

Genetycznie modyfikowana poekstrakcyjna śruta sojowa HT i ziarno kukurydzy Bt w żywieniu świń

Małgorzata Świątkiewicz¹, Dariusz Bednarek², Marta Twardowska¹, Jan Markowski¹,
Małgorzata Mazur², Zbigniew Sieradzki², Ewa Hanczakowska¹, Krzysztof Kwiatek²

¹*Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, 32-083 Balice k. Krakowa*

²*Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Aleja Partyzantów 57, 24-100 Puławy*

Zdecydowaną większość światowych upraw roślin genetycznie zmodyfikowanych stanowią soja, kukurydza, bawełna i rzepak. W żywieniu zwierząt gospodarskich najważniejszą rolę, pośród materiałów paszowych, pochodzących z genetycznie modyfikowanych roślin, pełnią poekstrakcyjna śruta sojowa oraz ziarno kukurydzy. Śruta sojowa jest głównym źródłem białka, które – szczególnie w przypadku zwierząt monogastrycznych – jest trudne do zastąpienia innymi paszami bez spowodowania obniżenia przyrostów masy ciała lub wzrostu kosztów żywienia.

Badania rynku paszowego prowadzone w ostatnich latach wykazały, że około 98% poekstrakcyjnej śruty sojowej dostępnej w Polsce wyprodukowano z soi genetycznie zmodyfikowanej (Sieradzki i in., 2006). Ziarno kukurydzy jest natomiast dobrze strawną paszą, dostarczającą energii, bardzo cenioną także ze względu na wysokie plonowanie i możliwość zmechanizowania całego procesu uprawy. Zarówno soja, jak i kukurydza, są także szeroko stosowane w żywieniu człowieka.

Najstarsza forma genetycznej modyfikacji roślin to zmierzająca do poprawy cech agrotechnicznych tzw. transgeneza I generacji. Nie wpływa ona na poziom składników pokarmowych, a tym samym na wartość pokarmową modyfikowanych roślin (Aurlich i in., 2003; Gaines i in., 2001; Padgett i in., 1996; Świątkiewicz i Koreleski, 2008). Wyniki szeregu doświadczeń, w któ-

rych stosowano rośliny zmodyfikowane w celu uzyskania ich odporności na działanie herbicydów lub szkodników owadzich, nie wykazały wpływu tych pasz na wskaźniki tuczu oraz jakość tuszy lub mięsa żywionych nimi zwierząt (Flachowsky i in., 2005 a; Świątkiewicz i in., 2010 a). W przypadku świń, badania nad zastosowaniem w mieszance paszowej kukurydzy Bt przeprowadzili Chowdhury i in. (2003), poekstrakcyjnej śruty z soi Roundup Ready – Cromwell i in. (2002), kukurydzy RR – Bressner i in. (2002), natomiast ryżu RR – Cromwell i in. (2004). Najbardziej rozpowszechnioną modyfikacją genetyczną soi jest nadanie roślinom odporności na działanie herbicydów (HT) typu Roundup (Roundup Ready – RR). Modyfikację tę uzyskano, wprowadzając do genomu rośliny gen pochodzący z bakterii *Agrobacterium* sp. Produktem ekspresji tego genu jest enzym EPSPS, powodujący tolerancję na glifosat – aktywny składnik herbicydów. Odmiana soi MON 40-3-2 jest dopuszczona do obrotu na terenie Unii Europejskiej.

W przypadku kukurydzy najpowszechniejszą modyfikacją jest wprowadzenie genu wyizolowanego z bakterii *Bacillus thuringiensis* (Bt), produkującego białko Cry1Ab toksyczne dla owada szkodnika – omacnicy prosowianki. W celach paszowych odmiana MON 810 jest uprawiana w UE w coraz większym zakresie.

Pomimo wielu przeprowadzonych zagranicznych badań, dotyczących soi RR oraz kukurydzy Bt, stosowanie roślin genetycznie modyfi-

kowanych w żywieniu zwierząt i człowieka jest w Polsce nadal bardzo kontrowersyjne, szczególnie z tego powodu, że ilość badań i publikacji krajowych jest jeszcze ograniczona. Głównym problemem jest ewentualna możliwość transferu zmodyfikowanego DNA z paszy roślinnej do tkanek zwierząt, a tym samym do spożywanych przez człowieka produktów pochodzenia zwierzęcego, takich jak mięso, jaja czy mleko. Kolejnym zagadnieniem jest wpływ potencjalnie alergogennych białek, będących wynikiem ekspresji transgenicznych genów, na status zdrowotny zwierząt i ludzi.

Badania własne

Celem badań, przeprowadzonych w Instytucie Zootechniki Państwowym Instytucie Badawczym oraz Państwowym Instytucie Weterynaryjnym – Państwowym Instytucie Badawczym, było określenie wpływu stosowania genetycznie zmodyfikowanych materiałów paszowych (poekstrakcyjnej śruty z soi Roundup Ready MON 40-3-2 i ziarna kukurydzy Bt MON 810) w żywieniu trzody chlewnej na wskaźniki produkcyjne, status metaboliczny i zdrowotny organizmu, jakość tuszy i mięsa oraz transfer transgenicznego DNA w organizmie.

Materiał i metody

W ramach realizacji projektu wykonano doświadczenie na tucznikach oraz lochach wraz z potomstwem. Na przeprowadzenie zaplanowanych doświadczeń uzyskano zgodę Lokalnej Komisji Etycznej w Krakowie, a wszystkie zwierzęta znajdowały się pod stałą opieką lekarza weterynarii.

Tuczniki

Materiał zwierzęcy stanowiły 72 tuczniki, pochodzące od loch (pbz x wbp), pokrytych knurem (Du x Pi). Do każdej z 6 grup przydzielono po 6 loszek i 6 wieprzków. W ciągu całego doświadczenia zwierzęta były utrzymywane w kojach indywidualnych, miały stały dostęp do wody i otrzymywały dawkowane ilości mieszanki paszowej, odpowiednio do masy ciała, którą kontrolowano co dwa tygodnie. Tucz doświad-

czalny prowadzono od około 30 do 110 kg masy ciała. Zwierzęta otrzymywały izoenergetyczne i izobiałkowe mieszanki paszowe, zawierające w swym składzie: jęczmień, pszenicę, kukurydzę, poekstrakcyjną śrutę sojową, otręby pszenne, dodatki mineralne i witaminowe oraz aminokwasy krystaliczne, pokrywające zapotrzebowanie tuczników. We wszystkich grupach mieszanki grower (przeznaczone na okres tuczu od 30 do 60 kg m.c.) charakteryzowały się koncentracją 12,6 MJ EM oraz zawartością 176 g białka ogólnego, 9,7 g Liz i 6,1 g Met+Cys, natomiast mieszanki finisz (przeznaczone na okres tuczu od 60 do 110 kg m.c.) zawierały 12,6 MJ EM, 160 g białka ogólnego oraz 8,1 g Liz i 5,2 g Met+Cys. Mieszanki stosowane w doświadczeniu różniły się obecnością lub brakiem genetycznie zmodyfikowanej kukurydzy MON 810 (w ilości 13% – grower i 10% – finisz) oraz poekstrakcyjnej śruty sojowej MON 40-3-2 (w ilości 18% – grower i 14% – finisz). Układ doświadczenia był następujący:

- Grupa I – kukurydza konwencjonalna + poekstrakcyjna śruta sojowa konwencjonalna,
- Grupa II – kukurydza konwencjonalna + poekstrakcyjna śruta sojowa GM,
- Grupa III – kukurydza GM + poekstrakcyjna śruta sojowa konwencjonalna,
- Grupa IV – kukurydza GM + poekstrakcyjna śruta sojowa GM,
- Grupa V – poekstrakcyjna śruta sojowa konwencjonalna + zboża,
- Grupa VI – poekstrakcyjna śruta sojowa GM + zboża.

Po zakończeniu tuczu świnie zostały ubite. Po 24-godzinnym chłodzeniu w temperaturze +4°C prawe półtusze poddano dysekcji (Różycki i Tyra, 2010). Z okolicy pomiędzy ostatnim kręgiem piersiowym a pierwszym lędźwiowym pobrano próbkę mięśnia *longissimus* w celu przeprowadzenia analiz.

