

Poekstrakcyjna śruta sojowa i ziarno kukurydzy GMO w żywieniu drobiu

Sylwester Świątkiewicz¹, Anna Arczewska-Włosek¹, Marta Twardowska¹,
Jan Markowski¹, Małgorzata Mazur², Zbigniew Sieradzki², Grzegorz Tomczyk²,
Zenon Minta², Dariusz Bednarek², Wojciech Kozaczyński²,
Michał Reichert², 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

e-mail: sylwester.swiatkiewicz@izoo.krakow.pl

Wprowadzenie

Na przestrzeni ostatnich 20 lat, tj. począwszy od 1996 r., nastąpił bardzo szybki rozwój technik inżynierii genetycznej, pozwalających na wytwarzanie roślin genetycznie zmodyfikowanych (GM), tj. posiadających wbudowany do genomu obcy gatunkowo fragment informacji genetycznej (tzw. transgen). W przeciwieństwie do wcześniejszych metod pracy hodowlanej, wprowadzenie transgeny pozwala, poprzez syntezę nowego białka w organizmie, na szybkie uzyskanie roślin o zaplanowanych, ważnych z punktu widzenia producenta lub konsumenta właściwościach.

Zdecydowaną większość uprawianych obecnie na skalę komercyjną roślin GM stanowią rośliny transgeniczne pierwszej generacji, tj. zmodyfikowane w celu uzyskania korzystnych cech agrotechnicznych, takich jak np. tolerancja na działanie herbicydów czy też odporność na insekty. Tego rodzaju transgeneza nie powoduje zmiany w składzie chemicznym i zawartości składników odżywczych w roślinach. Na rynku Unii Europejskiej są dopuszczone do obrotu materiały paszowe z takich roślin GM pierwszej generacji, jak: soja, kukurydza, bawełna i rzepak.

Rośliny transgeniczne drugiej generacji charakteryzują się składem chemicznym istotnie zmienionym w stosunku do konwencjonalnych

odmian rodzicielskich. Celem takiej transgenezy jest polepszenie własności odżywczych, np. zmiana profilu kwasów tłuszczowych, zwiększenie zawartości niektórych aminokwasów lub witamin w nasionach, czy też zmniejszenie zawartości składników antyżywniowych, np. kwasu fitynowego (Świątkiewicz i Arczewska-Włosek, 2011). Przykładem rośliny transgenicznej drugiej generacji może być uprawiana w Chinach kukurydza, w nasionach której produkowany jest enzym fitaza, zwiększający przyswajalność fosforu u zwierząt monogastrycznych. W Unii Europejskiej z kolei, został dopuszczony do uprawy transgeniczny ziemniak odmiany Amflora, którego bulwa nie zawiera amylozy, gdyż cała skrobia występuje w postaci amylopektyny. Ziemniak ten nie jest jednak wykorzystywany do produkcji pasz lub żywności, a jedynie w celach przemysłowych. Rośliny transgeniczne trzeciej generacji charakteryzują się natomiast obecnością substancji biologicznie czynnych o właściwościach leczniczych. Przykładem tego rodzaju transgenezy jest ziarno ryżu GM, które zawiera laktoferynę oraz lizozym, tj. substancje białkowe naturalnie występujące w organizmie zwierzęcym, wykazujące efekt bakteriobójczy i zwiększający odporność na działanie czynników chorobotwórczych. Badania żywieniowe wykazały, że wprowadzenie tego ryżu do mieszanek paszowych dla kurcząt

rzeźnych miało korzystny wpływ na status metaboliczny i zdrowotny ptaków (Humprey i in., 2002). Należy jednak podkreślić, że obecnie materiały paszowe z roślin transgenicznych drugiej i trzeciej generacji nie są stosowane na skalę komercyjną w żywieniu zwierząt gospodarskich.

Od rozpoczęcia komercyjnej produkcji roślin GM do chwili obecnej, tj. w latach 1996–2011, nastąpił ogromny wzrost światowego areału tego rodzaju upraw. Według raportu specjalistycznej agencji ISAAA (ang. International Service for the Acquisition of Agri-biotech Application) w 2011 r. areał upraw roślin transgenicznych wynosił 160 mln ha, co oznacza 8% wzrost w stosunku do 2010 r., a jednocześnie aż 94-krotny wzrost w porównaniu z rokiem 1996 (James, 2012). Rośliny GM uprawiane są obecnie w 29 krajach świata. Największym ich producentem pozostają od początku Stany Zjednoczone (69 mln ha w 2011 r.), a w dalszej kolejności Brazylia (30,3 mln ha), Argentyna (21,7 mln ha), Indie (10,6 mln ha) i Kanada (10,4 mln ha). W skali ogólnoswiatowej, największą powierzchnię upraw spośród roślin GM zajmowała w ubiegłym roku soja (75,4 mln ha, tj. 47% wszystkich upraw GM), następnie kukurydza (51 mln ha, 32%), bawełna (24,7 mln ha, 15%) i rzepak (8,2 mln ha, 5%).

Na terenie Unii Europejskiej powierzchnia upraw roślin GM była w 2011 r. stosunkowo niewielka i wynosiła 114,5 tys. ha, ale jednocześnie wzrosła o 26% w stosunku do 2010 r. (James, 2012). W ubiegłym roku uprawy transgeniczne były obecne w 8 krajach UE, przy czym zdecydowanie najważniejszym producentem była Hiszpania, natomiast dużo mniejsze arealy takich upraw znajdowały się również w Czechach, Słowacji, Portugalii, Rumunii, Szwecji, Niemczech i Polsce. Praktycznie, jedyną uprawianą w ubiegłym roku na terenie UE rośliną GM była kukurydza z transgenem odporności na szkodniki owadzie (*Bt*), gdyż niemieckie uprawy ziemniaka Amflory mają marginalne znaczenie.

Znacząca część roślin GM jest wykorzystywana w formie materiałów paszowych, przeznaczonych do żywienia zwierząt gospodarskich. Jak już wspomniano, na rynku paszowym UE obecne są odmiany takich roślin GM, jak: soja, kukurydza, bawełna i rzepak. Rejestracja rośliny GM jako materiału paszowego, za którą odpowiada Europejski Urząd ds. Bezpieczeń-

stwa Żywności (EFSA), musi być poprzedzona szczegółowym badaniami. Pierwszym etapem jest z reguły dokładna analiza jej składu chemicznego i porównanie go ze składem konwencjonalnych odmian rodzicielskich, co pozwala na określenie tzw. równoważności składnikowej obu odmian. Kolejną część badań stanowi pogłębiona ocena skutków stosowania materiałów paszowych, pochodzących z roślin GM w żywieniu zwierząt modelowych, jak również gospodarskich. Doświadczenia na zwierzętach obejmują ocenę wpływu paszy GM na wskaźniki produkcyjne, strawność składników pokarmowych oraz szeroko rozumiany status fizjologiczny i zdrowotny organizmu. Uzyskane wyniki pozwalają na określenie tzw. równoważności odżywczej (żywnościowej) odmian GM względem konwencjonalnych. Innym celem takich badań jest określenie możliwości odkładania się transgenicznego DNA, a także białka będącego produktem jego ekspresji, w tkankach zwierząt oraz określenie tempa rozkładu transgeny w poszczególnych odcinkach przewodu pokarmowego. W tym ostatnim przypadku chodzi o wykluczenie możliwości wydalania aktywnych fragmentów transgenicznego DNA do środowiska. W badaniach modelowych na zwierzętach laboratoryjnych, także w doświadczeniach wielokoleniowych sprawdza się natomiast możliwość szkodliwego działania transgenicznego DNA, a przede wszystkim zmodyfikowanego białka, zawartego w materiałach paszowych GM na organizm zwierzęcy, uwzględniając jego ewentualną alergenicność, mutagenność i teratogenicność oraz wpływ na wskaźniki reprodukcyjne.

