

Rafał L. Górny

Anna Ławniczek-Wałczyk

Agata Stobnicka

Małgorzata Gołofit-Szymczak

Marcin Cyprowski

WŁÓKNA JAKO NOŚNIKI CZĄSTEK MIKROBIOLOGICZNYCH

FIBERS AS CARRIERS OF MICROBIAL PARTICLES

Centralny Instytut Ochrony Pracy – Państwowy Instytut Badawczy / Central Institute for Labour Protection – National Research Institute, Warszawa, Poland

Pracownia Zagrożeń Biologicznych, Zakład Zagrożeń Chemicznych, Pyłowych i Biologicznych / Laboratory of Biohazards, Department of Chemical, Aerosol and Biological Hazards

STRESZCZENIE

Wstęp: Celem badania była ocena możliwości transportu cząstek biologicznych przez naturalne, syntetyczne i sztuczne włókna. **Materiał i metody:** Równoczesne pobieranie próbek pyłu osiadłego i aerozolu włóknistego przeprowadzono w 3 zakładach przetwarzających naturalne (bawełna, jedwab, len, konopie), syntetyczne (poliakrylonitrylowe, poliamidowe, polipropylenowe, poliestrowe) i sztuczne (wiskozowe) materiały włókniste; w 2 stajniach, gdzie hodowano konie i owce; w 4 domach, w których mieszkały psy i koty, oraz w 1 pawilonie zoologicznym dla lwów. Wszystkie próbki włókien analizowano laboratoryjnie, żeby określić stopień ich mikrobiologicznego zanieczyszczenia. Wyizolowane szczepy były identyfikowane jakościowo. W celu rozpoznania naturalnego upakowania i struktury badanych włókien, które mogą wspomagać transport cząstek biologicznych, przeprowadzono ich analizę skaningowymi mikroskopami elektronowymi. **Wyniki:** Zarówno osiadłe, jak i zawieszane w powietrzu włókna transportowały takie same szczepy drobnoustrojów. Wszystkie włókna syntetyczne, sztuczne oraz włókna jedwabiu, które występują w środowisku jako osobne nici o gładkiej powierzchni, były wolne od zanieczyszczeń mikrobiologicznych. Naturalne włókna o luźnym upakowaniu i szorstkiej strukturze (np. runo owcy, sierść konia), o snopkowym upakowaniu i septowanej powierzchni (np. len, konopie) lub skręconych wstęgach i pofałdowanej strukturze (bawełna) transportowały do 9×10^5 jtk/g bakterii tlenowych, $3,4 \times 10^4$ jtk/g bakterii beztlenowych i $6,3 \times 10^4$ jtk/g grzybów, w tym patogenów klasyfikowanych przez Dyrektywę 2000/54/WE w 2. grupie zagrożenia. **Wnioski:** Ponieważ roślinne i zwierzęce włókna są zanieczyszczone znaczącą liczbą drobnoustrojów, w tym patogenów, powinny być mechanicznie eliminowane ze środowiska. Jeśli proces technologiczny na to pozwala, w zakładach pracy powinny być zastępowane włóknami syntetycznymi lub sztucznymi. W celu uniknięcia niepożądanego ekspozycji na szkodliwe czynniki mikrobiologiczne na włóknach zarówno w środowisku pracy, jak i poza nim powinny być wprowadzane środki techniczne, które wydajnie ograniczają obecność tych czynników. Med. Pr. 2015;66(4):511–523

Słowa kluczowe: zanieczyszczenie, środowisko pracy, bakterie, transport, grzyby, włókna

ABSTRACT

Background: The aim of the study was to assess the ability of natural, synthetic and semi-synthetic fibers to transport microbial particles. **Material and Methods:** The simultaneously settled dust and aerosol sampling was carried out in 3 industrial facilities processing natural (cotton, silk, flax, hemp), synthetic (polyamide, polyester, polyacrylonitrile, polypropylene) and semi-synthetic (viscose) fibrous materials; 2 stables where horses and sheep were bred; 4 homes where dogs or cats were kept and 1 zoo lion pavilion. All samples were laboratory analyzed for their microbiological purity. The isolated strains were qualitatively identified. To identify the structure and arrangement of fibers that may support transport of microbial particles, a scanning electron microscopy analysis was performed. **Results:** Both settled and airborne fibers transported analogous microorganisms. All synthetic, semi-synthetic and silk fibers, present as separated threads with smooth surface, were free from microbial contamination. Natural fibers with loose packing and rough surface (e.g., wool, horse hair), sheaf packing and septated surface (e.g., flax, hemp) or present as twisted ribbons with corrugated surface (cotton) were able to carry up to 9×10^5 cfu/g aerobic bacteria, 3.4×10^4 cfu/g anaerobic bacteria and 6.3×10^4 cfu/g of fungi, including pathogenic strains classified by Directive 2000/54/EC in hazard group 2. **Conclusions:** As plant and animal fibers are contaminated with a significant number of microorganisms, including pathogens, all of them should be mechanically eliminated from the environment. In factories, if the manufacturing process allows, they should be replaced by synthetic or semi-synthetic fibers. To avoid unwanted exposure to harmful microbial agents on fibers, the containment measures that efficiently limit their presence and dissemination in both occupational and non-occupational environments should be introduced. Med Pr 2015;66(4):511–523

Key words: contamination, occupational environment, bacteria, transport, fungi, fibers

Autor do korespondencji / Corresponding author: Rafał L. Górny, Centralny Instytut Ochrony Pracy – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Zagrożeń Chemicznych, Pyłowych i Biologicznych, ul. Czerniakowska 16, 00-701 Warszawa, e-mail: ragor@ciop.pl
Nadesłano: 16 kwietnia 2015, zatwierdzono: 26 czerwca 2015

WSTĘP

Włókna są znanym i stałym zanieczyszczeniem środowiska pracy [1–5]. Ich badanie jest zwykle powiązane z analizą technologicznych aspektów produkcji i przetwarzania różnego typu materiałów włóknistych oraz aspektów zdrowotnych dotyczących oddziaływania tych materiałów przede wszystkim na układ oddechowy.

Niektóre włókna mineralne, głównie azbest, były wykorzystywane m.in. w budownictwie, energetyce czy przemyśle okrętowym do izolacji termicznej i akustycznej oraz w celu wzmocnienia (zwłaszcza w wysokich temperaturach) właściwości takich materiałów jak produkty cierne (np. okładziny hamulcowe czy sprzęgłowe) [5], tekstylne [6] czy izolacyjne [7]. Istnieje wiele materiałów włóknistych wytwarzanych dla potrzeb przemysłowych. Należą do nich włókna szklane, wełna mineralna, ogniotrwałe włókna ceramiczne, drewno i inne włókna roślinne oraz syntetyczne i sztuczne włókna organiczne.

Z fizycznego punktu widzenia włókna są cząstkami, których jeden wymiar jest znacznie większy niż dwa pozostałe. Często są zakrzywione lub w inny sposób zniekształcone, dlatego charakteryzowane są poprzez współczynnik kształtu, tj. stosunek większego wymiaru do mniejszego. Pod względem zdrowotnym największe zagrożenie niosą respirabilne struktury włókniste, których średnica jest mniejsza niż 3 μm , długość większa niż 5 μm , a stosunek długości do średnicy wynosi co najmniej 3:1. Cząstki w układzie oddechowym są deponowane w wyniku procesu impakcji, sedymentacji, dyfuzji, intercepcji i elektrostatycznej precypitacji. Dla większości cząstek aerozoli włóknistych lub biologicznych występujących w postaci wydłużonych struktur (np. łańcuchów spor mikroorganizmów) procesy depozycji w układzie oddechowym są warunkowane w głównej mierze mechanizmem intercepcji [3,4,7,8].

Współczesne teorie opisujące reaktywność włókien dowodzą, że dawka, wymiary włókien i ich trwałość w wydzielinie płucnej są 3 głównymi czynnikami determinującymi ich toksyczność [3,4,8]. Dawka lub liczba włókien zdeponowana w płucach jest czynnikiem krytycznym w określaniu prawdopodobieństwa wystąpienia choroby. Długość i średnica włókien są ważne

z punktu widzenia zarówno możliwości osadzania się włókien w płucach, jak i czasu przebywania w ich obrębie osób narażonych.

Długość włókien jest uważana za parametr krytyczny, ponieważ makrofagi, które zazwyczaj usuwają cząsteczki z płuc, nie mogą pochłaniać włókien o długości większej niż ich własna średnica. Tak więc dłuższe włókna (~15–20 μm) prawdopodobnie zostają w płucach przez dłuższy czas [8].