W ramach realizacji badań na tucznikach przeprowadzono także doświadczenie strawnościowe. Współczynniki strawności składników pokarmowych mieszanek, zawierających lub nie zawierających badane materiały paszowe GM, określono metodą standardową (Kamiński i in., 1991). Doświadczenie przeprowadzono na 16 wieprzkach (po 4 sztuki w każdej grupie) w in-

dywidualnych klatkach strawnościowo-bilansowych. Okres wstępny trwał 10 dni, a okres kolekcji kału 5 dni. Doświadczenie przeprowadzono w dwóch etapach, osobno dla mieszanek grower (przeznaczonych na pierwszy okres tuczu), a następnie dla mieszanek finisz (stosowanych w końcowym okresie tuczu). W pierwszym etapie wieprzki otrzymywały 2,0 kg/dzień mieszanki grower, a w drugim 2,6 kg mieszanki finisz. Paszę podawano w dwóch odpasach każdego dnia. Dostęp do wody dla wszystkich zwierząt był stały. Kał poszczególnych zwierząt był ważony każdego dnia, a pobrane codziennie próbki łączone w indywidualne próbki zbiorcze dla każdej sztuki. Następnie, próbki kału przechowywano w temperaturze -18°C do czasu wykonania analiz chemicznych.

Lochy i prosięta

Doświadczenie nad wpływem pasz GM na wskaźniki reprodukcyjne loch oraz wyniki odchovu prosiąt przeprowadzono na 24 lochach (pbz x wbp) pokrytych knurem (Du x Pi). Lochy po pokryciu podzielono na 4 grupy (po 6 sztuk w każdej). W ciągu całego doświadczenia zwierzęta były utrzymywane w kojcach indywidualnych, miały stały dostęp do wody i otrzymywały dawkowane ilości paszy. Stosowane mieszanki były we wszystkich grupach izobiałkowe i izoenergetyczne, a w ich skład wchodziły: jęczmień, pszenica, otręby pszenne, susz z lucerny, kukurydza, poekstrakcyjna śruta sojowa, olej rzepakowy, dodatki mineralne i witaminowe oraz aminokwasy krystaliczne. Mieszanki przeznaczone dla loch niskoprosnych charakteryzowały się koncentracją energii 11,8 MJ EM oraz zawartością 132 g białka ogólnego, 6,8 g Liz i 4,5 g Met+Cys, natomiast mieszanki przeznaczone dla loch wysokoprosnych i karmiących zawierały 12,5 MJ EM, 162 g białka ogólnego oraz 8,2 g Liz i 5,5 g Met+Cys. Mieszanki stosowane w doświadczeniu różniły się obecnością lub brakiem genetycznie zmodyfikowanej kukurydzy MON 810 (w ilości 5% dla loch niskoprosnych i 8% dla wysokoprosnych i karmiących) oraz poekstrakcyjnej śruty sojowej MON 40-3-2 (w ilości 4% dla loch niskoprosnych i 14% dla wysokoprosnych i karmiących). Układ doświadczenia był następujący:

- Grupa I – poekstrakcyjna śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza konwencjonalna,

- Grupa II – poekstrakcyjna śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna,
- Grupa III – poekstrakcyjna śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM,
- Grupa IV – poekstrakcyjna śruta sojowa GM + kukurydza GM.

Masę ciał loch kontrolowano w dniu krycia, w 100. dniu ciąży, po wyproszeniu oraz po odsadzeniu. Badaniami objęto także potomstwo loch. Od 7. dnia życia prosięta otrzymywały izobiałkowe i izoenergetyczne mieszanki paszowe, zawierające identyczne rodzaje kukurydzy (w ilości 10%) i poekstrakcyjnej śruty sojowej (w ilości 26%), jak w mieszankach dla loch, od których dany miot pochodził. W skład mieszanek dla prosiąt wchodziły następujące materiały paszowe: jęczmień, pszenica, kukurydza, poekstrakcyjna śruta sojowa, mleko odtuszczone w proszku, serwatka suszona, dodatki mineralne i witaminowe oraz aminokwasy krystaliczne. Mieszanki te charakteryzowały się koncentracją 13,3 MJ EM oraz zawartością 214 g białka ogólnego, 13,2 g Liz i 7,8 g Met+Cys. Wszystkie prosięta odsadzano w 28. dniu życia, a następnie odchowywano w kojcach zbiorowych (każdy miot osobno) do 84. dnia życia.

Wykonane analizy biochemiczne

Stan nieswoistej odporności komórkowej tuczników badano, pobierając próbki od 6 zwierząt z każdej grupy (3 loszki i 3 wieprzki) do badań immunologicznych wybranych wskaźników. Oceniano skład procentowy poszczególnych subpopulacji limfocytów krwi obwodowej z użyciem cytometrii przepływowej i specyficznego panelu przeciwciał monoklonalnych, umożliwiających rozpoznawanie komórek CD3+ (limf. T), CD4+ (limf. Th; pomocnicze) i CD8+ (limf. Tc/s; cytotoksyczno-supresorowe). Ponadto, oznaczono wskaźniki hematologiczne zarówno w czerwono- (RBC, MCV, HGB, MCH, MCHC, HCT), jak i w białokrwinkowym układzie (WBC, LYM, PMNL, MID). Badane wskaźniki immunologiczne odzwierciedlają charakter zmian w ramach nieswoistej odporności komórkowej.

Bezpośrednio po uboju, od 6 zwierząt (3 loszki i 3 wieprzki) z każdej grupy pobrano próbki treści pokarmowej z jelita ślepego i grubego w celu oceny mikroflory przewodu pokar-

mowego (*Escherichia coli*, *Enterococcus faecalis* i *Enterococcus faecium*) oraz zbadania możliwości transferu transgenicznego DNA do wybranych grup mikroorganizmów. Bakterie izolowano z treści wybranych odcinków przewodu pokarmowego. Do hodowli mikroorganizmów wykorzystywano podłoża selektywne. Dla *E. coli* stosowano podłoże TBX – pożywkę tryptono-żółciowo-glukuronidynową, a dla *Enterococcus* podłoże Slanetza z azydkiem sodu. Do namnażania drobnoustrojów wybrano podłoże płynne BHI – wyciąg mózgowo-sercowy.

Pomiary kwasowości mięsa wykonano przy pomocy pH-metru przenośnego CP-215, wyposażonego w elektrodę sztyletową o symbolu ES Ag P-306, w czasie 45 min po uboju oraz po 24 godzinach. Po 24-godzinnym przechowywaniu półtuszy wieprzowych w temperaturze +4°C pobrano próbki mięśnia *longissimus* w celu wykonania podstawowej analizy chemicznej (AOAC, 2005) oraz określenia cech jakościowych mięsa. Barwę mięsa (jasność, wysycenie barwy w kierunku czerwieni oraz w kierunku

żółci) mierzono za pomocą kolorymetru Minolta CR-310. Wskaźnik wodochłonności został określony metodą opisaną przez Graua i Hamma (1953).

Zawartość podstawowych składników pokarmowych w próbkach paszy i kałów, pochodzących z doświadczenia strawnościowego, oznaczono standardową metodą chemiczną (AOAC, 2005).

Wykonane analizy genetyczne

Próbki do analiz DNA transgenicznego pobrano bezpośrednio po uboju od 6 zwierząt z każdej grupy (3 loszki i 3 wieprzki). Próbki mięsa pochodziły z mięśnia *longissimus* (fragment pomiędzy ostatnim kręgiem piersiowym a pierwszym kręgiem lędźwiowym) oraz mięśnia smukłego szynki. Pobrano także próbki treści przewodu pokarmowego z: żołądka, dwunastnicy, jelita cienkiego, jelita ślepego i okrężnicy oraz próbki kału. Pobrano ponadto fragmenty tkanek, tj. wątroby, śledziony, trzustki, nerek, płuc oraz krwi.