Stosowanie materiałów paszowych, wyprodukowanych z roślin GM, w żywieniu zwierząt nadal wzbudza duże kontrowersje, które często powstają wbrew wynikom doświadczeń naukowych i nie mają merytorycznego uzasadnienia. Te kontrowersje są przede wszystkim związane z potencjalnie niekorzystnym oddziaływaniem upraw roślin GM na środowisko naturalne, w tym z możliwością toksycznego wpływu zmodyfikowanego białka na niedocelowe gatunki owadów oraz ewentualnego transferu transgenicznego DNA do innych organizmów i jego rozprzestrzeniania się w środowisku, co mogłoby przyczynić się do powstawania tzw. „superchwastów”. Obawy związane z bezpieczeństwem żywności i materiałów paszowych

GM dotyczą natomiast ewentualnego, negatywnego wpływu zmodyfikowanego DNA i białka, będącego produktem jego ekspresji, na układ rozrodczy, immunologiczny, czy też inne tkanki organizmów zwierząt i ludzi. Argument ten dotyczy zwłaszcza efektów, które mogą uwidocznić się w długim okresie czasu spożywania produktów GM, tj. po upływie kilku – kilkunastu pokoleń. Wątpliwości wzbudza również teoretyczna możliwość wchłaniania w przewodzie pokarmowym i przechodzenia transgenicznego DNA i nowych białek do tkanek oraz produktów spożywczych pochodzenia zwierzęcego. Istotne znaczenie w dyskusji nad organizmami genetycznie zmodyfikowanymi mają również kwestie polityczne, ekonomiczne, etyczne, światopoglądowe i religijne.

Badania Instytutu Zootechniki PIB i Państwowego Instytutu Weterynaryjnego – PIB

Z uwagi na fakt, że stosowanie roślin transgenicznych jako materiałów paszowych nadal wywołuje duże kontrowersje krajowej opinii publicznej, w Instytucie Zootechniki PIB w Krakowie, we współpracy z Państwowym Instytutem Weterynaryjnym – PIB w Puławach, podjęto stosowne badania. Ich celem było określenie bezpieczeństwa stosowania pasz GM w żywieniu drobiu. Nowoczesne krzyżówki kurcząt rzeźnych oraz kur nieśnych charakteryzują się bardzo wysoką produktywnością (szybkie tempo przyrostów masy ciała i duża liczba znoszonych jaj). Dlatego też, intensywnie użytkowane ptaki mają wysokie zapotrzebowanie na składniki pokarmowe i są wrażliwe na zawartość związków toksycznych w mieszance paszowej. Wszystkie niedociągnięcia, dotyczące jakości paszy szybko przekładają się na pogorszenie statusu metabolicznego i obniżenie uzyskiwanych wskaźników produkcyjnych. Z tego powodu młode kurczęta rzeźne i wysoko produkcyjne nioski stanowią doskonały model w doświadczeniach nad efektami stosowania materiałów paszowych GM w żywieniu zwierząt gospodarskich.

Badaniami objęto materiały paszowe dopuszczone do obrotu w UE, o największym praktycznym znaczeniu w produkcji zwierzęcej, tj. poekstrakcyjną śrutę sojową produkowaną z soi HT (odmiana MON 40-30-2, Roundup Ready) oraz ziarno kukurydzy Bt (MON 810, DKC

3421YG). Jako materiały paszowe kontrolne (niezmodyfikowane) stosowano w badaniach poekstrakcyjną śrutę sojową i ziarno kukurydzy, pochodzące z roślin konwencjonalnych. W przypadku kukurydzy była to odmiana DKC 3420, rodzicielska w stosunku do badanej odmiany GM.

Charakterystyka badanych materiałów paszowych

Poekstrakcyjna śruta sojowa

Poekstrakcyjna śruta sojowa jest najważniejszym źródłem białka i aminokwasów w żywieniu zwierząt gospodarskich, bez którego trudno wyobrazić sobie opłacalną ekonomicznie produkcję zwierzęcą, zarówno w skali światowej, jak i w Polsce. W celu pokrycia potrzeb krajowego przemysłu paszowego sprowadza się jej około 1,9–2,0 mln t rocznie (Brzóska, 2009). Pochodzi ona głównie z krajów Ameryki Południowej i Północnej, gdzie zdecydowanie przeważają uprawy soi GM. Dlatego też, z powodu malejącej podaży śruty sojowej z odmian tradycyjnych jest znacznie droższa od śruty GM. Ewentualne, całkowite zastąpienie śruty GM przez śrutę sojową konwencjonalną przyniesie więc wyraźny wzrost cen produktów spożywczych pochodzenia zwierzęcego, utrudniając krajowym producentom konkurencję z podmiotami zagranicznymi. Kontrolne analizy, prowadzone przez Państwowy Instytut Weterynarii – PIB w Puławach potwierdzają, że prawie cała ilość poekstrakcyjnej śruty sojowej, dostępnej na krajowym rynku paszowym została wyprodukowana z roślin GM (Sieradzki i in., 2009).

W światowej uprawie soi zdecydowanie przeważają rośliny genetycznie zmodyfikowane (James, 2012), przy czym najpopularniejszą modyfikacją jest odporność na herbicydy (tzw. soja HT). Soję GM zaczęto uprawiać w 1996 r., a już w 2001 prawie 70% soi uprawianej w Stanach Zjednoczonych stanowiła transgeniczna linia Roundup Ready (RR). Posiada ona wbudowany do genomu gen, pochodzący z bakterii *Agrobacterium sp.* szczepu CP4. Produktem ekspresji tego transgeny jest białko enzymatyczne EPSPS, powodujące tolerancję rośliny względem herbicydu, zawierającego w swoim składzie glifosat. Na terenie Unii Europejskiej jedyną dopuszczoną do obrotu genetycznie zmodyfikowaną od-

mianą soi jest linia MON 40-3-2 (RR), tj. jej nasiona i produkty pochodne. Nie można natomiast soi GM uprawiać.

Pierwsze badania dotyczące bezpieczeństwa żywieniowego soi HT zostały wykonane już w 1996 r., a ich wyniki wykazały, że opisana modyfikacja nie wpłynęła na wartość odżywczą jej nasion (Hammond i in., 1996). W porównaniu z jej konwencjonalnymi odpowiednikami nie stwierdzono zmiany zawartości w nasionach soi HT składników pokarmowych, a także substancji antyodżywczych, takich jak lektyny i inhibitory tripsyny. Poekstrakcyjną śrutę z nasion transgenicznej linii RR lub konwencjonalnej wprowadzono w ilości 30% do mieszanek paszowych dla różnych gatunków zwierząt gospodarskich, m.in. kurcząt brojlerów. Analiza uzyskanych w okresie do 42. dnia życia ptaków danych doświadczalnych nie wykazała wpływu stosowanej linii soi na przyrost masy ciała, pobranie i wykorzystanie paszy, liczbę padnięć oraz zawartość mięśni piersiowych i tłuszczu w tuszce. Według autorów, otrzymane wyniki wskazują na równowartość żywieniową poekstrakcyjnej śruty z soi GM w stosunku do jej linii rodzicielskiej (Hammond i in., 1996). Podobnie kolejne badania, w których w żywieniu drobiu, trzody chlewnej, bydła i ryb stosowano śrutę sojową (lub pełnotłuste nasiona soi), zawierającą transgen tolerancji na herbicydy, nie wykazały negatywnego wpływu stosowania tego materiału na wyniki produkcyjne oraz jakość produktów zwierzęcych (Chainark i in., 2006; Cromwell i in., 2002; Hammond i in., 1996; McNaughton i in., 2007; Suharman i in., 2009; Taylor i in., 2007).

Ziarno kukurydzy

W ostatnich latach, spośród upraw roślin genetycznie zmodyfikowanych szczególnie dynamicznie rozwija się w świecie uprawa kukurydzy GM. Wiąże się to między innymi z rosnącym zapotrzebowaniem przemysłu gorzelniczego na surowce do produkcji biopaliw. Ze względu na dużą zawartość skrobi kukurydza stanowi w wielu krajach najważniejszy surowiec, z którego wytwarza się bioetanol. Znaczące ilości ziarna kukurydzy są jednak w dalszym ciągu przeznaczane na cele paszowe.

Najbardziej rozpowszechnioną modyfikacją genetyczną kukurydzy jest wprowadzenie transgeny, pochodzącego z bakterii *Bacillus thu-*

ringiensis (tzw. gen *Bt*). Gen *Bt* odpowiada za syntezę w roślinie specyficznego białka, które ma właściwości toksyczne dla owada omacnicy prosowianki (*Purausta nubilalis*, rząd *Lepidoptera*), chroniąc uprawy przed atakiem tego szkodnika. Gąsienice omacnicy żerują w nadziemnej części kukurydzy (liście, łodygi, kolby), powodując uszkodzenia roślin i znaczne straty ekonomiczne. Dodatkowy problem stanowi zazwyczaj pojawienie się grzybów z rodzaju *Fusarium* w uszkodzonych miejscach rośliny.