Średnica włókna jest również istotnym parametrem, ponieważ tylko włókna o małych średnicach aerodynamicznych mogą docierać do głębokich rejonów układu oddechowego i deponować się w ich obrębie. Na przykład azbest często składa się z włókien o średnicy ok. 0,03 μm , które są upakowane blisko siebie. Włókna ceramiczne mają zazwyczaj średnicę w granicach 1–8 μm [9]. W przypadku włókien sztucznych lub syntetycznych ich średnica zależy od zastosowanego procesu ich wytwarzania. Przykładem mogą być włókna polipropylenowe, których średnica może wahać się od 153 μm w przypadku pojedynczego włókna przędzy do 1–5 μm w przypadku mikrowłókien [10]. Im mniejsza średnica włókna, tym większe prawdopodobieństwo osiągnięcia obszaru wymiany gazowej. Ostatecznie włókna, które rozpuszczają się w wydzielinie płuc w ciągu tygodni lub miesięcy (np. niektóre rodzaje włókien szklanych), wydają się nieco mniej toksyczne od nierozpuszczalnych włókien.

Na toksyczność włókien mogą wpływać także właściwości ich powierzchni [3,8]. Często zbite cząstki innego typu (np. pyłowe) są przyłączone do włókien, co wpływa na ich właściwości aerodynamiczne i biologiczne [4]. Wśród transportowanych w ten sposób cząstek mogą znajdować się także te o pochodzeniu mikrobiologicznym.

Cząstki biologiczne znajdujące się w powietrzu mogą wpływać szkodliwie na organizm ludzki i być przyczyną wielu niekorzystnych skutków zdrowotnych, w tym pochodzenia zawodowego. Mimo dość szerokiej wiedzy na temat powodowanych przez nie zagrożeń zdrowia nadal nie zostały dokładnie poznane formy ich rozprzestrzeniania się w środowisku oraz interakcje zachodzące między nimi a innymi składnikami aerozolu, takimi jak cząstki włókniste i ziarniste [11].

Tematyka koegzystencji naturalnych, syntetycznych i sztucznych aerozoli włóknistych oraz biologicznych nie doczekała się dotąd żadnych opracowań. W światowym piśmiennictwie przedmiotu nie ma opublikowanych wyników badań nad aerozolami włóknistymi jako środkami transportu szkodliwych czynników mikrobiologicznych zarówno w środowisku pracy, jak i innych nieprzemysłowych środowiskach. Również skutki zdrowotne skojarzonego oddziaływania aerozolu włóknisto-biologicznego nie zostały w piśmiennictwie przedmiotu w pełni scharakteryzowane. W związku z powyższym za cel niniejszej pracy postawiono ocenienie możliwości transportu cząstek biologicznych przez naturalne, syntetyczne i sztuczne włókna.

MATERIAŁ I METODY

Badane materiały

Badaniom poddano łącznie 14 naturalnych, syntetycznych i sztucznych włókien. Wśród włókien naturalnych znalazły się zarówno te pochodzenia roślinnego (w tym bawełny, lnu i konopi), jak i zwierzęcego (jak sierść kota, lwa i psa, włosie konia, runo owcy i jedwab). Z włókien syntetycznych badaniom poddano włókna poliakrylonitrylowe, poliamidowe, polipropylenowe, poliestrowe, a ze sztucznych – wiskozowe.

Próbki włókien syntetycznych, sztucznych i pochodzenia roślinnego pobrano w 3 zakładach przetwarzających i wykorzystujących tego rodzaju materiały do produkcji przemysłowej. Próbki włókien pochodzenia zwierzęcego pobrano:

- w 4 domach, których mieszkańcy posiadają psy i koty,
- w 2 stajniach, w których przebywają (osobno) konie i owce,
- w ogrodzie zoologicznym, gdzie znajdują się lwy,
- w zakładzie przemysłowym, w którym produkowane są wyroby z jedwabiu.

Badania pyłu osiadłego włókien i aerozolu włóknistego

W każdym z badanych pomieszczeń pobierano równoległe próbki pyłu osiadłego włókien i aerozolu włóknistego. Pobieranie próbek przeprowadzano w czasie rutynowo wykonywanych czynności, tj. w przypadku włókien syntetycznych, sztucznych i roślinnych oraz włókna jedwabiu – w czasie końcowych etapów cyklu produkcyjnego, a w przypadku włókien zwierzęcych – podczas rutynowo wykonywanych czynności higienicznych (kot, pies, koń, lew) lub w czasie pozyskiwania runa (owce). Każde pobieranie próbek przeprowadzano 2-krotnie.

We wszystkich badanych pomieszczeniach z powierzchni 1 m² podłogi zbierano sterylną wymazówką (prod. MEUS S.R.L., Włochy) zdeponowane na niej włókna. Każda zebrana w ten sposób próbka była umieszczana w sterylnej apirogennej probówce typu falcon o pojemności 50 ml (prod. Sarstedt, Niemcy) i w takiej postaci transportowana do dalszych badań w laboratorium.

Próbki aerozolu włóknistego pobierano stacjonarnie na filtr 37 mm za pomocą zestawu badawczego Casella, złożonego z aspiratora w postaci otwartej głowicy z kasetą („open-faced” cassette), połączonej z aspiratorem APEX o zakresie przepływu 5–5000 ml/min (prod. Casella CEL, Wielka Brytania). Prędkość przepływu strugi powietrza w czasie pobierania próbek aerozolu wynosiła 4 l/min. Pomiar prowadzono każdorazowo do momentu przefiltrowania 3 m³ powietrza. Próbki aerozolu pobierano na wysokości 1,5 m nad podłożem, czyli strefy oddechowej człowieka. Rzeczywistą prędkość przepływu strugi, wymuszanej przez pompę aspiratora, sprawdzano każdorazowo przed pomiarem i po pomiarze za pomocą przepływomierza o zakresie pomiarowym 1–10 l/min (model VFB-66-BV, prod. Dwyer Instruments, Inc., USA). Przepływomierz był kalibrowany z użyciem wzorcowego przepływomierza z membraną cieczową Gilibrator-2 (prod. Sensidyne, USA).

Do pobierania próbek aerozolu stosowano sterylne filtry teflonowe o średnicy porów 2 μm (prod. Omega Specialty Division, USA). Filtry sterylizowano gorącym powietrzem (180°C) przez 4 godz. w suszarce laboratoryjnej (model SN55, prod. Memmert GmbH & Co. KG, Niemcy). W pomiarach wykorzystywano wyżej wymienione filtry jako:

- filtry właściwe, służące do pobierania próbek aerozolu włóknistego,
- czyste filtry terenowe, które stanowiły kontrolę czystości procesu transportu filtrów do miejsc pobierania próbek,
- czyste filtry kontrolne, które stanowiły kontrolę czystości procesu kondycjonowania.

Czyste filtry właściwe (wraz z filtrami terenowymi) oraz próbki badane, czyli filtry ze zgromadzonym na nich ładunkiem aerozolu włóknistego, były transportowane z laboratorium na stanowisko pomiarowe i w drodze powrotnej w sterylnych plastikowych szalkach Petriego o średnicy 50 mm. Przed każdym pobraniem aerozolu i po pobraniu filtry były poddawane procesowi ich kondycjonowania przez 24 godz. w eksykatorach w warunkach wilgotności względnej powie-

trza 44%, w temperaturze pokojowej, a następnie analizowane grawimetrycznie.

W pomiarach grawimetrycznych stosowano wagę analityczną, ważącą z dokładnością do 0,1 mg (model ABJ 220-4M, prod. KERN & SOHN GmbH, Niemcy), a jej kalibrację przeprowadzano przed każdą serią pomiarową i po niej poprzez ważenie wzorca, którym był certyfikowany odważnik o masie 1 g (model OIML 307-01, prod. KERN & SOHN GmbH, Niemcy).

Włókna do badań pobierano też bezpośrednio od zwierząt. Runo z owiec pozyskano w czasie wiosennej strzyżki, wykonanej przez profesjonalnego strzygacza. Włókna (włosie) z sierści pozostałych badanych zwierząt w czasie zabiegów pielęgnacyjnych wyczesywano sterylizowanymi 70-procentowym alkoholem etylowym – zgrzebłem w przypadku koni, furminatorem w przypadku psów oraz grzebieniem w przypadku kotów i lwa.

Badania mikrobiologiczne włókien

W laboratorium każda próbka włókien – zarówno zgromadzona na filtrze, jak i zebrana z powierzchni podłogi czy pozyskana bezpośrednio od zwierzęcia – była ważona i poddawana obróbce analitycznej w celu ilościowego i jakościowego oszacowania stopnia jej mikrobiologicznego zanieczyszczenia. W tym celu filtry teflonowe ze zdeponowanymi na nich włóknami aerozolu oraz 0,2 g naważki włókien zebranych z powierzchni podłogi lub pozyskane od zwierząt były umieszczane w probówkach typu falcon (prod. Sarstedt, Niemcy), zalewane 10 ml soli fizjologicznej (prod. Baxter Manufacturing Sp. z o.o., Lublin) z 0,05-procentowym dodatkiem Tween 80 (prod. Sigma-Aldrich Chemie GmbH, Niemcy) i wytrząsane przez 1 godz. w temperaturze pokojowej na wytrząsarce laboratoryjnej (model Pro-max 1020, prod. Heidolph Instruments GmbH & Co., Niemcy).