Tabela 1. Sekwencje modyfikowanego DNA soi RR i kukurydzy *Bt* oznaczane w badaniach prowadzonych w KLP IZ PIB w Szczecinie

Table 1. Primers used in the study for the detection of maize and soybean genes analysed at KLP IZ PIB, Szczecin

Promotor Primer	Sekwencja 5' – 3' Sequence 5' – 3'	Element docelowy Target element	Długość fragmentu (ilość par zasad) Amplicon size (bp)
35S-f2 Petu-r1	TGA TGT GAT ATC TCC ACT GAC G TGT ATC CCT TGA GCC ATG TTG T	Region integracji pomiędzy sekwencją promotora 35S a sekwencją CTP dla soi RR <i>Transition site of 35S promoter sequence to the chloroplast-transit-signal sequence in Roundup Ready soybean</i>	172
VW01 VW03	TCG AAG GAC GAA GGA CTC TAA CG TCC ATC TTT GGG ACC ACT GTC G	Region graniczny integracji między promotorem 35S a sekwencją genomową kukurydzy <i>Transition site of the genomic DNA into the 35S promoter in MON 810 maize</i>	170

W celu oceny poziomego transferu DNA, pochodzącego z roślin modyfikowanych genetycznie (soja RR MON 40-3-2 i kukurydza *Bt* MON 810), zastosowano badanie jakościowe GMO metodą PCR, przeprowadzone w KLP IZ PIB w Szczecinie (tab. 1).

Wyniki tych badań zostały potwierdzone w laboratorium Państwowego Instytutu Weterynaryjnego – PIB w Puławach (tab. 2). Po izolacji

DNA otrzymany materiał genetyczny poddano analizie w celu wykrycia transgenów: promotora 35S, terminatora NOS oraz genów referencyjnych: lektyny dla soi i inwertazy dla kukurydzy. W kukurydzy MON 810 był powielany fragment 170 par zasad w obrębie regionu granicznego integracji między promotorem 35S a sekwencją genomową kukurydzy. Dla soi Roundup Ready był to fragment 172 par zasad, leżący w regio-

nie integracji pomiędzy sekwencją promotora 35S a sekwencją CTP (sekwencja sygnałowa, dzięki której EPSPS transportowane jest do chloroplastów).

Tabela 2. Sekwencje modyfikowanego DNA soi RR i kukurydzy *Bt* oznaczane w badaniach prowadzonych w PIWet – PIB Puławy

Table 2. Primers used in the study for the detection of maize and soybean genes analysed at PIWet – PIB Pulawy

Promotor <i>Primer</i>	Sekwencja 5' – 3' <i>Sequence 5' – 3'</i>	Element docelowy <i>Target element</i>	Długość fragmentu (ilość par zasad) <i>Amplicon size (bp)</i>
35S-f2 Petu-r1	TGA TGT GAT ATC TCC ACT GAC G TGT ATC CCT TGA GCC ATG TTG T	Region integracji pomiędzy sekwencją promotora 35S a sekwencją CTP dla soi RR <i>Transition site of 35S promoter sequence to the chloroplast-transit-signal sequence in RR soybean</i>	172
VW01 VW03	TCG AAG GAC GAA GGA CTC TAA CG TCC ATC TTT GGG ACC ACT GTC G	Region graniczny integracji między promotorem 35S a sekwencją genomową kukurydzy <i>Transition site of the genomic DNA into the 35S promoter in MON 810 maize</i>	170
p35S-cf3 p35S-cf4	CCA CGT CTT CAA AGC AAG TGG TCC TCT CCA AAT GAA ATG AAC TTC C	CaMV 35S promotor soi RR i kukurydzy MON 810 <i>CaMV 35S promoter of RR soybean and MON 810 maize</i>	123
HA-NOS 118-f HA-NOS 118-r	GCA TGA CGT TAT TTA TGA GAT GGG GAC ACC GCG CGC GAT AAT TTA TCC	NOS terminator soi RR <i>NOS terminator of RR soybean</i>	118
GM03 GM04	GCC CTC TAC TCC ACC CCC ATC C GCC CAT CTG CAA GCC TTT TTG TG	Gen referencyjny lektyny (soja) <i>Soybean lectin gene (endogenous)</i>	118
IVR1-F IVR1-R	CCG CTG TAT CAC AAG GGG TGG TAC C GGA GCC CGT GTA GAG CAT GAC GAT C	Gen referencyjny inwertazy (kukurydza) <i>Maize invertase gene (endogenous)</i>	226

Wyniki i ich omówienie

Tuczniki

W tabeli 3 przedstawiono średnie dzienne przyrosty masy ciała tuczników oraz zużycie paszy podczas doświadczenia prowadzonego od 30 do 110 kg m.c. Zarówno w pierwszym, jak i drugim okresie tuczu nie obserwowano pomiędzy grupami statystycznie istotnych różnic w tempie wzrostu. Średnie przyrosty masy ciała wszystkich tuczników w całym okresie tuczu były bardzo zbliżone i wynosiły od 824 do 852 g. Nie stwierdzono także wpływu badanych pasz

GM na zużycie paszy (tab. 3). Wyniki oceny tusz wieprzowych przedstawiono w tabeli 4. Nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy grupami w żadnym z badanych parametrów. Zawartość mięsa w wyrębach podstawowych półtuszy była we wszystkich grupach zbliżona. Mięśność tuczników doświadczalnych wynosiła od około 53,7% w grupach I, V i VI do 54,6% w II, natomiast powierzchnia oka połówki wahała się od 59,3 cm² w grupie III do 61,4 cm² w VI. Badane wskaźniki jakości mięsa także nie różniły się statystycznie istotnie (tab. 5). We wszystkich grupach doświadczalnych odnotowano zbliżoną

kwasowość mięsa, barwę, wskaźnik wodochłonności oraz podobną zawartość suchej masy, białka i tłuszczu. Otrzymane wyniki tuczu, porównywalne we wszystkich grupach doświadczalnych, potwierdzają równowagę żywieniową stosowanych pasz GM oraz ich odpowiedników konwencjonalnych. Podobne rezultaty obserwowali Chowdhury i in. (2003), Hyun i in. (2004), oraz Reuter i in. (2002 a,b), żywiąc świnię mieszkankami z udziałem lub bez kukurydzy *Bt*. Stein i in. (2009), którzy stosowali w doświadczeniu zarówno kukurydzę *Bt* jak i RR, nie stwierdzili wpływu żadnego z tych materiałów paszowych na wielkość przyrostów masy ciała tuczni-

ków i wykorzystanie paszy. Także cechy jakości tuszy były zbliżone do wartości odnotowanych w grupie kontrolnej, np.: wydajność rzeźna – 76,5 vs 76,3%, powierzchnia oka połędwicy – 49,8 vs 50,4 cm², średnia grubość słoniny grzbietowej – 2,20 vs 2,12 cm. Przydatność poekstrakcyjnej śruty z soi Roundup Ready w tuczu świń badali Cromwell i in. (2002).

Autorzy stwierdzili zbliżoną zawartość składników pokarmowych oraz aminokwasów w śrucie sojowej GM i konwencjonalnej, jak również porównywalne wyniki tuczu, jakości tusz oraz składu chemicznego i cech organoleptycznych mięsa.

Tabela 3. Wyniki tuczu – Table 3. Fattening results

	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>						P	SEM
	I	II	III	IV	V	VI		
Średnie dzienne przyrosty masy ciała (g): <i>Average daily body weight gains (g):</i>								
30–110 kg	824	831	852	835	837	837	0,698	4,813
Średnie zużycie paszy na przyrost 1 kg m.c. (kg/kg): <i>Average feed utilization (kg/kg):</i>								
30–110 kg	3,16	3,16	3,12	3,15	3,14	3,15	0,993	0,018

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalna), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.