W Unii Europejskiej zarejestrowanych jest kilka linii kukurydzy Bt. W Polsce również od kilku lat jest uprawiana odmiana MON 810, którą stosowano w opisywanych badaniach. Rosnący zasięg występowania omacnicy prosowianki, również w naszym kraju, pozwala przypuszczać, że przewaga w opłacalności uprawy kukurydzy GM nad liniami konwencjonalnymi będzie zwiększać się.

W wielu badaniach wykazano, że skład chemiczny (w tym zawartość składników pokarmowych, tj. białka, włókna, tłuszczu, skrobi, aminokwasów, składników mineralnych i witamin) ziarniaka kukurydzy Bt nie różni się od składu ziarna konwencjonalnych linii rodzicielskich (Aeschbacher i in., 2005; Aurlich i in., 2001; Brake i in., 2003). Istotne znaczenie ma również fakt, że ze względu na brak uszkodzeń przez gąsienice omacnicy ziarno kukurydzy Bt może charakteryzować się niższą zawartością mykotoksyn produkowanych przez *Fusarium* (Munkvold i in., 1999). Mykotoksyny są związkami, wykazującymi szereg negatywnych oddziaływań na organizm, prowadzących między innymi do pogorszenia wyników produkcyjnych u zwierząt gospodarskich. Przechodząc z paszy do produktów pochodzenia zwierzęcego (mięsa, mleka i jaj), mykotoksyny stanowią także zagrożenie dla konsumenta.

Pierwsze badania nad stosowaniem ziarna genetycznie modyfikowanej kukurydzy (Bt) w żywieniu zwierząt gospodarskich wykonano w 1998 r. (Brake i Vlachos, 1998). Porównanie stosowania mieszanek paszowych z udziałem 60% kukurydzy modyfikowanej lub konwencjonalnej nie wykazało żadnych różnic we wskaźnikach produkcyjnych brojlerów, tj. w przyroście masy ciała, pobraniu i wykorzystaniu paszy, przeżywalności oraz wynikach analizy rzeźnej. Brak negatywnego wpływu kukurydzy Bt na

wyniki tuczu świń wykazali natomiast Chowdhury i in. (2003) oraz Reuter i in. (2002). Badania przeprowadzone w kolejnych latach, zarówno w Stanach Zjednoczonych, jak i Unii Europejskiej, także nie wykazały ujemnego oddziaływania różnych linii kukurydzy GM na produktywność, status zdrowotny zwierząt, wskaźniki biochemiczne krwi oraz jakość produktów pochodzenia zwierzęcego (m. in. Aeschbacher i in., 2005; Rossi in., 2005; Taylor i in., 2003 a,b,c, 2005). W jednym przypadku stwierdzono nawet, że kurczęta rzeźne żywione paszą z udziałem ziarna kukurydzy GM (Bt) osiągały istotnie wyższą końcową masę ciała niż przy stosowaniu kukurydzy niemodyfikowanej (Piva i in., 2001). Wiązało się to prawdopodobnie z faktem, że ziarno modyfikowane zawierało znacznie mniej mykotoksyn (fumonizyny B₁).

W badaniach prowadzonych na kurach nieśnych nie stwierdzono wpływu stosowania ziarna kukurydzy, modyfikowanej jednocześnie w kierunku odporności na insekty i herbicydy (linia DAS-59122-7), na wskaźniki produkcyjne oraz jakość treści i skorupy jaj (Jacobs i in., 2008). Nie odnotowano także u drobiu oddziaływania ziarna kukurydzy Bt na dostępność energii brutto, zawartej w mieszance paszowej (Aurlich i in., 2001).

Z punktu widzenia bezpieczeństwa stosowania pasz GM istotne są wyniki niemieckich doświadczeń wielopokoleniowych. Obejmowały one 10 pokoleń przepiórek japońskich oraz 4 pokolenia kur nieśnych, żywionych mieszankami, opartymi na ziarnie kukurydzy Bt (Flachowsky i in., 2005; Halle i in., 2006). Otrzymane rezultaty nie wykazały żadnych różnic – w porównaniu z grupą kontrolną – w zakresie statusu zdrowotnego, względnych mas narządów wewnętrznych, wydajności nieśnej, pobrania i wykorzystania paszy, wskaźników reprodukcyjnych (wylęgowości jaj) oraz jakości mięsa i jaj.

Wyniki badań IZ PIB i PIWet – PIB na zwierzętach gospodarskich

W ramach prowadzonych badań wykonano doświadczenia żywieniowe na kurczętach rzeźnych i kurach nieśnych, w obu przypadkach stosując izobiałkowe i izoenergetyczne mieszanki paszowe, w skład których wchodziła śruta kuku-

rydziana, poekstrakcyjna śruta sojowa oraz dodatki mineralne, aminokwasy krystaliczne, olej rzepakowy i premiks witaminowo-mineralny. Zawartość składników pokarmowych i energii metabolicznej w mieszankach była zgodna z zapotrzebowaniem zwierząt. Jedyńm czynnikiem różnicującym diety stosowane w poszczególnych grupach doświadczalnych był udział materiałów paszowych genetycznie zmodyfikowanych. Układ eksperymentalny obydwu doświadczeń był następujący: grupa I, kontrolna – dieta zawierająca ziarno kukurydzy i poekstrakcyjną śrutę sojową linii konwencjonalnych, II – ziarno kukurydzy linii konwencjonalnej i poekstrakcyjna śruta sojowa GM (HT), III – ziarno kukurydzy GM (Bt) i poekstrakcyjna śruta sojowa linii konwencjonalnej, IV – ziarno kukurydzy i poekstrakcyjna śruta sojowa z roślin GM. Prawidłowość wykonania mieszanek została potwierdzona analizami obecności DNA transgenicznego w poszczególnych dietach doświadczalnych.

Do badań na brojlerach wzięto 640 jednodniowych piskląt Ross 308, pochodzących z wylęgarni komercyjnej. Okres doświadczalny obejmował 42 dni (1–42 dzień życia ptaków). Kurczęta utrzymywano w boksach, na ściółce z trocin, przy stałym dostępie do paszy i wody. Utworzono 4 grupy doświadczalne, w skład których wchodziły po 4 powtórzenia (boksy). W każdym boksie utrzymywano 40 kurcząt.

Doświadczenie na nioskach wykonano na 96 kurach Bovans Brown w okresie od 25. do 54. tygodnia życia. Nioski utrzymywano w pojedynczych klatkach o wymiarach 40 x 35 cm, na podłodze z siatki, przy stałym dostępie do paszy i wody. W skład każdej grupy wchodziły 24 powtórzenia (indywidualnie utrzymywane kury).

W badaniach określano wpływ stosowania ocenianych materiałów paszowych GM (poekstrakcyjnej śruty sojowej HT i ziarna kukurydzy Bt) na wskaźniki produkcyjne ptaków, status metaboliczny i zdrowotny organizmu, jakość uzyskiwanych produktów oraz transfer transgenicznego DNA w organizmie, w tym możliwość jego obecności w produktach drobiarskich. Główne kierunki badań obejmowały:

- określenie efektywności materiałów paszowych GM w żywieniu drobiu (wpływ badanych pasz na wskaźniki produkcyjne, strawność składników pokarmowych i jakość uzyskiwanych

- produktów spożywczych);
- określenie wpływu materiałów paszowych GM na parametry, charakteryzujące status zdrowotny organizmu (m.in. efektywność odpowiedzi immunologicznej, obraz krwi, ewentualne zmiany histopatologiczne i morfologiczne wybranych narządów wewnętrznych);
 - analiza pasażu transgenicznego DNA przez przewód pokarmowy;
 - wykazanie lub wykluczenie obecności transgenicznego DNA w tkankach, narządach oraz produktach drobiarskich (mięso, jaja).

Równoważność składnikowa (zawartość składników pokarmowych w badanych materiałach paszowych)

Analizy chemiczne wykazały, że transge-

niczna kukurydza Bt i jej odmiana konwencjonalna charakteryzowały się podobną zawartością podstawowych składników pokarmowych, składników mineralnych i aminokwasów (tab. 1). Można zatem przyjąć, że były one równoważne pod względem składnikowym (wartości pokarmowej).

