

и показатель их сохранности на 2–4%, а также способствовало увеличению чистой прибыли на одну свиноматку от реализации поросят до 24-33% (соответственно контролю). Наибольшая экономическая эффективность отмечена при использовании фитогеника в схемах кормления (поения) супоросных свиноматок, а также поросят-сосунов.

Ключевые слова: фитогеники, эхинацея бледная, поросята, свиноматки, продуктивность, экономика.

S.A.Semenov, Z.G.Trotsenko, S.V.Pospelov. Water-dissolved concentrate – fitogenik for the stimulation of reproduction of sows and technological adaptation of piglets.

It has been studied the water-dissolved fitogenik (a fodder addition of plant origin on the base of Echinacea Pallida) (FFEP) in watering systems for pregnant and sows with piglets to 52-days age under conditions of the pedigree factory. Using fitogenik furthered the increasing of sow's multifertility on 3-9%, a weight of a litter at the weaning on 45 day to 21-28%. It increased an average daily gain in suckling piglets to 16% and the index of their preservation on 2-4% and furthered the increase of clear profit on one sow from the realization of piglets to 24-33% (according to control). The most economic efficiency was observed at using of FFEP in feeding and watering systems for pregnant sows and also suckling piglets.

Key words: fitogenik, Echinacea Pallida, piglets, sows, productivity, economy.

УДК 636.4.084/087

Семенов С.О., Зінов'єв С.Г., Біндюг О.А., Корінний С.М., – кандидати сільськогосподарських наук

Цивенко Т.М. – науковий співробітник

Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

ДИНАМІКА МІКРОБІОЦЕНОЗУ КИШЕЧНИКУ У СВИНЕЙ ЗА УМОВ ВИКОРИСТАННЯ ТРАНСГЕННОЇ СОЇ

Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук О.Г. Чирков

Досліджено мікробіоценоз каудальної ділянки прямої кишки свиней до складу раціону яких входила генетично модифікована соя. Встановлено видовий склад мікроорганізмів які розвивалися на поживних середовищах після обсіменіння їх зразками калу: переважно Proteus vulgaris, E. Coli, Bifidobacterium, Lactobacillus, Enterococcus а також Staphylococcus albus і -citreus, Bacteroides та гриби роду Candida. Виявлено низький ріст колоній грампозитивних стрептококів Streptococcus. У досліджених зразках мікрофлори піддослідних тварин не виявлено відомих ГМ-фрагментів, проте встановлено наявність фрагментів ДНК сої у зразках Протея звичайного, бактероїдів, стафілококів та стрептококів.

Ключові слова: генетично модифікований організм; корм; соя; свиня; кишечник; мікробіоценоз; мікроорганізми.

Постановка проблеми. Розвиток молекулярної генетики і генної інженерії відкрили принципово нові можливості щодо виробництва сільськогосподарської продукції. Маніпуляції з генами та генетична трансформація дозволили отримати велику кількість сортів рослин, які використовуються у харчовій промисловості та сільському господарстві, і зокрема, кормовиробництві. В сучасних умовах ряд провідних біотех-

нологічних компаній світу пропонують на українському ринку генно-інженерні культури, які, безперечно, мають певні переваги над звичайними. Проте, закон України про «Державну систему біобезпеки при створенні, випробуванні, транспортуванні та використанні генетично модифікованих організмів» (№ 1103-V від 31 травня 2007р.) декларує пріоритетність збереження здоров'я людини і охорони навколишнього середовища перед економічними перевагами, що мають місце при їх застосуванні. Згідно його, Центральний орган виконавчої влади з питань екології та природних ресурсів здійснює державну екологічну експертизу генетично модифікованих організмів (ГМО), призначених для використання у відкритій системі, і на основі наукових принципів та міжнародного досвіду [5, 19, 12] розробляє критерії оцінки ризику потенційного їх впливу на природне середовище.