Tabela 4. Jakość tuszy – Table 4. Carcass quality traits

	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>						P	SEM
	I	II	III	IV	V	VI		
Wydajność rzeźna (%) <i>Cold dressing yield (%)</i>	78,26	79,06	79,36	79,22	79,05	79,24	0,529	0,177
Powierzchnia oka połędwicy (cm ²) <i>Loin eye area (cm²)</i>	60,53	59,92	59,29	61,25	61,08	61,44	0,899	0,575
Średnia grubość słoniny (cm) <i>Average backfat thickness (cm)</i>	2,09	2,01	2,22	1,97	1,98	2,13	0,315	0,036
Mięso wyrębów podstawowych (kg) <i>Meat of primal cuts (kg)</i>	24,15	24,52	24,89	24,68	24,97	24,31	0,717	0,172
Mięsność tuszy (%) <i>Carcass meatiness (%)</i>	53,69	54,59	53,89	54,54	53,67	53,66	0,888	0,303

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalna), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.

Tabela 5. Jakość i skład chemiczny mięsa (*m. longissimus*)
Table 5. Quality and chemical composition of meat (*m. longissimus*)

	Grupa doświadczalna – Experimental group*						P	SEM
	I	II	III	IV	V	VI		
Ph 45 min po uboju <i>Ph 45 min after slaughter</i>	6,33	6,28	6,28	6,24	6,28	6,38	0,504	0,023
Ph po 24 h chłodzeniu (+4°C) <i>Ph after 24 h cooling at +4°C</i>	5,58	5,55	5,62	5,59	5,63	5,62	0,451	0,013
Wskaźnik wodochłonności (%) <i>Water holding capacity (%)</i>	21,14	21,36	21,04	20,81	21,09	21,15	0,994	0,232
Kolor mięsa wg skali Huntera: <i>Meat color in Hunter scale:</i>								
– jasność *L <i>– lightness *L</i>	46,19	46,57	46,40	46,29	46,36	46,24	0,999	0,260
– wysycenie w kierunku czerwieni *a <i>– redness *a</i>	13,42	13,81	13,40	13,37	13,62	13,43	0,570	0,077
– wysycenie w kierunku żółci *b <i>– yellowness *b</i>	2,06	2,19	2,14	2,15	2,14	2,18	0,987	0,050
Sucha masa – Dry matter (%)	24,95	24,91	25,08	25,05	24,81	24,99	0,986	0,105
Białko – Protein (%)	22,59	22,81	22,99	22,93	22,37	22,95	0,512	0,106
Tłuszcz – Fat (%)	1,14	1,05	1,12	1,04	1,12	1,15	0,806	0,028

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.

Tabela 6. Średnie wartości wskaźników erytrocytarnych i leukocytnych krwi obwodowej u tuczników
Table 6. Average values of peripheral blood erythrocyte and leukocyte indices in fatteners blood

	Grupa doświadczalna – Experimental group*					
	I	II	III	IV	V	VI
RBC (x 10 ¹² /l)	5,43 ±0,26	5,41 ±0,52	5,07 ±0,6	6,10 ±0,13	6,01 ±1,23	4,82 ±0,12
MCV (fl)	66,0 ±2,83	74,0 ±11,31	67,0 ±1,41	64,0 ±4,24	60,50 ±24,12	65,0 ±1,41
HCT (l/l)	0,36 ±0,03	0,39 ±0,04	0,33 ±0,08	0,39 ±0,03	0,38 ±0,14	0,27 ±0,01
HGB (mmol/l)	10,45 ±0,78	11,50 ±1,13	9,45 ±2,19	11,35 ±1,34	11,4 ±4,25	7,85 ±0,07
MCHC (mmol/l)	29,20 ±0,42	29,25 ±0,07	28,8 ±0,14	29,05 ±1,34	30,0 ±12,44	29,05 ±0,49
WBC (x 10 ⁹ /L)	10,85 ±1,06	8,75 ±3,04	8,65 ±4,17	9,65 ±1,48	18,1 ±6,44	13,10 ±0,85
PMNL (%)	60,0 ±4,24	38,0 ±11,31	52,5 ±6,36	33,0 ±0,0	51,5 ±20,38	46,5 ±2,12
LYM (%)	31,0 ±4,24	49,5 ±10,61	35,5 ±10,61	55,0 ±2,83	37,5 ±15,57	41,0 ±2,83
MID (%)	9,0 ±0,0	12,5 ±0,71	10,5 ±2,12	12,0 ±2,83	11,0 ±4,17	12,5 ±0,71

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.

W czasie trwania doświadczenia dokonano oceny wpływu pasz GM na parametry charakteryzujące status immunologiczny świń. W badaniach tzw. ogólnych wskaźników zdrowia, tj. parametrów układu erytrocytarnego, nie obserwowano statystycznie istotnych różnic pomiędzy grupami tuczników (tab. 6). Podobnie, brak jakichkolwiek zależności stwierdzono też w odniesieniu do pozostałych ocenianych para-

metrów nieswoistej odporności komórkowej, tj. ogólnej liczby leukocytów we krwi (WBC), leukogramu (LYM, PMNL, MID) i immunofenotypu limfocytów z podziałem na komórki CD3+, CD4+ i CD8+ (tab. 6 i 7). Uzyskane wyniki badań wskazują na brak istotnego wpływu stosowanych w żywieniu tuczników pasz GM (soja, kukurydza) na procesy komórkowej odporności naturalnej.

Tabela 7. Zmiany w subpopulacjach limfocytów krwi obwodowej u tuczników
Table 7. Immunophenotyping of peripheral blood lymphocyte subpopulations in fatteners

	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>					
	I	II	III	IV	V	VI
CD3 ⁺ (%)	46,87 ±5,33	43,33 ±6,52	54,27 ±2,83	57,97 ±4,83	55,47 ±2,85	56,91 ±4,50
CD4 ⁺ (%)	32,1 ±5,1	33,07 ±6,39	27,30 ±2,10	28,07 ±3,40	29,37 ±2,40	29,2 ±4,10
CD8 ⁺ (%)	38,92 ±3,03	37,0 ±4,03	37,73 ±3,15	29,30 ±5,14	25,70 ±9,82	20,10 ±1,25

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.

Analizy mikroflory przewodu pokarmowego dotyczyły przede wszystkim oceny możliwości transferu transgenicznego DNA do wybranych grup mikroorganizmów (dane nieprezentowane). W żadnej z grup doświadczalnych nie stwierdzono obecności w bakteryjnym DNA elementów transgenicznych: promotora 35S i terminatora NOS. Badania, dotyczące składu ilościowego wybranych mikroorganizmów nie wykazały istotnych różnic ilościowych pomiędzy grupami, żywionymi mieszankami paszowymi z komponentem genetycznie modyfikowanym lub bez. Podsumowując można stwierdzić, że stosowanie w żywieniu zwierząt pasz zawierających badane rośliny genetycznie zmodyfikowane nie wpłynęło na skład ilościowy mikroflory przewodu pokarmowego, jak również nie stwierdzono transferu transgenicznego DNA do bakterii zasiedlających badane odcinki przewodu pokarmowego.

Tabela 8 zawiera wyniki, przeprowadzonej w KLP IZ PIB analizy obecności transgenicznego DNA, pochodzącego z badanych roślin genetycznie modyfikowanych, w wybranych narządach i odcinkach przewodu pokarmowego tuczników. DNA pochodzące z soi (RR) i/lub

kukurydzy (MON 810) stwierdzono w treści żołądka wszystkich zwierząt, otrzymujących dany komponent w mieszance paszowej. Obecność DNA transgenicznego w dwunastnicy stwierdzono tylko w grupie II oraz u kilku (2–3 sztuki) zwierząt z grup III i IV. W treści pokarmowej dwunastnicy zwierząt z grup V i VI oraz w treści dalszych odcinków przewodu pokarmowego wszystkich zwierząt nie obserwowano obecności DNA specyficznego dla soi i/lub kukurydzy GM. Nie odnotowano także obecności DNA transgenicznego we krwi ani w żadnym z badanych narządów (wątroba, śledziona, płuca).

W tabeli 9 przedstawiono wyniki badań porównawczych, określających obecność DNA transgenicznego w treści przewodu pokarmowego oraz w tkankach, wykonanych w Państwowym Instytucie Weterynaryjnym – PIB w Puławach. W wyizolowanym DNA, pochodzącym z krwi, narządów (nerki, wątroba, śledziona, trzustka, płuca), mięśni (najdłuższy grzbietu, smukły szynki) oraz treści układu pokarmowego, z wyjątkiem treści żołądka, nie wykryto obecności poszukiwanych elementów genetycznych: promotora 35S, terminatora NOS, genu lektyny i genu inwertazy.

