

Zmiany mikroflory jelitowej tuczników pod wpływem wybranych czynników żywieniowych

ANNA REKIEL, JULITTA GAJEWSKA*

Zakład Hodowli Trzody Chlewnej Katedry Szczegółowej Hodowli Zwierząt Wydziału Nauk o Zwierzętach SGGW,
ul. Ciszewskiego 8, 02-786 Warszawa

*Zakład Mikrobiologii Rolniczej Katedry Nauk o Środowisku Glebowym Wydziału Rolnictwa i Biologii SGGW,
ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa

Rekiel A., Gajewska J.

Changes in the intestinal microflora of fatteners as affected by selected nutritional factors

Summary

The effect of selected nutritional factors on intestinal microflora was determined in two experiments with fatteners (experiment I – 18 animals, classified into three groups and experiment II – 14 fatteners, divided into two groups). In experiment I, the addition of a feed antibiotic – flavomycin, probiotic additive, containing bacterial strain *Pediococcus acidilactici* MA18/5M – and a prebiotic additive, containing cellular walls of yeasts *Saccharomyces cerevisiae* strain 1026, were employed. In experiment II, a low or high fiber level in the mixture was the experimental factor.

Based on the performed post-mortem examination of intestinal contents, a favorable influence of *Pediococcus acidilactici* MA18/5M and *Saccharomyces cerevisiae* strain 1026 and of the high fiber level in the mixture on the quantitative and qualitative composition of intestinal microflora of fatteners was determined. The number of acidifying bacteria, including the potentially probiotic bacteria, increased and the number of bacteria from Enterobacteriaceae genus and potential pathogens decreased, which is a favorable phenomenon.

Keywords: fatteners, feed, intestinal microflora

Skład mikroflory jelit jest względnie stały w poszczególnych okresach życia zwierzęcia. Jego modyfikacja i zmiana aktywności może następować pod wpływem przyjmowanego pokarmu, stresu i czynników infekcyjnych. Wskazują na to wyniki badań różnych autorów (8, 21, 28, 29). Ilość i rodzaj mikroorganizmów zależy też od gatunku i rasy (15, 31). Pasza oraz zawarte w niej włókno wpływają na populację bakterii, wytwarzanie krótkołańcuchowych lotnych kwasów tłuszczowych w jelicie ślepy, masę jelit, pH treści (10) oraz przemiany lipidów (18). Oddziałują również na stan oksydacyjny organizmu (25). Można sądzić, że składniki paszy, m.in. dodatki paszowe zawierające antybiotyki paszowe, szczepy bakterii kwasu mlekowego, oligosacharydy, a także poziom i rodzaj włókna mogą wpływać na skład ilościowy i jakościowy mikroflory jelit oraz przebieg trawienia (8, 11, 12, 19, 21, 23).

Celem badań było określenie wpływu wybranych dodatków paszowych oraz poziomu włókna w żywieniu rosnących świń na mikroflorę jelit tuczników.

Materiał i metody

W dwóch eksperymentach produkcyjnych obserwacjami objęto 32 tuczniki. Tucz doświadczalny rozpoczęto przy

masie 25 kg, a zakończono ubojem przy masie 100 kg. W doświadczeniu I badaniami objęto 18 zwierząt podzielonych na trzy grupy, kontrolną (K) i doświadczalne (D1 i D2), a w doświadczeniu II 14 zwierząt podzielonych na grupę kontrolną (K) i doświadczalną (D).

W doświadczeniu I tuczniki żywiono indywidualnie systemem dwufazowym, paszę dawkowano. Użyte mieszanki pełnoporcjowe miały stały skład surowcowy, stosownie do okresu tuczu. Stosunek białka do energii w paszy był zachowany dla grupy K, D1 i D2, ale zróżnicowany w I i II fazie tuczu (tab. 1) (1). Pasza podawana tucznikom zawierała dodatki: grupa K otrzymywała antybiotykowy stymulator wzrostu – flawomycynę, grupa D1 dodatek probiotyczny zawierający szczep bakterii *Pediococcus acidilactici* MA18/5M, grupa D2 dodatek prebiotyczny zawierający ściany komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, szczep 1026 (tab. 1).

W doświadczeniu II w tuczu jednofazowym paszę zadawano indywidualnie systemem *semi ad libitum*. Mieszanki różniły się składem surowcowym, co wynikało z potrzeby zróżnicowania zawartości włókna w paszy. Tuczniki K i D przez cały okres tuczu otrzymywały paszę, w której utrzymano stały stosunek białka do energii (tab. 1). Efekt ten uzyskano poprzez dodatek tłuszczu (grupa K). Tuczniki kontrolne otrzymywały mieszankę o niskiej, a doświadczalne o wysokiej zawartości włókna.

