



UDK: 579.61(636.2.034.088)

Bahora TURAeva,
O'zR FA Mikrobiologiya instituti katta ilmiy xodimi
Soxibjon ABDUSAMATOV,
O'zMU, Biologiya va ekologiya fakulteti dotsenti
E-mail: sokhibjon.abdusamatov@gmail.com
Bahora JALOLOVA,
O'zMU, Biologiya va ekologiya fakulteti o'qituvchisi
Qahramon DAVRANOV,
O'zR FA Mikrobiologiya instituti direktori

ChDPU Biologiya kafedrasini mudiri V. Fayziyev taqrizi asosida

TURLI MUHITLARDA YETISHTIRILAYOTGAN YIRIK SHOXLI QORAMOLLAR OVQAT HAZM QILISH TIZIMI MIKROB EKOSISTEMASI

Annotatsiya

Ushbu tadqiqotda mikrobiologik yondashuvdan foydalangan holda ikki xil sharoitda yetishtiriladigan yirik shoxli qoramollarning ovqat hazm qilish tizimi (og'iz bo'shlig'i-so'lagi, katta qorni va qat qorni mikrobiomining farqlanishini o'rganishga qaratilgan. Toza holatda ajratib olingan bakteriyalarning morfologik xususiyatlari tadqiq qilingan. Klassik usullar yordamida va MALDI-TOF MS hamda molekulyar usullar yordamida identifikatsiya qilingan.

Kalit so'zlar: mikrobiom, bakteriya, morfologiya, identifikatsiya, MALDI-TOF MS, molekulyar, ovqat hazm qilish tizimi.

МИКРОБНАЯ ЭКОСИСТЕМА ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОЙ СИСТЕМЫ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА, ВЫРАЩИВАЕМОГО В РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ

Аннотация

В данном исследовании с использованием микробиологического подхода изучены различия микробиома пищеварительной системы (ротовая полость - слюна, рубец и сетка) крупного рогатого скота, выращиваемого в двух различных условиях. Изучены морфологические особенности бактерий, выделенных в чистой культуре. Идентификация проводилась с применением классических методов, а также методом MALDI-TOF MS и молекулярными методами.

Ключевые слова: микробиом, бактерии, морфология, идентификация, MALDI-TOF MS, молекулярный, пищеварительная система.

MICROBIAL ECOSYSTEM OF THE DIGESTIVE SYSTEM OF CATTLE RAISED UNDER DIFFERENT CONDITIONS

Annotation

This study focuses on investigating the differences in the digestive system microbiome (oral cavity—saliva, rumen, and reticulum) of cattle raised under two different conditions using a microbiological approach. The morphological characteristics of bacteria isolated in pure culture were examined. Identification was carried out using classical methods, MALDI-TOF MS, and molecular techniques.

Key words: microbiome, bacteria, morphology, identification, MALDI-TOF MS, molecular, digestive system.

Kirish. Hozirgi zamonaviy tushunchalarga ko'ra turli mikroorganizmlar tomonidan ishlab chiqarilgan selluloza kompleklari malekulyalar tuzilishi va sellulazaga ta'sir ko'rsatish usuli bilan farq qiluvchi fermentlardan tashkil topgan polifermentativ tizimlardir. Dunyoning turli mamlakatlarida mikroorganizmlarning sellulolitik fermentlaridan muhim texnik va xo'jalik maqsadlarida foydalanishga bo'lgan qiziqishning ortib borishi ushbu fermentlarning faol produsentlarini tanlashning qanchalik muhim ekanligini ko'rsatadi. Xususan turli avlod mansub bakteriyalar amilaza, proteaza, sellulaza, glyukoizomeraza i pullulanaza fermentlarini ishlab chiqarish buyicha tijorat manbai xisoblanadi. Biotexnologiyaning eng muhim vazifalaridan biri biosferaning qayta tiklanadigan resurslarini, shu jumladan sellulozani mikrobiologik konvertatsiya qilishdir. Sellulozali xomashyolarni qayta ishlashda iqtisodiy jihatdan eng tejamkor, istiqbolli va ekologik havfsiz usullardan biri bu – mikrobiologik qayta ishlash usulidir. Hayvonlar va o'simliklar sellulozani parchalashga qodir emasligi, ushbu jarayonda mikroorganizmlarning global roli qoida tariqasida belgilanadi. Sellulozani parchalovchi bakteriyalar yirik shoxli va kavsh qaytaruvchi hayvonlarning ovqat hazm qilish tizimidan ajratib olinadi va ularga ozuqa qo'shimchasi sifatida qaytariladi.