W przypadku poekstrakcyjnych śrut sojowych różnice były nieco większe, jednak uzyskane wartości były nadal porównywalne i mieściły się w standardowym zakresie, przyjętym dla tego materiału paszowego. Zbliżone rezultaty otrzymali Rossi i in. (2005), porównując skład chemiczny konwencjonalnego i transgenicznego (BT) ziarna kukurydzy. Nie odnotowano także wpływu transgenezy na zawartość składników pokarmowych w materiałach paszowych, pochodzących z soi HT (McCann i in., 2005; Padgett i in., 1996).

Tabela 1. Skład chemiczny badanego ziarna kukurydzy i poekstrakcyjnej śruty sojowej (%)
Table 1. Chemical composition of investigated maize grain and extracted soybean meal (%)

Wyszczególnienie <i>Items</i>	Ziarno kukurydzy <i>Maize grain</i>		Poekstrakcyjna śruta sojowa <i>Extracted soybean meal</i>	
	konwencjonalne <i>conventional</i>	GM (MON 810)	konwencjonalna <i>conventional</i>	GM (MON 40-30-2)
Sucha masa – <i>Dry matter</i>	86,2	86,3	87,7	88,6
Białko ogólne – <i>Crude protein</i>	7,67	7,75	47,9	45,7
Tłuszcz surowy – <i>Crude fat</i>	3,40	3,45	2,04	3,22
Włókno surowe – <i>Crude fibre</i>	1,88	1,87	3,66	4,28
Popiół surowy – <i>Crude ash</i>	1,30	1,24	5,70	6,31
Skrobia – <i>Starch</i>	63,7	62,8	4,08	3,54
Wapń – <i>Calcium</i>	0,010	0,010	0,272	0,353
Fosfor – <i>Phosphorus</i>	0,287	0,283	0,644	0,701
Metionina – <i>Methionine</i>	0,149	0,151	0,642	0,754
Lizyna – <i>Lysine</i>	0,235	0,252	0,289	0,292
Cystyna – <i>Cystine</i>	0,159	0,161	0,623	0,700
Treonina – <i>Threonine</i>	0,269	0,266	1,75	1,85
Tryptofan – <i>Tryptophan</i>	0,040	0,044	0,515	0,763
Arginina – <i>Arginine</i>	0,311	0,328	3,29	3,33
Walina – <i>Valine</i>	0,354	0,359	2,12	2,12

Wskaźniki produkcyjne i jakość pozyskanych produktów

Kurczęta rzeźne

W doświadczeniu prowadzonym na broj-

lerach Ross 308 uzyskano we wszystkich grupach doświadczalnych dobre wskaźniki produkcyjne, zgodne z potencjałem genetycznym odchowywanej krzyżówki kurcząt. W 42. dniu życia kurcząt średnia masa ciała wynosiła 2460 g, pobranie pa-

szy – 4400 g/szt., współczynnik wykorzystania paszy – 1,82 kg/kg przyrostu, a odsetek sztuk padłych – 3,70% (tab. 2). Wskaźnik efektywności odchowu, podsumowujący w sposób syntetyczny

przebieg tuczu, był wysoki i wynosił średnio 310 punktów. Analiza otrzymanych wyników produkcyjnych metodami statystycznymi nie wykazała różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi.

Tabela 2. Wpływ badanych transgeniczných materiałów paszowych na wskaźniki produkcyjne u kurcząt brojlerów

Table 2. Effect of investigated transgenic feed materials on production parameters of broiler chickens

Wyszczególnienie Items	Grupa doświadczalna* – Experimental group			
	1	2	3	4
Masa ciała – Body weight (g)				
21. dzień życia – 21st day of age	789	783	793	787
42. dzień życia – 42nd day of age	2456	2464	2459	2472
Dzienny przyrost masy ciała (g) – Daily weight gain (g)				
1–21 dzień życia – 1–21 days of age	37,4	37,0	37,6	37,2
22–42 dzień życia – 22–42 days of age	79,4	80,1	79,3	80,3
1–42 dzień życia – 1–42 days of age	58,9	59,1	59,0	59,3
Pobranie paszy – Feed intake				
1–21 dzień życia – 1–21 days of age	1145	1143	1157	1155
22–42 dzień życia – 22–42 days of age	3235	3235	3261	3274
1–42 dzień życia – 1–42 days of age	4380	4378	4418	4429
Wykorzystanie paszy (g/1 g przyrostu m.c.) – Feed conversion (g/g body weight gain)				
1–21 dzień życia – 1–21 days of age	1.534	1.545	1.542	1.550
22–42 dzień życia – 22–42 days of age	1.940	1.926	1.958	1.943
1–42 dzień życia – 1–42 days of age	1.815	1.808	1.829	1.821
Odsetek sztuk padłych (%) – % mortality				
1–21 dzień życia – 1–21 days of age	2.38	0.60	2.38	1.78
22–42 dzień życia – 22–42 days of age	1.78	1.98	1.18	1.78
1–42 dzień życia – 1–42 days of age	4.16	2.58	3.56	3.56
Indeks efektywności odchowu (pkt) – Performance efficiency index (pts)				
1–42 dzień życia – 1–42 days of age	309	313	309	312

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

Młode kurczęta rzeźne charakteryzują się dużym zapotrzebowaniem na składniki odżywcze, stanowią również grupę zwierząt szczególnie wrażliwą na jakość i wartość pokarmową paszy oraz zawartość w niej substancji szkodliwych. Wszelkie błędy i niedociągnięcia w tym zakresie szybko przekładają się na pogorszenie wskaźników produkcyjnych. W wykonanym doświadczeniu we wszystkich grupach żywieniowych uzyskano bardzo dobre rezultaty wzrostowe, co świadczy o wysokiej wartości pokarmowej stosowanych mieszanek, w tym również

opartych o materiały paszowe genetycznie zmodyfikowane.

Badane materiały paszowe GM, tj. kukurydza Bt i poekstrakcyjna śruta sojowa RR, nie miały również wpływu na wskaźniki poubojowe, tj. wydajność rzeźną, zawartość mięśni piersiowych i tłuszczu sadełkowego w tuszce oraz względną masę wybranych narządów wewnętrznych. We wszystkich grupach doświadczalnych odnotowano także podobną zawartość suchej masy, białka ogólnego i tłuszczu surowego w mięśniach piersiowych.

Kury nieśne

W czasie trwania doświadczenia nioski Bovans Brown, utrzymywane w klatkach, w okresie od 25. do 54. tygodnia życia charakteryzowały się bardzo dobrymi wskaźnikami produktywności nieśnej. Wartości te były w poszczególnych grupach podobne i analiza statystyczna nie wykazała wpływu badanych materiałów paszowych GM na wydajność nieśną, po-

branie i wykorzystanie paszy w okresie od 25. do 54. tygodnia życia kur (tab. 3).

Parametry charakteryzujące jakość jaj, to jest wysokość białka, wartość jednostek Haugha, masa i barwa żółtka, indeks kształtu i ilość plam krwawych oraz względna masa, grubość, gęstość i wytrzymałość skorup, również kształtowały się na podobnym poziomie we wszystkich grupach doświadczalnych (tab. 4).

