

Genetycznie zmodyfikowane materiały paszowe w żywieniu zwierząt – rezultaty badań krajowych

Sylwester Świątkiewicz¹, Beata Szymczyk¹, Franciszek Brzóska¹, Małgorzata Świątkiewicz¹, Anna Arczewska-Włosek¹, Juliusz Strzetelski¹, Iwona Furgał-Dierzuk¹, Marta Twardowska¹, Jan Markowski¹, Małgorzata Mazur², Zbigniew Sieradzki², Zygmunt Pejsak², Grzegorz Tomczyk², Zenon Minta², Dariusz Bednarek², Wojciech Kozaczyński², Michał Reichert², Krzysztof Kwiatek²

¹Institut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy w Krakowie,

²Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

W ciągu ostatnich 25 lat nastąpił dynamiczny rozwój technik inżynierii genetycznej. Przy ich użyciu zostało wytworzonych wiele odmian roślin genetycznie zmodyfikowanych (GM). Są to rośliny z wbudowanym do genomu obcym gatunkowo fragmentem informacji genetycznej (tzw. transgenem). Inaczej niż w przypadku tradycyjnych metod pracy hodowlanej, wprowadzenie transgeny pozwala, poprzez syntezę nowego białka w organizmie, na szybkie uzyskanie roślin o pożądanych, z góry zaplanowanych, 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 dopuszczone do obrotu są materiały paszowe z takich roślin GM pierwszej generacji, jak: soja, kukurydza, bawełna i rzepak.

Od rozpoczęcia komercyjnej produkcji roślin GM, tj. w latach 1996-2011, nastąpił ogromny wzrost światowego arealu tego rodzaju upraw. Według raportu specjalistycznej agencji ISAAA (ang. International Service for the Acquisition of Agri-biotech Application) w 2011 r. areal 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 [14]. Na terenie Unii Europejskiej powierzchnia upraw roślin GM w 2011 r. była stosunkowo niewielka i wynosiła 114,5 tys. ha, ale wzrosła o 26% w stosunku do 2010 r. W ubiegłym roku uprawy transgeniczne były obecne w 8 krajach UE, przy czym zdecydowanie najważniejszym producentem była Hiszpania, natomiast dużo mniejsze areale takich upraw znajdowały się w Czechach, Słowacji, Portugalii, Rumunii, Szwecji, Niemczech i Polsce. Praktycznie jedyną uprawianą w ubiegłym roku rośliną GM na terenie UE była kukurydza z transgenem odporności na szkodniki owadzie (Bt).

Znacząca część roślin GM jest wykorzystywana w formie materiałów paszowych, przeznaczonych do żywienia zwierząt gospodarskich. Rejestracja rośliny GM jako materiału paszowego, za którą odpowiada Europejski Urząd ds. Bezpieczeństwa Żywności (EFSA), musi być poprzedzona szczegółowymi badaniami. Pierw-

szym etapem jest z reguły dokładna analiza jej składu chemicznego i jego porównanie ze składem konwencjonalnych odmian rodzicielskich, co pozwala na określenie tzw. równoważności składnikowej obu odmian. Kolejną część badań stanowi ocena skutków stosowania transgenicznych materiałów paszowych w żywieniu zwierząt, zarówno modelowych, jak i 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 żywieniowej 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 odciwkach 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 wielopokoleniowych, 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. Są one związane przede wszystkim z potencjalnie niekorzystnym oddziaływaniem upraw roślin GM na środowisko naturalne, w tym możliwości 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. superchwaśców. Obawy dotyczące bezpieczeństwa 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 organizmu zwierząt i ludzi. Powyższy argument dotyczy zwłaszcza efektów, które mogą uwidocznić się w długim okresie czasu spożycia 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

Biorąc pod uwagę 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 badania, których celem było określenie bezpieczeństwa stosowania pasz GM w żywieniu różnych grup zwierząt gospodarskich, a także w żywieniu zwierząt modelowych, utrzymywanych przez kilka pokoleń. Badania są finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, a uzyskane wyniki mogą zostać uwzględnione w dalszych pracach legislacyjnych nad prawnymi aspektami stosowania materiałów 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 przy-

padku 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 rocznie około 1,9-2,0 mln ton [5]. Pochodzi ona głównie z krajów Ameryki Południowej i Północnej, gdzie zdecydowanie przeważają uprawy soi GM. Dlatego też, z powodu malejącej podaży, śruta sojowa 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 konkurencję krajowym producentom z podmiotami zagranicznymi. Kontrolne analizy potwierdzają, że prawie cała ilość poekstrakcyjnej śruty sojowej dostępnej na krajowym rynku paszowym została wyprodukowana z roślin GM [27].

