



УДК: 616.345-008.87:575:615.2/3-036

СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЕ ГЕННО-МОДИФИЦИРОВАННОЕ СОИ НА УРОВНЯ ВСТРЕЧАЕМОСТИ ИНДИГЕННУЮ И ФАКУЛЬТАТИВНУЮ ПРЕДСТАВИТЕЛИ НОРМАЛЬНУЮ МИКРОФЛОРУ ТОЛСТОГО КИШЕЧНИКА В ЭКСПЕРИМЕНТЕ

Каримова Максуда Ахмеджонова, Самандарова Барно Султановна,
Уразметова Нодира Шарофатдиновна
Ургенчский филиал Ташкентской медицинской академии, Республика Узбекистан, г. Ургенч

ГЕН МОДИФИКАЦИЯ ЛАНГАН СОЯ ТАЪСИРИДА ТАЖРИБА ХАЙВОНЛАРИ ЙЎҒОН ИЧАК МЕЪЁРИЙ МИКРОФЛОРАСИ ИНДИГЕН ВА ФАКУЛЬТАТИВ ВАКИЛЛАРИНИНГ УЧРАШ ДАРАЖАСИНИ ҚИЁСИЙ ЎРГАНИШ

Каримова Максуда Ахмеджонова, Самандарова Барно Султановна,
Уразметова Нодира Шарофатдиновна
Тошкент тиббиёт академияси Урганч филиали, Ўзбекистон Республикаси, Урганч ш.

STUDY WAS A COMPARATIVE STUDY OF THE EFFECT OF GM SOY ON THE INCIDENCE OF INDIGENOUS AND FACULTATIVE REPRESENTATIVES OF THE NORMAL MICROFLORA OF THE LARGE INTESTINE IN AN EXPERIMENT

Karimova Maksuda Ahmedjonovna, Samandarova Barno Sultanovna, Urazmetova Nodira Sharofatdinovna
Urgench branch of the Tashkent Medical Academy, Republic of Uzbekistan, Urgench

e-mail: ms.karimova86@mail.ru

Резюме. Тадқиқот мақсади ГМ-сояннинг таъсирида тажриба хайвонлари йўғон ичак меъёрий микрофлораси индиген ва факультатив вакилларининг учраш даражасини қиёсий ўрганиши бўлди. Бунинг учун биз йўғон ичак микрофлора вакилларидан 9та микроорганизмни учраш даражасини ўргандик. Олинган натижалардан шуни кўрсатдики, ҳар иккала гуруҳда ушбу микрофлора вакилларининг учраш даражаси бўйича кескин фарқлар аниқланган. Озиқ рационига ГМ-соя қўшилган, асосий гуруҳга мансуб оқ зотсиз каламушлар йўғон ичак микрофлораси индиген (*Bifidobacterium spp*, *Lactobacillus spp*, лактозамусбат *Escherichia coli*) ва факультатив (*Enterobacter spp*, *Proteus spp*, *Staphylococcus spp*, *Streptococcus spp*, *Candida spp*, лактозаманфий *Escherichia coli*) вакиллари орасидаги мувозанат бузилганлиги аниқланди. Индиген микроорганизмлар учраш даражаси пасайиб факультатив микроорганизмлар ошганлиги, лактозаманфий *Escherichia coli* кўп миқдорда унганлиги ва *Candida spp* учраш даражаси кўпайиши асосий гуруҳда дисбиоз ошганлигининг асосий белгиси бўлиб, йўғон ичак дисбиозига олиб келганлиги исботланди. Бунга сабабчи бўлган асосий омил ГМ-соя эканлиги кўрсатиб берилди.

Калим сўзлар: ГМО-соя, оқ зотсиз каламушлар, индиген ва факультатив микрофлора, дисбиоз.