З огляду на вищезазначене виникає необхідність у здійсненні фундаментальних досліджень щодо якості комбікормової сировини, використання генетично-модифікованих кормів у тваринництві та їх впливу на систему органів травлення, а отже здоров'я тварин і, відповідно, людей [2, 3].

Аналіз основних досліджень і публікацій, у яких започатковано розв'язання проблеми. Переважна більшість зарубіжних публікацій, висвітлюють вплив генетично модифікованих кормів (ГМ-кормів) на фізіологічний стан організму тварин в цілому, а також їх продуктивність за умов згодовування трансгенних кормів, зокрема кукурудзи [14], сої [18, 17] пшениці [16]. Незалежні дослідники повідомляли про нефротоксичний та гепатотоксичний ефекти які викликає використання ГМ-кукурудзи [13]. Ушкодження гистоструктури печінки також було виявлено іншими авторами, які використовували ГМ-сою у годівлі щурів [4]. За іншими даними, фрагменти трансгенних генів фуражної кукурудзи (Zein, Sh-2) були виявлені у крові, печінці, селезінці та нирках поросят, яких 35 діб годували кормом з генетично модифікованими інгредієнтами (ГМІ). Крім того, було знайдено фрагмент гену Cry1A (b), який є елементом трансгенної конструкції ГМ кукурудзи MON810 [15].

Наукових досліджень у нашій країні з питань наявності ГМО у кормах, що використовуються у тваринництві, недостатньо. У зв'язку з тим, що останнім часом, за ряду причин, набула широкого розповсюдження у кормовиробництві неперевершена, високотехнологічна білкова культура соя, виникає необхідність систематичного моніторингу її на наявність ГМО [9], та вивчення впливу останніх на мікробіологічні процеси в системі органів травлення тварин.

Оскільки ГМО впливають на продуктивність тварин, зокрема свиней, то звісно вони, до певної міри, видозмінюють мікрофлору кишечника, яка представлена багатьма фізіологічними групами та видами бактерій. У свиней, навіть небілковий азот (сечовина) завдяки посередництву кишкової мікрофлори задіяний до обміну речовин. Відомо, що мікроорганізми сліпої та ободової кишок у свиней представлені лактобацилами (28,5 %), бактероїдами (26,8 %), стрептококами (14,3 %), незброджуючими та зброджуючими вуглеводи паличками відповідно 10,7 % та 8,4 % [11]. За рахунок легких жирних кислот, що продукуються у товстому відділі кишечника утворюється 9 % – 23 % енергії необхідної для підтримки життєдіяльності організму свині [10].

За умов використання нових кормів, зокрема трансгенного походження, на рівні мікробіоценозу ймовірно змінюються умови їх перетравлення та засвоєння у шлунку та кишечнику. Відомо, що у свиней кишечний тип травлення, і особлива роль належить товстому відділу, де відбувається остаточне всмоктування поживних речовин корму. Тому виникає необхідність у вивченні його мікрофлори, яка, як зазначено раніше, безпосередньо приймає участь у метаболізмі.

Мета досліджень та методика їх проведення. Метою досліджень було провести порівняльний аналіз впливу комбікормів, до складу яких входили генетично модифікована та звичайна сої, на кількісний та якісний склад мікроорганізмів каудальної ділянки прямої кишки свиней.

Дослідження щодо виявлення наявності генетично модифікованих конструкцій було проведено в лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового ви-

робництва НААН України. Якісний та кількісний аналіз сої, екскрементів та зразків мікрофлори шлунково-кишкового тракту на вміст генетично модифікованих інгредієнтів проводився з використанням комерційних ПЛР-тест наборів, згідно з чинними нормативними документами на методи досліджень: ДСТУ ISO 21569.2008, ДСТУ ISO 21570:2008, ДСТУ ISO 21571.2008. Для визначення наявності ГМ-події проводили виділення ДНК з об'єктів рослинного походження (соя) з використанням комерційного набору «сорб-ГМО-Б» («Синтол», Росія) згідно з інструкцією виробника.