Adabiyotlar sharhi. Yirik shoxli qoramollarning ovqat hazm qilish tizimining mikrob ekosistemi uchuvchan yog' kislotalariga, lignotsellulozali ozuqalarning biokonversiyasida juda muhim rol o'ynaydi [1]. Ularga beriladigan ozuqa sifatsiz va ular tarkibida foydali hamda energetik qiymati yuqori bo'lgan moddalar mavjud bo'lmasa mikrob ekosistemasi hayvon organizmi uchun juda muhimdir [2, 3].

Qattiq dag'al ozuqalarni parchalash va yuqori energetik qiymatga ega ozuqa moddalar bilan ta'minlanishi ovqat hazm qilish tizimi mikrob ekosistemasi samaradorligiga bog'liq. Hayvon ovqat hazm qilish tizimi mikrobiomidagi mikroorganizmlarning asosiy guruhlari bakteriyalar va mikromitsetlardir. Ular hayvonlarning qorin bo'shlig'idagi dag'al ozuqalarni hazm qilish uchun javobgardirlar. Ular biokonversiya uchun turli funksiyalarni bajaradilar va hayvonlarning umumiy o'sishini yaxshilaydi [4, 5].

Hayvon ovqat hazm qilish tizimidan ajratib olingan ayrim foydali bakteriyalar ularning ovqat hazm qilishini yaxshilash uchun ozuqa qo'shimchalari sifatida ham tavsiya etiladi. Yirik shoxli qoramol ovqat hazm qilish tizimi mikroblari ular uchun muhim, energiya manbai sifatida o'simlik ozuqalaridan samarali foydalanishga qodir. Ovqat hazm qilish tizimi foydali mikroflorasi qorin bo'shlig'ida turli ta'sirlar ostida yashovchanligini saqlab qoladi. Ularning yashovchanligi hayvon organizmi uchun zararli bo'lgan har qanday ifloslantiruvchi moddalarni yo'qotishga olib keladi [6, 7].

Bundan tashqari, dag'al ozuqalarining hazm bo'lishini yaxshilashi va biokonversiya qilish xususiyati orqali ovqat hazm qilish tizimi foydali mikrobiomi chorvachilik sohasining o'sishini yoki ishlab chiqarishni yaxshilashning ustuvor yo'nalishi hisoblanadi. So'nggi yillarda xo'jayin organizm mikroba ekosistemasini tadqiq qilish, mikroorganizmlarni tahlil qilish va baholash muhim iqtisodiy samaradorlikka olib kelishi mumkin [8]. Hayvonlarning ovqat hazm qilish tizimida aniqlangan foydali mikroorganizm uning o'sishi yoki mahsuldorligini oshirish uchun ozuqa qo'shimchasi sifatida ham tavsiya etilgan [9].

