

Česká zemědělská univerzita v Praze

Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Katedra mikrobiologie, výživy a dietetiky



**Fakulta agrobiologie,
potravinových a přírodních zdrojů**

Mikrobiota tlustého střeva koní

Bakalářská práce

Autor práce: Veronika Stejskalová

Obor studia: Zoorehabilitace a asistenční aktivity se zvířaty

Vedoucí práce: Ing. Mariana Vadroňová

Konzultant: Ing. Denisa Tichá

© 2023 ČZU v Praze

Čestné prohlášení

Prohlašuji, že svou bakalářskou práci "Mikrobiota tlustého střeva koní" jsem vypracovala samostatně pod vedením vedoucího bakalářské práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce. Jako autorka uvedené bakalářské práce dále prohlašuji, že jsem v souvislosti s jejím vytvořením neporušila autorská práva třetích osob.

V Praze dne 11. 4. 2023

Poděkování

Rád(a) bych touto cestou poděkovala své vedoucí, Ing. Marianě Vadroňové, za odborné vedení, pomoc a trpělivost při zpracování této bakalářské práce. Za cenné rady také děkuji Ing. Denise Tiché. Důležité poděkování patří i mé rodině, partnerovi a mým přátelům za podporu a motivaci při studiu. V neposlední řadě bych ráda poděkovala svému zesnulému čtyřnohému příteli, který mě inspiroval ke studiu tohoto oboru.

Mikrobiota tlustého střeva koní

Souhrn

Trávicí soustava koní je specifická svou anatomíí i fyziologií – fermentace polysacharidů probíhá v tlustém střevě, kde je tedy potřebná zdravá prospěšná mikrobiota. Mikrobiota tlustého střeva hraje zásadní roli v životě koní a ovlivňuje jeho zdraví a životní pohodu. Složení zdravé mikrobiální populace u koní se mezi některými oddíly koňského gastrointestinálního traktu značně liší, zejména na nižších taxonomických úrovních. Podstatné je zastoupení dostatečného množství celulolytických, fibrolytických a amylolytických bakterií, které produkují těkavé mastné kyseliny a anaerobních hub, které rozkládají vlákninu. Pro optimální fermentaci potravy v tlustém střevě je potřebná vyvážená mikrobiální populace. Problematické je například vychýlení ve smyslu vyššího množství amylolytických bakterií a bakterií produkujících kyselinu mléčnou, kdy dochází k překyselení střeva a ke kolikám.

Složení a vlastnosti mikrobioty tlustého střeva lze pozitivně i negativně ovlivnit mnoha způsoby. Hlavním faktorem je krmná dávka, konkrétně nadužívání škrobu v krmných dávkách koní a jeho významný negativní vliv na diverzitu mikrobiálních populací. Pro zlepšení funkce a složení mikrobioty je možné využívat krmné doplňkové látky, například probiotika, která byt mají u mnoha chovatelů lehce kontroverzní charakter, mohou podpořit zdraví a trávení a mohou pomoci předcházet zdraví ohrožujícím dietetickým problémům. Mikrobiota tlustého střeva koní může být významně ovlivněna léčivými, jež negativně působí na mikrobiální diverzitu a tím mohou umožnit proliferaci patogenních bakterií způsobujících dysbiózu.

V současnosti mezi nejvýznamnější faktory ovlivňující mikrobiotu tlustého střeva patří management chovu, který často zasahuje do přirozeného chování a změny jsou pozorovatelné i na úrovni mikroorganismů v tlustém střevě. Struktura mikrobioty tlustého střeva má následně vliv i na chování samotného koně, které může být negativně ovlivněno při jeho využívání, ať se jedná o jezdectví nebo například výkon hiporehabilitace.

Zkoumáním mikrobioty tlustého střeva je možné lépe porozumět potřebám koní a tím dbát na welfare chovu, který je klíčový pro zdravá a spokojená zvířata.

Klíčová slova: kůň, mikrobiota, tlusté střevo, kolika, změny chování u koní

Equine hindgut microbiota

Summary

The digestive system of horses is specific in its anatomy and physiology – the fermentation of polysaccharides takes place in the hindgut, where a health-promoting microbiota is therefore needed. The hindgut microbiota plays a vital role in the life of horses and affects their health and well-being. The composition of the healthy microbial population in horses varies considerably among some compartments of the equine gastrointestinal tract, particularly at lower taxonomic levels. The presence of a sufficient amount of cellulolytic, fibrolytic, and amylolytic bacteria that produce volatile fatty acids and anaerobic fungi that break down fiber is essential. A balanced microbial population is needed for optimal food fermentation in the hindgut. For example, a deviation in the sense of a higher amount of amylolytic bacteria and bacteria producing lactic acid is problematic as it causes the over-acidification of the gut and colic.

The composition and attributes of the hindgut microbiota can be positively or negatively influenced in many ways. The main factor is the ration, specifically the overuse of starch in horse rations and its significant negative effect on the diversity of microbial populations. To improve the function and composition of the microbiota, it is possible to use feed additives such as probiotics, which, although slightly controversial to many breeders, can promote health and digestion and can help prevent health-threatening dietary problems. The equine hindgut microbiota can be significantly affected by drugs that have a negative effect on microbial diversity and thus can allow the proliferation of pathogenic bacteria causing dysbiosis.