W światowej uprawie soi zdecydowanie przeważają rośliny genetycznie zmodyfikowane [14], przy czym zdecydowanie najpopularniejszą modyfikacją jest odporność na herbicydy (tzw. soja HT). Soja GM zaczęła być uprawiana w 1996 r., a już w 2001 r. 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 EP-SPS, powodujące tolerancję rośliny względem herbicydu zawierającego w swoim składzie glifosat. Na terenie Unii Europejskiej jedyną dopuszczoną do obrotu genetycznie zmodyfikowaną odmianą 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 nasion soi [13]. W stosunku do konwencjonalnych odpowiedników nie stwierdzono bowiem zmiany zawartości w nasionach 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. dla kurcząt brojlerów. Analizując uzyskane w okresie do 42. dnia życia ptaków dane doświadczalne, nie stwierdzono 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 [13]. 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 [6, 8, 13, 18, 26, 28, 29].

Ziarno kukurydzy

W ostatnich latach, spośród upraw roślin genetycznie zmodyfikowanych, szczególnie dynamicznie rozwija się 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 thuringiensis* (tzw. gen Bt). Gen Bt odpowiada za syntezę w roślinie specyficznego białka, które ma właściwości toksyczne dla owada omacnicy prosowianki (*Praustia 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, również w Polsce uprawiana jest od kilku lat 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 się zwiększać.

W wielu badaniach wykazano, że skład chemiczny (w tym zawartość składników pokarmowych, tj. białka, włókna, tłuszczu, skrobi, aminokwasów, składników mineralnych i witamin) ziarna kukurydzy Bt nie różni się od składu ziarna konwencjonalnych linii rodzicielskich [1, 2, 3]. Istotne znaczenie ma również fakt, że ze względu na brak uszkodzeń przez gąsienice omacnicy, ziarno kukurydzy Bt może charakteryzować się niższą zawartością mikotoksyn produkowanych przez *Fusarium* [19]. Mikotoksyny są związkami wykazującymi szereg negatywnych oddziaływań na organizm, prowadząc między innymi do pogorszenia wyników produkcyjnych u zwierząt gospodarskich. Przechodząc z paszy do produktów pochodzenia zwierzęcego (mięsa, mleka i jaj), mikotoksyny stanowią także zagrożenie dla konsumenta.

Pierwsze badania nad stosowaniem ziarna genetycznie modyfikowanej kukurydzy (Bt) w żywieniu zwierząt gospodarskich wykonano w 1998 roku [4]. Porównując mieszanki paszowe z udziałem 60% kukurydzy modyfikowanej lub konwencjonalnej, nie stwierdzono 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 wsp. [7] oraz Reuter i wsp. [24]. 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 [1, 25, 26, 30, 31, 32, 33]. 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 [21]. Wiązało się to prawdopodobnie z faktem, że ziarno modyfikowane zawierało znacznie mniej mikotoksyn (fumonizyny B₁).

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 [11, 12]. Otrzymane rezultaty nie wykazały żadnych różnic w porównaniu z grupą kontrolną w zakresie statusu zdrowotnego, względnej masy narządów wewnętrznych, wydajności nieśnej, pobrania i wykorzystania paszy, wskaźników reprodukcyjnych oraz jakości mięsa i jaj.

Wyniki badań IZ PIB i PIWet-PIB na zwierzętach gospodarskich

W ramach badań na zwierzętach gospodarskich wykonano doświadczenia żywieniowe na kurczętach rzeźnych, kurach nieśnych, tucznikach, lochach z prosiętami, cielętach i krowach mlecznych. W poszczególnych grupach doświadczalnych stosowano izobiałkowe i izoenergetyczne mieszanki paszowe, w skład których wchodziła śruta kukurydziana, poekstrakcyjna śruta sojowa oraz odpowiednie dodatki (mineralne, aminokwasy krystaliczne, olej rzepa-

kowy, premiks witaminowo-mineralny). Zawartość składników pokarmowych i energii metabolicznej we wszystkich mieszankach była zgodna z zapotrzebowaniem zwierząt. Jedynym 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, grupa II – ziarno kukurydzy linii konwencjonalnej i poekstrakcyjna śruta sojowa GM (HT), grupa III – ziarno kukurydzy GM (Bt) i poekstrakcyjna śruta sojowa linii konwencjonalnej, grupa IV – ziarno kukurydzy i poekstrakcyjna śruta sojowa z roślin GM.