Tab. 1. Układ doświadczeń

Czynnik żywieniowy	Doświadczenie I			Doświadczenie II	
	Kontrolna (K)	Doświadczalna 1 (D1)	Doświadczalna 2 (D2)	Kontrolna (K)	Doświadczalna (D)
Liczba tuczników, szt.	6	6	6	7	7
Dodatek paszowy:					
antybiotyk	+	-	-	+	+
probiotyk	-	+	-	-	-
prebiotyk	-	-	+	-	-
Poziom włókna w mieszance	Niski	Niski	Niski	Niski	Wysoki
Rodzaj tuczu/zawartość włókna, %:					
- tucz dwufazowy:					
I okres tuczu	3,22	3,38	2,86	-	-
II okres tuczu	2,67	2,60	3,32	-	-
- tucz jednofazowy:					
	-	-	-	3,40	12,00
Stosunek białka do energii w tuczcu od 25 do 100 kg, g/1 MJ EM	stały dla grup: K, D1, D2; zmienny dla okresów tuczu: I i II I okres - 13,57 : 1; II okres - 12,70 : 1			stały 13,12 : 1	stały 13,04 : 1

Po zakończeniu obu doświadczeń wszystkie tuczniaki ubito. Do badań mikrobiologicznych *in vitro* pobrano jałowo *post mortem* z poszczególnych odcinków jelita cienkiego, tj. dwunastnicy, czczego i biodrowego oraz jelita grubego po około 1 g materiału. Do badań ilościowych wykonano dziesięciokrotne kolejne rozcieńczenia treści jelita. Wykorzystano je do posiewów płytkowych (metoda płytek lanych i posiewu powierzchniowego). Z mieszaniny wielu kultur drobnoustrojów izolowano kolonie metodą posiewu redukcyjnego. W celu poprawnej interpretacji wyników wykonano oznaczenia zawartości suchej masy treści jelit.

Do badań ilościowych i jakościowych, w tym izolacji czystych kultur i określenia przynależności systematycznej, użyto podłoża mikrobiologiczne dla różnych wskaźników – (doświadczenie I): wg Mueller-Hintona – ogólna liczba bakterii; wg McConkeya – ogólna liczba bakterii (*lac*⁺ i *lac*⁻) z rodziny *Enterobacteriaceae*; podłoże stałe wg Eijkmana – ogólna liczba bakterii kwaszących; wg Rogosa, Mitchell, Wiesmana z dodatkiem 5% soku pomidorowego – ogólna liczba bakterii kwaszących; wg Martina – ogólna liczba drożdży i grzybów strzępkowych; agar odżywczy – ogólna liczba bakterii *Proteus vulgaris*; wg Wilson-Blaira – ogólna liczba bakterii *Clostridium perfringens* redukujących siarczyny oraz identyfikacja bakterii z rodzaju *Pedococcus*. W doświadczeniu II użyto: agaru MPA – izolacja gronkowców i mikrokoków; agaru odżywczego z dodatkiem 10% odwłóknionej krwi baraniej – ogólna liczba drobnoustrojów hemolitycznych i niehemolitycznych; podłoże agarowe wg McConkeya – ogólna liczba bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*; podłoże wg Kinga B – ogólna liczba bakterii z rodzaju *Pseudomonas*; wg Sabourauda – ogólna liczba drożdży i grzybów strzępkowych; wg Eijkmana – ogólna liczba bakterii kwaszących (13); agaru APT – ogólna liczba bakterii z rodzaju *Lactobacillus*. Hodowle beztlenowców względnych prowadzono w warunkach

tlenowych w temp. 28-37°C, odpowiednio przez 24-72 h. Hodowle bakterii beztlenowych (*Clostridium perfringens* i *Pedococcus spp.* przeprowadzono w warunkach beztlenowych przy użyciu anaerostatu BBL w atmosferze H₂ i CO₂, w obecności katalizatora palladowego i błękitu metylenowego jako wskaźnika warunków beztlenowych.

W doświadczeniu II do identyfikacji gatunków bakterii wykorzystano testy biochemiczne firmy bioMerieux: API 50CH do identyfikacji bakterii z rodzaju *Lactobacillus*, API 20A do identyfikacji beztlenowców Gram-dodatnich i Gram-ujemnych, API Staph do identyfikacji gronkowców i mikrokoków. Przygotowanie zawiesin bakteryjnych obejmowało sprawdzenie czystości kultur, określenie ich przynależności gatunkowej (posiew redukcyjny),