Currently, husbandry management is among the most important factors affecting the hindgut microbiota, which often interferes with natural behavior, and changes are also observable at the level of microorganisms in the hindgut. The structure of the hindgut microbiota subsequently also affects the behavior of the horse itself, which can be negatively affected during its use, whether it is horse riding or, for example, the performance of equine-assisted activities and therapies.

By researching the hindgut microbiota, it's possible to better understand the needs of horses and thus pay attention to the welfare of breeding which is key to healthy and happy animals.

Keywords: horse, microbiota, hindgut, colic, behavioral changes in horses

Obsah

1 Úvod.....	9
2 Cíl práce.....	10
3 Literární rešerše.....	11
3.1 Specifika trávení a trávící soustavy koní.....	11
3.1.1 Specifika žaludku.....	11
3.1.2 Specifika tenkého střeva.....	12
3.1.3 Specifika tlustého a slepého střeva.....	13
3.2 Mikrobiota tlustého střeva.....	13
3.2.1 Základní pojmy.....	14
3.2.2 Složení mikrobioty tlustého střeva koní.....	14
3.2.2.1 Bakterie.....	14
3.2.2.2 Bakteriofágy.....	16
3.2.2.3 Houby.....	16
3.2.2.4 Prvoci.....	17
3.2.2.5 Archea.....	17
3.3 Faktory ovlivňující složení mikrobioty.....	17
3.3.1 Výživa.....	17
3.3.1.1 Proces trávení.....	17
3.3.1.2 Změna krmné dávky.....	18
3.3.1.3 Druh a forma zpracování koncentrovaného krmiva.....	19
3.3.1.4 Frekvence krmení.....	20
3.3.1.5 Krmné doplňkové látky.....	21
3.3.1.6 Dietetické problémy související s narušením mikrobioty.....	24
3.3.2 Léčiva.....	26
3.3.2.1 Antimikrobiální terapie.....	26
3.3.2.2 Nesteroidní protizánětlivé léky.....	26
3.3.2.3 Anthelmintika.....	27
3.3.3 Variabilita mezi jedinci.....	27
3.3.4 Antropogenní vlivy.....	28
3.3.4.1 Domestikace.....	28
3.3.4.2 Výcvik.....	29
3.3.4.3 Obezita a metabolický syndrom.....	30
3.3.4.4 Sociální interakce.....	31

3.3.4.5	Odstav.....	31
3.3.4.6	Přeprava.....	32
3.3.4.7	Prostředí.....	32
3.4	Využití metod hodnocení mikrobioty pro účely zoorehabilitace	33
3.4.1	Zoorehabilitace	33
3.4.2	Souvislost mikrobioty a reaktivity koní.....	34
4	Závěr	36
5	Literatura.....	37

1 Úvod

Tlusté střevo je nedílnou součástí trávicího systému koní, kde probíhá fermentace vlákniny a nestrávených živin z tenkého střeva. Kůň má ve svém gastrointestinálním traktu bohatou a komplexní mikrobiální populaci, která hraje ústřední roli při trávení živin, udržování zdraví a dobrých životních podmínek zvířat. Velkou část energie z krmné dávky koně získávají díky mikrobiálnímu trávení potravy.

U koní existuje silný vztah mezi složením enterální mikrobioty a její funkcí. Složení střevní mikrobioty se mezi některými oddíly koňského gastrointestinálního traktu značně liší, zejména na nižších taxonomických úrovních, ale mezi sousedními oddíly jsou menší variace.

Mikrobiální rovnováhu ovlivňují různé faktory, jejichž působení může vést jak ke zdravému a prospívajícímu jedinci, tak k poruchám zažívání, k onemocněním gastrointestinálního traktu (např. koliky, kolitidy a laminitidy) i smrti jedince. Mezi hlavní faktory patří výživa, složení krmné dávky a s tím související krmné doplňkové látky, léčiva a jejich použití v nemoci i během prevence a antropogenní vlivy. Jedním z primárních faktorů, které ovlivňují mikrobiotu tlustého střeva, je management chovu. Zejména sem spadá výcvik, ale i třeba stále častější obezita a s ní související metabolický syndrom, sociální interakce, prostředí, ve kterém kůň žije, umělý odstav a přeprava koní. Úkolem člověka je dbát na welfare v chovu koní a vytvořit pro koně dobré životní podmínky. Stanovení mikrobiálního složení střeva zdravého koně je tedy velmi důležité pro měření dopadu těchto metabolických poruch a jejich následné léčení. Gastrointestinální onemocnění je zároveň hlavní příčinou morbidit a úmrtnosti koní. Kromě toho má mikrobiota vliv i na chování koní a jejich reaktivitu, což je podstatné například u jezdeckví či výkonu práce při hiporehabilitaci.

2 Cíl práce

Cílem práce je shrnutí aktuálních poznatků o mikrobiotě tlustého střeva koní a o faktorech, které ovlivňují její složení.

3 Literární rešerše

3.1 Specifika trávení a trávící soustavy koní

Funkce a procesy celého gastrointestinálního traktu koně mají významný vliv na mikrobiotu tlustého střeva a na trávení živin v tenkém střevě. Tlusté a slepé střevo koně jsou svojí funkcí velmi podstatné části gastrointestinálního traktu. Jejich funkci ovlivňuje spousta faktorů, mj. i trávení v žaludku a tenkém střevě.