Celem opisywanych badań było określenie wpływu stosowania ocenianych materiałów paszowych GM w żywieniu zwierząt gospodarskich na uzyskiwane wskaźniki produkcyjne, status metaboliczny i zdrowotny organizmu, jakość uzyskiwanych produktów oraz transfer transgenicznego DNA w organizmie, w tym możliwość jego obecności w produktach spożywczych pochodzenia zwierzęcego. Główne kierunki badań obejmowały:

- określenie efektywności materiałów paszowych GM w żywieniu różnych grup technologicznych zwierząt gospodarskich (wpływ badanych pasz na wskaźniki produkcyjne, strawność składników pokarmowych i jakość uzyskiwanych produktów spożywczych pochodzenia zwierzęcego);

- określenie wpływu materiałów paszowych GM na parametry charakteryzujące status zdrowotny organizmu zwierzęcego (m.in. efektywność odpowiedzi immunologicznej, obraz krwi, ewentualne zmiany histopatologiczne i morfologiczne w wybranych narządach wewnętrznych);

- analizę pasażu transgenicznego DNA przez przewód pokarmowy;

- wykazanie lub wykluczenie obecności transgenicznego DNA w tkankach, narządach oraz produktach spożywczych pochodzenia zwierzęcego (mięso, mleko, jaja).

Równoważność składnikowa (zawartość składników pokarmowych w materiałach paszowych)

Analizy chemiczne wykazały, że transgeniczna kukurydza Bt i jej odmiana konwencjonalna charakteryzowały się podobną zawartością podstawowych składników pokarmowych i składników mineralnych oraz aminokwasów. 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 wyniki uzyskali również inni autorzy, którzy badali wpływ transgenezy na zawartość składników pokarmowych w materiałach paszowych pochodzących z kukurydzy Bt lub soi HT [17, 20, 25].

Wskaźniki produkcyjne i jakość pozyskanych produktów

Kurczęta rzeźne. W doświadczeniu na brojlerach Ross 308, we wszystkich grupach doświadczalnych, uzyskano dobre wskaźniki produkcyjne, zgodne z potencjałem genetycznym odchowywanych mieszańców. W 42. dniu życia średnia masa ciała wynosiła 2460 g, pobranie paszy – 4400 g/szt., współczynnik wykorzystania paszy – 1,82 kg/kg przyrostu, padnięcia – 3,70%. Wskaźnik efektywności odchowu podsumowujący w sposób syntetyczny przebieg tuczu był wysoki i wyniósł średnio 310 punktów. Analizując otrzymane wyniki produkcyjne metodami statystycznymi nie stwierdzono różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi. Młode kurczęta rzeźne charakteryzują się dużym zapotrzebowaniem na składniki odżywcze, stanowiąc grupę zwierząt szczególnie wrażliwych na jakość i wartość pokarmową paszy oraz zawartość w niej substancji szkodliwych. Wszelkie błędy w tym zakresie szybko przekładają się na pogorszenie wskaźników produkcyjnych. W wykonanym doświadczeniu,

we wszystkich grupach, uzyskano dobre rezultaty wzrostowe, co świadczy o wysokiej wartości pokarmowej stosowanych mieszanek, w tym również tych opartych na materiałach paszowych genetycznie zmodyfikowanych.

Badane materiały paszowe GM, tj. kukurydza Bt i poekstrakcyjna śruta sojowa RR, nie miały również wpływu na wskaźniki pobojowe, 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 okresie doświadczenia nioski Bovans Brown, utrzymywane w klatkach, w okresie od 25. do 54. tygodnia życia charakteryzowały się bardzo dobrymi wskaźnikami produkcyjnymi; średnia nieśność wynosiła 95,2%. Analiza statystyczna nie wykazała wpływu badanych materiałów paszowych GM na wydajność nieśną, pobranie i wykorzystanie paszy w okresie od 25. do 54. tygodnia życia kur. Również 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, kształtowały się na podobnym poziomie we wszystkich grupach doświadczalnych.

Analiza wyników oznaczeń bilansowych nie wykazała różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi. 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. Również stopień wykorzystania energii brutto zawartej w mieszankach paszowych (współczynnik metaboliczności energii) był we wszystkich grupach podobny. Nie stwierdzono także oddziaływania ziarna kukurydzy Bt i poekstrakcyjnej śrut sojowej RR na wyniki bilansu azotu, wapnia i fosforu u niosek.