Tabela 8. Wyniki analizy obecności transgenicznego DNA w treści przewodu pokarmowego i tkankach tuczników (analizy wykonane w KLP IZ PIB Szczecin)
 Table 8. Results of detection of the transgenic DNA fate in digestive tract content and tissues of fattened pigs (analysis performed at KLP IZ PIB Szczecin)

Materiał biologiczny <i>Type of sample</i>	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>											
	I		II		III		IV		V		VI	
	RR	MON 810	RR	MON 810	RR	MON 810	RR	MON 810	RR	MON 810	RR	MON 810
Treść żołądka <i>Stomach content</i>	–	–	+	n/a	n/a	+	+	+	+	n/a	+	n/a
Treść dwunastnicy <i>Duodenum digesta</i>	–	–	+	n/a	n/a	+/-	+/-	+/-	–	n/a	–	n/a
Treść dalszych odcinków jelit <i>Digesta in subsequent parts of alimentary tract</i>	–	–	–	n/a	n/a	–	–	–	–	n/a	–	n/a
Krew – <i>Blood</i>	–	–	–	n/a	n/a	–	–	–	–	n/a	–	n/a
Tkanki narządów wewnętrznych <i>Samples of internal organs</i>	–	–	–	n/a	n/a	–	–	–	–	n/a	–	n/a
Mięsień – <i>Muscle</i>	–	–	–	n/a	n/a	–	–	–	–	n/a	–	n/a

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.

n/a – nie analizowano – n/a – not analysed.

Obecność poszukiwanych genów w treści żołądka była ściśle związana z rodzajem paszy stosowanej w odpowiednich grupach zwierząt. W grupie I, żywionej mieszanką paszową nie zawierającą GM, nie wykryto transgenicznego DNA. Charakterystyczne dla soi sekwencje genetyczne GM, tj. promotor 35S i terminator NOS, zidentyfikowano w grupach II, IV i VI, w których do żywienia zwierząt wykorzystywano soję genetycznie zmodyfikowaną. W grupie III wykryto promotor 35S, występujący w kukurydzy MON 810.

Ponadto, w zawartości żołądka wszystkich grup tuczników badania wykazały obecność genów referencyjnych lektyny dla soi oraz inwertazy dla kukurydzy. W kolejnych odcinkach przewodu pokarmowego (dwunastnica, jelito cienkie, ślepe, grube oraz kał) nie wykryto żadnego z poszukiwanych elementów łańcucha DNA. W treści żołądków badanych tuczników zaobserwowano częściowo niestrawione fragmenty paszy, co tłumaczy obecność DNA specyficznego dla soi RR i/lub kukurydzy MON 810 w treści pokarmowej. Podobne wyniki uzyskano

we wcześniejszych doświadczeniach, przeprowadzonych na kurczętach brojlerach (Świątkiewicz i in., 2010 b). Chowdhury i in. (2003) stwierdzili obecność genetycznie zmodyfikowanych fragmentów DNA o długości 110 par zasad oraz białko Cry1Ab pochodzące z kukurydzy *Bt* w treści wszystkich odcinków przewodu pokarmowego, ale nie we krwi świń. Brak wykrywalnych fragmentów transgenicznego DNA, pochodzącego z kukurydzy *Bt*, w treści przewodu pokarmowego oraz tkankach świń obserwowali także Klotz i in. (2002). Zbliżone wyniki otrzymano ponadto w wielu innych badaniach, przeprowadzonych na różnych gatunkach zwierząt gospodarskich. Obecności transgenicznego DNA nie potwierdzono w mleku krów (Klotz i Einspanier, 1998), we krwi, mięsie, skórze, wątrobie, śledzionie i płucach kurcząt brojlerów (Khumnirdpetch i in., 2001; Świątkiewicz i in., 2010 b) oraz w mięsie, wątrobie, śledzionie, żołądka, nerkach, sercu oraz jajkach przepiórek japońskich (Flachowsky i in., 2005 b). Jennings i in. (2003) nie wykryli transgeny białka CP4 w mięśniu *longissimus* świń, otrzymujących

Tabela 9. Wyniki analizy obecności transgenicznego DNA w treści przewodu pokarmowego i tkankach tuczników (analizy wykonane w PIWet – PIB Puławy)
 Table 9. Results of detection of the transgenic DNA fate in digestive tract content and tissues of fattened pigs (performed at PIWet-PIB – Puławy)

Materiał biologiczny Type of sample	Grupa doświadczalna – Experimental group*																				
	I			II			III			IV			V			VI					
	NOS	35S	lektyna – lectine	inwertaza – invertase	NOS	35S	lektyna – lectine	inwertaza – invertase	NOS	35S	lektyna – lectine	inwertaza – invertase	NOS	35S	lektyna – lectine	inwertaza – invertase	NOS	35S	lektyna – lectine	inwertaza – invertase	
Treść żołądka – Stomach content	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	n/a
Treść dwunastnicy, dalszych odcinków jelit oraz kał Contents of subsequent parts of alimentary tract and faeces	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	n/a
Krew – Blood	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	n/a
Tkanki narządów wewnętrznych Samples of internal organs	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	n/a
Mięśnie – Muscles	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	n/a

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM, V – śruta sojowa konwencjonalna, VI – śruta sojowa GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn, V – non-modified soybean meal, VI – GM soybean meal.
 n/a – nie analizowano – n/a – not analysed.

poekstrakcyjną śrutę sojową RR. Walsh i in. (2011, 2012 b) nie potwierdzili obecności transgeny Cry1Ab w tkankach oraz treści końcowego odcinka przewodu pokarmowego świń, żywionych mieszanką z udziałem kukurydzy MON 810. DNA transgeniczne, jak również białka, będące wynikiem ekspresji zmodyfikowanych genów, są skutecznie rozkładane przez enzymy trawienne przewodu pokarmowego, co wyklucza ich wydalanie z kałem do środowiska lub przenikanie przez ściany jelita do krwi i narządów wewnętrznych organizmu. Prowadzone dotychczas badania nad kukurydzą Bt potwierdziły brak podobieństw transgenicznego białka Cry1Ab do białek alergicznych oraz jego degradację w symulowanych warunkach przewodu pokarmowego (EFSA, 2009). Wydaje się więc, że ryzyko pojawienia się transgenicznego DNA w organizmach zwierząt jest porównywalne w transferem niezmodyfikowanego

DNA, pochodzącego z roślin konwencjonalnych. Należy podkreślić, że pełna długość aktywnego transgeny soi RR wynosi 3500 par zasad, a transgeny kukurydzy 1800 par zasad, podczas gdy długość wykrywanych fragmentów nie przekracza stukilkudziesięciu par zasad. Fragmenty te są zbyt krótkie, aby wykazywać aktywność biologiczną (Chowdhury i in., 2003; Sacchi i in., 1986).

W ramach badań na tucznikach wykonano także oznaczenie strawności składników pokarmowych mieszanek zawierających lub nie materiały paszowe GM, tj. poekstrakcyjną śrutę sojową RR oraz kukurydzą Bt.

Analizując otrzymane wyniki, nie stwierdzono wpływu genetycznie zmodyfikowanego materiału paszowego, zastosowanego w mieszankach paszowych, przeznaczonych na pierwszy i drugi okres tuczu świń, na strawność podstawowych składników pokarmowych (tab. 10).