Abstract. The aim of the study was a comparative study of the effect of GM soy on the incidence of indigenous and facultative representatives of the normal microflora of the large intestine in an experiment on laboratory animals. To do this, we studied the degree of occurrence of 9 microorganisms in representatives of the microflora of the colon. The results showed that in both groups there were sharp differences in the degree of occurrence of representatives of this microflora. It was found that in white beardless rats, in whose diet GM soy was added, the microflora of the large intestine is indigenous (*Bifidobacterium spp*, *Lactobacillus spp*, lactosapative *Escherichia coli*) and facultative (*Enterobacter spp*, *Proteus spp*, *Staphylococcus spp*, *Streptococcus spp*, *Candida spp*, lactosanegative *Escherichia coli*) the microflora of the main group is disturbed. It has been proven that a decrease in the level of indigenous microorganisms leads to an increase in the number of facultative microorganisms, the lactosanegative *Escherichia coli* germinates in large quantities, and an increase in the level of *Candida spp* is the main sign of an increase in dysbiosis in the main group, which leads to dysbiosis of the colon. It has been shown that the main factor causing this is GM soybeans.

Key words: GMO soy, white outbred rats, indigenous and facultative microflora, dysbiosis.

Введения: Нарушение нормальной микрофлоры толстой кишки под влиянием различных внешних и внутренних факторов характеризуется нарушением качественного и количественного баланса в ней представителей индигенной и факультативной микрофлоры и называется дисбактериозом кишечника. Многие физические, химические и биологические факторы могут быть примерами факторов, вызывающих дисбактериоз кишечника.

На сегодняшний день было проведено много научных исследований по различным эффек-

там генно-модифицированных (ГМ) продуктов на организм человека, мнения специалистов расходятся в этом отношении, наряду с утверждениями, что эти продукты не оказывают негативного влияния на организм человека [2, 11], есть также работы, в которых доказано их негативное влияние на организм человека [3,8, 10]. К научным работам, подтверждающим дальнейшие утверждения, относится доказанное в эксперименте отрицательное влияние ГМ-продукта на иммунную систему [1], печень и поджелудочную железу [9], тимус и селезенку [12], а также гематологиче-

ские, биохимические изменения, мутагенные и есть также исследования, которые показали негативное влияние на репродуктивную активность [6, 7], а также на клетки костного мозга [13].

В каждом экспериментальном исследовании из-за необходимости установления уровня нормы для этого конкретного исследования. Изучался и анализировался микробиоценоз толстой кишки здоровых белых беспородных крыс, которые содержащихся в стандартном вивариевом рационе не были включены в ГМ-соевый корм и без ГМ.

Учитывая вышесказанное, целью исследования было сравнительное изучение степени встречаемости индигенных и факультативных представителей нормальной микрофлоры толстой кишки лабораторных животных под действием ГМ-сои.

Материалы и методы В эксперименте для исследования были набраны общее 90 белых беспородных крыс мужского пола, они разделены на 3 группы: 1-группа крысы, которые были в стандартном виварии, которые не получавшие с ГМ-ые или без ГМ-ые соей (n=30); 2-группа - беспородные крысы, которые были в стандартном виварии в рационе получавшие без ГМ-сои (n=30); 3-группа - беспородные крысы, которые были в стандартном виварии в рационе получавшие ГМ-соей (n=30);

Эти группы были репрезентативными и отличались друг от друга только одним признаком. Было уделено внимание рандомизации исследований и соблюдению принципов доказательной медицины. В исследовании строго соблюдались этические принципы работы с лабораторными животными и правила биобезопасности [5].

После того как материал из толстой кишки белых крыс была доставлена в бактериологическую лабораторию, в результате бактериологических исследований с помощью соответствующих питательных сред (Блаурокк, СРМ-4 (МРС-4), Эндо, Сабуровских средах, яично-желточный агар и другие) с помощью *Bergey's Manual Systematic Bacteriology (1997)* были идентифицированы и дифференцированы

следующие микроорганизмы: *Bifidobacterium spp*, *Lactobacillus spp*, *Escherichia coli*, *Enterobacter spp*, *Proteus spp*, *Staphylococcus spp*, *Streptococcus spp*, *Candida spp*. Для идентификации поколения и виды микробов было выполнено с использованием питательных сред от фирмы «HiMedia» (Индия).