Tuczniki. Materiał doświadczalny stanowiły zwierzęta pochodzące od loch mieszańców (pbz x wbp) pokrytych knurem mieszańcowym (pietrain x duroc). Zarówno w pierwszym, jak i drugim okresie tuczu nie obserwowano statystycznie istotnych różnic między grupami w tempie wzrostu świń. Średnie przyrosty masy ciała tuczników w całym okresie tuczu były zbliżone i wynosiły od 824 do 852 g. Zużycie paszy na przyrost 1 kg masy ciała nie różniło się istotnie między grupami doświadczalnymi i w całym okresie tuczu wynosiło średnio 3,1-3,2 kg. Analizując wyniki oceny jakości tusz wieprzowych, nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi. Mięśność tuczników wynosiła od około 53,7% w grupie I do 54,6% w grupie II, natomiast różnica między grupami w zawartości mięsa w wyrebach podstawowych i powierzchni „oka” połędwicy wynosiła jedynie około 3%. Nie odnotowano również wpływu stosowanych pasz transgenicznych na badane wskaźniki jakościowe oraz skład chemiczny mięsa. We wszystkich grupach doświadczalnych odnotowano zbliżoną wartość pH, barwę, wodochłonność oraz wyniki podstawowej analizy chemicznej mięsa.

W ramach badań wykonanych na tucznikach przeprowadzono także oznaczenie bilansowe. Analiza statystyczna uzyskanych wyników nie wykazała wpływu badanych materiałów paszowych GM na strawność podstawowych składników pokarmowych ($P > 0,05$). W przypadku żywienia świń mieszanką grower średnia dla wszystkich zwierząt wartość współczynnika strawności suchej masy wynosiła 83,6%, białka ogólnego – 80,0%, 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%.

Lochy z prosiętami. Materiał doświadczalny stanowiły 24 lochy mieszańcze (pbz x wbp) pokryte knurem mieszańcowym (duroc x pietrain). Średnia masa ciała loch przy kryciu, tj. przy rozpoczęciu doświadczenia, była we wszystkich grupach zbliżona i wynosiła od 206,5 do 225,5 kg. 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 od 19,1 do 22,3 kg w stosunku do masy ciała na początku doświadczenia. W żadnym okresie badanego cyklu masa ciała loch nie różniła się statystycznie istotnie pomiędzy grupami. We wszystkich grupach lochy były żywione dawkowanymi ilościami paszy i pobrały zbliżoną ilość paszy, która w okresie ciąży wynosiła 242-244 kg/szt., a w okresie laktacji od 155 do 160 kg/szt.

W całym doświadczeniu urodziło się 265 prosiąt o średniej masie ciała 1,46 kg. Średnia liczba prosiąt w miocie wynosiła od 10,8 w grupie 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, przy czym nie stwierdzono istotnych statystycznie różnic między grupami. Masa ciała prosiąt z grup doświadczalnych w dniu odsadzenia (28. dzień) oraz zakończenia doświadczenia (84. dzień) nie różniła się od masy ciała prosiąt z grupy kontrolnej. Nie stwierdzono także różnic w zużyciu paszy przez prosięta. Podsumowując, uzyskane wyniki wskazują na brak wpływu badanych materiałów paszowych GM na wskaźniki reprodukcyjne loch i parametry odchowu prosiąt.

Cielęta. Doświadczenie żywieniowe wykonano na cielętach buhajkach rasy czarno-białej w wieku od 7.-10. do 90. dnia życia. Analiza statystyczna wyników nie wykazała różnic pomiędzy grupą kontrolną a grupami doświadczalnymi, w których stosowano mieszanki paszowe zawierające materiały GM, w pobraniu mieszanki treściwej i suchej masy, końcowej masie ciała, średnich dziennych przyrostach masy ciała cieląt oraz w zużyciu paszy na 1 kg przyrostu ($P>0,05$). Podobnie nie odnotowano różnic między grupami cieląt, analizując dane doświadczalne dotyczące składu chemicznego mięsa (zawartość suchej masy, białka ogólnego, tłuszczu i popiołu) oraz profil kwasów tłuszczowych lipidów mięsa. Podsumowując można stwierdzić, że stosowane materiały paszowe GM nie wpłynęły na wskaźniki wzrostowe cieląt oraz skład chemiczny cielęciny. **Krowy mleczne.** W doświadczeniu ma 40 krowach rasy holsztyńsko-fryzyskiej, obejmującym okres od 3. tygodnia przed wycieieniem do 305. dnia laktacji, nie stwierdzono różnic pomiędzy grupą kontrolną a grupami doświadczalnymi, w których stosowano materiały paszowe GM, w wydajności krów i składzie mleka oraz w poziomie metabolitów (BHBA, FFA, glukoza, insulina i progesteron) w surowicy krwi. Zestawienie uzyskanych danych eksperymentalnych i ich analiza statystyczna wskazują, że średnie pobranie dawki paszowej TMR i składników pokarmowych w poszczególnych grupach w całym okresie doświadczenia było podobne ($P>0,05$). Podsumowując, stosowanie w żywieniu krów mlecznych badanych materiałów paszowych GM, tj. poekstrakcyjnej śrutę sojowej i śrutę z ziarna kukurydzy, nie miało wpływu na wydajność mleczną, jakość mleka oraz poziom wybranych metabolitów w surowicy krwi.