Досліди на ростучому ремонтному молодняку свиней проведено згідно методики науково-господарських дослідів [7] в умовах станції контрольної відгодівлі Інституту свинарства і АПВ НААН. З цією метою було сформовано дві піддослідні групи з свиней-аналогів за віком, походженням та живою масою, по 12 голів у кожній (Табл.1). До складу раціонів годівлі свиней входило 10 % (за масою) повножирової екструдованої сої сорту «Ворскла» (контрольна група, без ГМО) і така ж кількість сої «Ювілейна» (дослідна група, містить до 75 % ГМІ). Дослідження впливу ГМ-кормів на стан мікробіоценозу каудальної частини кишечника проводились на фоні науково-господарського дослідів з порівняльної ефективності згодовування звичайної та трансгенної сої, згідно представленої схеми (Табл. 1).

1. Загальна схема дослідів

Групи тварин	Умови годівлі піддослідних підсвинків	Кількість повножирової екструдованої сої у раціоні, %	Кількість тварин, гол.
I контрольна	Основний раціон (ОР) + звичайна соя повножирова екструдована	10	12 (8♀+4♂)
II дослідна	ОР + ГМ-соя повножирова екструдована	10	12 (8♀+4♂)

Зразки мікрофлори відбиралися шляхом взяття мазків з прямої кишки у 4 піддослідних свинок з кожної групи. Мікробіологічні дослідження проводили в лабораторії інфекційних захворювань Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН України. Для визначення видового складу мікробіоценозу піддослідних свиней використовували поживні середовища: Ендо, агар Сабура, м'ясопептонний бульйон (МПБ), м'ясопептонний агар (МПА) та середовище Кітт-Тароцці. Диференціювання мікрофлори здійснювалось візуально за характером росту колоній та мікроскопією мазків фарбованих за Грамом.

Статистичну обробку отриманих даних проводили з використанням програм Microsoft Excel та Statistica 8.0, попередньо перевіривши нормальність їх розподілу за W тестами Шапіро-Вілка та тестом Лілієфорса [1, 6, 8].

Результати досліджень. У пробах насіння сої, яка використовувалась у дослідженнях визначено наступне співвідношення послідовності ДНК промотору 35S CaMV до послідовності ДНК сої: «Ворскла» – 0 % ГМО, «Ювілейна» – 50-75% ГМО. Встановлена також наявність ГМ-конструкцій у продуктах екструзійної переробки ГМ-сої сорту «Ювілейна», за активності уреазы в гранично допустимих межах від 0,15 до 0,2 од. рН, а також у екскрементах тварин (таблиця 2).

Визначення вмісту ГМО

Номер лунки	Ідентифікатор пробірки	Ср, Fam	Ср, Hex	dCp	%ГМИ
A1	Образец_1 (Kvantum-Soya)				
A2	Образец_2 (Kvantum-Soya)				
A3	Образец_3 (Kvantum-Soya)		37,2		?
A4	Образец_4 (Kvantum-Soya)				
A5	Образец_5 (Kvantum-Soya)				
A6	Образец_6 (Kvantum-Soya)		38,2		?
A7	Образец_7 (Kvantum-Soya)		39,1		?
A8	Образец_8 (Kvantum-Soya)		37,4		?
B1	Образец_9 (Kvantum-Soya)	35,5	34,5	-0,9	0,0
B2	Образец_10 (Kvantum-Soya)	35,4	34,3	-1,0	0,0
B3	Образец_11 (Kvantum-Soya)	35,5	27,6	-7,8	0,7
B4	Образец_12 (Kvantum-Soya)	28,9	27,0	-2,0	0,0
B5	Стандарт_1 (Kvantum-Soya)	30,5	24,9	-5,6	5,0
B6	Стандарт_2 (Kvantum-Soya)	33,9	26,8	-7,1	1,0
B7	Стандарт_3 (Kvantum-Soya)	36,6	26,2	-10,4	0,1
B8	К+ (Kvantum-Soya)	33,0	27,2	-5,8	3,6
C1	К- (Kvantum-Soya)				

Кишкова паличка
Протей звичайний
Дріжджеподібні гриби
Анаероби
Бактероїди
Стрептококи
Стафілококи

Соя контроль
Соя дослід

Спостерігається певна динаміка статусу нормомікробіоценозу каудальної ділянки прямої кишки піддослідних тварин (табл. 3).