Результаты и обсуждения. Полученные результаты показали (табл.1), что практически у всех лабораторных животных были выявлены индигенные микроорганизмы нормальной микрофлоры *Bifidobacterium spp* и *Lactobacillus spp*-93,3±4,6% (n=28) и 100,0% (n=30) соответственно.

Примечательным обстоятельством является то, что является значимым для микрофлоры толстой кишки лактозосодержащим веществом, не вызывающим патогенности, что у всех подопытных крыс была обнаружена *Escherichia coli* 100,0 (n=30). Также непатогенный *Streptococcus spp* прорастает у большинства лабораторных животных-90,0±5,5%, n=27. Стоит отметить, что представители факультативной микрофлоры встречаются не у всех животных, сходных по внешнему виду с ними в нормативном состоянии. В качестве примера можно привести представителей семейства *Enterobacteriaceae* *Enterobacter spp* и *Proteus spp*. Признано, что уровень их встречаемости самый низкий среди всех 9 изученных микроорганизмов – 43,3±6,3% (n=13) и 33,3±8,6% (n=10) соответственно.

Аналогичный результат наблюдался у *Candida spp* (66,7±8,6%, n=20). Показатель обнаружения *Staphylococcus spp* оказался аналогичным другим грамположительным коккам (*Streptococcus spp*) (86,7±6,2%, n=26).

Кишечная палочка, которая не может расщеплять лактозу (лактозанегатив), у белых беспородных крыс принадлежащих к этой группе не прорастает (0%). На наш взгляд, не было факторов, негативно влияющих на состав микробиоценоза толстой кишки, в том числе *Escherichia coli*. Благодаря этому кишечная палочка сохранила все свои биологические свойства и не перешла на патогенный вид.

Таблица 1. Уровень встречаемости микрофлора толстой кишки у интактных белых беспородных крыс

Микроорганизмы	В абсолютных цифрах	В относительных (%) числах
<i>Bifidobacterium spp</i>	28	93,3±4,6
<i>Lactobacillus spp</i>	30	100,0
<i>Escherichia coli</i> (лактозапозитив)	30	100,0
<i>Escherichia coli</i> (лактозанегатив)	0	0
<i>Enterobacter spp</i>	13	43,3±6,3
<i>Proteus spp</i>	10	33,3±8,6
<i>Staphylococcus spp</i>	26	86,7±6,2
<i>Streptococcus spp</i>	27	90,0±5,5
<i>Candida spp</i>	20	66,7±8,6

Таблица 2. Сравнительные показатели степени встречаемости представителей нормальной микрофлоры толстой кишки у белой беспородный крыс, употреблявших ГМ-сою

Микроорганизмы	Интактные лабораторные животные		Лабораторные животные употреблявших ГМ-сою	
	абсолютный	(%)	абсолютный	(%)
<i>Bifidobacterium spp</i>	28	93,3±4,6	12	40,0±8,9*↓
<i>Lactobacillus spp</i>	30	100,0	14	46,7±9,1*↓
<i>Escherichia coli</i> (лактозапозитив)	30	100,0	4	13,3±6,2*↓
<i>Escherichia coli</i> (лактозанегатив)	0	0	26	86,7±6,2*↑
<i>Enterobacter spp</i>	13	43,3±6,3	28	93,3±4,6*↑
<i>Proteus spp</i>	10	33,3±8,6	22	73,3±8,1*↑
<i>Staphylococcus spp</i>	26	86,7±6,2	29	96,7±3,3*↔
<i>Streptococcus spp</i>	27	90,0±5,5	29	96,7±3,3*↔
<i>Candida spp</i>	20	66,7±8,6	29	96,7±3,3*↑

Примечание: *- признак убедительной несоответствия относительно к контрольной группе; ↑,↓ - направления изменений; ↔ - несоответствия отсутствуют

Таким образом, уровень встречаемости представителей микрофлоры толстой кишки у белых беспородных крыс, которых употребляющих и неупотребляющих ГМ и без ГМ-соевый корм, остался неизменным и не отличался от данных, представленных во многих литературах [4].