Losy transgenicznego DNA w organizmie

W podjętych badaniach określano również losy transgenicznego DNA w organizmie zwierząt, wykonując jego analizy w poszczególnych odcinkach przewodu pokarmowego oraz w wybranych narządach, tkankach i produktach (krew, wątroba, płuca, śledziona, mięśnie, jaja, mleko). W żadnym przypadku nie stwierdzano obecności w badanych tkankach i narządach wykrywalnych fragmentów DNA transgenicznego, specyficznego dla danej modyfikacji. Analizy dotyczyły fragmentów DNA o długości 172 i 170 par zasad, odpowiednio dla śrutę sojowej HT i kukurydzy Bt. Spośród odcinków przewodu pokarmowego, transgeniczny DNA występował jedynie w treści żołądka (wola, żwacza), a w pojedynczych przypadkach, u niosek i tuczniaków, 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 badanych gatunków zwierząt 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, endogennego DNA roślinnego (gen lektyny soi i inwertazy kukurydzy).

Dla porównania w badaniach Einspaniera i wsp. [10] oraz Aeschbachera i wsp. [1] odnotowano obecność niewielkich fragmentów DNA chloroplastów kukurydzy 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 kukurydzę GM (Bt) cytowani autorzy nie wykryli jednak żadnych fragmentów transgenów w tkankach. Nie odnotowano także obecności transgenicznego DNA ani białka będącego produktem jego ekspresji w mięśniach kurcząt żywionych z udziałem 55-60% kukurydzy MON 810 [15]. Deaville i Maddison [9] wykryli transgeniczny DNA w treści żołądka kurcząt żywionych paszą z udziałem śrutę sojowej zawierającej transgen CP4EPSPS (Roundup Ready), natomiast wykazali jego brak w dalszych odcinkach przewodu pokarmowego oraz we krwi i innych tkankach. Badania, w których wykrywano fragmenty transgenicznego DNA pochodzącego z paszy w tkankach zwierząt są nieliczne i dotyczą wyłącznie obecności krótkich, nieaktywnych biologicznie fragmentów transgenów. Dla przykładu Rehout i wsp. [22, 23] stwierdzili, że istnieje możliwość przechodzenia krótkich odcinków transgenicznego DNA obecnego w śrucie sojowej HT do niektórych tkanek, tj. wątroby i krwi brojlerów. U prosiąt żywionych dietą zawierającą ziarno kukurydzy MON 810, niewielkie odcinki transgenów Bt były odnajdywane we krwi, wątrobie, śledzionie i nerkach, jednak w żadnym przypadku w organizmie zwierząt nie wykryto całego transgenów lub jego aktywnego biologicznie fragmentu [16]. Autorzy powyższych badań wskazali, że uzyskane rezultaty potwierdzają hipotezę, że niewielkie fragmenty DNA pobranego drogą pokarmową mogą przetrwać w warunkach przewodu pokarmowego zwierząt, a następnie zostać wchłonięte do organizmu. Jednak według nich ryzyko transferu do organizmu DNA z roślin transgenicznych nie jest większe niż w przypadku DNA z ich odpowiedników konwencjonalnych.

Status metaboliczny i zdrowotny organizmu

Przyżyciowa, kliniczna ocena zwierząt, 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, odnotowując we wszystkich grupach doświadczalnych podobną zawartość erytrocytów i leukocytów, hematokryt oraz poziom hemoglobiny. U ptaków żywionych mieszanką paszową zawierającą kukurydzę GM, poekstrakcyjną śrutę sojową GM lub oba te komponenty jednocześnie nie obserwowano również żadnych zmian w obrazie białokrwinkowym krwi, tj. procentowym udziale heterofilów, bazofilów, eozynofili, limfocytów i monocytów oraz w stosunku H/L (heterofile/limfocyty) w rozmazie. Podobne rezultaty, polegające na braku wpływu śrutę sojowej HT i kukurydzy Bt na obraz biochemiczny i morfologiczny krwi, w tym obraz białokrwinkowy, otrzymano w przypadku kur nieśnych, świń i bydła.