3.1.1 Specifika žaludku

Žaludek koně tvoří pouze 8 % až 10 % gastrointestinálního traktu o objemu 7,5 až 15 l, v závislosti na typu krmiva a má omezenou kapacitu pro jeho zadržování. Ve srovnání s jinými býložravými druhy své velikosti, jako je např. skot, je žaludek koně výrazně menší. Aby koně tato skutečnost neomezovala, tráví kůň přijímáním potravy velkou část dne a jeho tlusté střevo má obdobnou fermentační funkci jako bachor skotu (Al Jassim, Andrews 2009).

Žaludek se dělí na dvě části, horní polovina žaludku se skládá z dlaždicových epitelálních buněk, které postrádají slizniční vrstvu. Naopak spodní část žaludku je žláznatá a skládá se ze sekreční tkáně, která produkuje kyselinu a hlen, jenž pomáhá chránit tuto oblast (Al Jassim, Andrews 2009; Rabuffo et al. 2009). Produkce kyseliny je kontinuální, a k její sekreci dochází i bez přítomnosti krmiva v žaludku (Bell et al. 2007; Merritt et al. 2003). Jícnová část je vystlána vrstevnatým dlaždicovým epitelem, který je souvislý s výstelkou jícnu. Je neglandulární, a proto neprodukuje žádné sekrety. Tato část představuje přibližně jednu třetinu žaludku (Al Jassim, Andrews 2009). Mírně kyselé podmínky v neglandulární oblasti žaludku umožňují fermentaci, která vede k produkci kyseliny mléčné, jejíž koncentrace se může po krmení zvýšit (Al Jassim, Andrews 2009; Jullian, Grimm 2016). Fermentace může ustát v kyselejší pylorické části žaludku, ale bakterie produkující kyselinu mléčnou zůstávají životaschopné (Al Jassim, Andrews 2009).

Žaludek koně je uzpůsoben k tomu, aby přijímal stravu skládající se převážně z hlavních strukturálních polysacharidů rostlin včetně celulózy, hemicelulózy a pektinu. Takto složená krmná dávka zajistí, že žaludek koní je vždy naplněn a její kontinuální příjem a zpracovávání v dutině ústní vyvolává produkci slin, které chrání neglandulární část žaludku před poškozením kyselinou (Al Jassim, Andrews 2009). Dle Bell et al. (2007) hrají sliny důležitou roli při pufování pH žaludku. Krmné dávky s nízkým obsahem objemného krmiva mohou snížit produkci slin, čímž se sníží pufrace slinami a tento jev způsobí snížení pH žaludku (Bell et al. 2007). Van den Boom (2022) doplňuje, že množství produkovaných slin při zpracovávání objemného krmiva je přibližně dvakrát větší než při zkrmování krmiva koncentrovaného.

Naopak dlouhodobé zkrmování obilí nebo koncentrovaného krmiva bohatého na nestrukturální sacharidy, bolusové krmení a nedostatek krmiva po delší dobu prodlužují dobu působení kyseliny na neglandulární vrstvený dlaždicový epitel, což může způsobit žaludeční vředy (Al Jassim, Andrews 2009). Mezi další rizikové faktory pro vznik žaludečních vředů patří i stres, ale ne každý stresor vede nutně k tvorbě vředů (De Graaf-Roelfsema et al. 2010).

Krmné dávky s vysokým obsahem rychle fermentovatelných sacharidů mohou vést ke zvýšené produkci těkavých mastných kyselin, což při nízkém pH může vést ke zvýšenému

výskytu a závažnosti žaludečních vředů. Tato produkce může být kompenzovaná pufrací kapacitou stravy s vysokým obsahem bílkovin. Při podávání krmných dávek s vysokým obsahem sacharidů je tedy důležité zahrnout také významnou složku bílkovin (Nadeau et al. 2000).

3.1.2 Specifika tenkého střeva

Tenké střevo je hlavním místem pro chemické trávení živin a absorpci konečných produktů trávení (aminokyselin, monosacharidů a mastných kyselin). Kromě některých nestrukturálních sacharidů, které jsou fermentovány v neglandulární oblasti žaludku, je chemická povaha tráveniny, která opouští žaludek a vstupuje do střeva, stejná jako u požitého krmiva (Al Jassim, Andrews 2009).

Pankreatická šťáva je do tenkého střeva koně vylučována nepřetržitě, ale na rozdíl od přežvýkavých býložravců se sekrece u koně zvyšuje trojnásobně až čtyřnásobně během dvou až tří minut poté, co kůň začal přijímat potravu. Koně také vyprodukují za 24 hodin 10 až 12 l/100 kg tělesné hmotnosti pankreatické šťávy, což je několikanásobně více oproti skotu (pět litrů) či ovcím (jeden litr). Právě proto, že je pankreatická šťáva produkována nepřetržitě a ve velkém množství, jsou koncentrace pankreatických enzymů a hydrogenuhličitanů vždy nízké. Žluč emulguje tuk a tím zlepšuje enzymatické trávení. Velký obsah vody ve šťávě zajišťuje zachování podmínek vhodných pro různorodou mikrobiotu ve slepém a tlustém střevě (Al Jassim, Andrews 2009).

Trávení a vstřebávání sacharidů, bílkovin a tuků je v první části tenkého střeva efektivnější než v ostatních dvou segmentech tenkého střeva, jejunu a ileu. Většina dostupných živin je absorbována v době, kdy trávenina dosáhne koncové části ilea a vstoupí do slepého střeva (Al Jassim, Andrews 2009). Stravitelné sacharidy jsou u koní hydrolyzovány ve střevním lumenu pankreatickou alfa-amylázou a disacharidázami kartáčového lemu, sacharázou, maltázou a laktázou na monosacharidy, D-glukózu, D-fruktózu a D-galaktózu. Tyto monosacharidy jsou absorbovány přes membránu enterocytů specifickými monosacharidovými transportéry (Shirazi-Beechey 1995).