Через 12 годин після обсіменіння, на поживному середовищі Ендо зафіксовано активний ріст монокультури кишкової палички *E. coli*., а також протей *Proteus vulgaris* на МПБ через 12 та 24 годин. Проте, дріжджеподібні гриби на агарі Сабуро навіть через 24 години інкубації мали низьку інтенсивність росту, а при продовженні спостереження до 48 годин було виявлено гриби роду *Candida*.

На поживному середовищі Кітт-Тароцці виявлено ріст грамполозитивних анаеробів: ентерококів (*Enterococcus*), біфідобактерій (*Bifidobacterium*) та лактобацил (*Lactobacillus*) у співвідношенні 3:2:1, а також в зразках 1, 2, 3, 4 виявлено до 30 % грамнегативних бактероїдів *Bacteroides*. На МПБ та МПА спостерігається у переважній більшості розвиток аеробної грамполозитивної кокової мікрофлори: стафілококи білий (*Staphylococcus albus*) (до 90 %) та лимонно-жовтий (*Staphylococcus citreus*) (до 25 %). Дослідження показують, що в усіх чашках Петрі найнижчий ріст був колоній грамполозитивних стрептококів *Streptococcus*.

Таким чином, у досліджених зразках фекалій свиней у переважній більшості ростуть *Proteus vulgaris*, *E. Coli*, а також *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*. Також мав місце ріст *Staphylococcus albus* і *Staphylococcus citreus*, *Bacteroides* та грибів роду *Candida*. Використання ГМ-сої вплинуло на мікробіоценоз шлунково-кишкового тракту: після згодовування корму до складу якого входила трансгенна соя знизився ріст *E.Coli* з $96,25 \pm 1,25$ % до $35,00 \pm 2,04$ %, тобто у 2,75 рази та грамполозитивних анаеробів (*Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*) з $73,75 \pm 3,15$ % до $48,75 \pm 3,75$ %, або на 25 %. Це вказує на те, що суттєвих змін у кількості мікроорганізмів, які, в основному, формують мікробіоценоз у товстому відділі кишечника, не відбувається. Разом з тим, отримані дані свідчать про відсутність відомих ГМ-фрагментів у досліджених зразках мікрофлори, не зважаючи на те, що фрагменти ДНК такої сої виявлені у зразках Протей звичайного, бактероїдів, стафілококів та стрептококів.

3. Динаміка розвитку мікроорганізмів у середовищах обсімінених екскрементами свиней які споживали транстенну сою (M±m, n=4)