W badaniach przeprowadzono także ocenę wpływu materiałów transgenicznych na odporność humoralną organizmu, tj. stan od-

powiedzi immunologicznej po szczepieniach profilaktycznych zwierząt. W przypadku kurcząt rzeźnych były to szczepienia przeciw rzekomemu pomorowi drobiu (ND), zakaźnemu 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 pod koniec doświadczenia, w 42. dniu życia. W większości przypadków analiza statystyczna otrzymanych mian przeciwciał nie wykazała różnic pomiędzy grupami doświadczalnymi. Jedynie w przypadku mian po szczepieniu IB kurczęta z grupy II (śruta poekstrakcyjna GM) charakteryzowały się nieco wyższym mianem niż kurczęta z grupy III (ziarno kukurydzy GM) i IV (obie pasze GM). Różnice te trudno jednak tłumaczyć obecnością transgenicznego DNA i białka, gdyż występowały one w dziecie wszystkich wymienionych grup. Także w przypadku kur nieśnych (IB, IBD, ND), świń (choroba Aujeszkiego, PRRS, mykoplazmowe zapalenie płuc) oraz cieląt (BRSV, PI3V, BVDV1) 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 wywołując alergii lub nasilonych procesów zapalnych oraz nie zakłócając 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 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, u ptaków także torba Fabrycjusza) nie wykazały znaczących różnic pomiędzy poszczególnymi grupami doświadczalnymi. Stwierdzane w niektórych przypadkach odstępstwa od prawidłowego obrazu histologicznego (np. przekrwienie mięszu, ogniskowe nacieki komórek limfoidalnych) występowały we wszystkich grupach żywieniowych i nie były one związane ze stosowaniem transgenicznych materiałów paszowych.

Badania mikroflory przewodu pokarmowego dotyczyły przede wszystkim oceny możliwości transferu transgenicznego DNA do wybranych grup mikroorganizmów bytujących w jelitach 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.

Wyniki badań własnych na zwierzętach modelowych

Wyniki wielopokoleniowych (do pokolenia F) badań prowadzonych na szczurach Wistar, w zakresie parametrów wzrostowych (przyrost masy ciała młodych zwierząt) i reprodukcyjnych (skuteczność pokrycia, liczebność miotów i ich masa przy odsadzeniu), statusu metabolicznego i zdrowotnego zwierząt (obraz krwi, względna masa narządów wewnętrznych, mikroskopowa cena histopatologiczna tkanek) oraz losów transgenicznego DNA w przewodzie pokarmowym, nie wskazują na szkodliwy wpływ badanych pasz GM (poekstrakcyjna śruta sojowa z soi HT i ziarno kukurydzy Bt) na organizm.

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 zwierząt gospodarskich:

- 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 materiały paszowe GM są równoważne pokarmowo w żywieniu drobiu, trzody chlewnej i bydła, z odpowiednimi paszami konwencjonalnymi (ziarnem kukurydzy i poekstrakcyjną śrutą sojową);
- brak obecności transgenicznego DNA w dalszych częściach przewodu pokarmowego (począwszy od treści jelit cienkich) świadczy o wysokiej efektywności jego trawienia u badanych grup zwierząt gospodarskich oraz ogranicza możliwość przechodzenia aktywnych fragmentów łańcucha kwasu nukleinowego do organizmu. Nie wykazano obecności transgenicznego DNA w narządach wewnętrznych, krwi, tkance mięśniowej, mleku i jajach, co wskazuje na brak pasażu wykrywalnych fragmentów transgenów z przewodu pokarmowego do organizmu badanych gatunków oraz bezpieczeństwo konsumpcji przez człowieka produktów pochodzenia zwierzęcego;
- wyniki badań wielopokoleniowych na szczurach laboratoryjnych, w zakresie parametrów wzrostowych i reprodukcyjnych oraz statusu metabolicznego i zdrowotnego zwierząt, nie wskazują na szkodliwy wpływ badanych materiałów paszowych GM na organizm;
- 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 uzyskiwane z roślin GM.