Avstraliya va Hindistonning ba'zi viloyatlarida yirik shoxli qoramollardan ajratib olingan bakteriyalar 3-hydroxy-4(1H)-pyridone (DHP) detoksikatori sifatida aniqlangan. Ichak mikrobiomining xilma-xilligi va tarkibi hayvonlarning sog'lig'i va mahsuldorligiga ta'sir qiluvchi asosiy omillar sifatida keng e'tirof etilgan [10]. Chorvachilikning uzluksiz rivojlanishi bilan yem-xashakni samarasiz konvertatsiya qilish, azotdan foydalanish, mahsulot sifati va metan chiqindilarining ko'payishi kabi masalalarni o'z ichiga olgan turli muammolar paydo bo'ldi. Kavsh qaytaruvchi hayvonlarning o'ziga xos ovqat hazm qilish fiziologiyasi va mikrobiom faoliyatini chuqurroq tadqiq qilish yuqorida aytib o'tilgan muammolarni hal qilish uchun xizmat qilishi mumkin [11, 12]. YSHQ ovqat hazm qilish tizimi murakkab mikroblar jamoasi va son-sanoqsiz mikroblardan tashkil topgan alohida organ sifatida tan olinadi, ular ovqat hazm qilish va metabolizm jarayonlarda hal qiluvchi rol o'ynaydi. Tadqiqotlarda ozuqa samaradorligi, azotdan foydalanish va bir qator metabolizm jarayonlari kavsh qaytaruvchi hayvonlarda mikroorganizmlar ta'sirida amalga oshishi [13] va ularning sog'ligiga katta qorin mikrobiomining ijobiy ta'siri aniqlangan [14].

Mikrobiologiyadagi yutuqlar ushbu sohada tadqiqotlarni, chorvachilikda mikrobiomning tarkibi va funktsionalligini chuqurroq o'rganishga imkon berdi. Kavsh qaytaruvchi hayvonlar o'ziga xos ovqat hazm qilish tizimi va mikrobiom xususiyatlarini namoyon qiladi: kavsh qaytaruvchi hayvonlar ovqat hazm qilish jarayonida fermentasiyaga tayanadi [15]. Kavsh qaytaruvchi hayvonlar ovqat hazm qilish tizimi mikrobiomining yordami bilan qishloq xo'jaligi va oziq-ovqat sanoatining turli qoldiqlaridan oziq-ovqat resurslari sifatida foydalanish imkoniyatiga ega. Yaylovlarda o'tlar bilan oziqlanadigan chorva mollari va ozuqaviy qiymati yuqori bo'lgan yem bilan oziqlanadigan qoramollar ovqat hazm qilish tizimi (og'iz bo'shlig'i, katta qorni, qat qorni mikrobiomini o'rganilgan va taqqoslagan tadqiqotlar kam. Ushbu tadqiqotning maqsadi ikki xil sharoitda yetishtirilayotgan qoramollarning mikrobiomini o'rganish va taqqoslashdan iborat. Har ikkala sharoitda yetishtirilayotgan hayvonlar ovqat hazm qilish tizimi mikrobiomini o'rganish va tarkibini aniqlash ishlab chiqarish samaradorligini optimallashtirish va hayvonlar salomatligini mustahkamlash uchun juda muhimdir.

Tadqiqot metodologiyasi. Qoramollardan namunalar olish va bakteriya shtammlarining sof kulturalarini ajratib olish usullari. Samarqand va Jizzax viloyatlaridagi yoylovlarda o't-hashak bilan oziqlanuvchi va yem bilan oziqlantiriladigan boquvdagi qoramollarning og'iz bo'shlig'idan namunalar olindi. Namunalar laboratoriyada tayyorlangan 0,9 % NaCl eritmasiga va oldindan tayyorlangan suyuq ozuqa muhitiga solindi. Tadqiqotning keyingi bosqichida GP (Hi Media, India) agarli ozuqa muhitiga ekildi. Aerob bakteriyalarning sof kulturalarini ajratib olish usullari. Aerob bakteriyalarning toza izolyatlarini olish bir necha bosqichlarga bo'linadi. Birinchi bosqichda qoramollarning og'iz bo'shlig'idan surtmalar olindi va oldindan tayyorlangan suyuq ozuqa muhitiga solindi. Sof izolyatlar mikrobiologiyada umumiy qabul qilingan mikrobiologik usullar yordamida olindi. Gramm usulida bo'yaldi va mikroskop yordamida tahlil qilindi. Namunalarni agarli ozuqa muhitiga inkubatsiya qilish orqali bakteriyalarning toza izolyatlarini ajratib olish dastlab probirkalardagi steril 0,9% li fiziologik eritmaga solish orqali suspenziya tayyorlanadi. Tayyorlangan suyultirilgan suspenziyadan 0,01 ml olib, Petri idishidagi agarli ozuqa muhiti yuzasiga halqa shaklida quyiladi va shpatel bilan ehtiyotkorona ekiladi. onalik materiali muhitning butun yuzasiga teng ravishda taqsimlanishi kerak. Ekilgandan keyin Petri chashkasi teskari o'girildi, qayd etildi va 37 °C haroratli termostatda 18-24 soat davomida inkubatsiya qilindi.