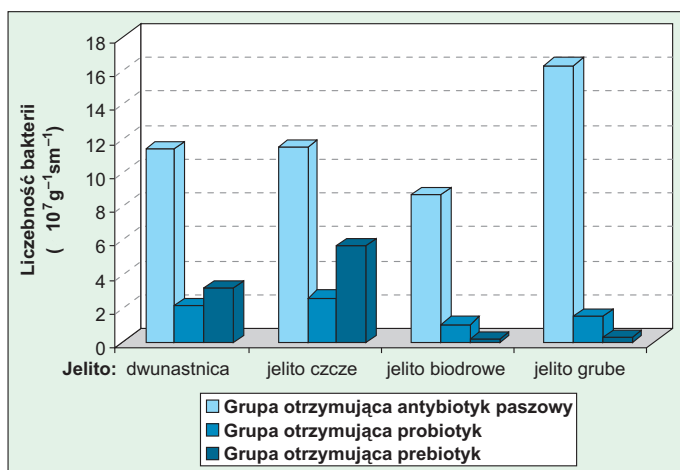
przesianie szczepów na podłoże agarowe, a po 24 godzinach inkubacji w temperaturze 37°C sporządzenie zawiesin. Do podłoży API 20, API Staph, API 50CHL, API 50CHB (w zależności od stosowanego testu) wprowadzono zawiesiny bakterii o zmętnieniu i ilości odpowiadającej zalecanej w teście (wg skali McFarlanda). Następnie wykonano oznaczenia profili biochemicznych, przy zastosowaniu testów API. Wyniki odczytano posługując się wzorcami, a ich interpretacji dokonano przy pomocy programu komputerowego APILAB. Po wprowadzeniu wyników z testów API program przedstawiał gatunek lub listę gatunków łącznie z procentowym prawdopodobieństwem ich identyfikacji. W wynikach wskazano pełen profil biochemiczny danego drobnoustroju.

W oparciu o wyniki badań cech fizjologicznych, biochemicznych oraz morfologicznych (obserwacje makroskopowe wyrosłych kolonii oraz obserwacje mikroskopowe preparatów przyżyciowych i termicznie utrwalanych, barwionych m.in. metodą Grama, komórek izolowanych szczepów), opisano wyizolowane gatunki bakterii posługując się systematyką wg Bergey's Manual of Determinative Bacteriology (3).

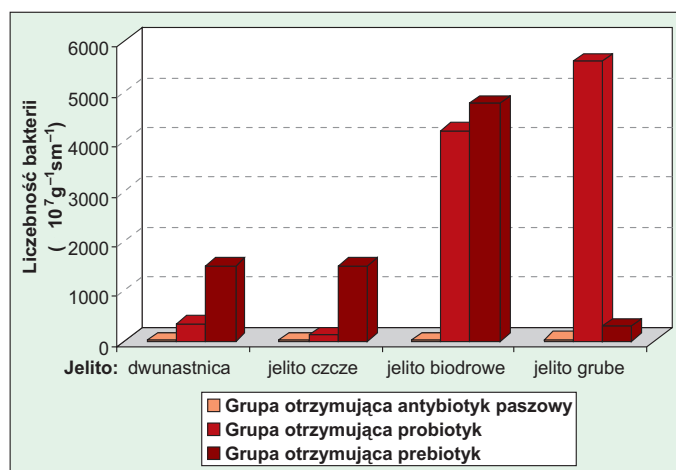
Wyniki i omówienie

Doświadczenie I. Na ryc. 1-4 i w tab. 2 przedstawiono liczebności wybranych grup drobnoustrojów w poszczególnych odcinkach jelit tuczników kontrolnych (K) i doświadczalnych (D1, D2). Izolowano następujące rodzaje bakterii: *Escherichia*, *Pseudomonas*, *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Staphylococcus*, *Proteus*, *Clostridium*, również drożdże i mikroskopowe grzyby strzępkowe. Dodatkowo w grupie D1 izolowano *Bacillus*.

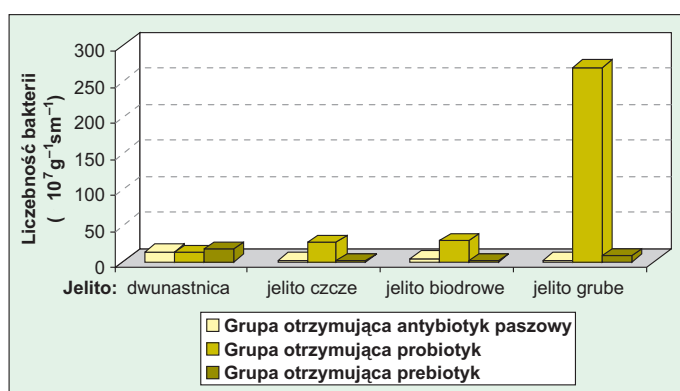
W grupach doświadczalnych w porównaniu z kontrolną liczebność bakterii probiotycznych była około