В связи с необходимостью изучения влияния ГМ-сои на нормальную микрофлору толстой кишки эти параметры были приведены в сравнительном анализе с индикаторами интактных лабораторных животных.

Как видно из полученных результатов (табл. 2), в обеих группах выявлены резкие различия в степени встречаемости представителей данной микрофлоры.

Установлено, что уровень встречаемости представителей индигенной микрофлоры в группе, потреблявшей ГМ-сою, был низким – соответственно *Bifidobacterium spp* 40,0±8,9% (n=12) и *Lactobacillus spp* 46,7±9,1% (n=14) - (R0, 001).

Это означает, что показатель в 2,33 и 2,07 раза ниже, чем у животных контрольной (интактной) группы соответственно.

Снижение уровня встречаемости этих микроорганизмов привело к нарушению баланса представителей нормальной микрофлоры толстой кишки по отношению друг к другу, то есть к дисбактериозу.

Было доказано, что убедительное снижение уровня активности этих микроорганизмов (P<0,001) приводит к снижению их количественных параметров.

Примечательно, что это наблюдалось в процентном отношении выходов кишечной палочки. Если в контрольной группе во всех случаях (100,0%, n=30) были выявлены лактозаположительные кишечные палочки, обладающие способностью расщеплять лактозу,

то у лабораторных животных, в рацион которых добавляли ГМ-сою, процент их прорастания резко снижался (13,3±6,2%, n=4), а процент прорастания содержания лактозанегативной *Escherichia coli* был убедительно повышен - 86,7±6,2%, n=26 (P<0,001). Разница между различными штаммами этого микроорганизма, в пользу лактозанегативной микроорганизмов, составила 6,52 раза.

Резкое повышение уровня встречаемости представителей семейства *Enterobacteriaceae* *Enterobacter spp* и *Proteus spp* по сравнению с контрольной группой (93,3±4,6%, n=28 и 73,3±8,1%, n=22 соответственно) является одним из признаков нарушения баланса нормальной микрофлоры и формирования дисбиоза толстой кишки.

Показатели прорастания грамположительных кокков из представителей индигенной микрофлоры - *Staphylococcus spp* и *Streptococcus spp* не убедительно отличались друг от друга в контрольной и основной группах - 96,7±3,3% (n=29) против 86,7±6,2% (n=26) соответственно - P>0,05.

Такая ситуация свидетельствует о низком влиянии ГМ-сои на процент прорастания этих микроорганизмов, а также о незначительной роли этих грамположительных микроорганизмов в формировании дисбиоза толстой кишки.

Тенденция к изменениям по показателям прорастания *Candida spp* оказалась аналогичной по показателям условно-патогенных энтеробактерий и грамположительных кокков, примечательным является тот факт, что в основной группе процент прорастания убедительно увеличился в 1,45 раза по сравнению с контрольной группой (66,7±8,6%, против n=20 96,7±3,3%, n=29, R>0,05).

Тенденция изменения показателей *Candida* spp. прорастания была аналогична таковой для условно-патогенных энтеробактерий и грамотрицательных кокков, с заметным случаем убедительного увеличения процента прорастания в основной группе в 1,45 раза по сравнению с контрольной группой. ($66.7 \pm 8.6\%$, $96.7 \pm 3.3\%$ против $n=20$, $n=29$, $R > 0,05$).

Таким образом, было установлено, что крысы у которых относятся к основной группе добавления рацион ГМ-сои, нарушается баланс между индигенной (*Bifidobacterium* spp, *Lactobacillus* spp, *Lactobacillus Escherichia coli*) и факультативной (*Enterobacter* spp, *Proteus* spp, *Staphylococcus* spp, *Streptococcus* spp, *Candida* spp, *lactozamanfi Escherichia coli*) представителями кишечной микрофлоры. Увеличение факультативных микроорганизмов при снижении частоты встречаемости индигенных микроорганизмов является основным признаком увеличения дисбактериоза в основной группе. В основной группе появление лактозаотрицательной *Escherichia coli* является еще одним основным признаком, указывающим на то, что развился дисбактериоз. Доказано, что снижение индигенной микрофлоры увеличение факультативной микрофлоры, лактозаотрицательной *Escherichia coli* в больших количествах, убедительное повышение уровня встречаемости *Candida* spp приводят к дисбактериозу толстой кишки. Было показано, что основным фактором, вызвавшим это, была ГМ-сои.