Tabela 3. Wpływ badanych transgenicznych materiałów paszowych na wskaźniki produktywności nieśnej (25–54 tydzień życia niosek)

Table 3. Effect of investigated transgenic feed materials on laying performance parameters (25–54 weeks of layer age)

Wyszczególnienie Items	Grupa doświadczalna* Experimental group			
	1	2	3	4
Nieśność – Egg production (%)	95,6	94,0	95,6	95,5
Dzienna produkcja jaj (g/szt.) – Daily egg production (g/bird)	60,7	60,0	61,5	61,2
Średnia masa 1 jaja – Mean egg weight (g)	63,4	63,8	64,3	64,1
Dzienne pobranie paszy (g/szt.) – Daily feed intake (g/bird)	125	123	125	125
Wykorzystanie paszy (g/1 jajo) – Feed conversion (g/egg)	130	130	131	131
Wykorzystanie paszy (g/1 kg jaj) – Feed conversion (g/kg eggs)	2,05	2,05	2,03	2,05

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

Tabela 4. Wpływ badanych transgenicznych materiałów paszowych na jakość jaj
Table 4. Effect of investigated transgenic feed materials on egg quality

Wyszczególnienie Items	Grupa doświadczalna* – Experimental group			
	1	2	3	4
Wysokość białka – Albumen height (mm)	10,9	10,7	11,0	10,9
Jednostki Haugha – Haugh units	102,4	102,1	103,0	102,5
Masa żółtka – Yolk weight (g)	15,6	15,8	15,7	15,9
Barwa żółtka (punkty w skali Roche'a) – Yolk colour (Roche score)	4,37	4,62	4,37	4,58
Indeks kształtu – Egg shape index	78,4	79,0	79,8	79,7
Plamy krwawe – Blood spots	0,021	0,017	0,025	0,025
Względna masy skorupy – Relative egg weight (%)	11,1	11,2	11,2	11,1
Grubość skorupy – Shell thickness (µm)	393,8	395,5	392,5	386,9
Gęstość skorupy – Shell density (mg/cm ²)	88,1	90,5	90,3	88,8
Wytrzymałość skorupy – Shell strength (N)	35,1	35,1	34,5	34,5

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

Tabela 5. Wpływ badanych transgenicznych materiałów paszowych na strawność pozorną składników pokarmowych (%) i współczynnik metaboliczności energii diety u niosek
 Table 5. Effect of investigated transgenic feed materials on apparent nutrient digestibility (%) and apparent metabolizable energy value in layers

Wyszczególnienie Items	Grupa doświadczalna* – Experimental group			
	1	2	3	4
Sucha masa – Dry matter	71,2	71,2	71,6	71,5
Masa organiczna – Organic matter	75,9	75,7	76,3	76,4
Białko ogólne – Crude protein	44,4	43,6	45,6	44,4
Tłuszcz surowy – Crude fat	80,6	79,8	80,5	81,1
Bezazotowe wyciągowe – N-free extractives	88,4	88,8	89,0	89,3
Włókno surowe – Crude fibre	6,56	6,97	7,24	6,70
Popiół surowy – Crude ash	40,8	42,7	41,6	40,2
Współczynnik metaboliczności energii Apparent metabolizable energy value (AME _N)	69,9	69,5	70,3	70,4

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

Tabela 6. Wpływ badanych transgenicznych materiałów paszowych na wyniki bilansu azotu, wapnia i fosforu u kur nieśnych

Table 6. Effect of investigated transgenic feed materials on nitrogen, calcium and phosphorus balance in laying chickens

Wyszczególnienie Items	Grupa doświadczalna* – Experimental group			
	1	2	3	4
N pobrany (mg/dz/szt.) – N intake (mg/d/bird)	2873	2914	2894	2823
N wydalony (mg/dz/szt.) – N excreted (mg/d/bird)	1600	1644	1572	1569
N zatrzymany (mg/dz/szt.) – N retained (mg/d/bird)	1273	1270	1322	1255
N zatrzymany (% N pobranego) – N retained (% of N intake)	44,4	43,6	45,6	44,4
Ca pobrany (mg/dz/szt.) – Ca intake (mg/d/bird)	4065	4185	4017	4004
Ca wydalony (mg/dz/szt.) – Ca excreted (mg/d/bird)	2186	2161	2143	2087
Ca zatrzymany (mg/dz/szt.) – Ca retained (mg/d/bird)	1879	2024	1874	1917
Ca zatrzymany (% Ca pobranego) – Ca retained (% of Ca intake)	46,4	48,0	46,4	47,9
P pobrany (mg/dz/szt.) – P intake (mg/d/bird)	668	681	668	648
P wydalony (mg/dz/szt.) – P excreted (mg/d/bird)	452	454	440	430
P zatrzymany (mg/dz/szt.) – P retained (mg/d/bird)	216	227	229	218
P zatrzymany (% P pobranego) – P retained (% of P intake)	32,4	33,2	34,2	33,6

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

Wyniki oznaczeń strawnościowych nie wykazały różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi (tab. 5). Badane transgeniczne materiały paszowe nie miały wpływu na strawność pozorną suchej masy, masy organicznej, białka ogólnego, tłuszczu surowego, substancji bezazotowych wyciągowych, włókna surowego i popiołu surowego.

Stopień wykorzystania energii brutto, zawartej w mieszankach paszowych (współczynnik metaboliczności energii), również był we wszystkich grupach podobny.

Nie stwierdzono także oddziaływania ziarna kukurydzy Bt i poekstrakcyjnej śruty sojowej RR na wyniki bilansu azotu, wapnia i fosforu u niosek (tab. 6).

Przedstawione wyniki, razem z rezultatami produkcyjnymi badań na brojlerach i niosek, wskazują na równowartość żywieniową u drobiu badanych materiałów paszowych GM i ich konwencjonalnych odpowiedników.

Losy transgenicznego DNA w organizmie

W podjętych badaniach określano również losy transgenicznego DNA w organizmie zwierząt, wykonując jego analizy w treści poszczególnych odcinków przewodu pokarmowego oraz w wybranych narządach, tkankach i produktach (krew, wątroba, płuca, śledziona, mięśnie, jaja). W żadnym przypadku nie stwierdzono obecności w badanych tkankach i narządach wykrywalnych fragmentów DNA transgenicznego, specyficznego dla danej modyfikacji (tab. 7). Analizy dotyczyły fragmentów DNA o długości 172 i 170 par zasad, odpowiednio dla śrutu sojowej HT i kukurydzy Bt. Analizując poszczególne odcinki przewodu

pokarmowego stwierdzono, że transgeniczny DNA występował jedynie w treści żołądka, a w pojedynczych przypadkach (u niosek) w dwunastnicy. Brak wykrywalnych fragmentów transgenów już od początkowych odcinków jelita cienkiego wskazuje na fakt, że kwasy nukleinowe, w tym również transgeniczny DNA, są u drobiu efektywnie hydrolizowane przez odpowiednie enzymy (nukleazy) trzustkowe i jelitowe. Ogranicza to w dużym stopniu możliwość transportu czynnych fragmentów transgenicznego DNA przez barierę jelitową do organizmu, jak również ich przechodzenie w formie niestrawionej przez jelita i wydalanie wraz kałem do środowiska. Podobne rezultaty otrzymano w przypadku referencyjnych sekwencji DNA, które analizowano w celach porównawczych: transgenicznego promotora 35S i terminatora NOS oraz naturalnego, endogenego DNA roślinnego (gen lektyny soi i inwertazy kukurydzy).

Tabela 7. Ilość wyników pozytywnych oznaczenia transgenicznego i naturalnego DNA soi i kukurydzy w próbkach treści przewodu pokarmowego i tkanek ptaków – na przykładzie kurcząt brojlerów
Table 7. Number of digesta and tissue samples that tested positive for transgenic and natural DNA of soybean and maize, using the example of broiler chickens

Oznaczany fragment genu <i>Gene fragment determined</i>	Grupa doświadczalna* <i>Experimental group</i>			
	I	II	III	IV
Treść wola: – <i>Crop contents:</i>				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	6	6	6
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	6	6	6
Promotor 35S (soja i kukurydza) – <i>35S promoter (soybean and maize)</i>	0	6	6	6
NOS terminator (soja) – <i>NOS terminator (soybean)</i>	0	6	0	6
Referencyjny lektyny soi (naturalny) – <i>Soybean endogenous lectin gene</i>	6	6	6	6
Referencyjny inwertazy kukurydzy (naturalny) – <i>Maize endogenous invertase gene</i>	6	6	6	6
Treść żołądka: – <i>Stomach contents:</i>				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	6	6	6	6
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	6	6	6	6
Treść dwunastnicy: – <i>Duodenal contents:</i>				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Treść jelita czczego: – <i>Jejunal contents:</i>				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Treść jelita biodrowego: – <i>Ileal digesta:</i>				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Treść jelit ślepych: – <i>Caecal digesta:</i>				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0