Literatura: 1. Aeschbacher K., Messikommer R., Meile L., Wenk C., 2005 – Poultry Science 84, 385-394. 2. Aulrich K., Bohme H., Dae-nicke R., Halle I., T., Flachowsky G., 2001 – Archives of Animal Nutrition 54, 183-195. 3. Brake J., Faust M., Stein J., 2003 – Poultry Science 82, 551-559. 4. Brake J., Vlachos D., 1998 – Poultry Science 77, 648-653. 5. Brzóska F., 2009 – Wiadomości Zootechniczne 1, 3-9. 6. Chainark P., Satoh S., Hino T., Kiron V., Hirono I., Aoki T., 2006 – Fisheries Science 72, 1072-1078. 7. Chowdhury E.H., Kuribara H., Hino A., Sultana P., Mikami O., Shimada N., Guruge K.S., Saito M., Nakajima Y., 2003 – Journal of Animal Science 81, 2546-2551. 8. 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 – Journal of Animal Science 80, 708-715. 9. Deaville E.R., Maddison B.C., 2005 – Journal of Agricultural and Food Chemistry 53, 10268-10275. 10. Einspanier R., Klotz A., Krat J., Aulrich K., Poser R., Schwagele F., Jahreis G., Flachowsky G., 2001 – European Food Research and Technology 212, 129-134. 11. Flachowsky G., Halle I., Aulrich K., 2005 – Archives of Animal Nutrition 59, 449-451. 12. Halle I., Aulrich K., Flachowsky G., 2006 – Proc. of the Society of Nutritional Physiology 15, 114 (abstrakt). 13. 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 – Journal of Nutrition 126, 717-727. 14. James C., 2012 – ISAAA Briefs, Brief 43. 15. 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 – Poultry Science 82, 371-380. 16. Mazza R., Soave M., Morlacchini M., Piva G., Marocco A., 2005 – Transgenic Research 14, 775-784. 17. McCann M.C., Liu K., Trujillo W.A., Dobert C.D., 2005 – Journal of Agricultural and Food Chemistry 53, 5331-5335. 18. 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 – Poultry Science 86, 2569-2581. 19. Munkvold P., Hellmich R.L., Rice L.G., 1999 – Plant Disease 83, 130-138. 20. Padgett S.R., Taylor N.B., Nida D.L., Bailey M.R., MacDonald J., Holden L.R., Fuchs R.L., 1996 – Journal of Nutrition 126, 702-716. 21. Piva G., Morlacchini M., Pietri

A., Rossi F., Grandini A., 2001 – Poultry Science 80 (Supl. 1), 320 (abstrakt). 22. Rehout V., Hanusova L., Citek J., Kadlec J., Hosnedlova B., 2008 – Journal of Agrobiolgy 25, 145-148. 23. Rehout V., Hanusova L., Kadlec J., Citek J., Hosnedlova B., 2008 – Journal of Agrobiolgy 25, 141-144. 24. Reuter T., Aulrich K., Berk K., 2002 – Archives of Animal Nutrition 56, 319-326. 25. Rossi F., Morlacchini M., Fusconi G., Pietri A., Mazza R., Piva G., 2005 – Poultry Science 84, 1022-1030. 26. Sartowska K., Korwin-Kossakowska A., Sender G., Jóźwik A., Prokopiuk M., 2012 – Archiv Fur Geflugelkunde 72, 140-144. 27. Sieradzki Z., Mazur M., Kwiatek K., 2009 – Mat. Konf. XXXVIII Sesji naukowej Komisji Żywnienia Zwierząt KNZ PAN „Pasze zmodyfikowane genetycznie w żywieniu zwierząt”, Balice, 28-29 maja 2009 r., str. 83. 28. Suhar-

man I., Satoh S., Haga Y., Takeuchi T., Endo M., Hirono I., Aoki T., 2009 – Fisheries Science 75, 967-973. 29. Taylor M.L., Hartnell G.F., Lucas D., Davis S., Nemeth M.A., 2007 – Poultry Science 86, 2608-2614. 30. Taylor M.L., Hartnell G.F., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., 2005 – Poultry Science 84, 1893-1899. 31. Taylor M.L., Hartnell G.F., Riordan S.G., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., Astwood J.D., 2003 – Poultry Science 82, 823-830. 32. Taylor M.L., Hartnell G.F., Riordan S.G., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., Astwood J.D., 2003 – Poultry Science 82, 443-453. 33. Taylor M.L., Hyun Y., Hartnell G.F., Riordan S.G., Nemeth M.A., Karunanandaa K., George B., Astwood J.D., 2003 – Poultry Science 82, 1948-1956.

Genetically modified feed materials in animal nutrition – results of Polish studies

Summary

In the article, the results of Polish studies on safety of use of genetically modified (GM) feed materials, employed in animal nutrition, were presented. In the experiments, Roundup Ready (RR) soybean meal, modified for glyphosphate (active ingredient of herbicides) and corn Bt (MON 810), modified for resistance to the European corn borer were examined. The experiments were carried out on broiler chickens, laying hens, fatteners, sows with piglets, cows and young bulls and, in multi-generation study, with rats. The application of GM feed materials had no effect on performance parameters, quality of animal origin products, digestibility of nutrients and metabolic and health status of animals. There was also no negative influence of studied GM soybean meal and corn on metabolic and reproductive indices of rats in six generation study. Transgenic DNA was not detectable in internal organs, blood, muscles, excreta, eggs and milk.