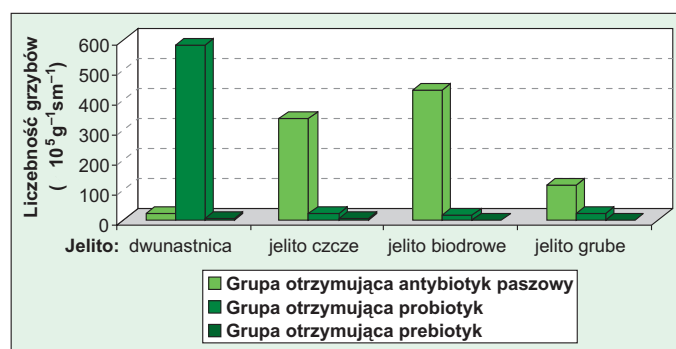
Ryc. 1. Liczebność bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* (podłoże wg McConkeya) w treści jelita świń, doświadczenie I



Ryc. 2. Liczebność bakterii kwaszących (podłoże Eijkmana) w treści jelita świń, doświadczenie I



Ryc. 3. Ogólna liczba bakterii kwaszących (podłoże wg Rogosa, Mitchella, Wiesmana z dodatkiem 5% soku pomidorowego) w treści jelita świń, doświadczenie I



Ryc. 4. Liczebność grzybów strzępkowych (podłoże wg Martina) w treści jelita świń, doświadczenie I

1000 × większa. Wpłynęło to prawdopodobnie na zmniejszenie 10-100 × liczebności bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* w grupie D1 i D2. W grupie K znacznie częściej niż w grupach doświadczalnych stwierdzano obecność szczepu *Clostridium perfringens* redukującego siarczyny. W treści jelit zwierząt z grupy D2 stwierdzono ponadto w porównaniu z grupą K i D1, mniejszą liczebność grzybów strzępkowych i bakterii *Proteus vulgaris*, a wyższą tetrakoków z rodzaju *Pediococcus*. Obserwowane w badaniach własnych korzystne zmiany w mikroflorze jelit tuczników, które w paszy otrzymywały probiotyczny szczep bak-

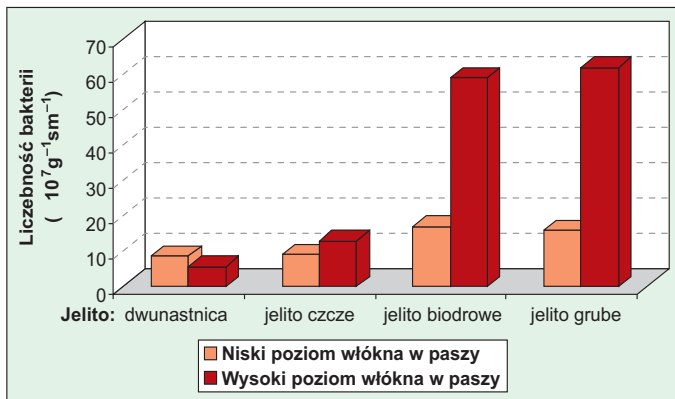
terii *Pediococcus acidilactici* (grupa D1) znajdują potwierdzenie w licznych opracowaniach (14, 16, 22, 24, 26). Pozytywny wpływ na mikroflorę jelitową stwierdzono też po podaniu prebiotyku (grupa D2), co potwierdzają wyniki badań innych autorów (4, 6, 7, 17, 27, 30).

Doświadczenie II. Zestawienie ilościowe mikroorganizmów w 1 g suchej masy treści jelitowej z poszczególnych odcinków przewodu pokarmowego z grupy kontrolnej i doświadczalnej przedstawiono na ryc. 5-9. Bakterie izolowane *post mortem* od zwierząt to: grupa K – *E. coli*, *Pseudomonas* sp., *Sarcina* sp.,

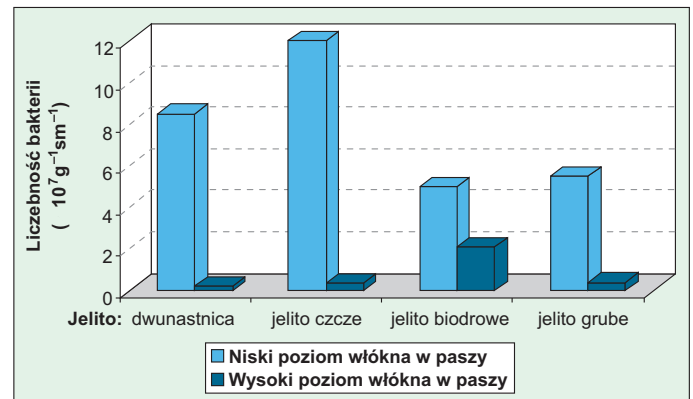
Tab. 2. Liczebność wybranych grup drobnoustrojów wyrosłych na różnych podłożach (doświadczenie I) ($g^{-1}sm^{-1}$)