Kałomocz: – Excreta:				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Promotor 35S (soja i kukurydza) – <i>35S promoter (soybean and maize)</i>	0	0	0	0
NOS terminator (soja) – <i>NOS terminator (soybean)</i>	0	0	0	0
Referencyjny lektyny soi (naturalny) – <i>Soybean endogenous lectin gene</i>	0	0	0	0
Referencyjny inwertazy kukurydzy (naturalny) – <i>Maize endogenous invertase gene</i>	0	0	0	0
Krew: – Blood:				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Promotor 35S (soja i kukurydza) – <i>35S promoter (soybean and maize)</i>	0	0	0	0
NOS terminator (soja) – <i>NOS terminator (soybean)</i>	0	0	0	0
Referencyjny lektyny soi (naturalny) – <i>Soybean endogenous lectin gene</i>	0	0	0	0
Referencyjny inwertazy kukurydzy (naturalny) – <i>Maize endogenous invertase gene</i>	0	0	0	0
Wątroba: – Liver:				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Promotor 35S (soja i kukurydza) – <i>35S promoter (soybean and maize)</i>	0	0	0	0
NOS terminator (soja) – <i>NOS terminator (soybean)</i>	0	0	0	0
Referencyjny lektyny soi (naturalny) – <i>Soybean endogenous lectin gene</i>	0	0	0	0
Referencyjny inwertazy kukurydzy (naturalny) – <i>Maize endogenous invertase gene</i>	0	0	0	0
Śledziona: – Spleen:				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Promotor 35S (soja i kukurydza) – <i>35S promoter (soybean and maize)</i>	0	0	0	0
NOS terminator (soja) – <i>NOS terminator (soybean)</i>	0	0	0	0
Referencyjny lektyny soi (naturalny) – <i>Soybean endogenous lectin gene</i>	0	0	0	0
Referencyjny inwertazy kukurydzy (naturalny) – <i>Maize endogenous invertase gene</i>	0	0	0	0
Mięśnie piersiowe: – Breast muscles:				
MON 810 (kukurydza) – <i>MON 810 (maize)</i>	0	0	0	0
RR (soja) – <i>RR (soybean)</i>	0	0	0	0
Promotor 35S (soja i kukurydza) – <i>35S promoter (soybean and maize)</i>	0	0	0	0
NOS terminator (soja) – <i>NOS terminator (soybean)</i>	0	0	0	0
Referencyjny lektyny soi (naturalny) – <i>Soybean endogenous lectin gene</i>	0	0	0	0
Referencyjny inwertazy kukurydzy (naturalny) – <i>Maize endogenous invertase gene</i>	0	0	0	0

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

Dla porównania, w badaniach Einspaniera i in. (2001) oraz Aeschbachera i in. (2005) odnotowano obecność niewielkich fragmentów DNA chloroplastów kukurydzy (nietransgenicznego) w takich tkankach kurcząt, jak krew, mięśnie, wątroba i śledziona, wykazując w ten sposób, że krótkie odcinki DNA mogą być wchłaniane z przewodu pokarmowego ptaków. Stosując kukurydę GM (Bt) cytowani autorzy nie wykryli jednak żadnych fragmentów transgeny w tkankach. Nie odnotowano także obecności transgenicznego DNA ani białka, będącego produktem jego ekspresji, w mięśniach kurcząt żywionych

dawkami z udziałem 55–60% kukurydzy MON 810 (Jennings i in., 2003). Deaville i Maddison (2005) wykryli transgeniczny DNA w treści żołądka kurcząt żywionych paszą z udziałem śruty sojowej, zawierającej transgen CP4EPSPS (Roundup Ready), natomiast wykazali jego brak w dalszych odcinkach przewodu pokarmowego oraz krwi i innych tkankach.

Stwierdzono przy tym, że zmodyfikowane białko CP4EPSPS jest w pełni trawione w przewodzie pokarmowym kur i wykluczono jego obecność w jajach, wątrobie i odchodach (Ash i in., 2003).

Badania, w których wykrywano fragmenty transgenicznego DNA, pochodzącego z paszy w tkankach zwierząt są nieliczne i dotyczą wyłącznie obecności krótkich, nieaktywnych biologicznie (pozbawionych możliwości syntezy białka) fragmentów transgenów. Dla przykładu, Rehout i in. (2008 a,b) stwierdzili, że istnieje możliwość przechodzenia krótkich odcinków transgenicznego DNA, obecnego w śrucie sojowej HT do niektórych tkanek, tj. wątroby i krwi brojlerów. W wykonanym ostatnio doświadczeniu modelowym na rybach akwariowych (*Danio rerio*) fragmenty transgenicznego DNA z kukurydzy MON 810 były wykrywane w niektórych organach wewnętrznych (Sissener i in., 2010). U prosiąt żywionych dietą, zawierającą ziarno kukurydzy MON 810, niewielkie odcinki transgenu Bt były odnajdywane we krwi, wątrobie, śledzionie i nerkach, jednak w żadnym przypadku w organizmie zwierząt nie wykryto całego transgenu lub jego aktywnego biologicznie fragmentu (Mazza i in., 2005).

Rezultaty badań wymienionych autorów potwierdzają hipotezę, że niewielkie fragmenty DNA, pobranego drogą pokarmową, mogą przetrwać w warunkach biochemicznych przewodu pokarmowego zwierząt, a następnie zostać wchłonięte do organizmu.

Według nich, ryzyko transferu DNA z roślin transgenicznych do organizmu zwierząt nie

jest jednak większe niż w przypadku DNA z ich konwencjonalnych odpowiedników.

Status metaboliczny i zdrowotny organizmu

Przyżyciowa, kliniczna ocena ptaków, jak również makroskopowe badanie anatomopatologiczne narządów wewnętrznych nie wykazały różnic pomiędzy grupami, w których zwierzęta żywiono bez udziału lub z udziałem transgenicznych materiałów paszowych.

Analiza statystyczna wyników oznaczeń biochemicznych krwi obwodowej kurcząt, takich jak na przykład aktywność enzymów AST, ASP i ALP oraz poziom trójglicerydów, cholesterolu i białka ogólnego, nie wykazała istotnych różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi.

Podobnie, nie stwierdzono wpływu transgenicznych materiałów paszowych na obraz morfologiczny krwi we wszystkich grupach doświadczalnych, odnotowując podobną zawartość erytrocytów i leukocytów, hematokryt oraz poziom hemoglobiny.

U ptaków żywionych mieszanką paszową opartą o kukurydzę GM, poekstrakcyjną śrutę sojową GM lub obydwie te komponenty jednocześnie nie obserwowano również żadnych zmian w obrazie białokrwinkowym krwi, tj. procentowym udziale heterofilów, bazofilów, eozynofiliów, limfocytów i monocytów oraz w stosunku H/L (heterofile/limfocyty) w rozmazie (tab. 8).

Tabela 8. Wpływ badanych transgenicznych materiałów paszowych na obraz białokrwinkowy we krwi kurcząt (wartości podano jako % komórek w rozmazie)

Table 8. Effect of investigated transgenic feed materials on white blood picture of chickens (values are given as % of cells in smear)

Wyszczególnienie <i>Items</i>	Grupa doświadczalna* – <i>Experimental group</i>			
	1	2	3	4
Heterofile – <i>Heterophils</i>	33,0	32,0	32,5	30,5
Eozynofile – <i>Eosinophils</i>	0,83	0,83	1,00	1,00
Bazofile – <i>Basophils</i>	0,67	0,67	0,50	0,67
Limfocyty – <i>Lymphocytes</i>	64,5	65,2	64,8	66,3
Monocyty – <i>Monocytes</i>	0,83	1,33	1,17	1,50
Stosunek H/L – <i>H/L ratio</i>	0,519	0,499	0,506	0,462

*1 – grupa kontrolna (śruta sojowa i kukurydza konwencjonalne), 2 – śruta sojowa GM + kukurydza konwencjonalna, 3 – śruta sojowa konwencjonalna + kukurydza GM, 4 – śruta sojowa GM + kukurydza GM.

*1 – control group (conventional soybean meal and maize), 2 – GM soybean meal + conventional maize, 3 – conventional soybean meal + GM maize, 4 – GM soybean meal + GM maize.

W badaniach przeprowadzono także ocenę wpływu materiałów transgenicznych na odporność humoralną organizmu, to jest stan odpowiedzi immunologicznej po szczepieniach profilaktycznych ptaków. Były to szczepienia przeciw rzekomemu pomorowi drobiu (ND), zakażnemu zapaleniu oskrzeli (IB) i chorobie Gumboro (IBD). Szczepienia kurcząt wykonano w 1. (IB), 14. (IBD) i 21. dniu życia (ND), przy użyciu żywych szczepionek komercyjnych.