KEY WORDS: genetically modified HT soybean meal, genetically modified maize, poultry, pigs, cattle, rats

Rozstrzygnięcie V edycji Konkursu na najlepszą pracę doktorską z zakresu nauk zootechnicznych

W tym roku w Konkursie uczestniczyło 8 prac doktorskich (warunkiem zgłoszenia pracy jest wyciąg z protokołu z jej obrony wraz z dołączoną Uchwałą Rady Wydziału lub Rady Naukowej Instytutu o jej wyróżnieniu, podjętą na wniosek przynajmniej jednego z recenzentów zawarty w recenzji pracy) z 4 ośrodków naukowych:

– Instytutu Zootechniki PIB w Krakowie: „Wpływ postępowania przedubojowego na wskaźniki stresu oraz jakość mięsa kurcząt rzeźnych” (autor: dr Joanna Doktor, promotor: prof. dr hab. Eugeniusz Herbut); „Charakterystyka genu anhidrazy węglanowej III (CA3) pod kątem hipertrofii mięśniowej u świń” (autor: dr Katarzyna Piórkowska, promotor: prof. dr hab. Marian Różycki); „Analiza genetyczna cech pokrojowych buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej odmiany czarno-białej” (autor: dr Piotr Topolski, promotor: dr hab. Piotr Jagusiak);

– Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie: „Ontogenetyczne i funkcjonalne aspekty absorpcji peptydów u ryb karpio-watych i łososiowatych” (autor: dr Piotr Paweł Grochowski, promotor: prof. dr hab. Teresa Ostaszewska); „Charakterystyka kur Ayam Cemani utrzymywanych w Polsce – pokrój, biologia, wyniki produkcyjne” (autor: dr Monika Łukasiewicz, promotor: prof. dr hab. Jan Niemiec); „Wpływ dodatku oleju rybiego i nasion Inu na zawartość składników frakcji tłuszczowej oraz białkowej mleka krów” (autor: dr Kamila Sylwia Puppel, promotor: dr hab. Teresa Nałęcz-Tarwacka, prof. SGGW);

– Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie: „Wybrane zachowania i mechanizmy obronne rodziny pszczołej i ich uwarunkowanie”

(autor: dr Kornel Kasperek, promotor: prof. dr hab. Jerzy Demetraki-Paleolog);

– Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie: „Efekty stosowania w żywieniu owiec matek drożdży *Saccharomyces cerevisiae* oraz β -1,3/1,6-D-glukanu” (autor: dr Katarzyna Małgorzata Ząbek, promotor: dr hab. Stanisław Milewski, prof. UWM);

Komisja Konkursowa pod przewodnictwem prof. dr hab. Zygmunta Litwińczuka, w składzie: prof. dr hab. Tomasz M. Gruszecki, prof. dr hab. Stanisław Kondracki, dr hab. Henryk Malec, prof. dr hab. Roman Niżnikowski i dr hab. Jolanta Oprządek, na posiedzeniu 30 maja 2012 roku, przyznała, zgodnie z regulaminem, po jednej nagrodzie I, II i III stopnia oraz jedno wyróżnienie. Oceniając prace brano pod uwagę: wartość naukową (poznawczą); wartość aplikacyjną, w tym głównie przydatność dla praktyki zootechnicznej; stosowane metody badawcze; dobór piśmiennictwa i formalną poprawność pracy.

I nagroda – dr Piotr Paweł Grochowski za pracę pt. „Ontogenetyczne i funkcjonalne aspekty absorpcji peptydów u ryb karpio-watych i łososiowatych”. Praca wykonana pod kierunkiem **prof. dr hab. Teresy Ostaszewskiej** w Pracowni Ichtrobiologii i Rybactwa SGGW w Warszawie.

II nagroda – dr Piotr Topolski za pracę pt. „Analiza genetyczna cech pokrojowych buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyskiej odmiany czarno-białej”. Praca wykonana pod kierunkiem **dr. hab. Piotra Jagusiaka** w Instytucie Zootechniki PIB w Krakowie

III nagroda – dr Joanna Doktor za pracę pt. „Wpływ postępowania przedubojowego na wskaźniki stresu oraz jakość mięsa kurcząt rzeźnych”. Praca wykonana pod kierunkiem **prof. dr hab. Eugeniusza Herbuta** w Instytucie Zootechniki PIB w Krakowie.

Wyróżnienie – dr Kornel Kasperek za pracę pt. „Wybrane zachowania i mechanizmy obronne rodziny pszczołej i ich uwarunkowanie”. Praca wykonana pod kierunkiem **prof. dr hab. Jerzego Demetraki-Paleologa** w Katedrze Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie.

Nagrody w konkursie ufundowało Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.