Z uzyskanej zawiesiny wykonywano kilka seryjnych rozcieńczeń, a następnie wysiewano powierzchniowo (w 3 powtórzeniach) po 0,1 ml badanej próbki na płytki Petriego z następującymi podłożami mikrobiologicznymi:

- dla tlenowych bakterii mezofilnych – agar tryptozowo-sojowy, TSA, z 5-procentowym dodatkiem odwłóknionej krwi baraniej (prod. bioMérieux SA, Francja);
- dla tlenowych bakterii Gram-ujemnych – agar z eozyną i błękitem metylenowym, EMB (prod. BTL, Łódź);
- dla bakterii beztlenowych – podłoże Schaedlera z 5-procentowym dodatkiem odwłóknionej krwi baraniej (prod. bioMérieux SA, Francja);

- dla promieniowców – ISP Medium 2 agar (prod. Difco/Becton-Dickinson Microbiology Systems, USA);
- dla grzybów – agar słodowy (malt extract agar – MEA) (prod. BTL, Łódź).

Warunki inkubacji mikrobiologicznych próbek badanych włókien dla poszczególnych grup drobnoustrojów były następujące [12]:

- tlenowe bakterie mezofilne, w tym bakterie Gram-ujemne, i bakterie beztlenowe – 1 dzień (37°C) + 3 dni (22°C) + 3 dni (4°C);
- grzyby – 4 dni (30°C) + 4 dni (22°C).

Inkubacja drobnoustrojów beztlenowych była wykonywana z zastosowaniem systemu AnaeroGen (prod. Oxoid Ltd., Wielka Brytania). Przedłużona inkubacja próbek w celu wykrycia bakterii miała na celu umożliwienie wzrostu szczepów rosnących wolno w niższym zakresie temperatur. Po okresie inkubacji obliczano liczbę (żywych i zdolnych do wzrostu na danym mikrobiologicznym podłożu hodowlanym) bakterii i grzybów (C_1) na 1 g badanej próbki jtk/g.

Po wyznaczeniu stężeń mikroorganizmów przeprowadzono ich jakościową identyfikację w oparciu o analizę makroskopową i mikroskopową cech morfologicznych kolonii, uzupełnioną w przypadku bakterii i drożdży o analizę ich cech biochemicznych [13]. W analizie cech biochemicznych bakterii wykorzystano – połączone z komputerowym systemem analizy APIweb (prod. bioMérieux SA, Francja) – szeregi biochemiczne API (analytical profile index) (Staph, Strep, Coryne, CHB+CH, E, NE, NH, A, Campy) pozwalające na ocenę zdolności bakterii do enzymatycznego rozkładu organicznych substratów.

Wyniki reakcji biochemicznych testów API, skojarzone z wynikami analizy makro- i mikroskopowej oraz analizy cech fizjologicznych, posłużyły do ostatecznej identyfikacji badanych szczepów. Jako podstawę oceny przynależności gatunkowej lub rodzajowej przyjęto interpretację wyników testów biochemicznych, a jako wiarygodny procent identyfikacyjny – wartości powyżej 80.

Jakościową analizę grzybów przeprowadzono z wykorzystaniem kluczy do oznaczania grzybów pleśniowych i drożdży [14–21]. Do identyfikacji cech biochemicznych drożdży wykorzystano test API C AUX (prod. bioMérieux SA, Francja). Tak jak w przypadku bakterii testy API interpretowano w oparciu o system APIweb (prod. bioMérieux SA, Francja), przyjmując jako wiarygodny procent identyfikacyjny wartości powyżej 80.

Badania parametrów mikroklimatycznych

W czasie pobierania próbek pyłu osiadłego włókien i aerozolu włóknistego w badanych pomieszczeniach przeprowadzono równoległe pomiary temperatury i wilgotności względnej powietrza, posługując się termohigrometrem (model Omniport 20, prod. E+E Electronic GmbH, Austria).

Badania mikroskopowe włókien

W celu zbadania, jaki wpływ na transport drobnoustrojów bakteryjnych i grzybowych mają struktura i ułożenie włókien względem siebie, wszystkie badane rodzaje włókien poddano analizie za pomocą skaningowych mikroskopów elektronowych (scanning electron microscope – SEM). W projekcie wykorzystano 3 różne modele SEM (prod. Hitachi High-Technologies Corp., Japonia):

- TM-3030 – mikroskop typu „table-top”,
- SU3500 – umożliwiający prowadzenie szybkich obserwacji wysokorozdzielczych przy niskich napięciach przyspieszających,
- SU8010 – o ultra wysokiej rozdzielczości.

W celu precyzyjnej wizualizacji obserwowanych detali analizowanych próbek włókien obserwacje za pomocą mikroskopów SU3500 i SU8010 poprzedzano przygotowaniem próbek poprzez ich napylenie złotem i węglem z wykorzystaniem 2-głowicowej napyłarki z pompą turbomolekularną (model SC7620 Sputter Coater, prod. Quorum Technologies Ltd., Wielka Brytania). Uzyskany obraz przetwarzano cyfrowo w SEM.

Analiza statystyczna i graficzne opracowanie danych

Uzyskane dane eksperymentalne zostały opracowane statystycznie w oparciu o jednoczynnikową analizę wariancji (one-way ANOVA) i test *post-hoc* (test Scheffégo) oraz analizę korelacji. W analizie statystycznej wykorzystano komputerowy program Statistica Data Analysis Software System w wersji 10–2011 (prod. StatSoft, Inc., USA). Za statystycznie znamienne uznawano wartości, dla których *p* było mniejsze od 0,05. Graficznie dane opracowano z wykorzystaniem komputerowych programów Statistica, SigmaPlot w wersji 12–2012 (prod. Systat Software, Inc., USA) oraz Word 2010 i Excel 2010 (prod. Microsoft Office Professional Plus 2010).

WYNIKI

Zanieczyszczenie mikrobiologiczne włókien

Zbadano zanieczyszczenie mikrobiologiczne 14 rodzajów włókien:

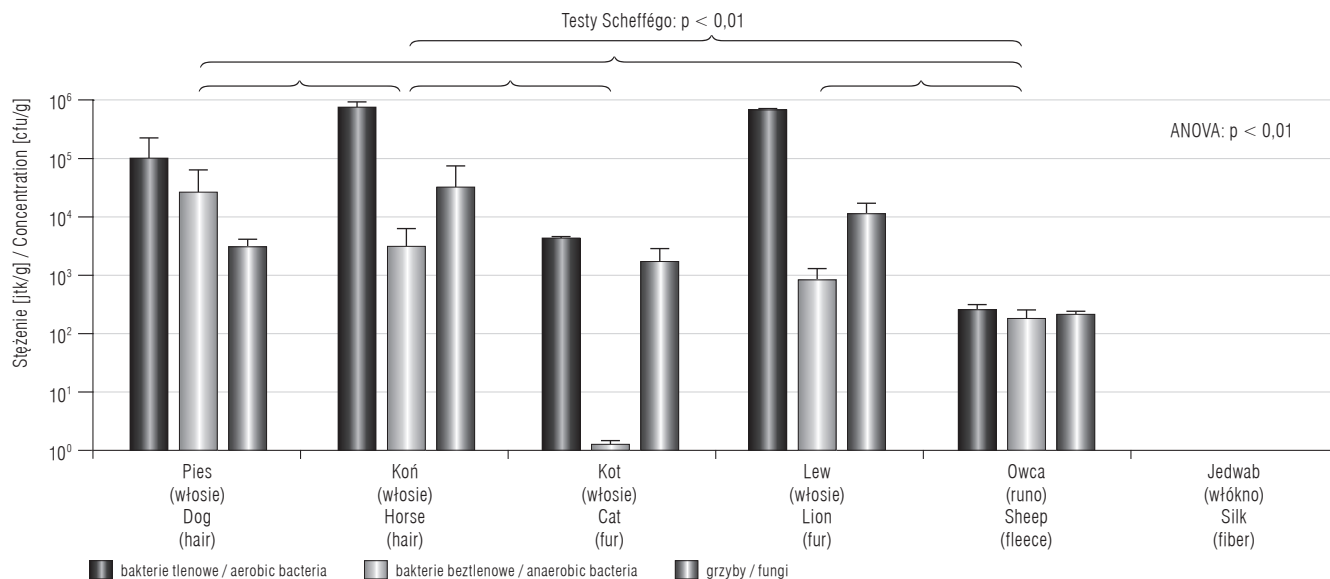
- 4 włókien syntetycznych – poliakrylonitrylowych, poliamidowych, polipropylenowych i poliestrowych;
- 1 włókna sztucznego – wiskozowego;
- 3 naturalnych roślinnych – bawełnianych, lnianych i konopnych;
- 6 zwierzęcych – sierść psią, kocią, lwią, końską, wełnę owczą i jedwab.