Koně tráví v tenkém střevě především nestrukturální sacharidy, jako je škrob, maltóza a sacharóza, a naopak složitější strukturní sacharidy tráví hlavně v tlustém střevě (Hoffman et al. 1999). Dle Al Jassim a Andrews (2009) ale není trávení škrobu v tenkém střevě koně příliš efektivní, protože koncentrace alfa-amylázy v pankreatické šťávě je ve srovnání s jinými druhy velmi nízká (Kienzle et al. 1994). Zdá se, že přesný limit se u jednotlivců liší. Přestože krmení stravou s vysokým obsahem škrobu může vést ke zvýšení hladiny amylázy, zvýšení není výrazné a vyžaduje čas (Kienzle et al. 1994; Dyer et al. 2009). Problematiku trávení škrobu v tenkém střevě shrnuje i Garber et al. (2020), kteří tvrdí, že pokud jsou koně krmeni stravou bohatou na škrob (konkrétně více než jeden gram škrobu v krmné dávce na kilogram živé hmotnosti zvířete), podstatné množství škrobu unikne enzymatickému amylolytickému trávení v tenkém střevě. Jakmile se trávenina peristaltickými pohyby dostane do tlustého střeva, je škrob fermentován a vzniká zvýšené množství kyseliny mléčné. V důsledku toho může pH v tlustém střevě klesnout a vytvořit nežádoucí podmínky pro proliferaci prospěšných fibrolytických bakterií. Tento stav může představovat riziko pro zdraví trávicího traktu (Garber

et al. 2020). Hintz a Cymbaluk (1994) ještě doplňují, že jakákoli střevní dysfunkce u koně je ohrožující, protože může předcházet kolice, hlavní příčině úmrtnosti koní.

Mikrobiota ilea je výrazně méně rozmanitá než jakákoli oblast tlustého střeva a její role není zcela jasná (Harris, Dunnett 2016).

3.1.3 Specifika tlustého a slepého střeva

Tlusté střevo tvoří přibližně 64 % objemu koňského gastrointestinálního traktu, ale pouze 30 % jeho celkové délky. Jedná se o orgán, který pojme 95 až 112 l tekutiny, přibližně o velikosti předžaludku dospělého skotu. Stejně jako bачor skotu je tlusté střevo koně osídleno mikrobiotou, která se podílí na fermentaci natrávené potravy (Al Jassim, Andrews 2009).

Stěny tlustého střeva nemají klky a epitelální buňky postrádají mikrokilky, ale obsahují žlázy pro vylučování hlenu. Na rozdíl od jiných býložravců se tenké střevo koně otevírá přímo do slepého střeva přes svalovou chlopuň. Relativně blízko této chlopuň je druhá svalová chlopuň, kudy trávenina prochází ze slepého střeva do pravého ventrálního tračníku (Al Jassim, Andrews 2009).

V procesu trávení je důležitý kontinuální přívod tráveniny z tenkého střeva, která je zpracovávána enzymy (Al Jassim, Andrews 2009). Sliznice tlustého střeva neprodukuje vlastní enzymy. Trávení a absorpce se místo toho opírá o fermentaci pomocí mikrobioty střeva a poté o absorpci konečných produktů fermentace (Harris, Dunnett 2016) nebo o produkci žláz s vnější sekrecí (Al Jassim, Andrews 2009). Právě tato fybolytická aktivita produkuje těkavé mastné kyseliny, konkrétně kyselinu máselnou, která je klíčová pro podporu zdraví střevních buněk a kyselinu octovou a propionovou, které jsou energetickými prekurzory (Harris, Dunnett 2016). Tyto kyseliny jsou absorbovány přes stěnu střeva, transportovány krví do různých tkání, kde slouží jako zdroj energie (Al Jassim, Andrews 2009).

Ne všechny produkty fermentace kůň využívá. Aminokyseliny jsou zadržovány mikroby a poté se objevují ve výkalech (Al Jassim, Andrews 2009). Dostupnost precekálního proteinu je považována za klíčovou, ale o přínosu dalších proteinů nad rámec krmné dávky panuje určitá kontroverze, která je vysvětlena dále v textu (Harris, Dunnett 2016).

Většina minerálních látek, vitaminů a stopových prvků, které kůň s potravou pozře, se vstřebává v tenkém střevě. Fosfor se však vstřebává hlavně v tlustém střevě a jeho vysoký příjem, zejména ve formě rostlinných fytátů, může narušovat vstřebávání vápníku v tenkém střevě (Harris, Dunnett 2016).

3.2 Mikrobiota tlustého střeva

Kůň má ve svém gastrointestinálním traktu bohatou a komplexní mikrobiální komunitu, která hraje ústřední roli ve zdraví i nemoci. Velkou část energie z krmné dávky koně získávají díky mikrobiálnímu trávení potravy (Dougal et al. 2013). Stanovení mikrobiálního složení koňského střeva zdravého koně je důležité pro měření dopadu metabolických poruch a onemocnění (Garber et al. 2020). Některé podstatné zdravotní problémy koní mohou vyplývat z dysbiózy v ekosystému tlustého a slepého střeva v důsledku dietních faktorů (Julliand, Grimm 2017).