Liczebność	Kontrolna				Doświadczalna 1				Doświadczalna 2			
	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
A	10^{10}	10^9	10^9	10^8	10^{10}	10^{10}	10^{10}	10^{10}	10^{10}	10^{10}	10^{10}	10^{10}
B	$1,46 \times 10^8$	$1,46 \times 10^8$	$7,10 \times 10^7$	$1,19 \times 10^7$	$2,70 \times 10^8$	$1,29 \times 10^8$	$2,95 \times 10^8$	$2,69 \times 10^9$	< 10	< 10	$8,01 \times 10^2$	< 10
C	10^1	10^2	10^2	10^1	< 10^1	< 10^1	0	< 10^1	10^1	0	0	10^1

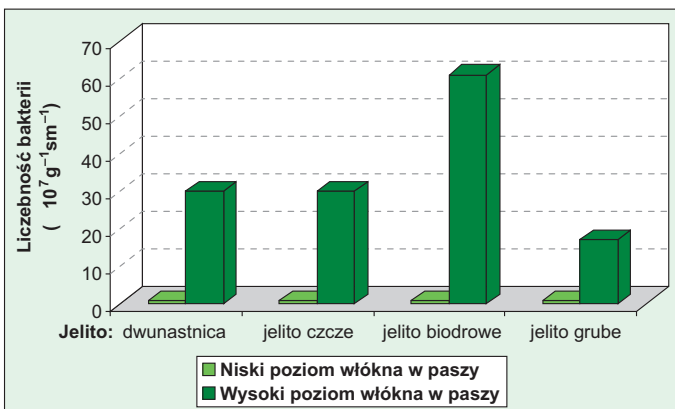
Objaśnienia: Symbol jelita: 1 – dwunastnica, 2 – jelito czcze, 3 – jelito biodrowe, 4 – jelito grube; Liczebność wybranych grup drobnoustrojów: [A] – ogólna liczba bakterii wyrosłych na podłożu wg Mueller-Hintona – rząd wielkości; [B] – liczebność bakterii *Proteus vulgaris* wyrosłych na agarze odżywczym; [C] – liczebność bakterii *Clostridium perfringens* redukujące siarczyny na pożywce wg Wilson-Blaira



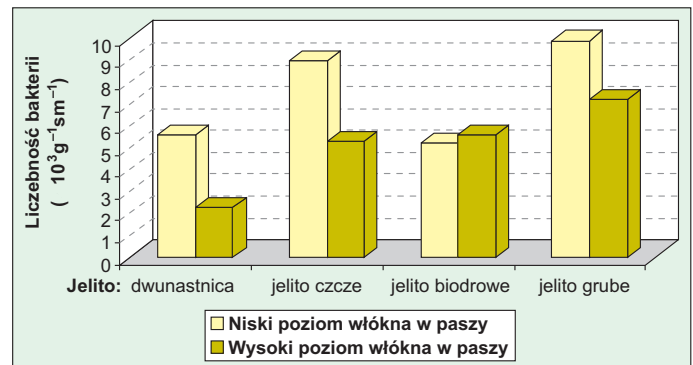
Ryc. 5. Liczebność bakterii z rodziny *Pseudomonas* (podłoże wg Kinga B) w treści jelita świń, doświadczenie II



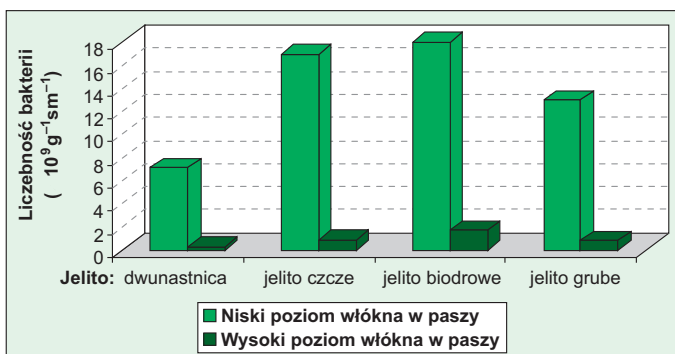
Ryc. 6. Liczebność bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* (podłoże wg McConkeya) w treści jelita świń, doświadczenie II



Ryc. 7. Liczebność bakterii kwaszących (podłoże Eijkmana) w treści jelita świń, doświadczenie II



Ryc. 8. Liczebność grzybów (podłoże wg Sabourauda) w treści jelita świń, doświadczenie II



Ryc. 9. Ogólna liczba drobnoustrojów (podłoże – agar odżywczy z krwią) w treści jelita świń, doświadczenie II

Micrococcus sedentarius (*Kytococcus sedentarius*), *Staphylococcus cohnii* subsp. *cohnii*, *Bacillus subtilis*; grupa D – *Lactobacillus acidophilus*, *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus licheniformis*, *Bacteroides melaninogenicus* subsp. *intermedius* (*Prevotella intermedia*), *E. coli*, *Pseudomonas* sp., *Sarcina* sp.