Tabela 10. Współczynniki strawności (%) składników pokarmowych mieszanek stosowanych w doświadczeniu
Table 10. Apparent digestibility coefficients (%) of nutrients in feed mixtures used in the experiment

	Grupa doświadczalna – Experimental group*				P	SEM
	I	II	III	IV		
Okres tuczu od 30 do 60 kg masy ciała: Fattening period 30–60 kg body weight:						
Sucha masa – Dry matter	83,64	82,85	83,86	83,97	0,648	0,320
Białko – Crude protein	80,44	79,59	80,17	79,73	0,958	0,555
Tłuszcz – Crude fat	55,69	50,23	50,31	57,15	0,112	1,316
Włókno – Crude fibre	29,08	34,31	35,65	28,50	0,176	1,419
Substancje bez-N wyciągowe N-free extractives	91,85	92,02	92,21	92,38	0,701	0,159
Okres tuczu od 60 do 110 kg masy ciała: Fattening period 60–110 kg body weight:						
Sucha masa – Dry matter	84,73	84,24	85,57	84,92	0,400	0,269
Białko – Crude protein	77,05	77,21	80,03	78,52	0,256	0,588
Tłuszcz – Crude fat	49,92	51,18	45,78	51,62	0,805	2,162
Włókno – Crude fibre	45,50	46,96	47,26	46,27	0,949	1,047
Substancje bez-N wyciągowe N-free extractives	92,64	92,23	92,87	92,64	0,624	0,166

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn.

Współczynniki strawności składników pokarmowych nie różniły się statystycznie istotnie pomiędzy grupami. W przypadku żywienia świń mieszanką grower średnia dla wszystkich zwierząt wartość współczynnika strawności suchej masy wynosiła 83,6%, białka ogólnego –

80%, tłuszczu surowego – 53,3%, włókna surowego – 31,9% oraz substancji bez-N wyciągowych – 92,1%. Natomiast, średnia strawność poszczególnych składników pokarmowych mieszanki finiszera wynosiła odpowiednio: 84,9; 78,2; 49,6; 46,5 oraz 92,6%. Obserwowano po-

prawę strawności włókna surowego, która u zwierząt w drugim okresie tuczu była o ponad 14 pkt procentowych wyższa niż u zwierząt młodszych. W doświadczeniu strawnościowym, przeprowadzonym przez Aumaitre i in. (2002) na świniach, otrzymujących ziarno kukurydzy zmodyfikowanej w kierunku odporności na herbicydy, także nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy badanymi współczynnikami strawności.

Lochy i prosięta

Średnia masa ciała loch przy kryciu, tj. przy rozpoczęciu doświadczenia, była we wszystkich grupach zbliżona i wynosiła od 206,5 do 225,5 kg (tab. 11). Różnica w wielkości przyrostu masy ciała loch, mierzona we wszystkich grupach pomiędzy dniem krycia i pierwszym dniem po wyproszeniu, wynosiła jedynie 3,8 kg. W czasie laktacji lochy straciły od 9,9 (grupa II) do 12,6 kg (grupa IV), a po zakończeniu całego cyklu reprodukcyjnego średnia masa ciała loch we wszystkich grupach wzrosła o 19,1–22,3 kg w stosunku do masy ciała na początku doświadczenia. W żadnym etapie badanego cyklu masy ciała loch nie różniły się statystycznie istotnie pomiędzy grupami. We wszystkich grupach prezentowanego doświadczenia lochy były żywione dawkowanymi ilościami paszy i pobrały zbliżoną jej ilość, która w okresie ciąży wynosiła około 242–244 kg/szt., a w okresie laktacji 155–160 kg/szt. Nie stwierdzono istotnych różnic w wielkości pobrania paszy przez lochy w poszczególnych okresach cyklu reprodukcyjnego. Zbliżoną masę ciała oraz grubość słoniny grzbietowej, w ciągu cyklu reprodukcyjnego, u loch otrzymujących mieszanki, zawierające kukurydzę kon-

wencjonalną lub GM obserwowali także Walsh i in. (2012 a).

W całym doświadczeniu urodziło się 265 prosiąt o średniej masie ciała około 1,46 kg (tab. 12). Średnia ilość prosiąt w miocie wynosiła od 10,8 w grupach I i III do 11,5 w grupie IV. W czasie odchowu przy lochach prosięta we wszystkich grupach przyrastały średnio nieco ponad 200 g dziennie, a po odsadzeniu od loch 341–351 g/dzień, ale różnice te nie zostały potwierdzone jako statystycznie istotne. Masa ciała prosiąt z grup doświadczalnych w dniu odsadzenia (28. dzień) oraz zakończenia doświadczenia (84. dzień) nie różniła się istotnie od masy ciała prosiąt z grupy kontrolnej. We wszystkich grupach zwierzęta padłe, przygniecione i wybrakowane stanowiły od 9,2 do 12,1% prosiąt urodzonych. Nie stwierdzono wpływu zastosowanych w mieszankach materiałów paszowych genetycznie modyfikowanych na zużycie paszy przez prosięta.

W badaniach przeprowadzonych przez Walsh i in. (2011, 2012), którzy kukurydzę MON 810 stosowali w mieszankach paszowych dla loch i prosiąt oraz warchlaków odsadzonych w 28. dniu życia, również nie odnotowano wpływu kukurydzy MON 810 na wskaźniki odchowu. Piva i in. (2001) obserwowali natomiast wyższe przyrosty u prosiąt otrzymujących w mieszance kukurydzę *Bt*. Zdaniem autorów, ziarno odpornej na żerowanie larw omacnicy prosowianki kukurydzy *Bt* pozostało nie uszkodzone i mniej skażone grzybem *Fusarium*, a tym samym zawierało mniej mikotoksyn, co mogło być przyczyną korzystniejszych wskaźników odchowu.



Fot.: D. Dobrowolska

Tabela 11. Zmiany masy ciała loch oraz pobranie paszy w czasie cyklu reprodukcyjnego
Table 11. Changes in body weight and feed intake of sows during the reproductive cycle

	Grupa doświadczalna – Experimental group*				P	SEM
	I	II	III	IV		
Średnia masa ciała loch (kg): Average body weight of sows (kg):						
– krycie – mating	225,5	206,5	215,7	225,0	0,602	5,514
– wyproszenie – farrowing	256,8	238,7	246,2	259,3	0,465	5,061
– odsadzenie – weaning	245,2	228,8	234,8	246,7	0,550	4,915
Zmiany masy ciała loch w poszczególnych okresach cyklu (kg): Changes in body weight during the cycle's phases (kg):						
– ciąża – pregnancy	31,3	32,2	30,5	34,3	0,928	2,005
– laktacja – lactation	11,6	9,9	11,4	12,6	0,832	1,037
– cały cykl – total cycle	19,7	22,3	19,1	21,7	0,939	1,967
Pobranie paszy w poszczególnych okresach cyklu (kg): Feed intake at the cycle's phases (kg):						
– ciąża – pregnancy	307,8	305,2	301,0	305,3	0,621	1,800
– laktacja – lactation	155,2	155,2	156,8	160,0	0,972	3,802
– cały cykl – total cycle	463,0	460,4	457,8	465,3	0,925	3,918

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn.

Tabela 12. Wyniki odchowu prosiąt – Table 12. Piglet rearing indices

	Grupa doświadczalna – Experimental group*				P	SEM
	I	II	III	IV		
Ilość prosiąt urodzonych (szt.) Number of born piglets (No.)	65	66	65	69	–	–
Ilość prosiąt odsadzonych (szt.) Number of weaned piglets (No.)	58	58	59	61	–	–
Ilość prosiąt urodzonych w miocie (szt.) Number of piglets born per litter (No.)	10,8	11,0	10,8	11,5	–	–
Ilość prosiąt odsadzonych w miocie (szt.) Number of piglets weaned per litter (No.)	9,7	9,7	9,8	10,2	–	–
Odsetek padnięć – Lost piglets (%)	10,8	12,1	9,2	11,6	–	–
Średnia indywidualna masa ciała prosiąt (kg): Average individual body weight of piglet (kg):						
1. dzień życia – 1st day of age	1,47	1,48	1,50	1,40	0,265	0,020
28. dzień życia – 28th day of age	7,16	7,18	7,32	7,20	0,686	0,099
84. dzień życia – 84th day of age	26,27	26,47	27,04	26,85	0,853	0,341
Średnie dzienne przyrosty masy ciała prosiąt w wybranych okresach odchowu (g): Average daily weight gains in estimated periods (g):						
1–28 dzień życia – 1–28 days of age	211	211	221	215	0,675	3,426
28–84 dzień życia – 28–84 days of age	341	344	349	351	0,911	5,329
1–84 dzień życia – 1–84 days of age	299	301	308	307	0,834	4,045
Zużycie paszy na przyrost 1 kg masy ciała w wybranych okresach odchowu (kg): Average feed utilization per 1 kg weight gain in estimated periods (kg):						
1–28 dzień życia – 1–28 days of age	0,12	0,12	0,11	0,12	0,857	0,002
28–84 dzień życia – 28–84 days of age	2,13	2,08	2,06	2,01	0,911	0,054
1–84 dzień życia – 1–84 days of age	1,64	1,62	1,59	1,57	0,912	0,033

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn.