	Без ГМО				ГМО			
	13 вересня 2012	07 листопада 2012	21 січня 2012	13 вересня 2012	07 листопада 2012	21 січня 2012		
<i>E. Coli</i>	98,75±1,25	91,25±2,39	57,50±3,23 bbb c	96,25±1,25	35,00±2,04 aaa dddd	57,50±3,23 bbb c		
Ді для середніх	94,77; 102,73	83,63; 98,87	47,23; 67,77	92,27; 100,23	28,50; 41,50	47,23; 67,77		
Ді для різниці середніх				0,65; 4,35	35,22; 77,28			
Std.Dev. (S)	2,50	4,79	6,45	2,50	4,08	6,45		
Coef.Var. (Cv)	2,53	5,25	11,23	2,60	11,66	11,23		
<i>Proteus vulgaris</i>	63,75±2,39	62,50±3,23	41,25±7,47	66,25±2,39	52,50±3,23	51,25±5,15		
Ді для середніх	56,13; 71,37	52,23; 72,77	17,49; 65,01	58,63; 73,87	42,23; 62,77	34,85; 67,65		
Ді для різниці середніх				-0,71; 5,71	4,44; 15,56	0,97; 19,03		
Std.Dev. (S)	4,79	6,45	14,93	4,79	6,45	10,31		
Coef.Var. (Cv)	7,51	10,33	36,19	7,23	12,30	20,11		
Дріжджеподібні гриби	18,75±2,39	26,25±4,27	21,25±3,75	27,50±3,23	12,50±3,23 a	20,00±2,04		
Ді для середніх	11,13; 26,37	12,66; 39,84	9,32; 33,18	17,23; 37,77	2,23; 22,77	13,50; 26,50		
Ді для різниці середніх				3,87; 13,63	6,71; 20,79	-2,65; 5,15		
Std.Dev. (S)	4,79	8,54	7,50	6,45	6,45	4,08		
Coef.Var. (Cv)	25,53	32,53	35,29	23,47	51,64	20,41		
Анаероби (грампозитивні)	63,75±3,75	76,25±5,91 d	83,75±4,27	73,75±3,15	48,75±3,75 aaa d	81,25±2,39 b cc		
Ді для середніх	51,82; 75,68	57,45; 95,05	70,16; 97,34	63,74; 83,76	36,82; 60,68	73,63; 88,87		
Ді для різниці середніх				4,22; 15,78	15,50; 39,50	-2,04; 7,04		
Std.Dev. (S)	7,50	11,81	8,54	6,29	7,50	4,79		
Coef.Var. (Cv)	11,76	15,49	10,20	8,53	15,38	5,89		

Продовження таблиці 3

<i>Vacteroides</i>	22,50±3,23	22,50±7,77	16,25±4,27	0,00 aaa	0,00 a	18,75±2,39 bb cc
Ді для середніх	12,23; 32,77	-2,24; 47,24	2,66; 29,84	0,86; 9,14	3,46; 11,54	11,13; 26,37
Ді для різниці середніх						-1,94; 6,94
Std.Dev. (S)	6,45	15,55	8,54			4,79
Coef.Var. (Cv)	28,69	69,09	52,55			25,53
<i>Streptococcus</i>	17,50±3,23	15,00±2,04	15,00±3,54	12,50±2,50	7,50±2,50	17,50±3,23 c
Ді для середніх	7,23; 27,77	8,50; 21,50	3,75; 26,25	4,54; 20,46	-0,46; 15,46	7,23; 27,77
Ді для різниці середніх				0,86; 9,14	3,46; 11,54	-1,94; 6,94
Std.Dev. (S)	6,45	4,08	7,07	5,00	5,00	6,45
Coef.Var. (Cv)	36,89	27,22	47,14	40,00	66,67	36,89
<i>Staphilococcus</i>	82,50±3,23	82,50±1,44	85,00±3,54	87,50±2,50	72,50±3,23 a	82,50±3,23
Ді для середніх	72,23; 92,77	77,91; 87,09	73,75; 96,25	79,54; 95,46	62,23; 82,77	72,23; 92,77
Ді для різниці середніх				0,86; 9,14	5,10; 14,90	-1,94; 6,94
Std.Dev. (S)	6,45	2,89	7,07	5,00	6,45	6,45
Coef.Var. (Cv)	7,82	3,50	8,32	5,71	8,90	7,82

a – порівняння між групами ГМО – без ГМО

b – початок досліді – кінець досліді

c – середина досліді – кінець досліді

d – початок досліді – середина досліді

a, b, c, d - *P<0.05, aa, bb, cc, dd - **P<0.01, aaa, bbb, ccc, ddd - ***P<0.001, критерій Ст'юдента

Висновки.