Czystość mikrobiologiczną określano zarówno dla włókien występujących w postaci aerozolu, jak i zdeponowanych na powierzchni badanych wewnątrz oraz pobranych bezpośrednio w czasie zabiegów higienicznych przeprowadzanych u zwierząt. Zarówno włókna roślinne, jak i zwierzęce były zanieczyszczone mikrobiologicznie. Z kolei wszystkie badane włókna syntetyczne, sztuczne i jedwabne były wolne od zanieczyszczeń zarówno bakteryjnych, jak i grzybowych (przy założeniu, że poziom detekcji zastosowanej metody posiewu powierzchniowego na podłożach wynosił 10 jtk/g).

Mikrobioty włókien występujących w środowisku w postaci aerozolu i jako pył osiadły lub włosie pobrane bezpośrednio od zwierząt nie różniły się znacząco jakościowo od siebie. Ze wszystkich badanych próbek włókien zwierzęcych (ryc. 1) najbardziej mikrobiologicznie zanieczyszczonymi (ANOVA: $p < 0,01$) były włosy konia (maksymalne stężenie bakterii tlenowych i beztlenowych oraz grzybów wynosiło odpowiednio: 9×10^5 jtk/g, $5,3 \times 10^3$ jtk/g, $6,3 \times 10^4$ jtk/g), a następnie lwa (odpowiednio: $7,1 \times 10^5$ jtk/g, $1,2 \times 10^3$ jtk/g, $1,5 \times 10^4$ jtk/g), psa (odpowiednio: $3,3 \times 10^5$ jtk/g, $9,1 \times 10^4$ jtk/g, $4,3 \times 10^3$ jtk/g) i kota (odpowiednio: $4,5 \times 10^3$ jtk/g, 1×10^0 jtk/g, $2,5 \times 10^3$ jtk/g). Najmniej zanieczyszczone było runo owcy (stężenie maksymalne odpowiednio: 3×10^2 jtk/g, $2,3 \times 10^2$ jtk/g, $2,3 \times 10^2$ jtk/g).

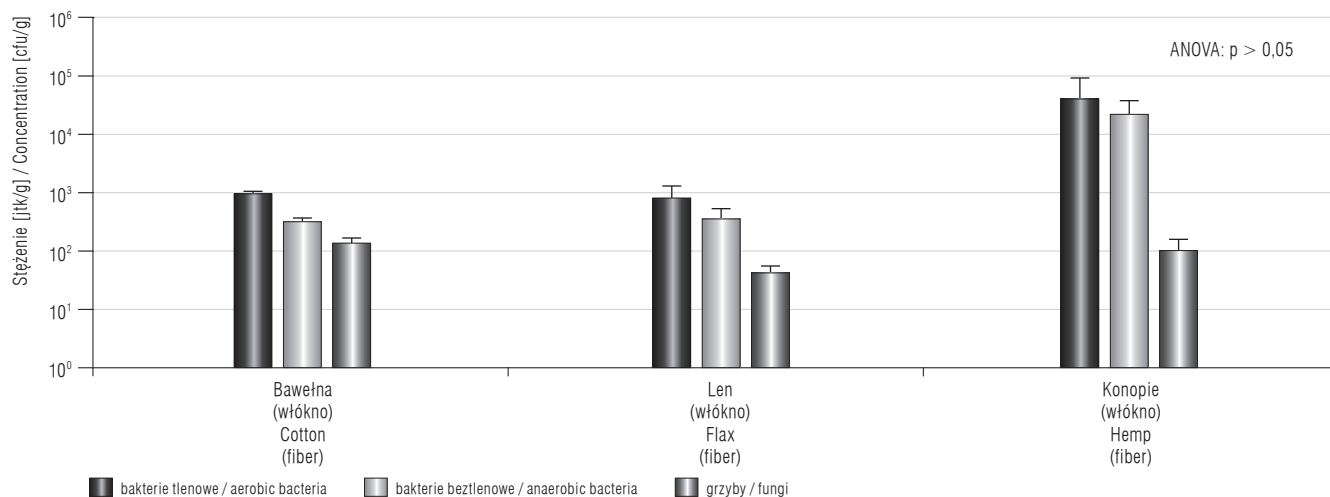
Z badanych materiałów roślinnych (ryc. 2) najwyższe zanieczyszczenie drobnoustrojowe stwierdzono we włóknach konopnych (stężenie maksymalne odpowiednio: $7,7 \times 10^4$ jtk/g, $3,4 \times 10^4$ jtk/g, $1,4 \times 10^2$ jtk/g), a następnie lnianych (odpowiednio: $1,1 \times 10^3$ jtk/g, $4,8 \times 10^2$ jtk/g, 5×10^1 jtk/g) i bawełnianych (odpowiednio: $9,2 \times 10^2$ jtk/g, $3,1 \times 10^2$ jtk/g, $1,4 \times 10^2$ jtk/g). Różnice w tej grupie włókien nie były jednak istotne statystycznie (ANOVA: $p > 0,05$).

W pomieszczeniach, w których pobierano poszczególne próbki włókien, mierzono równoległe temperaturę i wilgotność względną powietrza. Temperatura powietrza wahała się w granicach $17,3$ – $23,6^\circ\text{C}$, a wilgotność względna mieściła się w przedziale 36 – 52% . Analiza korelacji nie wykazała istotnych statystycznie za-



T – słupki błędów oznaczające odchylenie standardowe dla 3 powtórzeń / the error bars indicating the standard deviation of 3 repeats.

Ryc. 1. Zanieczyszczenie mikrobiologiczne włókien pochodzenia zwierzęcego
Fig. 1. Microbial contamination of animal origin fibers



Objaśnienie jak w ryc. 1 / Explanation as in Figure 1.

Ryc. 2. Zanieczyszczenie mikrobiologiczne włókien pochodzenia roślinnego
Fig. 2. Microbial contamination of plant origin fibers

leżności między parametrami mikroklimatu a stężeniami badanych grup drobnoustrojów (w obu przypadkach: $p > 0,05$).

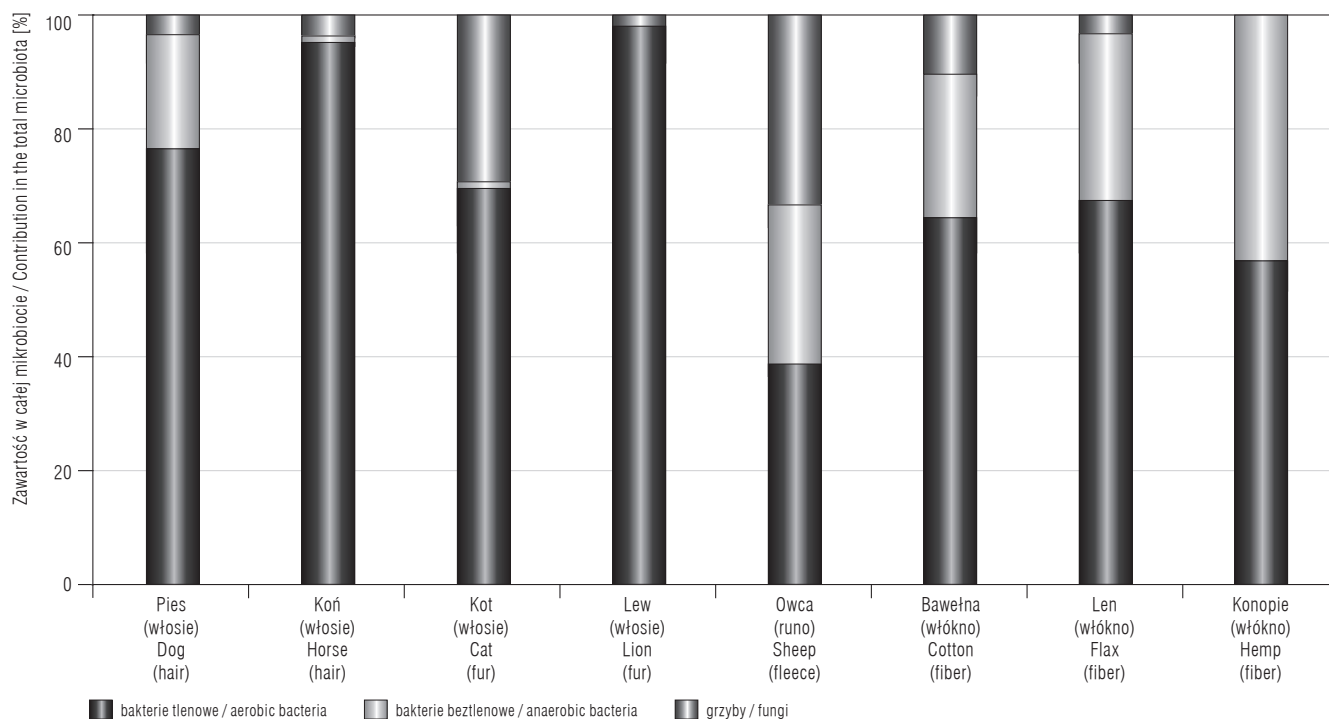
Szczegółową charakterystykę jakościową mikrobioty włókien zwierzęcych i roślinnych przedstawiono na rycinie 3. i w tabeli 1. Analiza jakościowa (ryc. 3) wykazała, że z mikrobioty włókien najczęściej izolowano drobnoustroje tlenowe, które stanowiły:

- u zwierząt – do 98% drobnoustrojów izolowanych z włosia lwa, 95% z włosia konia, 77% z włosia psa, 71% z włosia kota i do 39% z runa owcy;

- u roślin – do 67% drobnoustrojów izolowanych z włókien lnu, do 64% z włókien bawełny i do 57% z włókien konopi.