W grupie D w porównaniu z K obserwowano spadek liczebności bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*, spadek ogólnej liczebności mikroorganizmów w poszczególnych odcinkach przewodu pokarmowego oraz zwiększenie liczby bakterii kwaszących wykazujących właściwości probiotyczne, tj. z rodzaju *Lactobacillus*,

Enterococcus i *Leuconostoc* (2, 26). Wyizolowano bakterie należące do mikroflory auto- i allochtonicznej z rodzaju *Lactobacillus*, *Escherichia*, *Enterococcus*, *Bacteroides*, *Sarcina*, *Pseudomonas*, *Bacillus*. Niektóre z nich występowały w obu grupach, niektóre w grupie kontrolnej lub doświadczalnej.

Wzrost kolonii bakterii z rodzaju *Escherichia* i *Pseudomonas* następował na agarze odżywcym po 18-24 godzinach, wzrost bakterii z rodzaju *Lactobacillus* był o wiele wolniejszy. Wymagały one ponadto do wzrostu podłoża namnażająco-wybiórczych, np. agaru APT.

Śród wyizolowanych bakterii, przy pomocy testów Api i programu komputerowego APILAB oznaczono kilka losowo wybranych szczepów; były to: *Lactobacillus acidophilus*, *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus licheniformis*, *Staphylococcus cohnii* subsp. *cohnii*, *Micrococcus sedentarius* (*Kytococcus sedentarius*), *Bacteroides melaninogenicus* subsp. *intermedius* (*Prevotella intermedia*) (tab. 3-5). Oznaczono również mikroorganizmy: *E. coli*, *Pseudomonas* sp. oraz *Sarcina* sp. Charakterystyka fizjologiczna, morfologiczna i biochemiczna wyizolowanych szczepów (m.in. *Lactobacillus acidophilus*, *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus licheniformis*) wskazuje na ich właściwości probiotyczne. Działają one korzystnie na organizm zwierząt (5, 9, 14, 16, 20, 24).

Tab. 3. Cechy biochemiczne szczepu *Prevotella intermedia* oznaczone przy pomocy testów Api 20A (doświadczenie II)

Cecha	Fermentacja:											Rozkład:									
	Tworzenie indolu	Rozkład mocznika	glukoza	mannitol	laktoza	sacharoza	maltoza	salicyna	ksyloza	arabinoza	żelatyna	eskulina	glicerol	celobioza	mannoza	melezytoza	rafinoza	sorbitol	ramnoza	trehaloza	Wytwarzanie katalazy
Wyniki	+	-	+	-	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	?	-	-	-

Tab. 4. Cechy biochemiczne wybranych szczepów oznaczone przy pomocy testu Api 50CH. 1 – *Lactobacillus acidophilus*, 2 – *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, 3 – *Bacillus subtilis*, 4 – *Bacillus licheniformis* (doświadczenie II)

Cecha	Rozkład:																								
	glicerol	erytrytol	D-arabinoza	L-arabinoza	ryboza	D-ksyloza	L-ksyloza	adonitol	β -metylo-D-ksylizyd	galaktoza	glukoza	fruktoza	mannoza	sorboza	ramnoza	dulcytol	inozytol	mannitol	sorbitol	α -metylo-D-mannozyd	α -metylo-D-glukozyd	N-acetylo-glukozyd	amygdalina	arbutyna	
Szczep	1	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-
	2	-	-	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	-
	3	+	-	-	+	+	+	-	-	-	+	+	+	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+
	4	+	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	+

Cecha	Rozkład:																								
	eskulina	salicyna	celobioza	maltoza	laktoza	melibioza	sacharoza	trehaloza	inulina	melezytoza	D-rafinoza	skrobia	glikogen	ksylitol	gentiobioza	D-turanoza	D-likoza	D-tagatoza	D-fukoza	L-fukoza	D-arabitol	L-arabitol	glukonian	2-keto-glukonian	5-keto-glukonian
Szczep	1	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	?	-	-
	2	+	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	-	-	?	+	-	-	-	-	-	-	?	-	?
	3	+	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	4	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Tab. 5. Cechy biochemiczne wybranych szczepów oznaczonych przy pomocy testu Api STACH. 1 – *Staphylococcus cohnii* subsp. *Cohnii*, 2 – *Micrococcus sedentarius* (*Kytococcus sedentarius*) (doświadczenie II)