1. Встановлена наявність ГМ-конструкцій у продуктах екструзійної переробки ГМ-сої, при активності уреазы 0,15 – 0,2 од. рН, а також у екскрементах тварин, які її споживали.

2. У досліджених зразках екскрементів свиней переважним був ріст мікроорганізмів *Proteus vulgaris*, *E. Coli*, *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*, дещо меншим *Staphylococcus albus* і *-citreus*, *Bacteroides*, а також грибів роду *Candida* і низьким – колоній грам-позитивних стрептококів *Streptococcus*.

3. Використання ГМ-сої у раціонах свиней позначилось на мікробіоценозі шлунково-кишкового тракту: у порівнянні з початком досліджень на поживних середовищах знизився ріст *E. Coli* з 96,25±1,25 % до 35,00±2,04 % (на 61,25 %) та грам-позитивних анаеробів (*Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*) з 73,75±3,15% до 48,75±3,75 % (на 25 %).

4. У досліджених зразках мікрофлори піддослідних тварин не виявлено відомих ГМ-фрагментів, проте встановлено наявність фрагментів ДНК сої у зразках Протея звичайного, бактероїдів, стафілококів та стрептококів.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Гланц С. Медико-биологическая статистика / С.Гланц. -Пер. с англ. Ю.А. Данилова. М.: Практика, 1998. - 459 с.

2. Ермакова И.В. Влияние сои с геном EPSPS CP4 на физиологическое состояние и репродуктивные функции крыс в первых двух поколениях // И.В.Ермакова / Современные проблемы науки и образования, 2009. - № 5. - С. 15-21.

3. Ермакова И.В. Изучение физиологических и морфологических параметров у крыс и их потомства при использовании диеты, содержащей сою с трансгеном EPSPS CP4 // И.В.Ермакова, И.В.Барсков / Современные проблемы науки и образования. Биологические науки, 2008. - № 6. - С. 19-20.

4. Колоусова Н. Г. Патоморфологические изменения в печени крыс при употреблении генномодифицированной сои // Н.Г.Колоусова, Г.И.Губина-Вакулик, Т.А.Иваненко [и др.] / Актуальні проблеми онкоморфології : матеріали науково-практичної конференції з міжнародною участю та 3 конференції Українського дивізіону інтернаціональної академії патології, 12-13 травня 2011 р., Харків, Україна / Харківський нац. мед. університет. – Харків, 2011. – С. 100.

5. Кузнецов В.В. Генетически модифицированные организмы и полученные из них продукты: реальные и потенциальные риски / В.В.Кузнецов, А.М.Куликов // Российский химический журнал, 2005. - № 69 (4). - С. 70-83.

6. Макарова Н.В. Статистика в Excel / Н.В.Макарова. - М.: Финансы и статистика, 2002. - 368 с.

7. Методики исследований по свиноводству. – Харьков: ВАСХНИЛ, Южное отделение, 1977. – С. 69-83.

8. Реброва О.Ю. Статистический анализ медицинских данных./ О.Ю.Реброва. - Применение пакета прикладных программ STATISTICA. - М.: МедиаСфера, 2003. - 312 с.

9. Семенов С.О. Поширення генетично-інженерних конструкцій в потенційній комбікормовій сировині Полтавщини / С.О.Семенов, С.М.Корінний, Ю.О.Ремізова // Міжв. темат. наук. зб. «Свинарство». – Полтава, 2012. – Випуск 60. – С. 113 – 116.

10. Тараканов Б. Применение пробиотиков лактоамиловарина и максимилина при выращивании поросят // Б.Тараканов, Л.Клабукова / Свиноводство. – 2000. – № 4. – С. 18 – 20.

11. Тимошко М.А. Бактериоценоз пищеварительного тракта поросят // М.А.Тимошко, В.Г.Холмецкая, И.Ф.Бурсук / Кишинев, 1983. – 56 с.

12. Environmental risk assessment of genetically modified plants - concepts and controversies / Angelika Hilbeck, Matthias Meier, Jörg Römbke [et al] // Environmental Sciences Europe 2011, 23:13.