W tej grupie drobnoustrojów najczęściej izolowano:

- tlenowe pałeczki Gram-dodatnie tworzące endospory – w konopiach, bawełnie i runie owcy;
- nieprzetrwalnikujące pałeczki Gram-dodatnie – w runie owcy, sierści psa i włosiu konia;
- ziarniaki Gram-dodatnie – w lnieniu i włosiu konia;
- pałeczki Gram-ujemne – w sierści lwa i kota, lnieniu, bawełnie i runie owcy.



Ryc. 3. Udział procentowy grup drobnoustrojów w całej mikrobiocie badanych włókien

Fig. 3. Percentage contribution of microbial groups to total identified microbiota of studied fibers

W przypadku badanej mikrobioty od 0,2% (włosie lwa) do 43,3% (konopie) izolatów stanowiły bakterie beztlenowe, a od 0,1% (konopie) do 33,4% (runo owcy) – grzyby (głównie pleśniowe).

Mikrobiota włókien zwierzęcych była zawsze bardziej zróżnicowana taksonomicznie od mikrobioty włókien roślinnych. Wśród włókien pochodzenia zwierzęcego najbardziej zróżnicowana taksonomicznie była mikrobiota włókien pozyskanych (w kolejności: liczba wyizolowanych rodzajów/gatunków bakterii i grzybów) z: psa (21/38 i 19/32), konia (16/25 i 11/13), lwa (12/16 i 8/10), owcy (10/14 i 9/12) oraz kota (10/12 i 5/7). Wśród włókien roślinnych największa różnorodność mikrobioty dotyczyła włókien (odpowiednio): lnu (9/13 i 4/4), konopi (8/13 i 3/5) i bawełny (5/6 i 3/3). Szczegółową charakterystykę jakościową mikrobioty włókien zwierzęcych i roślinnych przedstawiono w tabeli 1.

W tlenowej mikrobiocie włókien zwierzęcych dominowały gatunki z rodzajów *Micrococcus*, *Staphylococcus*, *Bacillus*, *Brevibacterium*, *Corynebacterium*, *Proteus*, *Pantoea*, *Pseudomonas*, *Streptomyces*, *Penicillium*, *Aspergillus* i *Candida*, a w beztlenowej – *Peptostreptococcus*, *Peptoniphilus* i *Actinomyces*. W tlenowej mikrobiocie włókien roślinnych dominowały gatunki z rodzajów *Aerococcus*, *Bacillus*, *Paenibacillus* i *Pan-*

toea, a w beztlenowej – *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Clostridium*, *Prevotella* i *Actinomyces*.

Na wszystkich badanych włóknach zidentyfikowano drobnoustroje patogenne dla człowieka (tab. 1). Wszystkie patogeny wyizolowane z próbek włókien należały do 2. grupy zagrożenia według klasyfikacji zawartej w Dyrektywie 2000/54/WE w sprawie ochrony pracowników przed ryzykiem związanym z narażeniem na działanie czynników biologicznych w miejscu pracy i wynikającym z niej Rozporządzeniu Ministra Zdrowia z dnia 22 kwietnia 2005 r. w sprawie szkodliwych czynników biologicznych dla zdrowia w środowisku pracy oraz ochrony zdrowia pracowników zawodowo narażonych na te czynniki [22,23]. Wśród zidentyfikowanych rodzajów i gatunków znalazły się:

- bakterie – *Actinomyces israelii*, *Actinomyces naeslundii*, *Actinomyces* spp., *Bacillus subtilis*, *Clostridium beijerinckii*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium ramosum*, *Clostridium* spp., *Corynebacterium* spp., *Enterobacter* spp., *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pantoea* spp., *Prevotella melaninogenica*, *Proteus mirabilis*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus* spp. i *Streptomyces albus*;
- grzyby, w tym pleśniowe – *Aspergillus fumigatus*;
- drożdże – *Candida albicans*.

Tabela 1. Mikrobiota włókien zwierzęcych i roślinnych
Table 1. Animal and plant fiber microbiota

| Rodzaj włókna Fiber type | Drobnooustroje dominujące Prevailing microorganisms | | Drobnooustroje patogenne z 2. grupy zagrożenia* Pathogenic microorganisms from hazard group 2* |
|---------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| | tlonowe (minimalny udział procentowy w całości zidentyfikowanej mikrobioty ≥ 10%) aerobic (minimal percentage contribution in total identified microbiota ≥ 10%) | beztlenowe (minimalny udział procentowy w całości zidentyfikowanej mikrobioty ≥ 5%) anaerobic (minimal percentage contribution in total identified microbiota ≥ 5%) | |
| Pies (włosie) / Dog (hair) | <i>Staphylococcus</i> (w tym / including: <i>S. aureus</i> , <i>S. sciuri</i> , <i>S. xylophilus</i> , <i>S. epidermidis</i>) – 21% <i>Streptomyces</i> (w tym / including: <i>S. albus</i>) – 10% | <i>Staphylococcus</i> (w tym / including: <i>S. saccharolyticus</i>) – 5% | <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Streptococcus</i> spp., <i>Corynebacterium</i> spp., <i>Proteus mirabilis</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Pantoea</i> spp., <i>Escherichia coli</i> , <i>Streptomyces albus</i> , <i>Clostridium perfringens</i> 1 / and <i>C. botulinum</i> , <i>Actinomyces israelii</i> 1 / and <i>A. naeslundii</i> , <i>Aspergillus fumigatus</i> , <i>Candida albicans</i> |
| Koń (włosie) / Horse (hair) | <i>Staphylococcus</i> (w tym / including: <i>S. xylophilus</i> , <i>S. capitis</i> , <i>S. epidermidis</i> , <i>S. aureus</i> , <i>S. lentus</i> , <i>S. sciuri</i>) – 42% <i>Corynebacterium</i> (w tym / including: <i>C. glucoronolyticum</i>) – 20% <i>Brevibacterium</i> (w tym / including: <i>B. casei</i>) – 15% | | <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Actinomyces naeslundii</i> , <i>Clostridium</i> spp., <i>Aspergillus fumigatus</i> |
| Kot (włosie) / Cat (fur) | <i>Proteus</i> (w tym / including: <i>P. mirabilis</i>) – 24% <i>Bacillus</i> (w tym / including: <i>B. subtilis</i> i <i>B. cereus</i>) – 12% <i>Candida</i> (w tym / including: <i>C. albicans</i>) – 10% | | <i>Streptococcus</i> spp., <i>Proteus mirabilis</i> , <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Candida albicans</i> |
| Owca (runo) / Sheep (fleece) | <i>Bacillus</i> (w tym / including: <i>B. pumilus</i> , <i>B. firmus</i> , <i>B. megaterium</i>) – 17% / including: <i>P. aurantiogriseum</i> , <i>Penicillium</i> (w tym / including: <i>A. niger</i> , <i>A. flavus</i> , <i>A. fumigatus</i>) – 11% <i>P. citrinum</i>) – 11% <i>Aspergillus</i> (w tym / including: <i>A. niger</i> , <i>A. flavus</i> , <i>A. fumigatus</i>) – 11% | <i>Peptostreptococcus</i> spp. – 12% <i>Actinomyces</i> (w tym / including: <i>A. naeslundii</i>) – 10% <i>Peptoniphilus</i> (w tym / including: <i>P. asaccharolyticus</i>) – 6% | <i>Escherichia coli</i> , <i>Actinomyces naeslundii</i> , <i>Streptococcus</i> spp., <i>Aspergillus fumigatus</i> |
| Lew (włosie) / Lion (fur) | <i>Micrococcus</i> spp. – 18% <i>Pantoea</i> spp. – 16% <i>Pseudomonas</i> (w tym / including: <i>P. putida</i>) – 15% <i>Brevibacterium</i> spp. – 13% | | <i>Enterobacter</i> spp., <i>Pantoea</i> spp., <i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Clostridium</i> spp., <i>Actinomyces naeslundii</i> 1 / and <i>A. spp.</i> , <i>Aspergillus fumigatus</i> |
| Len / Flax | <i>Aerococcus</i> (w tym / including: <i>A. viridans</i>) – 32% <i>Pantoea</i> spp. – 20% | <i>Clostridium</i> (w tym / including: <i>C. beijerinckii</i> , <i>C. butyricum</i>) – 13% <i>Staphylococcus</i> (w tym / including: <i>S. saccharolyticus</i>) – 11% <i>Streptococcus</i> (w tym / including: <i>S. intermedius</i>) – 6% | <i>Pantoea</i> spp., <i>Clostridium beijerinckii</i> 1 / and <i>C. butyricum</i> |
| Konopie / Hemp | <i>Bacillus</i> (w tym / including: <i>B. laterosporus</i> , <i>B. megaterium</i> , <i>B. licheniformis</i>) – 27% <i>Paenibacillus</i> spp. – 22% | <i>Clostridium</i> (w tym / including: <i>C. ramosum</i> , <i>C. perfringens</i>) – 18% <i>Prevotella</i> (w tym / including: <i>P. melaninogenica</i>) – 14% <i>Staphylococcus</i> (w tym / including: <i>S. saccharolyticus</i>) – 12% | <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Pantoea</i> spp., <i>Prevotella melaninogenica</i> , <i>Clostridium ramosum</i> 1 / and <i>C. perfringens</i> |
| Bawełna / Cotton | <i>Bacillus</i> (w tym / including: <i>B. circulans</i>) – 47% <i>Pantoea</i> spp. – 14% | <i>Clostridium</i> spp. – 14% <i>Actinomyces</i> (w tym / including: <i>A. naeslundii</i>) – 11% | <i>Pantoea</i> spp., <i>Clostridium</i> spp., <i>Actinomyces naeslundii</i> |