W badaniach tzw. ogólnych wskaźników zdrowia loch, tj. parametrów układu erytrocytarnego, nie obserwowano różnic statystycznie istotnych pomiędzy grupami (tab. 13). Podobnie, brak efektu stosowania pasz GM stwierdzono też w odniesieniu do pozostałych ocenianych parametrów nieswoistej odporności komórkowej, tj. ogólnej liczby leukocytów we krwi (WBC), leukogramu (LYM, PMNL, MID) i immunofenotypu limfocytów z podziałem na komórki CD3+, CD4+ i CD8+ (tab. 13 i 14).

W literaturze naukowej widoczny jest niedobór prac, dotyczących żywienia loch i potomstwa paszami zawierającymi komponenty genetycznie zmodyfikowane oraz ich wpływu na produktywność i status zdrowotny zwierząt. Wyniki opublikowane przez Walsh i in. (2012 a) wskazują na brak istotnego wpływu żywienia loch paszą zawierającą kukurydzą MON 810 na poziom wskaźników biochemicznych, erytrocytarnych i hematologicznych.

Tabela 13. Średnie wartości wskaźników erytrocytarnych i leukocytnych krwi loch
Table 13. Average values of peripheral blood erythrocyte and leukocyte indices of sows

	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>			
	I	II	III	IV
RBC ($\times 10^{12}/l$)	6,41 \pm 0,36	5,69 \pm 0,31	5,89 \pm 0,5	6,96 \pm 0,4
MCV (fl)	63,9 \pm 1,81	49,9 \pm 0,89	64,7 \pm 2,12	72,0 \pm 10,1
HCT (l/l)	0,66 \pm 0,14	0,65 \pm 0,32	0,60 \pm 0,24	0,62 \pm 0,14
HGB (mmol/l)	10,65 \pm 1,08	9,50 \pm 1,10	9,63 \pm 2,10	11,2 \pm 1,46
MCHC (mmol/l)	29,1 \pm 0,3	28,5 \pm 0,21	27,5 \pm 0,71	24,5 \pm 0,17
WBC ($\times 10^9/l$)	10,93 \pm 2,04	13,5 \pm 4,15	10,5 \pm 4,11	11,5 \pm 2,98
PMNL (%)	42,1 \pm 5,24	36,8 \pm 4,12	40,0 \pm 5,01	39,1 \pm 4,39
LYM (%)	49,0 \pm 3,14	53,1 \pm 9,01	48,9 \pm 10,1	51,0 \pm 5,13
MID (%)	8,9 \pm 2,07	10,1 \pm 2,44	11,1 \pm 3,4	9,9 \pm 3,11

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn.

Tabela 14. Zmiany w subpopulacjach limfocytów krwi obwodowej u loch
Table 14. Changes in lymphocyte subpopulations in peripheral blood of sows

	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>			
	I	II	III	IV
CD3 ⁺ (%)	50,13 \pm 2,96	51,95 \pm 4,12	52,58 \pm 3,65	49,97 \pm 4,61
CD4 ⁺ (%)	28,22 \pm 2,20	29,74 \pm 3,61	30,18 \pm 2,81	29,56 \pm 4,2
CD8 ⁺ (%)	35,11 \pm 4,01	36,10 \pm 4,08	35,81 \pm 3,55	30,21 \pm 5,22

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn.

W czasie doświadczenia od wszystkich loch pobrano próbki krwi w celu oceny obecności transgenicznego DNA, pochodzącego z badanych roślin genetycznie modyfikowanych. We krwi pobranej od loch z grup doświadczalnych

nie stwierdzono obecności sekwencji DNA, specyficznych dla genetycznie modyfikowanej soi i kukurydzy (tab. 15). Nie stwierdzono poziomego transferu DNA pochodzącego z materiałów paszowych GM do krwi loch.

Tabela 15. Wyniki jakościowej analizy DNA w kierunku obecności specyficznych dla GMO transgenów we krwi loch

Table 15. Results of detection of the transgenic DNA fate in blood of sows

	Grupa doświadczalna – <i>Experimental group*</i>							
	I		II		III		IV	
	RR	MON 810	RR	MON 810	RR	MON 810	RR	MON 810
Krew – <i>Blood</i>	–	–	–	n/a	n/a	–	–	–

*I – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), II – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, III – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, IV – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*I – control (non-modified soybean meal and corn), II – GM soybean meal and non-modified corn, III – non-modified soybean meal and GM corn, IV – GM soybean meal and GM corn.

n/a – nie analizowano – n/a – not analysed

Podsumowanie

Podsumowując wyniki przeprowadzonych badań można stwierdzić, że obecność w mieszankach paszowych genetycznie modyfikowanej śruty sojowej RR MON 40-3-2 oraz kukurydzy *Bt* MON 810 nie wpłynęła na wyniki tuczu świń, jakość tuszy i mięsa oraz na wskaźniki reprodukcyjne loch i wyniki odchowu prosiąt. Badane materiały paszowe GM nie

wpłynęły istotnie na status zdrowotny zwierząt. Nie stwierdzono obecności DNA transgenicznego, pochodzącego z poekstrakcyjnej śruty sojowej lub kukurydzy, w żadnej z badanych tkanek świń, jak również w treści dalszych odcinków jelit.

Obecność fragmentów DNA jedynie w treści żołądka oraz dwunastnicy świadczy o efektywnym trawieniu kwasów nukleinowych przez enzymy przewodu pokarmowego.

Literatura

AOAC (2005). Association of Official Analytical Chemist, Official Methods of Analysis. In: 18th edition by AOAC International, Revision II 2007, USA.

Aumaitre A., Aulrich K., Chesson A., Flachowsky G., Piva G. (2002). New feeds from genetically modified plants: substantial equivalence, nutritional equivalence, digestibility, and safety for animals and the food chain. *Livest. Prod. Sci.*, 74: 223–238.

Aurlich K., Bohme H., Daenicke R., Halle I.T., Flachowsky G. (2003). Genetically modified feeds in animal nutrition. *Bacillus thuringiensis (Bt)* corn in poultry, pig and ruminant nutrition. *Arch. Anim. Nutr.*, 54: 183–195.

Bressner G., Hyun Y., Stanisiewski E., Hartnell G., Ellis M. (2002). A comparison of swine performance when fed diets containing Roundup Ready (event NK603) or conventional corn lines. *J. Anim. Sci.*, 80 (Suppl. 2), 128, p. 63.

Chowdhury E.H., Kuribara H., Hino A., Sultana P., Mikami O., Shimada N., Guruge K.S., Saito M., Nakajima Y. (2003). Detection of corn intrinsic and recombinant DNA fragments and Cry1Ab protein in

the gastrointestinal contents of pigs fed genetically modified corn Bt11. *J. Anim. Sci.*, 81: 2546–2551.

Cromwell G.L., Lindemann M.D., Randolph J.H., Parker G.R., Coffey R.D., Laurent K.M., Armstrong C.L., Mikel W.B., Stanisiewski E.P., Hartnell G.F. (2002). Soybean meal from Roundup Ready or conventional soybeans in diets for growing-finishing swine. *J. Anim. Sci.*, 80: 708–715.

Cromwell G.L., Henry J., Fletcher D.W. (2004). Herbicide-tolerant rice versus conventional rice in diets for growing-finishing pigs. *J. Anim. Sci.*, 82 (Suppl. 1), p. 329.