13. A comparison of the effects of three G M Corn varieties on mammalian health / G. S. de Vendomois, F. Roullier, D. Cellier [et al.] // *Int. J. Biol. Sci.* – 2009. – № 5 (7). – P. 706–726.
14. Gilles-Eric Seralini New analysis of a rat feeding study with a genetically modified maize reveals signs of hepatorenal toxicity / Gilles-Eric Seralini, Dominique Cellier, Joel Spiroux de Vendomois // *Arch. Environ. Contam. Toxicol.*, 2007. — v. 52. — P. 596–602
15. Jeffrey M. Smith. Genetic Roulette. The documented health risks of genetically engineered foods. / Jeffrey M. Smith // Fairfield: Yes Books. — 2007. — 319 p.
16. Magaca-Gymez J.A, Calderyn de la Barca A.M. Risk assessment of genetically modified crops for nutrition and health. / Magaca-Gymez J.A, Calderyn de la Barca A.M. // *Nutrition Reviews*. 2008. — v. 67. — № 1. — P. 1–16.
17. Pancreatic response of rats fed genetically modified soybean / Magaca-Gymez J.A, Lypcz Cervantes G, Yepiz-Plascencia G, Calderyn de la Barca A.M. // *J Appl Toxicol*. 2008. — v. 28. — P. 217–226.
18. Reversibility of hepatocyte nuclear modifications in mice fed on genetically modified soybean / Malatesta M, Tiberi C, Baldelli B, [et al.] // *Eur. J. Histochem.*, 2005. – v. 49. — P. 237–242.
19. Tom J. de Jong General surveillance of genetically modified plants in the EC and the need for controls / Tom J. de Jong // *J. Verbr. Lebensm.* (2010) 5:181–183.

Семенов С.А., Зиновьев С.Г., Биндюг А.А., Коринной С.Н., Цивенко Т.М.
Динамика микробиоценоза кишечника у свиней при условии использования трансгенной сои.

*Исследован микробиоценоз каудального участка прямой кишки свиней в состав рациона которых входила генетически модифицированная соя. Установлен видовой состав микроорганизмов которые развивались на питательных средах после обсеменения их образцами фекалий: преимущественно *Proteus vulgaris*, *E. Coli*, *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus* а также *Staphylococcus albus* и *-citreus*, *Bacteroides* и грибы рода *Candida*. Выявлен низкий рост колоний грампозитивных стрептококков *Streptococcus*. В исследованных образцах микрофлоры подопытных животных не выявлено известных ГМ-фрагментов, тем не менее, установлено наличие фрагментов ДНК сои в образцах *Протея* обычного, *бактероидов*, *стафилококков* и *стрептококков*.*

Ключевые слова: генетически модифицированный организм, корм, соя, свинья, кишечник, микробиоценоз, микроорганизмы.

S.O.Semenov, S.G.Zinoviev, O.A.Bindug, S.M.Korinnyi, T.M.Tsivenko.
Dynamics of the microbiocenosis of intestines in pigs at conditions of using of transgenic soya.

*It has been researched the microbiocenosis of caudal area of rectum of pigs which were had the diet with genetic modified soya. It was determined the specific composition of microorganisms, which were developed on nutritious mediums after the insemination them by samples of excrements: mainly *Proteus vulgaris*, *E.Coli*, *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus* and also *Saphylococcus albus* and *citreus*, *Bacteroides* and funguses of the family *Candida*. It was found out the low growth of colonies of grampositive *Streptococcus*. The known GM-fragments were not found out in experimental samples of the microflora of experimental animals, but it was determined the presence of DNA fragments of soya in samples *Proteus vulgaris*, *bacteriums*, *Staphylococcus* and *Streptococcus*.*

Key words: genetic modified soya, feed-stuff, soya, pig, intestines, microbiocenosis, microdrganisms.