

BACTERIAL MICROFLORA OF EUROPEAN PERCH (*PERCA FLUVIATILIS*) OBTAINED FROM RIVERS IN LATVIA

LATVIJAS UPĒS IEGŪTO EIROPAS ASARU (*PERCA FLUVIATILIS*) BAKTERIĀLĀ MIKROFLORA

Alīna Klūga¹, Miroslava Kačániová², Margarita Terentjeva¹

¹ Faculty of Veterinary Medicine, LLU, Latvia; LLU, Veterinārmedicīnas fakultāte, Latvija

² Faculty of Biotechnology and Food Sciences, Slovak University of Agriculture in Nitra, Slovakia; Biotehnoloģijas un pārtikas zinātņu fakultāte, Slovākijas Lauksaimniecības universitāte Nitrā, Slovākija

pavlovska.alina@gmail.com

ANOTĀCIJA. Zivis pieder pie augsta riska pārtikas produktiem, kas satur plašu mikroorganismu klāstu. Zivju bakteriālā sastāva novērtēšana ir nepieciešama, lai noteiktu pārtikas kvalitāti un drošumu, tāpēc pētījuma mērķis bija noteikt Eiropas asaru (*Perca fluviatilis*) bakteriālo mikrofloru ādas, žaunu un zarnu paraugos. Materiāls un Metodika: 11 asari tika nozvejoti Driksas upē un Svētes upē Jelgavā. Ādas, žaunu un zarnu paraugi tika noņemti, lai noteiktu baktēriju kopskaitu (TBC), koliformas un *Enterobacteriaceae*. Patogēno baktēriju noteikšanai tika noņemti ādas, muskuļaudu un iekšējo orgānu kopparaugi. Testēšana tika veikta saskaņā ar ISO standartiem. Baktēriju sugu noteikšana veikta izmantojot MALDI-TOF MS Biotyper. Baktēriju kopskaits zivju paraugos svārstījās no 0 līdz 3.96 log₁₀ CFU g⁻¹, koliformas no 0 līdz 3.55 log₁₀ CFU g⁻¹ un *Enterobacteriaceae* no 0 līdz 3.56 log₁₀ CFU g⁻¹. Vislielākais bakteriālais piesārņojums konstatēts asaru žaunu paraugos. Koliformu un *Enterobacteriaceae* skaits ādā un zarnās bija būtiski mazāks nekā žaunās (p>0.05). Izvērtējot asaru bakteriālo mikrofloru, tika izolētas *Pseudomonas* spp. 56%, *Enterobacter* spp. 19%, *Raoultella* spp. 11%, *Klebsiella* spp. 8% un *Pantoea* spp. 6%. *Salmonella* spp., *Listeria* spp. un *Yersinia* spp. klātbūtne netika konstatēta asaru paraugos. Izmeklēto asaru mikrobioloģiskā kvalitāte bija apmierinoša. *Pseudomonas* spp. pieder pie pārtikas bojāšanos izraisošās mikrofloras, un to plašā izplatība asaru paraugos sekmē bojāšanās procesu attīstību zivīs.

KEY WORDS: perch, freshwater fish, microflora, MALDI-TOF

INTRODUCTION: Fish is a high risk product that contains a wide range of microorganisms. Evaluation of fish bacterial composition and load is necessary to determine the quality and safety of the food, therefore the aim of the present study was to identify the bacterial microflora of European perch (*Perca fluviatilis*) skin, gills and gut.

MATERIALS AND METHODS: 11 samples of European perch were caught in the Driksna river and the Svete river in Jelgava. Skin, gills and gut samples were collected for detection of total bacterial count (TBC), coliform, and *Enterobacteriaceae*. Pooled skin, muscles and internal organ samples were tested to detect bacterial pathogens. Testing was carried out in accordance with ISO standards. MALDI-TOF MS Biotyper have been used to differentiate the bacterial species.

RESULTS: In fish samples, the TBC ranged from 0 to 3.96 log₁₀ CFU g⁻¹, coliforms from 0 to 3.55 log₁₀ CFU g⁻¹ and *Enterobacteriaceae* from 0 to 3.56 log₁₀ CFU g⁻¹. The highest bacterial contamination was observed in the gill samples. Coliforms and *Enterobacteriaceae* in skin and gut samples was significantly less than in gill samples (p>0.05). The microflora of perch skin, gills and gut samples included *Pseudomonas* spp. 56%, *Enterobacter* spp. 19%,

Raoultella spp. 11%, *Klebsiella* spp. 8% and *Pantoea* spp. 6%. *Salmonella* spp., *Listeria* spp. and *Yersinia* spp. were not detected in perch samples.

CONCLUSIONS: The microbiological quality of tested perch samples was satisfactory. The abundance of *Pseudomonas* spp., which are specific fish spoilage microorganisms and may facilitate the spoilage processes of fish meat.