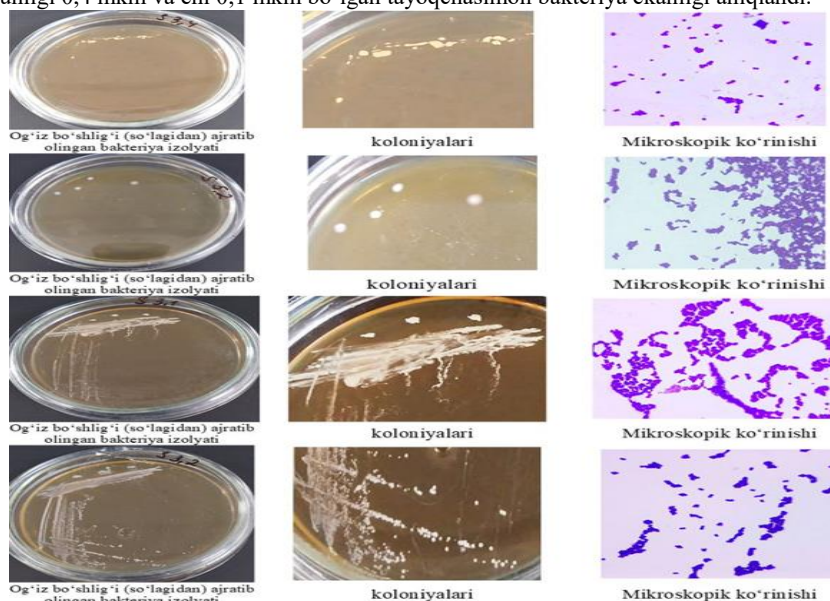
Ikkinchi bosqich: Petri chashkalarida rivojlangan alohida koloniyalar tekshirildi va ularning shakli, hajmi, rangi, zichligi va boshqa xususiyatlari qayd etildi. Hujayralarning morfologik xususiyatlarini aniqlash uchun o'rganilayotgan koloniyaning bir qismidan preparat tayyorlandi. U Gramm usuli asosida bo'yaldi va mikroskop ostida tahlil qilindi. Sof kulturani olish uchun bir yoki bir nechta ajratilgan koloniyalar agarli ozuqa muhitiga bir necha marta qayta ekib qo'yildi.

Uchinchi bosqich: Inkubatsiya qilingan izolyatning o'sish xususiyatlariga e'tibor beriladi. Vizual toza koloniya bir xil o'sish bilan tavsiflanadi. Toza koloniyadan namuna tayyorlanadi va mikroskop (NLCD 307B) yordamida morfologik jihatdan bir hil hujayralar aniqlanadi. Qoramollarning qorin bo'shlig'i va og'iz bo'shlig'idan olingan namunalar 50 ml 0,85% li fiziologik eritma solingan steril kolbalarga olindi va 30 daqiqa davomida tebratgich (FS-70B laboratoriya sheykri)ga qoldirildi. Namunalardan tayyorlangan 10^3 - 10^8 oralig'idagi suspenziya (100 mkl) probirkalarga tayyorlangan ozuqa muhitlariga qo'shildi. Tayyorlangan eritmalar 0,0025% binafsha-qizil indikator bilan tayyorlangan MRS (Hi Media, Indiya) ozuqa muhiti solingan Petri idishlariga ekildi. Inkubatsiya 37 °C haroratli termostatda 48 soat davom etdi. Tadqiqotlar davomida agarli ozuqa muhitida hosil bo'lgan qaymoq rangli bakteriya koloniyalaridan klassik usullar asosida toza holatdagi izolyatlar olindi.