Было учтено, что вышеуказанные изменения микробиоценоза толстой кишки лабораторных животных могут быть вызваны продуктом, изготовленным из растения сои, а не ГМ-соевым продуктом.

По этой причине к стандартному виварийному рациону другой группы (группы сравнения) белой беспородной крысы ($n=30$) была добавлена тень, выращенная в нашей стране. Полученные результаты сравнивали с результатами на интактных лабораторных животных, которые считались контрольной группой (табл. 3).

Анализ полученных выше данных показал, что при добавлении ГМ-сои в стандартный рацион вивария изменений в показателе численности представителей индигенной микрофлоры обнаружено не было. По всем 4 изученным параметрам он не отличался убедительно от показателей контрольной группы (интакт).

На следующем этапе нашей научной работы результаты всех трех изученных групп были приведены в сравнительной форме (табл. 4).

Результаты исследования степени встречаемости всех изученных 9 представителей микрофлоры кишечника подробно показаны в этой таблице 4. Были подробно показаны направления межгрупповых изменений, различия в процентных показатели и межпоколенческие характеристики.

Таблица 3. Сравнительные показатели степени встречаемости представителей нормальной микрофлоры толстой кишки у белой беспородной крысы, употреблявших без ГМ-сою

Микроорганизмы	Интактные лабораторные животные		Лабораторные животные которые употреблявших без ГМ-сою	
	абсолютный	(%)	абсолютный	(%)
<i>Bifidobacterium</i> spp	28	$93,3 \pm 4,6$	28	$93,3 \pm 4,6^* \leftrightarrow$
<i>Lactobacillus</i> spp	30	100,0	29	$96,7 \pm 3,3^* \leftrightarrow$
<i>Escherichia coli</i> (лактозапозитив)	30	100,0	29	$96,7 \pm 3,3^* \leftrightarrow$
<i>Escherichia coli</i> (лактозанегатив)	0	0	0	0
<i>Enterobacter</i> spp	13	$43,3 \pm 6,3$	25	$83,3 \pm 6,8^* \uparrow$
<i>Proteus</i> spp	10	$33,3 \pm 8,6$	24	$80,3 \pm 7,3^* \uparrow$
<i>Staphylococcus</i> spp	26	$86,7 \pm 6,2$	28	$93,3 \pm 4,6^* \leftrightarrow$
<i>Streptococcus</i> spp	27	$90,0 \pm 5,5$	29	$96,7 \pm 3,3^* \leftrightarrow$
<i>Candida</i> spp	20	$66,7 \pm 8,6$	27	$90,0 \pm 5,5^* \uparrow$

Примечание: *- признак убедительной несоответствия относительно к контрольной группе; \uparrow, \downarrow - направления изменений; \leftrightarrow - несоответствия отсутствуют

Таблица 4. Сравнительные показатели степени встречаемости представителей нормальной микрофлоры толстой кишки у белой беспородный крыс, употреблявших без ГМ-сою и ГМ-сои

Микроорганизмы	Интактные лабораторные животные	Лабораторные животные которые употреблявших без ГМ-сою	Лабораторные животные которые употреблявших ГМ-сою
Bifidobacterium spp	28/93,3±4,6	28/93,3±4,6*↔	12/40,0±8,9*↓
Lactobacillus spp	30/100,0	29/96,7±3,3*↔	14/46,7±9,1*↓
Escherichia coli (лактозапозитив)	30/100,0	29/96,7±3,3*↔	4/13,3±6,2*↓
Escherichia coli (лактозанегатив)	0/0	0/0	26/86,7±6,2*↑
Enterobacter spp	13/43,3±6,3	25/83,3±6,8*↑	28/93,3±4,6*↑
Proteus spp	10/33,3±8,6	24/83,3±6,8*↑	22/73,3±8,1*↑
Staphylococcus spp	26/86,7±6,2	28/93,3±4,6*↔	29/96,7±3,3*↔
Streptococcus spp	27/90,0±5,5	29/96,7±3,3*↔	29/96,7±3,3*↔
Candida spp	20/66,7±8,6	27/90,0±5,5*↑	29/96,7±3,3*↑