Krew do badań serologicznych pobierano od kurcząt pod koniec doświadczenia, w 42. dniu życia. W większości przypadków analiza statystyczna otrzymanych mian przeciwciał nie wykazała różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi. Jedynie po szczepieniu IB kurczęta z grupy II (śruta poekstrakcyjna GM) charakteryzowały się nieco wyższym mianem niż kurczęta z grup III (ziarno kukurydzy GM) i IV (obie pasze GM). Różnice te trudno jednak tłumaczyć obecnością transgenicznego DNA i białka, gdyż występowały one w diecie wszystkich wymienionych grup. Także w przypadku kur nieśnych stosowanie śruty sojowej HT i kukurydzy Bt nie miało istotnego wpływu na status immunologiczny organizmu, w tym efektywność produkcji przeciwciał po wykonanych szczepieniach prewencyjnych.

Przedstawione analizy krwi wykonano w celu określenia, czy transgeniczne DNA lub białko, zawarte w badanych materiałach paszowych, nie wpływa na procesy immunologiczne, nie wywołuje alergii lub nasilonych procesów zapalnych oraz nie zakłóca odpowiedzi humoralnej organizmu na zastosowane szczepienia profilaktyczne. Analizy te są szczególnie ważne u nowoczesnych krzyżówek brojlerów. Niektóre badania wskazują bowiem, że długoletnia selekcja w kierunku szybkiego tempa przyrostu masy ciała kurcząt może mieć ujemny wpływ na mechanizmy swoistej odporności humoralnej, a głównie na zdolność do syntezy przeciwciał, natomiast może zwiększać natężenie niekorzystnych dla organizmu reakcji zapalnych. Przedstawione wyniki nie wskazują na możliwość negatywnego wpływu badanych komponentów paszowych GM na działanie układu odpornościowego kurcząt.

Badania histopatologiczne narządów wewnętrznych i tkanek pobranych od zwierząt doświadczalnych (wątroba, nerki, śledziona,

trzustka, dwunastnica, jelito czcze, mięśnie szkieletowe, torba Fabrycjusza) nie wykazały znaczących różnic pomiędzy poszczególnymi grupami doświadczalnymi. Stwierdzone w niektórych przypadkach odstępstwa od prawidłowego obrazu histologicznego (np. przekrwienie mięszu, ogniskowe nacieki komórek limfoidalnych) występowały we wszystkich grupach żywieniowych i nie były związane ze stosowaniem transgenicznych materiałów paszowych.

Badania mikroflory przewodu pokarmowego dotyczyły przede wszystkim oceny możliwości transferu transgenicznego DNA do wybranych grup mikroorganizmów bytujących w jeli- tach ślepych i jelicie końcowym. Analizie poddano wybrane gatunki bakterii: *Escherichia coli*, *Enterococcus faecalis* i *Enterococcus faecium*. Badania nie wykazały obecności w bakteryjnym DNA elementów transgenicznych: promotora 35S i terminatora NOS. Analiza ilościowa wybranych mikroorganizmów nie wykazała istotnych różnic w ich namnażaniu pomiędzy grupami żywionymi dietą bez udziału lub z udziałem transgenicznych materiałów paszowych.

Podsumowanie

Wyniki uzyskane w omawianych badaniach pozwalają na sformułowanie następujących uogólnień, dotyczących bezpieczeństwa stosowania poekstrakcyjnej śruty sojowej, produkowanej z roślin GM (HT, Roundup Ready) oraz śruty z ziarna kukurydzy GM (Bt, MON 810) w żywieniu drobiu:

- nie stwierdzono negatywnego wpływu poekstrakcyjnej śruty sojowej z soi RR i ziarna kukurydzy MON 810 na wskaźniki produkcyjne, jakość uzyskiwanych produktów odzwierzęcych oraz status metaboliczny i zdrowotny organizmu, w tym efektywność odpowiedzi immunologicznej, co wskazuje, że badane, genetycznie zmodyfikowane materiały paszowe są równoważne pokarmowo w żywieniu kurcząt rzeźnych i kur nieśnych z odpowiednimi paszami konwencjonalnymi (ziarnem kukurydzy i poekstrakcyjną śrutą sojową);
- brak obecności transgenicznego DNA w dalszych częściach przewodu pokar-

mowego (począwszy od treści jelit cienkich) świadczy o wysokiej efektywności jego trawienia u ptaków oraz ogranicza możliwość przechodzenia aktywnych fragmentów łańcucha kwasu nukleinowego do organizmu;

- nie wykazano obecności transgenicznego DNA w narządach wewnętrznych, krwi, tkance mięśniowej i jajach, co wskazuje na brak pasażu wykrywalnych fragmentów transgenów z przewodu pokarmowego do organizmu badanych ga-

tunków oraz bezpieczeństwo konsumpcji produktów drobiarskich;

- wnioski wynikające z wykonanego zadania dotyczą wyłącznie badanych genetycznie zmodyfikowanych materiałów paszowych, tj. poekstrakcyjnej śruty sojowej RR (MON 40-3-2) oraz ziarna kukurydzy Bt (MON 810, DKC 3421YG), tak więc nie powinny być uogólniane i przenoszone na inne niż wymienione materiały paszowe, użytkiwane z roślin GM.

Literatura

Aeschbacher K., Messikommer R., Meile L., Wenk C. (2005). Bt176 corn in poultry nutrition: physiological characteristics and fate of recombinant plant DNA in chickens. *Poultry Sci.*, 84: 385–394.

Ash J., Novak C., Scheideler S.E. (2003). The fate of genetically modified protein from Roundup Ready soybeans in laying hens. *J. Appl. Poultry Res.*, 12: 242–245.

Aurlich K., Bohme H., Daenicke R., Halle I.T., Flachowsky G. (2001). Genetically modified feeds in animal nutrition. 1st communication: *Bacillus thuringiensis* (Bt) corn in poultry, pig and ruminant nutrition. *Arch. Anim. Nutr.*, 54: 183–195.

Brake J., Vlachos D. (1998). Evaluation of transgenic event 176 "Bt" corn in broiler chickens. *Poultry Sci.*, 77: 648–653.

Brake J., Faust M., Stein J. (2003). Evaluation of transgenic event Bt11 hybrid corn in broiler chickens. *Poultry Sci.*, 82: 551–559.

Brzóška F. (2009). Czy istnieje możliwość substytucji białka GMO innymi surowcami białkowymi (Cz. I). *Wiad. Zoot.*, 47, 1: 3–9.

Chainark P., Satoh S., Hino T., Kiron V., Hirono I., Aoki T. (2006). Availability of genetically modified soybean meal in rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* diets. *Fish. Sci.*, 72: 1072–1078.

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.

Deaville E.R., Maddison B.C. (2005). Detection of transgenic and endogenous plant DNA fragments in the blood, tissues, and digesta of broilers. *J. Agric. Food Chem.*, 53: 10268–10275.

Einspanier R., Klotz A., Krat J., Aurlich K., Poser R., Schwagele F., Jahreis G., Flachowsky G. (2001). The fate of forage plant DNA in farm animals: a collaborative case-study investigating cattle and chicken fed recombinant plant material. *Europ. Food Res. Techn.*, 212: 129–134.

Flachowsky G., Halle I., Aurlich K. (2005). Long term feeding of Bt-corn – a ten-generation study with quails. *Arch. Anim. Nutr.*, 59: 449–451.

Halle I., Aurlich K., Flachowsky G. (2006). Four generations feeding of GMO-corn to laying hens. *Proc. Society of Nutritional Physiology*, 15, p. 114 (abstrakt).

Hammond B.G., Vicini J.L., Hartnell G.F., Naylor M.W., Knight C.D., Robinson E.H., Fuchs R.L., Padgett S.R. (1996). The feeding value of soybeans fed to rats, chickens, catfish and dairy cattle is not altered by genetic incorporation of glyphosate tolerance. *J. Nutr.*, 126:717–727.

Humphrey B.D., Huang N., Klasing K.C. (2002). Rice expressing lactoferrin and lysozyme has antibiotic-like properties when fed to chicks. *J. Nutr.*, 132: 1214–1218.