Tato kapitola pojednává o funkci mikrobioty tlustého střeva, protože právě mikrobiota má velmi významnou funkci při trávení potravy u koní a její složení může mít velký vliv na celkový stav koně.

3.2.1 Základní pojmy

Pro pochopení problematiky je zapotřebí uvést základní pojmy.

Mikrobiota	Mikroorganismy přítomné v definovaném prostředí
Metataxonomie	Charakterizace celé mikrobioty a vytvoření metataxonomického stromu, který znázorňuje vztahy mezi všemi získanými sekvencemi
Metagenom	Sbírka genomů a genů od členů mikrobioty
Mikrobiom	Tento termín se vztahuje na celý biotop, včetně mikroorganismů (bakterie, archea, nižší a vyšší eukaryota a viry), jejich genomů (tj. genů) a okolních podmínek prostředí (Marchesi, Ravel 2015).

3.2.2 Složení mikrobioty tlustého střeva koní

Střevní trakt koňovitých obsahuje rozmanité společenství mikroorganismů, které se skládá z hub, parazitů, prvoků, archeí, virů a bakterií (Costa, Weese 2018). Tito mikrobi zajišťují podstatnou část denní energetické potřeby koní prostřednictvím fermentace rostlinného materiálu na těkavé mastné kyseliny (Argenzio et al. 1974; Biddle et al. 2013). V enterálním traktu koně se nachází až 10^{15} bakteriálních buněk (Julliand, Grimm 2016), přičemž většina sídlí v tlustém střevě, zejména ve srovnatelně zvětšeném slepém střevě (Blackmore et al. 2013). Degradace nestravitelných celulóзовých a hemicelulóзовých složek píce těmito mikroorganismy je klíčová pro získání energie a nezbytné nutriční potřeby u koní (Julliand, Grimm 2016).

U všech druhů savců vědecké důkazy poukazují na silný vztah mezi složením enterálního mikrobiomu a jeho funkcí (Muegge et al. 2011). Konkrétně u koní studie naznačují, že střevní mikrobiota se mezi některými oddíly koňského gastrointestinálního traktu značně liší, zejména na nižších taxonomických úrovních, ale mezi sousedními oddíly jsou menší variace. Rostoucí diverzita nalezená v bakteriálním složení směrem k distálnímu střevu svědčí o složitosti tohoto prostředí (Costa et al. 2015a).

3.2.2.1 Bakterie

Navzdory nespornému individuálnímu složení mikrobiomu každého koně (Salem et al. 2018) byl vytvořen pojem „core mikrobiom“ zahrnující klíčové mikroby přítomné u většiny jedinců (Dougal et al. 2013; O' Donnell et al. 2013; Dougal et al. 2014; Costa et al. 2015a). V důsledku toho je identifikace složení „core“ mikroorganismů důležitým krokem při definování zdravé mikrobiální komunity. Definování základního „core“ může být užitečné k předpovědi dopadu odchylek v mikrobiomu a k zachování nebo obnovení mikrobiomu, který se vyskytuje u zdravých jedinců (Shade, Handelsman 2012). Vzhledem k obrovské rozmanitosti střevních bakterií známých u přežvýkavců se zdá, že střevní mikrobiom koní obsahuje nižší počet druhů

jako tzv. základní populace, přičemž nejbohatší diverzita (33 bakteriálních rodin) sídlí v pravé dorzální sloze tračníku koně (Dougal et al. 2013).

Obečně platí, že u zdravých koní převládá několik tříd, řádů, čeledí a rodů. Bakteriální komunita je též nejrozsáhleji studována a má se za to, že je nejdůležitější pro udržení homeostázy tohoto složitého prostředí (Costa, Weese 2018). Výzvou při zkoumání mikrobiální komunity je schopnost propojit populaci s jejím významem a funkcemi ve střevě, protože pravděpodobně různé druhy mikrobů vykonávají podobné funkce, jak je předpokládáno u mikrobioty lidského střeva (Tap et al. 2009; Dougal et al. 2012).

Mezi nejrozšířenější kmen bakteriální komunity patří *Firmicutes* (Dougal et al. 2013; Costa et al. 2015a; Ericsson et al. 2016; Costa, Weese 2018). V různých částech střeva se vyskytuje s četností od 40 % do 90 % a to včetně třídy *Clostridia* a třídy *Bacilli* (Dougal et al. 2013; Costa et al. 2015a).

Třída *Clostridia* zahrnuje řád *Clostridiales* a čeleď *Lachnospiraceae*. Tato čeleď se zdá být součástí „core“ střevní mikrobioty u všech savců včetně koně (Dougal et al. 2014). Produkuje kyselinu máselnou, která se vyznačuje mimo jiné i ochranou kolonocytů (Thursby, Juge 2017) a celkově se podílí na dobrém stavu střeva (Costa et al. 2012; Weese et al. 2015). Čeledi *Ruminococcaceae* a *Fibrobacteraceae* patřící do stejného řádu představují pouze malé procento bakteriální komunity, ale i tak jsou svým výskytem po celém tlustém a slepém střevě považovány za součást „core“ (Jullian, Grimm 2016). Tyto čeledi degradují buněčné stěny rostlin a jejich nepřítomnost může ovlivnit rovnováhu mikrobiomu, jedná se tedy o klíčové čeledi (Ze et al. 2013). Dle Petrof et al. (2013) představují bakterie třídy *Clostridia* a několik *Clostridium* spp. většinu druhů bakterií nacházejících se v distální části střevního traktu.