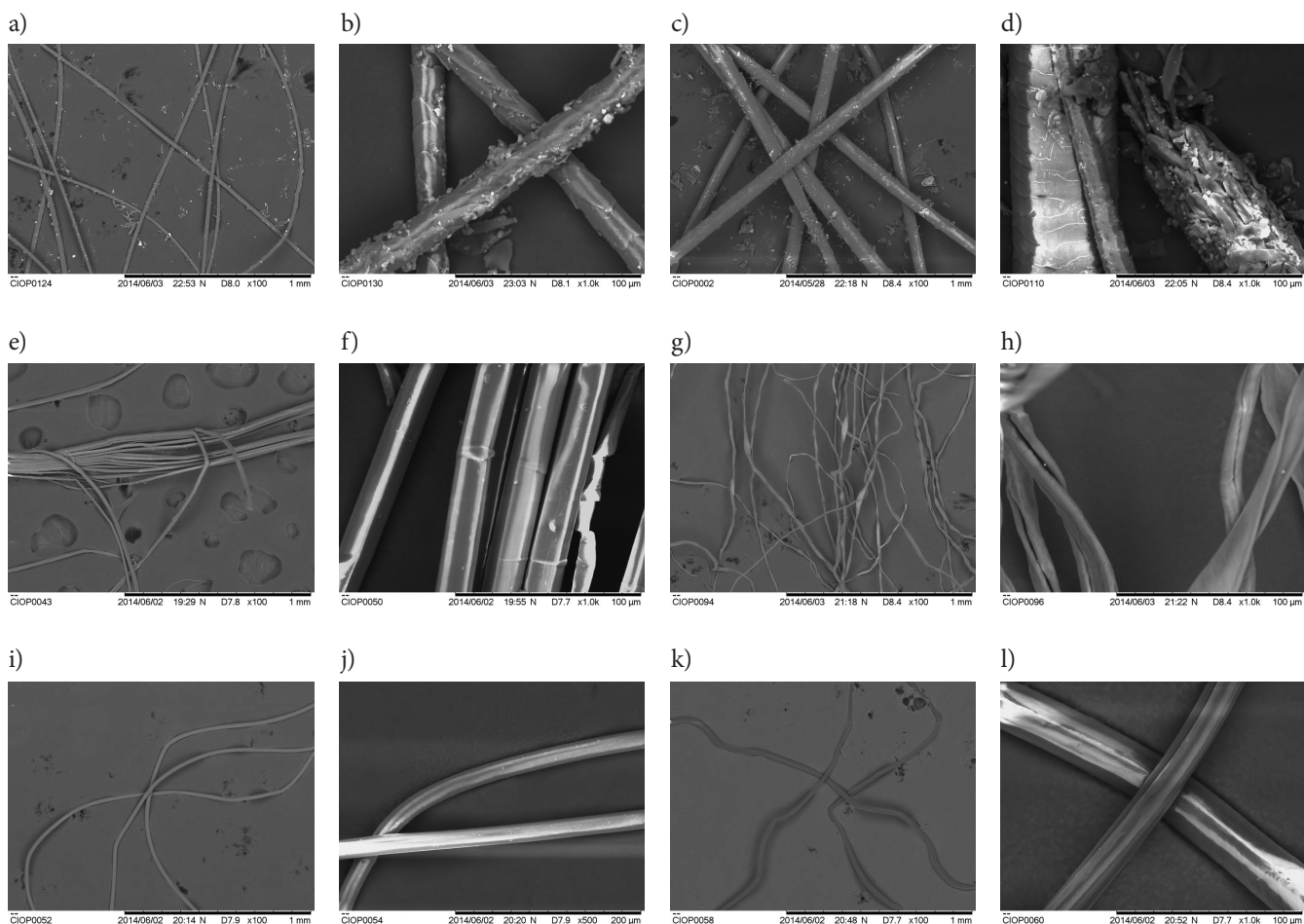
* Według rozporządzenia Ministra Zdrowia [23] i Dyrektywy 2000/54/WE [22] / According to ordinance of Minister of Health [23] and Directive 2000/54/EC [22].

Upakowanie i struktura powierzchniowa włókien

Z wykorzystaniem mikroskopów elektronowych skaningowych Hitachi (TM-3030, SU3500 i SU8010) zbadaano naturalne upakowanie i strukturę powierzchniową 14 analizowanych włókien syntetycznych, sztucznych, zwierzęcych i roślinnych. Stwierdzono, że wszystkie włókna, tj. syntetyczne i sztuczne występujące w stanie naturalnym oraz jedwab, mają luźne ułożenie, a ich powierzchnia jest gładka, co w praktyce znacząco ogranicza lub eliminuje możliwość depozycji drobno-ustrojów. Przykładowe ułożenie i strukturę powierzchniową włókien poliestrowych i polipropylenowych pokazano na fotografii 1.

W przypadku włókien zwierzęcych – choć ich naturalne ułożenie jest zazwyczaj również luźne – szorstka, płytkowa struktura powierzchni sprawia, że są one w stanie transportować znaczące ilości materiału, w tym o pochodzeniu mikrobiologicznym. Przykład ułożenia i struktury powierzchniowej włosia psa i konia pokazano na fotografii 1.

Z kolei u włókien roślinnych ich ułożenie („snopkowe” jak w przypadku lnu i konopi czy zwinięte we wstęgi jak w przypadku bawełny) oraz struktura powierzchni (septowana jak w przypadku lnu czy pofałdowana jak w przypadku bawełny) mają ogromne znaczenie w transporcie cząstek mikrobiologicznych. Przykładowe ułożenie i strukturę powierzchniową włókien lnu i bawełny pokazano na fotografii 1.



a), b) luźne upakowanie / szorstka powierzchnia – pies (włosie) / loose packing / rough surface – dog (hair).
 c), d) luźne upakowanie / szorstka powierzchnia – koń (włosie) / loose packing / rough surface – horse (hair).
 e), f) ułożenie snopkowe / septowana struktura – len / sheaf packing / septated structure – flax.
 g), h) skręcone wstęgi / pofałdowana powierzchnia – bawełna / twisted ribbon / corrugated surface – cotton.
 i), j) odseparowane nici / gładka powierzchnia – poliester / separated threads / smooth surface – polyester.
 k), l) odseparowane nici / gładka powierzchnia – polipropylen / separated threads / smooth surface – polypropylene.

Fot. 1. Ułożenie oraz struktura włókien naturalnych i syntetycznych
Photo 1. Arrangement and structure of natural and synthetic fibers

OMÓWIENIE

W światowym piśmiennictwie przedmiotu dostępnych jest zaledwie kilka opracowań poświęconych ilościowej i jakościowej ocenie zanieczyszczenia mikrobiologicznego włókien i dotyczą one głównie włókien roślinnych. Buick i Magee [24] badając pył osiadły z przędzalni zakładu włókienniczego, stwierdzili zanieczyszczenie włókien lnu bakteriami Gram-dodatnimi, Gram-ujemnymi i grzybami pleśniowymi. Wśród bakterii Gram-ujemnych (których średnie stężenie wynosiło $2,2 \times 10^9$ jtk/g) wyodrębnili gatunki z rodzajów *Enterobacter* (w tym *E. agglomerans*), *Pseudomonas*, *Klebsiella* i *Acinetobacter*. Według cytowanych autorów skład jakościowy mikrobioty włókien lnu był podobny do zanieczyszczającego włókna bawełny (patrz poniżej).