- Jacobs C.M., Utterback P.L., Parsons C.M., Rice D., Smith B., Hinds M., Liebergesell M., Sauber T. (2008). Performance of laying hens fed diets containing DAS-59122-7 maize grain compared with diets containing nontransgenic maize grain. *Poultry Sci.*, 87: 475–479.
- James C. (2012) Global status of commercialized biotech / GM crops: 2011. ISAAA Briefs, Brief 43.
- Jennings J.C., Albee D.L., Kolwyck D.C., Surber J.D., Taylor M.L., Hartnell G.F., Lirette R.P., Glenn K.C. (2003). Attempts to detect transgenic and endogenous plant DNA and transgenic protein in muscle from broilers fed YieldGard corn borer corn. *Poultry Sci.*, 82: 371–380.
- Mazza R., Soave M., Morlacchini M., Piva G., Marocco A. (2005). Assessing the transfer of genetically modified DNA from feed to animal tissues. *Transgenic Res.*, 14: 775–784.
- McCann M.C., Liu K., Trujillo W.A., Dobert C.D. (2005). Glyphosate-tolerant soybeans remain compositionally equivalent to conventional soybeans (*Glycine max* L.) during three years of field testing. *J. Agric. Food Chem.*, 53: 5331–5335.
- McNaughton J., Roberts M., Smith B., Rice D., Hinds M., Schmidt J., Locke M., Brink K., Bryant A., Rood T., Layton R., Lamb I., Delaney B. (2007). Comparison of broiler performance when fed diets containing event DP-356043-5 (Optimum GAT), nontransgenic near isoline control, or commercial reference soybean meal, hulls, and oil. *Poultry Sci.*, 86: 2569–2581.
- Munkvold G.P., Hellmich R.L., Rice L.G. (1999). Comparison of fumonisin concentration in kernels of transgenic Bt maize hybrids and nontransgenic hybrids. *Plant Dis.*, 83: 130–138.
- Padgett S.R., Taylor N.B., Nida D.L., Bailey M.R., MacDonald J., Holden L.R., Fuchs 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., Rossi F., Grandini A. (2001). Growth performance of broilers fed insect protected (MON 810) or near isogenic control corn. *Poultry Sci.*, 80 (Supl. 1), p. 320 (abstrakt).
- Rehout V., Hanusova L., Citek J., Kadlec J., Hosnedlova B. (2008 a). Detection of DNA fragments from Roundup Ready soya in blood of broilers. *J. Agrobiol.*, 25: 145–148.
- Rehout V., Hanusova L., Kadlec J., Citek J., Hosnedlova B. (2008 b). Detection of DNA fragments from Roundup Ready soya and Bt maize in organs of broilers. *J. Agrobiol.*, 25: 141–144.
- Reuter T., Aulrich K., Berk K. (2002). Investigations on genetically modified maize (Bt-maize) in pig nutrition. Fattening performance and slaughtering results. *Archiv. Anim. Nutr.*, 56: 319–326.
- Rossi F., Morlacchini M., Fusconi G., Pietri A., Mazza R., Piva G. (2005). Effect of Bt corn on broiler growth performance and fate of feed-derived DNA in the digestive tract. *Poultry Sci.*, 84: 1022–1030.
- Sieradzki Z., Mazur M., Kwiatek K. (2009). Wyniki badań pasz w kierunku obecności GMO wykonane w PIWet-PIB w Puławach. Mat. konf. XXXVIII Sesji nauk. Komisji Żywności Zwierząt KNZ PAN: Pasze zmodyfikowane genetycznie w żywieniu zwierząt, Balice, 28–29 maja 2009, s. 83.
- Sissener N.H., Johannessen L.E., Hevroy E.M., Wiik-Nielsen C.R., Berdal K.G., Nordgreen A., Hemre G.I. (2010). Zebrafish (*Danio rerio*) as a model for investigating the safety of GM feed ingredients (soya and maize); performance, stress response and uptake of dietary DNA sequences. *Brit. J. Nutr.*, 103: 3–15.
- Suharman I., Satoh S., Haga Y., Takeuchi T., Endo M., Hirono I., Aoki T. (2009). Utilization of genetically modified soybean meal in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) diets. *Fish. Sci.*, 75: 967–973.
- Świątkiewicz S., Arczewska-Włosek A. (2011). Prospects for the use of genetically modified crops with improved nutritional properties as feed materials in poultry nutrition. *World's Poultry Sci. J.*, 67: 631–642.
- Taylor M.L., Hartnell G.F., Riordan S.G., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., Astwood J.D. (2003 a). Comparison of broiler performance when fed diets containing grain from YieldGard (MON 810), YieldGard x Roundup Ready (GA21), non-transgenic control, or commercial corn. *Poultry Sci.*, 82: 823–830.
- Taylor M.L., Hartnell G.F., Riordan S.G., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., Astwood J.D. (2003 b). Comparison of broiler performance when fed diets containing grain from roundup ready (NK603), YieldGard x Roundup Ready (MON 810 x NK603), non-transgenic control, or commercial corn. *Poultry Sci.*, 82: 443–453.
- Taylor M.L., Hyun Y., Hartnell G.F., Riordan S.G.,

Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., Astwood J.D. (2003 c). Comparison of broiler performance when fed diets containing grain from YieldGard Rootworm (MON863), YieldGard Plus (MON810 x MON863), nontransgenic control, or commercial reference corn hybrids. *Poultry Sci.*, 82: 1948–1956.

Taylor M.L., Hartnell G.F., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B. (2005). Comparison of broiler performance when fed diets containing corn grain with

insect-protected (corn rootworm and European corn borer) and herbicide-tolerant (glyphosate) traits, control corn, or commercial reference corn – revisited. *Poultry Sci.*, 84: 1893–1899.

Taylor M.L., Hartnell G.F., Lucas D., Davis S., Nemeth M.A. (2007). Comparison of broiler performance and carcass parameters when fed diets containing soybean meal produced from glyphosate-tolerant (MON 89788), control, or conventional reference soybeans. *Poultry Sci.*, 86: 2608–2614.

EXTRACTED SOYBEAN MEAL AND GM MAIZE GRAIN IN POULTRY NUTRITION

Summary

The aim of the study, undertaken at the National Research Institute of Animal Production in Kraków in collaboration with the National Veterinary Research Institute in Puławy, was to determine the safety of using GM feeds in broiler and laying chicken nutrition. The study involved feed materials of greatest practical importance for livestock production and authorized for marketing in the European Union, namely extracted soybean meal produced from HT soybean (variety MON 40-3-2, Roundup Ready) as well as Bt maize grain (MON 810, DKC 3421YG).

The results obtained in this study allow making the following conclusions:

- soybean meals from RR soybean and MON 810 maize grain were found to have no negative effect on production parameters, the quality of animal products (eggs and meat) and the body's metabolic and health status, which shows that the investigated modified feed materials are nutritionally equivalent in poultry nutrition to conventional feed materials;
- no evidence of transgenic DNA further in the digestive tract demonstrates that it is very well digested in birds. No presence of transgenic DNA was found in the internal organs, blood, muscle tissue and eggs, indicating that no detectable transgene fragments are transferred from the digestive tract into the body and that poultry products are safe for human consumption.

Program
Uczenie się
przez całe życie

INSTYTUT ZOO TECHNIKI
IZ
NARODOWY INSTYTUT
BADAŃ W ZWIĄZKU Z WYKONANIEM
ZADANIA

IMPROFARM

„IMPROFARM - Poprawa produkcji oraz procesów zarządzania w rolnictwie poprzez transfer innowacji” to projekt realizowany przez
Instytut Zootechniki PIB
wraz z partnerami zagranicznymi w ramach Programu Leonardo da Vinci Transfer Innowacji.

ZAPRASZAMY NA BEZPŁATNE SZKOLENIA
WIĘCEJ INFORMACJI NA:

www.improfarm.eu

ROLNICTWO EKOLOGICZNE

SZKÓŁKARSTWO

AGROTURYSTYKA

ZARZĄDZANIE GOSPODARSTWEM

HODOWLA PSZCZÓŁ

HODOWLA KRÓLIKÓW

HODOWLA DROBIU

HODOWLA OWIEC

Projekt został sfinansowany przez Europejską Komisję Spożywczej i Rolniczej w ramach programu „Leonardo da Vinci” (zgodnie z przepisami 2007). Załącznik do niniejszego ogłoszenia stanowi lista partnerów projektu. Wszelkie informacje dotyczące projektu można uzyskać na stronie internetowej projektu: www.improfarm.eu