Do kmenu *Firmicutes* též spadají bakterie produkující kyselinu mléčnou. Patří sem druhy *Streptococcus bovis* a *Streptococcus equinus* a poté bakterie rodu *Lactobacillus* s převládajícími druhy *Lactobacillus salivarius* a *Lactobacillus mucosae* (Al Jassim et al. 2005). Jullian a Grimm (2017) uvádějí, že zmíněné amylolytické bakterie byly i izolovány. Dle Bailey et al. (2003) jsou bakterie *Lactobacillus salivarius* a *Lactobacillus mucosae* schopné dekarboxylovat aminokyseliny, produkovat potenciálně vazoaktivní aminy za podmínek, kdy se snadno fermentovatelné sacharidy stávají dostupnými pro mikrobiální fermentaci. Ve studii Al Jassim et al. (2005) byla v oblasti žaludku a konečníku také nalezena další skupina laktobacilů, které jsou blízce příbuzné s *Lactobacillus delbrueckii*. Tyto bakterie se velmi podobají *Lactobacillus* spp., běžně se vyskytující ve fermentovaných potravinářských produktech (Heilig et al. 2002).

Mezi druhý nejrozšířenější kmen patří *Bacteroidetes* (Daly et al. 2001; Costa et al. 2012; Dougal et al. 2013; O' Donnell et al. 2013; Whitfield-Cargile et al. 2015), ale Ericsson et al. (2016) dává na druhé místo kombinaci kmenů *Bacteroidetes* a *Proteobacteria*. *Proteobacteria* zahrnují širokou škálu gramnegativních bakterií, a to včetně řádu *Enterobacteriales* a řádu *Pseudomonadales*. Diverzita tohoto kmene ve střevěch je ovlivněna prostředím, kde se bakterie nacházejí. Je důležité zmínit, že *Proteobacteria* se nacházejí primárně v horní části gastrointestinálního traktu (Ericsson et al. 2016) s nejvyšší četností v ileu koní (Costa et al. 2015a).

Třetí nejrozšířenější kmen, *Verrucomicrobia* (Shepherd et al. 2012; Steelman et al. 2012; Costa et al. 2015a; Costa et al. 2015b), se taktéž nachází ve vnějším prostředí, zejména v půdě (Bergmann et al. 2011). Kmen je součástí tzv. PVC nadkmenu bakterií, který obsahuje již

zmíněný kmen *Verrucomicrobia* a dále kmeny *Planctomycetes* a *Chlamydiae* (Fuerst 2013). Jedná se o významné rezidenty ve střevě koní (Costa et al. 2015a). Mezi významné zástupce kmene *Verrucomicrobia* patří rod *Akkermansia*, který pomáhá udržovat integritu mucinové vrstvy a tím snižuje zánětlivost střev (Everard et al. 2013).

Dle Dougal et al. (2014) lze souhrnně říci, že celková diverzita základní bakteriální komunity domestikovaných koní se zdá být překvapivě nízká. Tato skutečnost může být důvodem citlivosti koní na některá gastrointestinální onemocnění (Dougal et al. 2014).

Vliv na složení bakteriálního mikrobiomu má i věk koně. Obzvláště u hříbat se mikrobiota s přibývajícím věkem mění. Zatímco nově narozená hříbata mají mikrobiom, ve kterém převládá kmen *Firmicutes* (Costa et al. 2016; Almeida et al. 2016), ve střevech hříbat starých mezi dvěma a 30 dny se nachází nižší četnost mikroorganismů s převažujícím kmenem *Verrucomicrobia* (Costa et al. 2016). Kolonizace střevního traktu hříbete totiž začíná již kontaktem s vaginální mikrobiotou matky během porodu a vystavením se mikrobům např. na kůži vemene v prvních pár dnech života. Postupem času dochází k usazování nejdůležitějších druhů. (Bordin et al. 2013; Faubladiet et al. 2014; Whitfield-Cargile et al. 2015; Costa et al. 2016). Ve stáří 60 dní je mikrobiom již relativně stabilní a devítiměsíční jedinci vykazují malé rozdíly ve srovnání s dospělými jedinci (Costa et al. 2016). Starší koně vykazovali vyšší diverzitu ve srovnání s mladšími jedinci (Dougal et al. 2014).

3.2.2.2 Bakteriofágy

O úloze bakteriofágů ve střevech koní víme velmi málo. Jejich počet je 10^{10} až 10^{11} bakteriofágů na gram stolice (Cann et al. 2004; Golomidova et al. 2007), včetně až 60 morfologicky odlišných typů fágů (Kulikov et al. 2007). Golomidova et al. (2007) dále uvádí, že fágy mají afinitu k bakteriím hojně zastoupených ve střevě. Dle Alexander et al. (1970) byly bakteriofágy pozorovány pod elektronovým mikroskopem jako volné nebo vázané s bakteriemi, což naznačuje, že by mohly hrát důležitou roli při regulaci bakteriálních druhů v tlustém a slepém střevě koní. Jejich přesná role je dodnes neznámá (Julliand, Grimm 2016).

3.2.2.3 Houby

Novější studie tvrdí, že u anaerobních hub předpokládáme významnou roli v enterální degradaci rostlinných vláken, a to i přes to, že jejich koncentrace ve střevě je nízká (Dijkerman et al. 1997; Julliand, Grimm 2016). Ve studii Dougal et al. (2012) byla ve slepém střevě a pravé dorzální sloze tračnicku prokázána přítomnost protozoální rDNA hub. Konkrétních poznatků není dostatečné množství (Orpin 1981).