EFSA (2009). Scientific opinion of the panel on genetically modified organisms on applications (EFSA-GMO-RX-MON 810) for the renewal of authorisation for the continued marketing of (1) existing food and food ingredients produced from genetically modified insect resistant maize MON810; (2) feed consisting of and/or containing maize MON 810, including the use of seed for cultivation; and of (3) food and feed additives, and feed materials produced from maize MON 810, all under Regulation (EC), No. 1829/2003 from Monsanto. *EFSA J.*, 1149.

- Flachowsky G., Chesson A., Aulrich K. (2005 a). Animal nutrition with feeds from genetically modified plants. *Arch. Anim. Nutr.*, 59: 1–40.
- Flachowsky G., Halle I., Aulrich K. (2005 b). Long term feeding of Bt-corn – a ten-generation study with quails. *Arch. Anim. Nutr.*, 59: 449–451.
- Gaines A.M., Allee G.L., Ratliff B.W. (2001). Swine digestible energy evaluation of Bt (MON 810) and Roundup Ready corn compared with commercial varieties. *J. Anim. Sci.*, 79 (Suppl. 1), p. 109.
- Hyun Y., Bressner G.E., Ellis M., Lewis A.J., Fischer R., Stanisiewski E.P., Hartnell G.F. (2004). Performance of growing-finishing pigs fed diets containing Roundup Ready corn (event nk603), a nontransgenic genetically similar corn, or conventional corn lines. *J. Anim. Sci.*, 82: 571–580.
- Jennings J.C., Kolwyck D.C., Kays S.B., Whetsell A.J., Surber J.B., Cromwell G.L., Lirette R.P., Glenn K.C. (2003). Determining whether transgenic and endogenous plant DANN and transgenic protein are detectable in muscle from swine fed Roundup Ready soybean meal. *J. Anim. Sci.*, 81: 1447–1455.
- Kamiński J., Borowiec F., Furgał K., Barteczko J., Kowalski Z., Pyś J., Siuta A., Pisulewski P., Lehman B. (1991). *Ćwiczenia z żywienia zwierząt i paszoznawstwa*. Wyd. własne Akademii Rolniczej w Krakowie, 240 ss.
- Khumnirdetch V., Intarachote U., Treemane S., Tragoonroong S., Thummabood S. (2001). Detection of GMOs in the broilers that utilized genetically modified soybean meals as a feed ingredient. *Plant Anim. Genome, IX Conf.*, San Diego, USA, abstr., p. 585.
- Klotz A., Einspanier R. (1998). Detection of „novel-feed“ in animals? Injury of consumers of meat or milk is not expected. *Mais*, 3: 109–111.
- Klotz A., Meyer I., Einspanier R. (2002). Degradation and possible carryover of feed DNA monitored in pigs and poultry. *Eur. Food Res. Technol.*, 214: 271–275.
- Padgett S.R., Taylor N.B., Nida D.L., Bailey M.R., MacDonald J., Holden L.R., Fusch R.L. (1996). The composition of glyphosate-tolerant soybean seeds is equivalent to that of conventional soybeans. *J. Nutr.*, 126: 702–716.
- Piva G., Morlacchini M., Pietri A., Piva A., Casadei G. (2001). Performance of weaned piglets fed insect-protected (MON 810) or near isogenic control corn. *J. Anim. Sci.*, 79 (Suppl. 1), p. 106.
- Reuter T., Aulrich K., Berk K., Flachowsky G. (2002 a). Investigations on genetically modified maize (Bt-maize) in pig nutrition. Chemical composition and nutritional evaluation. *Arch. Anim. Nutr.*, 56: 23–31.
- Reuter T., Aulrich K., Berk K. (2002 b). Investigations on genetically modified maize (Bt-maize) in pig nutrition. Fattening performance and slaughtering results. *Arch. Anim. Nutr.*, 56: 319–326.
- Różycki M., Tyra M. (2010). *Metodyka oceny wartości tucznej i rzeźnej świń przeprowadzana w stacjach kontroli użytkowości rzeźnej trzody chlewnej (SKURTC)*. Stan hodowli i wyniki oceny świń. Wyd. własne Instytutu Zootechniki PIB, Kraków, ISSN: 0239-5096, XXVIII: 93–112.
- Sacchi V.F., Parenti P., Hanozet G.M., Giordana B., Luthy P., Wolfersberger M.G. (1986). *Bacillus thuringiensis* toxin inhibits K⁺-gradient-dependent amino acid transport across the brush border membrane of *Pieris brassicae* midgut cells. *FEBS Lett.*, 204, 2: 213–218.
- Sieradzki Z., Walczak M., Kwiatek K. (2006). Occurrence of genetically modified maize and soybean in animal feedingstuffs. *Bull. Vet. Inst. Pulawy*, 52: 567–570.
- Stein H.H., Rice D.W., Smith B.L., Hinds M.A., Sauber T.E., Pedersen C., Wulf D.M., Peters D.N. (2009). Evaluation of corn grain with the genetically modified input trait DAS-59122-7 fed to growing-finishing pigs. *J. Anim. Sci.*, 87: 1254–1260.
- Świątkiewicz S., Koreleski J. (2008). Genetically modified plants in poultry nutrition. *Med. Wet.*, 64: 1379–1383.
- Świątkiewicz S., Świątkiewicz M., Koreleski J., Kwiatek K. (2010 a). Nutritional efficiency of genetically modified, insect resistant corn (MON 810) and glyphosate tolerant soybean meal (Roundup Ready) for broilers. *Bull. Vet. Inst. Pulawy*, 54: 43–48.
- Świątkiewicz S., Twardowska M., Markowski J., Mazur M., Sieradzki Z., Kwiatek K. (2010 b). Fate of transgenic DNA from Bt corn and Roundup Ready soybean meal in broilers fed GMO feed. *Bull. Vet. Inst. Pulawy*, 54: 237–242.
- Walsh M.C., Buzoianu S.G., Gardiner G.E., Rea

M.C., Gelencsér E., Jánosi A., Epstein M.M., Ross R.P., Lawlor P.G. (2011). Fate of transgenic DNA from orally administered Bt MON 810 maize and effect on immune response and growth in pigs. PLoS ONE Open Access, 6, 11, e27177 (www.plosone.org).

Walsh M.C., Buzoianu S.G., Gardiner G.E., Rea M.C., Ross R.P., Lawlor P.G. (2012 a). Effects of feeding Bt MON 810 maize to sows during first gestation and lactation on maternal and offspring

health indicators. Br. J. Nutr. doi:10.1017/S0007114512002607).

Walsh M.C., Buzoianu S.G., Rea M.C., O'Donovan O., Gelencsér E., Ujhelyi G., Ross R.P., Gardiner G.E., Lawlor P.G. (2012 b). Effects of feeding Bt MON 810 maize to pigs for 110 days on peripheral immune response and digestive fate of the Cry1Ab gene and truncated Bt toxin. PLoS ONE Open Access, 7, 5, e36141 (www.plosone.org).

GENETICALLY MODIFIED HT SOYBEAN MEAL AND Bt MAIZE IN PIG FEEDING

Summary

The research was conducted to estimate the effect of feeding pigs with genetically modified soybean meal (Roundup Ready MON 40-3-2) and Bt maize (MON 810) on fattening results, meat quality, sow performance, piglet rearing indices, health status – including parameters characterizing non-specific cellular immunity as well as fate of transgenic DNA in pig tissues. The experiment was carried out on 48 grower-finisher pigs, 24 sows and their progeny. Animals were divided into groups: I – control, conventional soybean meal and maize; II – GM soybean meal and conventional maize; III – conventional soybean meal and GM maize; IV – GM soybean meal and GM maize. The results showed the similar nutritive value of GM and conventional feeds as well as no effect of GM components on body weight gain, feed utilization, and carcass and meat quality. The transgenic DNA was detectable in the content of the stomach and duodenum but not in the digesta of further intestine parts, faeces, blood, and evaluated organs and muscles. Results indicated that feeding pregnant and lactating sows with mixtures containing genetically modified *Bt* maize or/and RR soybean meal did not significantly affect their reproductive characteristics and offspring performance. There was no effect of dietary treatment on pigs health and immunological indices.



Fot.: D. Dobrowolska