Tadqiqot natijalari va tahlili. Ikki xil sharoit muhitida yetishtirilayotgan yirik shoxli qoramollarning qorin va og'iz bo'shlig'idan bakteriya izolyatlari ajratib olindi. Dastlab Samarqand va Jizzax viloyatlarida yetishtirilayotgan qoramollarning og'iz bo'shlig'idan namunalar olindi. Namunalar laboratoriya sharoitida oldindan tayyorlangan suyuq ozuqa muhitiga va 0,9 % fizik eritmalarga olindi. Ular 2 soatlik interval bilan steril agarli ozuqa muhitida ekildi. Mikrobiomni mikrobiologik tadqiq qilish uchun har bir hududdan 10 bosh qoramolning og'iz bo'shlig'idan (so'lak) namunalar olindi.

Mikroorganizmlarning sof izolyatlarini ajratish uchun mikrobiologiyada umum qabul qilingan klassik usullar qo'llanildi. Tadqiqotlar davomida ajratilgan mikroorganizmlarning morfologik xususiyatlari o'rganildi. Toza holatdagi bakteriya izolyatlari MRS va GPA (go'sht peptonli agar) muhitida (Hi Media, Hindiston) 35-37 °C da inkubatsiya qilindi. 3 kun davomida inkubatsiya tozalangan bakteriya izolyatlarining mikroskopik tuzilishi 400 marta kattalashtirilgan NLCD 307B rusumli yorug'lik mikroskoplari yordamida o'rganildi. Yirik shoxli qoramollarning og'iz bo'shlig'i (so'laki) dan ajratilgan S 3,1x6 bakteriya izolyati morfologik jihatdan kokklarga tegishli xususiyatlar aniqlandi. Kokk gramm-musbat, spora hosil qilmaydigan, harakatsiz bakteriyalar bo'lib, hajmi 0,2-0,4 dan 4,0-4,5 mkm gacha bo'ladi. Bu izolat sharsimon monokok sifatida aniqlandi. S 3,2x3 bakteriya izolyatining morfologik xususiyatlari o'rganilganda kokklarga xos belgilar aniqlandi. Hajmi 0,2-0,4 mkm gacha

bo'lgan sharsimon koklar hosil qildi. S 3,3x6 izolyati morfologik jihatdan tadqiq qilinganda, tayoqcha shaklida, lekin ko'rinishi oval, juda kichik, uzunligi 0,4 mkm va eni 0,1 mkm bo'lgan tayoqchasimon bakteriya ekanligi aniqlandi.



1-rasm yirik shoxli qoramol og'iz bo'shlig'idan ajratib olingan bakteriya izolyatlarining morfologik va mikroskopik ko'rinishi

S 3,5x6 bakteriya izolyati gram-musbat tayoqcha shaklidagi bakteriya sifatida tasniflandi. U rangsiz va silliq ko'rinishdagi eni 0,3 mkm va uzunligi 1,5 dan 2,0 mkm bo'lgan tayoqchalar hosil qildi. Uni aerob yoki fakultativ anaerob deb tasniflash mumkin. Shuningdek S 4,1x5 bakteriya izolyati silliq, qaymoq rangli koloniyalarni hosil qiluvchi juda kichik tayoqchalar (eni 0,2 mkm va uzunligi 0,5 mkm) bo'lgan gram-musbat tayoqcha shaklidagi bakteriya sifatida aniqlandi. S 3,4x4 izolyati morfologik jihatdan 0,2-0,4 dan 4,0-4,3 mkm gacha bo'lgan kokk gram-musbat, spora hosil qilmaydigan, harakatsiz, sharsimon bakteriyalar sifatida tavsiflandi. U sharsimon kokk sifatida aniqlandi. S 7,3x5 kokklarga xos morfologik belgilarni namoyon qildi. S 5,2x4 gram-musbat tayoqcha shaklidagi bakteriya sifatida aniqlandi, rangsiz va tekis ko'rinishdagi, o'lchami juda kichik, eni 0,25 mkm va uzunligi 0,3 dan 0,5 mkm gacha bo'lgan tayoqchasimon bakteriya ekanligi belgilandi. (1-rasm).