Примечание: делимое абсолютное, делитель относительное (%) показатель; *- признак убедительной несоответствия относительно к контрольной группе; ↑, ↓ - направления изменений; ↔ - несоответствия отсутствуют

Выводы. Во-первых, было признано, что частота встречаемости индигенных микроорганизмов в толстой кишке лабораторных животных, потреблявших сою GM-Ii, снизилась в 2,33-7,52 раза по сравнению с контрольной группой и группой сравнения. Было показано, что этот состояния отрицательно влияние в ГМ-сои на процентное прорастание у этих микроорганизмов;

Во-вторых, в контрольных и сравнительных группах ни в одном случае в биологическом материале не было обнаружено грамотрицательной *Escherichia coli*, а в основной группе в 86,7% случаев было показано, что этот микроорганизм, изменяя свои свойства под воздействием ГМ-сои, приобретал патогенные свойства. Было доказано, что частота встречаемости лактозаположительной *Escherichia coli* убедительно снизилась в результате резкого увеличения процентное прорастание лактозаотрицательной *Escherichia coli*;

В-третьих, было доказано, что грамположительные кокки (*Staphylococcus spp* и *Streptococcus spp*) практически не отличаются друг от друга во всех трех группах, что уровни встречаемости которых изучанные на ГМ и без ГМ сою не оказывает практического влияния. Такое положение объяснялось специфическими биологическими особенностями штаммов этих микроорганизмов, высокой степенью резистентности;

В-четвёртых, представители факультативной микрофлоры убедительно отличались от контрольной группы тем, что уровень встречаемости грамотрицательными энтеробактериями (*Enterobacter spp*, *Proteus spp*) не отличался в основной и сравнительной

группах. Такое положение объяснилась незнакомостью ГМ-сои в организма крыс, низкой резистентностью обоих исследуемых штаммов микроорганизмов к факторам внешней среды;

В-пятых, Тенденция к снижению встречаемости дрожжевых грибов рода *Candida* стала аналогичной факультативным грамотрицательным энтеробактериям. В нем сравнение и контроль убедительно отличались от контрольной группы, в то время как в группах не было обнаружено межгрупповых различий. Но поскольку эта разница была незначительной, считалось, что без-ГМ и ГМ сои практически не влияют на процентное прорастание *Candida spp*.

Литература:

1. Алланазаров А.Х., Нуралиева Х.О. Ген-модификацияланган соянинг лаборатория хайвонлари иммун тизими кўрсаткичларига таъсири киёсий баҳолаш // Общество и инновации. - Ташкент, 2021. - №3. – С.413-422.
2. Алексеева А.Н., Елохин А.П. Влияние генетически модифицированных продуктов на здоровье человека // Евразийский союз учёных. – Москва, 2016. - №5. – С.133-137.
3. Лукашенко Т.М. Изменение веса тела крыс при потреблении сои // Материалы международной конференции «Сигнальные механизмы регуляции висцеральных функций». – Минск, 2007. – С.152.
4. Мухаммедов И.М. Клиник микробиология: шифокор-мутахассисларга лаборатор ташхис // Ўқув кўлланма. – Тошкент, 2016. -632б.
5. Нуралиев Н.А., Бектимиров А.М-Т., Алимова М.Т., Сувонов К.Ж. Правила и методы работы с лабораторными животными при экспериментальных микробиологических и

иммунологических исследованиях // Методическое пособие. - Ташкент, 2016. - 33 с.