Kymäläinen i wsp. [25] oraz Nykter i wsp. [26] oceniali zanieczyszczenie drobnoustrojami włókien konopi i siemienia lnianego. W zależności od pory roku, w której zbierany był badany materiał, stężenia bakterii i grzybów wahały się w zakresach (odpowiednio): na włóknach konopi – $4,5 \times 10^4$ – $1,7 \times 10^6$ jtk/g i $3,4 \times 10^2$ – $3,7 \times 10^4$ jtk/g, na włóknach siemienia lnianego – 1×10^2 – $7,9 \times 10^9$ jtk/g i 3×10^3 – $2,4 \times 10^7$ jtk/g. Identyfikacja jakościowa mikrobioty tych włókien wykazała obecność grzybów pleśniowych (głównie z rodzajów *Alternaria*, *Arthrimum*, *Aspergillus*, *Bipolaris*, *Chaetomium*, *Cladosporium*, *Penicillium*, *Pullularia*, *Rhizopus*, *Sordaria* i *Stachybotrys*) i drożdżoidalnych oraz bakterii (w tym promieniowców z rodzaju *Streptomyces*) [26,27].

Charakteryzując mikrobiologiczną kontaminację włókien bawełny, Pekhtasheva i wsp. stwierdzili, że są one zwykle zanieczyszczone przez grzyby z rodzajów *Mucor*, *Aspergillus* (w tym *A. flavus* i *A. niger*), *Penicillium*, *Chaetomium* (w tym *C. globosum*), *Trichoderma*, *Trichothecium* (w tym *T. roseum*) i *Rhizopus* (w tym *R. nigricans*) oraz przez bakterie, w tym głównie przez Gram-dodatnie laseczki *Bacillus* (głównie *B. subtilis*) oraz Gram-ujemne pałeczki *Pseudomonas* [24,27].

Porównując powyższe dane z wynikami badań własnych, uzyskanymi w zakładach przetwarzających roślinne materiały włókniste, można stwierdzić, że zmierzone stężenia bakterii zanieczyszczających włókna lniane i grzybów kontaminujących włókna konopne były niższe od opisanych przez wyżej wymienionych badaczy. Stężenia bakterii stwierdzone na włóknach były na porównywalnym poziomie. O ile skład jakościowy mikrobioty włókien z badanych zakładów

przetwarzających roślinne materiały był zbliżony do opisanego przez badaczy brytyjskich i skandynawskich, o tyle mikrobiota bakteryjna dość znacząco różniła się jakościowo. Może to świadczyć o wpływie warunków środowiskowych na możliwości kolonizacyjne roślinnych materiałów włóknistych przez drobnoustroje.

Dane w piśmiennictwie przedmiotu na temat włókien zwierzęcych dotyczą jedynie runa owczego. Wełna owcza jest zwykle zanieczyszczona pałeczkami Gram-ujemnymi z rodzajów *Alcaligenes* (głównie *A. bookeri*), *Pseudomonas* (głównie *P. aeruginosa*), *Proteus* (w tym *P. mirabilis*) i *Coxiella* (głównie *C. burnetii*), laseczkami Gram-dodatnimi z rodzaju *Bacillus* (w tym *B. agri*, *B. mycoides*, *B. mesentericus*, *B. megaterium*, *B. subtilis* i *B. anthracis*) oraz grzybami z rodzajów *Aspergillus*, *Alternaria*, *Cephalothecium* (*Trichothecium*), *Dematiium*, *Fusarium*, *Penicillium* i *Trichoderma* [7,27]. Badania jakościowe mikrobioty włókien runa owczego wykonane w ramach niniejszej pracy potwierdziły jedynie obecność tlenowych gatunków *B. megaterium*, *Penicillium aurantiogriseum*, *P. citrinum*, *Aspergillus niger*, *A. flavus* i *A. fumigatus*.

Włókna syntetyczne różnią się zasadniczo od włókien naturalnych i sztucznych. Ze względu na strukturę i niewielką zawartość składników odżywczych są mniej podatne na biodeteriorację. Od momentu pojawienia się w latach 50. ub.w. syntetycznych tkanin sugeruje się, że są one wiecznie trwałe i nie ulegają biokorozji. Wykazano jednak, że drobnoustroje są w stanie (choć wolniej) wykorzystywać tak wytworzone źródła węgla i kolonizować włókna syntetyczne.

Do drobnoustrojów szczególnie szkodliwych dla włókien syntetycznych, które są na nich najczęściej spotykane, należą grzyby z rodzaju *Trichoderma* i laseczki Gram-dodatnie z rodzaju *Bacillus*. Grzyby, które dzięki obecności środków smarnych i wykończeniowych pojawiają się na niezniszczonych włóknach zwykle w początkowej fazie ich produkcji, z czasem owijają je grzybnią, rozluźniając ich nici i w ten sposób zmniejszając wytrzymałość materiału. W przypadku bakterii np. *B. subtilis* czy *B. mesentericus* ważną rolę w biodeterioracji tego rodzaju włókien odgrywa ich adsorbowność, która dla wymienionych powyżej laseczek wynosi 84,5–99,3% [27].

Na tle piśmiennictwa przedmiotu wyniki uzyskane w ramach niniejszej pracy znacząco poszerzają wiedzę na temat naturalnego zanieczyszczenia mikrobiologicznego włókien o pochodzeniu zarówno naturalnym (roślinnym i zwierzęcym), jak i sztucznym czy

syntetycznym. Stężenie tlenowych bakterii transportowanych na naturalnych włóknach roślinnych (len, konopie) badanych w niniejszej pracy miało taki sam zakres wartości jak zmierzone przez innych autorów. Stężenia grzybów były natomiast niższe od cytowanych w piśmiennictwie przedmiotu i nie przekraczały $1,4 \times 10^2$ jtk/g.

Różnorodność taksonomiczna mikrobioty włókien badanych w niniejszej pracy znacząco przekraczała opisywaną dotąd w piśmiennictwie przedmiotu, obejmując szczegółową charakterystykę zarówno tlenowych i beztlenowych zanieczyszczeń bakteryjnych, jak i grzybowych. Wyizolowana w pracy tlenowa mikrobiota włókien roślinnych i zwierzęcych potwierdziła obecność poszczególnych rodzajów drobnoustrojów, które dotąd w piśmiennictwie przedmiotu opisywano jako powodujące środowiskową kontaminację włókien.

W stosunku do włókien syntetycznych nie zaobserwowano w niniejszych badaniach zwiększonej adsorbowalności drobnoustrojów, co również potwierdza w tym zakresie wcześniejsze obserwacje innych badaczy. Z kolei analiza beztlenowej mikrobioty włókien stanowi istotne *novum* niniejszej pracy i wypełnia lukę w piśmiennictwie przedmiotu. Znaczący udział bakterii beztlenowych w całości identyfikowanej mikrobioty był szczególnie widoczny wśród włókien roślinnych (od 25% dla włókien bawełny do 43% dla włókien konopi). Większość ze zidentyfikowanych w tej grupie drobnoustrojów stanowiły patogeny groźne dla człowieka, należące do 2. grupy zagrożenia według klasyfikacji zawartej w Dyrektywie 2000/54/WE i rozporządzeniu Ministra Zdrowia z 2005 r. [22,23].

Badania Forthomme i wsp. [28] wykazały, że w warunkach mikroklimatycznych sprzyjających wzrostowi drobnoustrojów – tj. w temperaturze 25°C i przy wilgotności względnej powietrza sięgającej maksimum (prawie 100%) – kontaminacja grzybami pleśniowymi materiału np. z włókien szklanych czy polipropylenowych, pozbawionego kluczowych źródeł substancji odżywczych, skutkuje w stosunkowo krótkim czasie (2–7 dni) obfitym rozrostem ich plechy. To z kolei sprawia, że tak zanieczyszczony mikrobiologicznie materiał może łatwo stać się wtórnym źródłem emisji do otoczenia aktywnych biologicznie cząstek.

Zazwyczaj – co wykazały również badania przeprowadzone w ramach niniejszej pracy – produkty z włókien syntetycznych czy sztucznych (głównie przy niższych wartościach wilgotności względnej powietrza) są mniej zanieczyszczone mikrobiologicznie niż ich od-

powiedniki stworzone na bazie włókien naturalnych. Nie oznacza to jednak, że brak zanieczyszczenia mikrobiologicznego lub jego niski poziom na etapie produkcji określonego włókna czy powstałego z niego wyrobu wyklucza późniejsze pojawienie się tego zanieczyszczenia, istotnie większego, w czasie normalnego użytkowania, np. w opisanych powyżej warunkach mikroklimatycznych [7,28].

