS

Kasprowicz-Potocka M.*, Zaworska A., Józefiak D.

Department of Animal Nutrition and Feed Management, Faculty of Veterinary Medicine and Animal Sciences, Poznan University of Life Sciences, Wołyńska 33, 60-637 Poznan; *malgokas@poczta.onet.pl

Introduction Rape is the main oil plant cultivated in Poland. Accordingly, to the GUS data, annually national production of rapeseed feed achieves about 1200-1350 thousand tons. In Poland, the production of feeds for poultry is more than 4 million tons, what is almost 60% of the total feed mixtures for domestic animals. For feed formulation crude seeds, cakes and rapeseed meal can be used. These products are a rich protein, energy and fatty acids sources. Rapeseed components, from the other hand, contain fiber as so as erucic acid, glucosynolanes, tannin and phytate. The possibility of the use of rapeseed components in the feed mixtures is poor, because of their chemical characteristic. They could be used to about 3-10% in the feeds for laying hens, 5-6% in grower and up to 10% in finisher mixtures. At the same time, in Poland and in the EU there is still the big problem with a protein deficit in the feeds for livestock. Rapeseed components could be an important alternative in the diversification of the protein sources, if they functionality and nutritional value will be improved. The aim of the study was using the active microorganisms as bacteria, yeast and molds to improve the nutritional value of rapeseed meal and rapeseed cakes.

Material and methods The fermentation process was performed in biological fermenters with controlled pH and temperature. The 100g samples of rapeseed meal or rapeseed cakes were put into the glass fermenters in three replications. The samples were fermented by 24 hr at 30°C in dilution 1:3 (w/w). The P-preparation (contained three strains of Lactobacilli); yeast *Saccharomyces cerevisiae*; or yeast and P-preparation or molds *Aspergillus niger* were used as inoculum. In all the fresh products dry matter and pH were analyzed, followed by drying in temperature about 50-55°C. In the dry preparations and non-performed components nutrients and anti nutrients were analyzed.

Results The fermentation of rapeseed cakes and rapeseed meal using all the microorganisms increased protein content (2 to 15%) and fat (even up to 38%). In some cases an increase in fibre content was found. In the case of rapeseed cakes also the phytic phosphorus concentration was reduced about 35%.

Tab. 1. Average chemical composition of non-fermented and microbial fermented components

Components	Nutrients (% in dry matter)	Components non-fermented	Fermented			
			P-Preparation	Yeast	P-Preparation + yeast	<i>Aspergillus niger</i>
Rapeseed cakes	Dry matter %	91.20	93.86	96.64	92.82	95.27
	Crude protein	32.51	34.24	37.24	35.75	34.34
	Crude ash	6.70	6.67	7.07	7.30	6.79
	Crude fibre	15.51	16.17	16.53	20.28	16.30
	Crude fat	9.96	9.73	10.68	11.02	9.46
	P-phytate	0.31	0.20	0.25	0.23	0.24
	P-total	1.15	1.16	1.27	1.14	1.14
Rapeseed meal	Dry matter %	88.86	94.61	92.31	93.30	94.56
	Crude protein	39.39	40.11	42.77	44.48	40.31
	Crude ash	7.64	7.47	8.24	7.57	7.21
	Crude fibre	15.51	16.23	17.56	17.75	15.75
	Crude fat	1.27	1.44	1.48	1.76	1.46
	P-phytate	0.38	0.33	0.38	0.36	0.36
	P-total	1.32	1.32	1.39	1.42	1.34

Conclusion The most effective was fermentation with *S. cerevisiae* and *S. cerevisiae* and P-Preparation.

Acknowledgements

This work was supported by Programme: BIOSTRATEG1/267659/NCBR/2015 "GUTFEED- INNOVATIVE NUTRITION FOR SUSTAINABLE POULTRY PRODUCTION".