1-jadval

MALDI-TOF MS yordamida ikki xil muhit sharoitida yetishtirilayotgan va turlicha oziqlantirilayotgan qoramollarning ovqat hazm qilish tizimidan bakteriya izolatlarini identifikatsiya qilish

Yem bilan oziqlangan yirik shoxli qoramollardan ajratib olingan izolyatlar		Yaylovlarda yetishtirilayotgan o't-hashak bilan oziqlangan YShQ ajratib olingan izolyatlar
MALDI-TOF MS usuli yordamida bakteriya izolatlarining identifikatsiyasi		MALDI-TOF MS usuli yordamida bakteriya izolatlarining identifikatsiyasi
1	S 3,1x6- <i>Weissella confusa</i>	1,4x5- <i>Bacillus pumilus</i>
2	S 3,3x6- <i>Weissella confusa</i>	1,1 x 3 <i>Bacillus cereus</i>
3	S 7,3x5- <i>Weissella confusa</i>	8x2 <i>Escherichia coli</i>
4	S 4,1x5- <i>Weissella confusa</i>	1x3 <i>Bacillus vallismortis</i>
5	S 3,4x4- <i>Weissella confusa</i>	11x5 <i>Lysinibacillus boronitolerans</i>
6	S 3,2x3- <i>Weissella confusa</i>	11x2 <i>Escherichia coli</i>
7	S 3,4x4- <i>Weissella confusa</i>	14x2 <i>Escherichia coli</i>
8	S 3,5x6- <i>Bacillus subtilis</i>	4x2 <i>Escherichia coli</i>

Shuningdek tadqiqotlarimizning keyingi bosqichida ikki xil sharoitda yetishtirilayotgan yirik shoxli qoramol ovqat hazm qilish sistemasidan ajratib olingan mikroorganizmlar Matritsa yordamida lazer desorbsiyasi/ionizatsiyasi, MALDI - tahlil qilinayotgan moddani o'z ichiga olgan matritsaga lazer nurlanish impulsining ta'siridan kelib chiqadigan "yumshoq" ionlanishning desorbsion usuli asosida ham identifikatsiya qilindi (1-jadval). Ikki xil muhitda yetishtiriladigan qoramollar ovqat hazm qilish tizimi mikrobiomi tadqiq qilinganda o't-hashak bilan oziqlanadigan yaylov sharoitida yetishtirilayotgan qoramollarda asosan shartli patogen (*Escherichia coli*, *Bacillus pumilus*) bakteriya shtammlari aniqlandi. Yuqori ozuqaviy birlikka ega bo'lgan yem bilan oziqlanuvchi hayvonlar ovqat hazm qilish sistemasidan probiotik xususiyatga ega *Weissella confusa* bakteriya shtammi dominant tur sifatida aniqlandi. Tadqiqotlarimiz davomida yuqori aniqlikga erishish uchun keyingi tadqiqotlarimizda molekulyar genetik usullaridan foydalanish maqsad qilindi.

Xulosa va takliflar. O't-hashak va yem bilan oziqlantiriladigan yirik shoxli qoramollarning ovqat hazm qilish tizimi mikrobiomini tadqiq qilish borasida olib borilgan tadqiqotlar asosida yirik shoxli qoramollarni yetishtirishda ozuqaning sifatiga bog'liq holda mikrobiom farqlanishi aniqlandi. Shuningdek olingan natijalar veterinariya va chorvachilik yo'nalishlarida ekologik havfsiz, samaradorligi yuqori bo'lgan yangi turdagi mahalliy mahsulotlarni yaratishga xizmat qilishi mumkin.

ADABIYOTLAR

- Wang W., Dong Y., Guo W. Zhang, X., Degen, A.A., Bi S., Ding, L., Chen X., Long R. Linkages between Rumen Microbiome, Host, and Environment in Yaks, and Their Implications for Understanding Animal Production and Management // *Front. Microbiol.*-2024. -№15, 1301258.
- Guo C.Y., Ji S.K., Yan H., Wang Y.J. Liu J.J., Cao Z.J., Yang H.J., Zhang W.J., Li S.L. Dynamic Change of the Gastrointestinal Bacterial Ecology in Cows from Birth to Adulthood // *Microbiology.* -2020. -№9. 1119.