Mezi konkrétní zástupce patří *Piromyces equi*, anaerobní monocentrická houba, která produkuje exoglukanázu – enzym plně schopný trávit celulózu (Harhangi et al. 2003). Kromě *Piromyces equi* byly popsány dva další morfologicky a též metabolicky odlišné druhy hub, konkrétně *Piromyces citronii* a *Caecomyces equi* (Julliand, Grimm 2016). Dle Ligenstoffer et al. (2010) existují důkazy pro další taxony plísňí kultivované z koňských výkalů, ale výzkum je v rané fázi a charakterizace hub tlustého střeva koní vyžaduje další výzkum (Julliand, Grimm 2016).

3.2.2.4 Prvoci

Aktivita prvoků ve střevě koní, jako je např. *Ciliates* (Kirkpatrick, Saik 1988; Gürelli, Göçmen 2012), není dobře prozkoumaná. Zdá se, že mají omezenou roli při trávení celulózy a mají schopnost degradovat pektin (Moore, Dehority 1993; Julliand et al. 1999). Je důležité zmínit, že výzkumu o prvocích ve střevech koní, je málo. Většina publikovaných prací se soustředila na populaci vyskytující se ve slepém střevě (Kern et al. 1973; Bonhomme-Florentin 1988), i když malá část populace byla identifikována i v tlustém střevě (Moore, Dehority 1993). Nejnovější studie tvrdí, že mezi jednotlivými jedinci existují velké rozdíly (Koike et al. 2000).

3.2.2.5 Archea

Jedná se o archaické mikroorganismy produkující metan, které se nachází v extrémních prostředích, včetně trávicího traktu živočichů (Dougal et al. 2012). Dle Conway de Macario, Macario (2009) archea obývají gastrointestinální trakt mnoha zvířat včetně koní a většina výzkumů se týkala konkrétně metanogenních archeí. Důvodem výzkumu byl fakt, že hospodářská zvířata přispívají k produkci skleníkových plynů (Martin et al. 2009). Jen málo studií charakterizovalo archea jako taková (Dougal et al. 2012).

3.3 Faktory ovlivňující složení mikrobioty

Gastrointestinální mikrobiota hraje klíčovou roli při trávení živin, udržování zdraví a dobrých životních podmínek zvířat. Mikrobiální rovnováhu mohou ovlivnit různé faktory, jejichž působení může vést jak ke zdravému a prospívajícímu jedinci, tak k poruchám zažívání, k onemocněním gastrointestinálního traktu i smrti jedince (Garber et al. 2020). V této kapitole jsou popsány nejčastější faktory, které mohou narušit složení mikrobioty tlustého a slepého střeva koně.

3.3.1 Výživa

U koní, stejně jako u jiných druhů, má výživa hluboký vliv na mikrobiotu tlustého střeva (Cryan, Dinan 2012; Julliand, Grimm 2017). Protože vhodná a vyvážená krmná dávka je nezbytná pro optimální degradaci živin a zdraví u koňovitých, nesprávné krmení může vyvolat dysbiózu nebo zvýšit obecnou zranitelnost trávicího traktu (Costa, Weese 2012; Warzecha et al. 2017). Disbiózu střevního mikrobiomu lze pozorovat i u jedinců, kteří trpí enterálními poruchami (Costa et al. 2012; Weese et al. 2015).

3.3.1.1 Proces trávení

V tenkém a tlustém střevě probíhají trávicí procesy rozdílně. Části potravy, které nedokáže tenké střevo pomocí enzymů rozložit, putují do střeva tlustého, kde mají velký vliv na mikrobiotu. Podle vlastností tráveniny může trávenina mikrobiotu podporovat nebo inhibovat v růstu a ovlivňovat její složení (Julliand, Grimm 2017).

Přírozená potrava koní v průměru obsahuje 35 až 60 % polysacharidů buněčných stěn včetně celulózy, hemicelulózy a pektinů, které nejsou štěpitelné za pomoci enzymatického aparátu savců. Tyto sacharidy slouží jako substrát pro fibrolyty (Julliand, Grimm 2017).

Naopak škrob a ve vodě rozpustné sacharidy, které představují přibližně 10 % až 40 % denní krmné dávky, nemusí být v žaludku a tenkém střevě dobře stráveny. Důvodem může být struktura, v jaké se škrob v krmné dávce vyskytuje, omezená kapacita amylázy nebo nedostatek enzymu štěpící fruktany v tenkém střevě (Julliand, Grimm 2017).

V dutině tlustého střeva zahrnuje degradace sacharidů dva kroky: hydrolyzu polysacharidů a fermentaci jednoduchých cukrů. První krok spočívá v přilnutí mikroorganismů na buněčné stěny natrávené rostlinné hmoty, díky kterému se enzymy dostanou k substrátům a zajistí hydrolyzu. Enzymy, které v této fázi figurují, pocházejí hlavně z bakterií vázaných na částice v tlustém a slepém střevě (Jouany et al. 2009). Následně fibrolytické a amylolytické druhy mikroorganismů hydrolyzují sacharidy na jednoduché cukry (celobióza, glukóza, xylóza), které jsou dále fermentovány. Konečnými produkty fermentace jsou těkavé mastné kyseliny, kyselina mléčná a plyny (metan a oxid uhličitý) (Julliand, Grimm 2017).