Cecha	Wykorzystanie:													Wykorzystanie:					
	D-glukoza	D-fruktoza	D-mannoza	maltoza	laktoza	D-trehaloza	D-mannitol	ksylitol	D-melibioza	Redukcja azotanów	Wytwarzanie fosfatazy zasadowej	Wytwarzanie acetoiny	rafinoza	ksyloza	sacharoza	α -metylo-D-glukozyd	N-acetylo-glukozaamina	Wytwarzanie dehidrolazy arginyiny	Rozkład mocznika
Szczep	1	+	+	+	+	-	+	?	?	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-
	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	?	-	-	-	-

Podsumowanie

Uzyskane wyniki wskazują na korzystny wpływ probiotycznego szczepu *Pediococcus acidilactici* MA 18/5M i prebiotyku zawierającego ściany komórek

drożdży *Saccharomyces cerevisiae* szczep 1026, na ilościowy i jakościowy skład mikroflory jelitowej tuczników. Stwierdzono zwiększenie liczebności bakterii fermentacji mlekowej oraz zmniejszenie liczebności bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*, w tym przy sto-

sowaniu dodatku prebiotycznego, bakterii szczepu *Proteus vulgaris* i grzybów strzępkowych.

Stwierdzono różnice ilościowe i jakościowe w mikroflorze jelitowej między grupami tuczników żywionych mieszanką o niskiej i wysokiej zawartości włókna. Żywienie mieszanką o wysokiej zawartości włókna sprzyjało zmniejszeniu ogólnej liczebności mikroorganizmów oraz liczebności bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae*. Zwiększyła się liczebność bakterii kwaszących, w tym ilość potencjalnie probiotycznych szczepów *Lactobacillus acidophilus* czy *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, a zmniejszyła ilość potencjalnych patogenów – *E. coli*, *Staphylococcus cohnii* subsp. *cohnii*), co należy uznać za zjawisko korzystne.

Brak obecności chorobotwórczych szczepów β -hemolitycznych *Escherichia coli* i *Salmonella* sp. oraz *Shigella* sp. w treści jelit mógł być przyczyną dobrej kondycji zdrowotnej zwierząt w obu doświadczeniach.