3. Ars'had M. A., Hassan F., Rehman M.S., Huws S.A., Cheng Y., Din A.U. Gut Microbiome Colonization and Development in Neonatal Ruminants: Strategies, Prospects, and Opportunities // *Anim. Nutr.* -2021. -№7. -P.883–895.
4. Wegener Parfrey, L.; Walters, W.A.; Knight, R. Microbial Eukaryotes in the Human Microbiome: Ecology, Evolution, and Future Directions. *Front. Microbiol.* 2011, 2.
5. Mao S., Zhang M., Liu J., Zhu W. Characterising the Bacterial Microbiota across the Gastrointestinal Tracts of Dairy Cattle: Members'hip and Potential Function. *Sci. Rep.* 2015. -№5. -P.16116.
6. Wang, J., Fan H., Han Y., Zhao J., Zhou Z. Characterization of the Microbial Communities along the Gastrointestinal Tract of Sheep by 454 Pyrosequencing Analysis. *Asian-Australas J. Anim. Sci.* -2017. -№30. -P.100–110.
7. Yeisler M.C., Lee M. R. F., Tarlton J.F., Martin G.B., Beddington J., Dungait J. A. J. Greathead H., Liu J., Mathew S., Miller H. et al. Agriculture: Steps to Sustainable Livestock // *Nature*. -2014. -№507. -P.32–34.
8. Nkrumah J.D., Okine E.K., Mathison G.W., Schmid K., Li C., Basarab J.A., Price M.A., Wang Z., Moore S.S. Relationships of Feedlot Feed Efficiency, Performance, and Feeding Behavior with Metabolic Rate, Methane Production, and Energy Partitioning in Beef Cattle // *J. Anim. Sci.* -2006. -№84. -P.145–153.
9. Kumar S., Dagar S.S., Puniya A.K., Upadhyay R.C. Changes in Methane Emission, Rumen Fermentation in Response to Diet and Microbial Interactions // *Res. Vet. Sci.* -2013. -P. 263–268.
10. Curtis H., Blaser M.J., Dirk G., Kota K.C., Rob K., Liu B., Wang L., Sahar A., White J.R., Badger J.H. Structure Function and Diversity of the Healthy Human Microbiome. *Nature*. -2012. -№ 486. -p. 207–214.
11. Yelolimy A., Alharthi A., Zeineldin M., Parys C., Loo J.J. Residual Feed Intake Divergence during the Prewaning Period Is Associated with Unique Hindgut Microbiome and Metabolome Profiles in Neonatal Holstein Heifer Calves. *J. Anim. Sci. Biotechnol.* -2020. -p.11-13.
12. Diaz, J., Reese A.T. Possibilities and Limits for Using the Gut Microbiome to Improve Captive Animal Health. *Anim. Microbiome*. -2021. -№3. 89
13. Liu, M.; Zhang, J.; Zhou, Y.; Xiong, S.; Zhou, M.; Wu, L.; Liu, Q.; Chen, Z.; Jiang, H.; Yang, J.; et al. Gut Microbiota Affects the Estrus Return of Sows by Regulating the Metabolism of Sex Steroid Hormones. *J. Anim. Sci. Biotechnol.* - 2023, 14, 155.
14. Xu, H.; Lu, Y.; Li, D.; Yan, C.; Jiang, Y.; Hu, Z.; Zhang, Z.; Du, R.; Zhao, X.; Zhang, Y.; et al. Probiotic Mediated Intestinal Microbiota and Improved Performance, Egg Quality and Ovarian Immune Function of Laying Hens at Different Laying Stage. *Front. Microbiol.* -2023,14, 1041072.
15. B.I.Turayeva, G.J.Kutlieva, X.F.Kamolova. O'zbekiston sharoitida selyulolitik faollikka ega bakteriyalarni aniqlash va *bacillus* turiga mansub bakteriyalarning tsellyuloza faolligini aniqlash // «Yosh olimlar axborotnomasi» ilmi jurnali, № 4 (4) 2023. 62-69 b.