Jak trafnie zauważa Järholm [29], naturalne włókna organiczne są powszechnie uważane za przyjazne dla środowiska. To sprawia, że są stosowane w dużych ilościach w celu zastąpienia innych, mniej środowiskowo przyjaznych produktów. Pogląd ten nie usprawiedliwia jednak tezy uznającej naturalne włókna roślinne i zwierzęce za całkowicie nieszkodliwe. Ewentualne bowiem zagrożenia związane z transportem na tego rodzaju włóknach niepożądanych „dodatki” w postaci np. mikrobiologicznych zanieczyszczeń powinny skłaniać do poszukiwania alternatywnych rozwiązań materiałowych.

WNIOSKI

1. Włókna naturalne – zarówno zwierzęce (sierść kota, lwa i psa, włosie konia, runo owcy), jak i roślinne (len, konopie, bawełna) – mogą transportować w środowisku znaczącą liczbę cząstek bakteryjnych i grzybowych, w tym także patogenów o właściwościach chorobotwórczych dla człowieka.
2. Wpływ na liczbę cząstek drobnoustrojów przenoszonych na włóknach mają zarówno naturalne upakowanie włókien, jak i struktura ich powierzchni. W przypadku włókien zwierzęcych głównie szorstka struktura ich powierzchni, a w przypadku włókien roślinnych ich ułożenie i septowana czy pofałdowana struktura powierzchni sprawiają, że mogą one transportować znaczące ilości materiału (w tym o pochodzeniu mikrobiologicznym). Luźne ułożenie i gładka powierzchnia włókien syntetycznych (poliestrowych, poliakrylonitrylowych, polipropylenowych, poliamidowych), sztucznych (wiskozowych) i włókien jedwabiu znacząco ograniczają lub eliminują transport zanieczyszczeń mikrobiologicznych.
3. W świetle wyników uzyskanych w niniejszym badaniu włókna zwierzęce – w celu uniknięcia niepożądanego rozprzestrzeniania się szkodliwych czynników mikrobiologicznych i późniejszej ekspozycji na nie – powinny być mechanicznie eliminowane ze środowiska. Włókna roślinne stosowane w produkcji powinny być dokładnie oczyszczane (dezynfeko-

wane, sterylizowane) z zanieczyszczeń mikrobiologicznych. Jeśli to niemożliwe, tam, gdzie technologia produkcji na to pozwala, powinny być one zastępowane przez produkty z włókien syntetycznych lub sztucznych.

PIŚMIENNICTWO

1. Moeller D.W.: Environmental health. Harvard University Press, Cambridge 2005
2. Wang C.-S.: Inhaled particles. Elsevier Academic Press, Amsterdam 2005
3. Kulkarni P., Baron P.A., Willeke K. [red.]: Aerosol measurement: Principles, techniques, and applications. John Wiley & Sons, Inc., New Jersey 2011, <http://dx.doi.org/10.1002/9781118001684>
4. Lippmann M.: Effects of fiber characteristics on lung deposition, retention, and disease. Environ. Health Persp. 1990;88:311–317, <http://dx.doi.org/10.1289/ehp.9088311>
5. Lippmann M.: Asbestos exposure indices. Environ. Res. 1988;46:86–106, [http://dx.doi.org/10.1016/S0013-9351\(88\)80061-6](http://dx.doi.org/10.1016/S0013-9351(88)80061-6)
6. Schneider T., Holst E., Skotte J.: Size distribution of airborne fibres generated from man-made mineral fiber products. Ann. Occup. Hyg. 1983;27:157–171, <http://dx.doi.org/10.1093/annhyg/27.2.157>
7. Mansour E., Loxton C., Elias R.M., Ormondroyd G.A.: Assessment of health implications related to processing and use of natural wool insulation products. Environ. Int. 2014;73:402–412, <http://dx.doi.org/10.1016/j.envint.2014.08.004>
8. Ruzer L.S., Harley N.H. [red.]: Aerosol handbook: Measurement, dosimetry, and health effects. CRC Press, Boca Raton 2013
9. Szadkowska-Stańczyk I., Stroszejn-Mrowca G.: Kancerogenne działanie sztucznych włókien mineralnych – dowody w badaniach epidemiologicznych. Med. Pr. 2002; 53:137–143
10. Gehr P., Heyder J. [red.]: Particle-lung interactions. Marcel Dekker, Inc., New York 2000, <http://dx.doi.org/10.1201/b14423>
11. Gac J.M., Gradoń L.: Analytical investigation and numerical modeling of collisions between a droplet and a fiber. J. Colloid Interface Sci. 2012;369:419–425, <http://dx.doi.org/10.1016/j.jcis.2011.12.018>
12. Dutkiewicz J., Tucker J., Burrell R., Olenchock S.A., Schwelger-Berry D., Keller III G.E. i wsp.: Ultrastructure of the endotoxin produced by Gram-negative bacteria associated with organic dust. Syst. Appl. Microbiol. 1992;15:474–485, [http://dx.doi.org/10.1016/S0723-2020\(11\)80225-0](http://dx.doi.org/10.1016/S0723-2020(11)80225-0)
13. Holt J.G., Krieg N.R., Sneath P.H.A., Stanley J.T., Williams S.T. [red.]: Bergey's manual of determinative bacteriology. Williams and Wilkins, Baltimore 1994
14. Barnett J., Payne R.W.: Yeast: Characteristic and identification. Cambridge University Press, Cambridge 1986
15. Domsch K.H., Gams W., Anderson T.-H.: Compendium of soil fungi. Academic Press, London 1995
16. Fisher F., Cook N.B.: Fundamentals of diagnostic mycology. WB Saunders Company, Philadelphia 1998
17. Pitt J.I.: A laboratory guide to common *Penicillium* species. Food Science Australia, North Ryde 2000
18. Klich M.A.: Identification of common *Aspergillus* species. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht 2002
19. Samson R.A., Hoekstra E.S., Frisvad J.C.: Introduction to food- and airborne fungi. Wyd. 7. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht 2004
20. Krzyściak P., Skóra M., Macura A.B.: Atlas grzybów chorobotwórczych człowieka. MedPharm, Wrocław 2011
21. St-Germain G., Summerbell R.: Identifying filamentous fungi. Star, Belmont 2011
22. Dyrektywa 2000/54/WE Parlamentu Europejskiego i Rady z dnia 18 września 2000 r. w sprawie ochrony pracowników przed ryzykiem związanym z narażeniem na działanie czynników biologicznych w miejscu pracy (siódma dyrektywa szczegółowa w rozumieniu art. 16 ust. 1 dyrektywy 89/391/EWG). DzUrz WE z 2000 r. L 262/21
23. Rozporządzenie Ministra Zdrowia z dnia 22 kwietnia 2005 r. w sprawie szkodliwych czynników biologicznych dla zdrowia w środowisku pracy oraz ochrony zdrowia pracowników zawodowo narażonych na te czynniki. DzU z 2005 r. nr 81, poz. 716 z późn. zm.
24. Buick J.B., Magee T.R.A.: Microbial contamination of flax dust. Resour. Conserv. Recycling 1999;27:99–104, [http://dx.doi.org/10.1016/S0921-3449\(98\)00089-5](http://dx.doi.org/10.1016/S0921-3449(98)00089-5)
25. Kymäläinen H.-R., Nykter M., Hautala M., Sjöberg A.-M.: Hygienic quality of stem fractions of mechanically processed fibre hemp and linseed. Agric. Food Sci. 2005;14: 143–153, <http://dx.doi.org/10.2137/145960605774825993>
26. Nykter M., Kymäläinen H.-R., Thomsen A.B., Lilholt H., Koponen H., Sjöberg A.-M. i wsp.: Effects of thermal and enzymatic treatments and harvesting time on the microbial quality and chemical composition of fibre hemp (*Cannabis sativa* L.). Biomass Bioenergy 2008;32:392–399, <http://dx.doi.org/10.1016/j.biombioe.2007.10.015>
27. Pekhtasheva E., Neverov A., Kubica S., Zaikov G.: Biodegradation and biodeterioration of some natural polymers. Chem. Chem. Technol. 2012;6:263–280
28. Forthomme A., Joubert A., Andres Y., Simon X., Duquenne P., Bemer D. i wsp.: Microbial aerosol filtration: Growth and release of a bacterial-fungal consortium

- collected by fibrous filters in different operating conditions. *J. Aerosol Sci.* 2014;72:32–46, <http://dx.doi.org/10.1016/j.jaerosci.2014.02.004>
29. Järholm B.: Natural organic fibers – Health effects. *Int. Arch. Occup. Environ. Health* 2000;73(1):S69–S74, <http://dx.doi.org/10.1007/PL00014629>