Piśmiennictwo

1. Anon.: Normy Żywienia Świń. IFiZZ PAN. Omnitech-Press, Warszawa 1993.
2. Banach W., Bucholtz B., Wójcik B.: Charakterystyka szczepów *Lactobacillus* wchodzących w skład preparatów farmaceutycznych. Med. Dośw. Mikrobiol. 2001, 53, 143-149.
3. Buchanan R. E., Gibbons N. E. (eds.): Bergey's Manual of Determinative Bacteriology. 8th ed., Williams and Wilkins Co., Baltimore 1974.
4. Bunot D., Hirsch S., Pia de la Maza M., Munoz C., Haschke F., Steenhout P., Klassen P., Barrera G., Gattas V., Petermann M.: Effect of prebiotics on the immune response to vaccination in the elderly. J. Parenter. Enteral. Nutr. 2002, 26, 372-376.
5. Casula G., Cutting S. M.: Bacillus Probiotics: Spore Germination in the Gastrointestinal Tract. Appl. Environ. Microbiol. 2002, 68, 2344-2352.
6. Cummings J. H., Macfarlane G. T.: Gastrointestinal effect of prebiotics. Br. J. Nutr. 2002, 87, 145-151.
7. Chow J.: Probiotics and prebiotics: A brief overview. J. Ren. Nutr. 2002, 12, 76-86.
8. Estrada A., Drew M. D., Van Kessel A.: Effect of the dietary supplementation of fructooligosaccharides and Bifidobacterium longum to early-weaned pigs on performance and fecal bacterial populations. Can. J. Anim. Sci. 2001, 81, 141-148.
9. Fernández M. F., Boris S., Barbés C.: Probiotic properties of human lactobacilli strains to be used in the gastrointestinal tract. J. Appl. Microbiol. 2003, 94, 449-455.
10. Furgal-Dierżuk I.: The effect of different dietary fibres on microbial population and short-chain fatty acid concentration in the caecum of pigs. J. Anim. Feed Sci. 2005, 14 (Supl. 1), 345-348.
11. Gajewska J., Fabijańska M., Rekosz-Burlaga H., Siedlecki J., Jankowski W., Górska E.: Charakterystyka tlenowej i beztlenowej mikroflory przewodu pokarmowego prosiąt żywionych mieszankami paszowymi z dodatkiem probiotyków i syntetycznego zeolitu. Ann. Warsaw Agri. Univ. 2001, Spec. Numer, 230-235.
12. Gajewska J., Mierzejewski D.: Probiotyki w żywieniu zwierząt alternatywa dla antybiotyków w zwalczaniu patogenów jelitowych. 36. Sympozjum Mikrobiologiczne „Rola drobnoustrojów w kształtowaniu środowiska”, Olsztyn 2002, 3-6 września, s. 44.
13. Grabińska-Loniewska A.: Ćwiczenia laboratoryjne z mikrobiologii ogólnej. Politechnika Warszawska, Warszawa 1999.
14. Heyman M., Ménard S.: Probiotic microorganisms: how they affect intestinal pathophysiology. Cell. Mol. Life Sci. 2002, 59, 1151-1165.
15. Jensen B. B.: Methanogenesis in monogastric animals. Environ. Monitor. Assess. 1996, 42, 99-112.
16. Kailasapathy K., Chin J.: Survival and therapeutic potential of probiotics organisms with reference to *Lactobacillus acidophilus* and *Bifidobacterium* spp. Immunol. Cell Biol. 2000, 78, 80-88.
17. Kolida S., Tuohy K., Gibson G. R.: Prebiotic effects of inulin and oligofructose. Br. J. Nutr. 2002, 87, 193-197.
18. Kreuzer M., Hanneken H., Wittmann M., Gerdemann M. M., Machmuller A.: Effects of different fibre sources and fat addition on cholesterol and cholesterol-related lipids in blood serum, bile and body tissues of growing pigs. J. Anim. Physiol. Anim. Nutr. (Berl) 2002, 86, 57-73.
19. Leroch R., Fuchs B., Szuba-Trznadel A.: Porównanie budowy przewodów trawiennych świń, dzików oraz świniodzików. Acta Scient. Polon. 2003, 2 (1), 47-54.
20. Lonvaud-Funel A.: Leuconostoc. University Victor Segalen, Academic Press, Bordeaux 1999.
21. Manning T. S., Gibson G. R.: Prebiotics. Best Prac. Res. Clin. Gastro. 2004, 18, 287-298.
22. Marreau P., Boutron-Ruault M. C.: Nutritional advantages of probiotics and prebiotics. Br. J. Nutr. 2002, 87, 153-157.
23. Mikkelsen L. L., Jensen V. B.: Effect of fructo-oligosaccharides and transgalacto-oligosaccharides on microbial populations and microbial activity in the gastrointestinal tract of piglets post-weaning. Anim. Feed Sci. Technol. 2004, 117, 107-119.
24. Reid G.: The Scientific Basis for Probiotics Strains of *Lactobacillus*. Appl. Environ. Microbiol. 1999, 65, 3763-3766.
25. Rezar V., Pajk T., Marinsek L. R., Jese J. V., Salobir K., Oresnik A., Salobir J.: Wheat bran and oat bran effectively reduce oxidative stress induced by high-fat diets in pigs. Ann. Nutr. Metab. 2003, 47, 78-84.
26. Rolfe R. D.: The role of probiotics cultures in the control of gastrointestinal health. J. Nutr. 2000, 130 (2S), 396-402.
27. Schrezenmeir J., de Vrese M.: Probiotics, prebiotics, and synbiotics – approaching a definition. Am. Soc. Clin. Nutr. 2001, 73, 361-364.
28. Stavric S., Kornegay E. T.: Microbial probiotics for pigs and poultry, [w:] Wallace R. J., Chesson A. (red.): Biotechnology in Animal Feeds and Animal Feeding. VCH Verlagsgesellschaft mbH, Weinheim, RFN 1995, s. 206-231.
29. Szynkiewicz Z., Dziąba K., Bielecka (Gajewska) J., Preibish J.: Oznaczanie liczby bakterii w treści jelita świń chorych na spontaniczną kolibakteriozę w postaci enterotoksycznej (choroba obrzękowa) i żołądkowo-jelitowej. Medycyna Wet. 1983, 39, 459-462.
30. Whelan K., Gibson G. R., Judd P. A., Taylor M. A.: The role of probiotics and prebiotics in the management of diarrhoea associated with enteral tube feeding. J. Hum. Nutr. Diet. 2001, 14, 423.
31. Yen J. T., Ravel V. H., Nienaber J. A.: Metabolic and microbial responses in western crossbred and Meishan growing pigs fed a high-fiber diet. J. Anim. Sci. 2004, 82, 1740-1755.

Adres autora: dr hab. Anna Rekiel, prof. nadzw. SGGW, ul. Rtm. Pileckiego 107/107, 02-781 Warszawa; e-mail: rekiel@alpha.sggw.waw.pl