6. Собирова Д.Р., Нуралиев Н.А., Гинатуллина Е.Н. Результаты исследования мутагенной активности генно-модифицированного продукта в экспериментах на лабораторных животных // Безопасность здоровья человека. – Ярославль, 2017. - №1. - С.27-31.

7. Собирова Д.Р., Нуралиев Н.А., Носирова А.Р., Гинатуллина Е.Н. Изучение влияния генно-модифицированного продукта на репродукцию млекопитающих в экспериментах на лабораторных животных // Инфекция, иммунитет и фармакология. – Ташкент, 2017. - №2 – С.195-200.

8. Шеина Н.И. Оценка патогенных свойств генно-инженерно-модифицированных микроорганизмов как один из критериев их биобезопасности // Гигиена и санитария. - Москва, 2017. - №96(3). – С.284-286.

9. Avozmetov J.E. Influence of a Genetically Modified Organism on the rat's hepatobiliary system // European journal of Molecular & Clinical Medicine. – 2020. - Volume 7, Issue 8. – P.1235-1237.

10. Angers-Loustau A., Petrillo M., Bonfini L., Gatto F., Sabrina R., Patak A., Kreysa J. JRC GMO-Matrix: a web application to support Genetically Modified Organisms detection strategies // BMC Bioinformatics. – 2014. - Vol. 15, N 1. – P.417.

11. Kosir A. B., Demsar T., Stebih D., Zel J., Milavec M. Digital PCR as an effective tool for GMO quantification in complex matrices // Food Chemistry. - 2019. - Vol. 294. - P.73-78.

12. Khasanova D.A. Effect of a genetically modified product on the morphological parameters of the rat's spleen and thymus // European Journal of Molecular & Clinical Medicine. - Англия, 2020. - Vol. 7. - Issue 1. - P. 3364-3370.

13. Nuraliyev N.A., Allanazarov A.Kh. Estimation and assessment of cytogenetic changes in bone mar-

row cells of laboratory animals received a gene-modified product // Annals of Romanian Society for Cell Biology. - 2021. - Vol. 25, Issue 1. - P.401-411.

СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЕ ГЕННО-МОДИФИЦИРОВАННОЕ СОИ НА УРОВНЯ ВСТРЕЧАЕМОСТИ ИНДИГЕННУЮ И ФАКУЛЬТАТИВНУЮ ПРЕДСТАВИТЕЛИ НОРМАЛЬНУЮ МИКРОФЛОРУ ТОЛСТОГО КИШЕЧНИКА В ЭКСПЕРИМЕНТЕ

Каримова М.А., Самандарова Б.С., Уразметова Н.Ш.

Резюме. Целью исследования было сравнительное изучение влияние ГМ-сои на уровня встречаемости индигенную и факультативную представители нормальную микрофлору толстого кишечника в эксперименте на лабораторных животных. Для этого мы изучили степень встречаемости 9 микроорганизмов у представителей микрофлоры толстой кишки. Полученные результаты показали, в обеих группах были выявлены резкие различия в степени встречаемости представителей данной микрофлоры. Установлено, что у крыс белой беспороды, в рацион которых была добавлена ГМ-соя, микрофлора толстого кишечника индигенной (*Bifidobacterium spp*, *Lactobacillus spp*, лактозапозитив *Escherichia coli*) и факультативной (*Enterobacter spp*, *Proteus spp*, *Staphylococcus spp*, *Streptococcus spp*, *Candida spp*, лактозанегатив *Escherichia coli*) микрофлоры основной группы нарушается. Было доказано, что снижение уровня индигенных микроорганизмов приводит к увеличению количества факультативных микроорганизмов, лактозанегатив *Escherichia coli* прорастает в больших количествах, а повышение уровня *Candida spp* является основным признаком увеличения дисбактериоза в основной группе, что приводит к дисбактериозу толстой кишки. Было показано, что основным фактором, вызывающим это, является ГМ-сои.

Ключевые слова: ГМО-сои, белые беспородные крысы, индигенная и факультативная микрофлора, дисбиоз.