Složení mastných kyselin v tlustém střevě je ovlivněno složením mikrobioty a vlastnostmi sacharidů v trávenině. Aktivita fibrolytických mikroorganismů indukuje vysoké hladiny kyseliny octové a v menší míře hladiny kyseliny máselné, zatímco aktivita amylolytických mikroorganismů indukuje velké zvýšení podílu kyseliny propionové (Sauvant et al. 1994).

3.3.1.2 Změna krmné dávky

Dosavadní studie, které hodnotí dopad změny píce na fibrolytické, potažmo celulólytické, xylolytické nebo pektinolytické bakterie v tlustém střevě koní, neuváděly žádné krátkodobé nebo dlouhodobé dopady na tuto konkrétní výměnu krmiva. Obměna se týkala přechodu z jednoho druhu sena na jiný druh sena, přechodu ze senáže na siláž a přechodu mezi dvěma silážemi (Julliand, Grimm 2017). Naopak u přechodu ze siláže na jinou siláž lišící se koncentrací hrubého proteinu, došlo ke změně, která je pro mikrobiotu prospěšná. Čtyři hodiny po přechodu se snížily koncentrace streptokoků, anaerobních a proteolytických bakterií a bakterií využívajících kyselinu mléčnou. Během následujících tří týdnů po změně byly také upraveny počty zmíněných mikroorganismů (Muhonen et al. 2008). Je důležité zmínit, že ve studiích byl botanický původ a/nebo biochemické složení píce vzájemně velmi blízké až identické, což může potenciálně vysvětlovat minimální dopad na mikrobiotu střeva (Julliand, Grimm 2017).

U přechodu z objemného krmiva na koncentrované krmivo docházelo k větším změnám. Dle Goodson et al. (1988) se již po 24 hodinách zvýšilo procento amylolytických bakterií po tom, co z krmné dávky složené čistě z vojtěškového sena přešli na krmení čistě koncentrovanou stravou složenou z mleté kukuřice a sójového šrotu. Novější studie dokonce uvádějí, že mikrobiota slepého střeva a pravé ventrální slohy tlustého střeva se změnila již za pět hodin, a to pouze po začlenění ječmene do krmné dávky založené původně na vláknině, tj. do dávky založené na objemném krmivu. Změna se projevila zvýšením koncentrace laktobacilů, streptokoků a tím pádem též kyseliny mléčné (de Fombelle et al. 2001; Respondek et al. 2008), naopak změny v koncentracích celulólytických bakterií nebyly významné (de Fombelle et al. 2001). Ke snížení došlo v prvních dnech po změně krmné dávky u procenta xylolytických a pektinolytických bakterií (Goodson et al. 1988). De Fombelle et al. (2001) zdůraznili, že počty mikroorganismů vykazují větší rozdíly v pravé ventrální sloze tlustého střeva než ve střevě

slepém. Celkem 48 hodin po změně ze sena na koncentrovanou stravu se projevil velký nárůst celkového počtu anaerobních bakterií, výrazný pokles počtu prvoků a snížení počtu amylolytických bakterií (Goodson et al. 1988). Dle Hansen et al. (2015) krmení samotným senem podporuje vyšší úroveň mikrobiální diverzity, protože seno obsahuje méně živin, které se pomaleji odbourávají.

Novější studie potvrdily jak nárůst anaerobních a amylolytických bakterií po podávání krmných dávek s vysokým obsahem škrobu (Grimm et al. 2017), tak nárůst souvisejících rodů *Lactobacillus* a *Streptococcus* (Jouany et al. 2009). Naopak poklesly koncentrace celulolytických bakterií (Richards et al. 2006; Coenen, Vervuert 2010; Garber et al. 2020). Nedávné studie též potvrzují, že čeledi *Lachnospiraceae* a *Ruminococcaceae* a *Fibrobacter* spp. mají nižší zastoupení v tlustém střevě koní krmených potravou s vysokým obsahem škrobu ve srovnání s těmi, kteří jsou krmeni potravou s vysokým obsahem vlákniny (Harlow et al. 2016; Berg et al. 2017). Problematiku shrnují i další studie, které tvrdí, že dostupnost živin v krmné dávce ve velkém měřítku, např. zahrnutí škrobu do stravy založené na vláknině, snižuje mikrobiální diverzitu (Willing et al. 2009; Hansen et al. 2015; Warzecha et al. 2017) a tím může vést k méně stabilním mikrobiálním populacím a potenciálně ke gastrointestinální dysbióze (Murcia 2019).

Destrez et al. (2015) navíc prokázali, že krmné dávky s vysokým obsahem škrobu nejen indukují změny v mikrobiotě tlustého a slepého střeva, ale také spojují tyto změny s behaviorálním stresem, který je často popisován jako stres alimentární. Ve studii byla stanovena korelace mezi mikrobiálními změnami vyvolanými stravou s vysokým obsahem škrobu a behaviorální reaktivitou koní, konkrétně poníků (Destrez et al. 2015; Bulmer et al. 2019). Ve výzkumech zaměřených na člověka bylo prokázáno, že mikrobiota gastrointestinálního traktu určitým způsobem moduluje chování související se stravováním člověka (Alcock et al. 2014; Clarke et al. 2014). Například mikrobi mohou mít afinitu k určitým substrátům a vyvinuli strategie pro manipulaci chování hostitele prostřednictvím bažení a dysforie, a to, dokud není spotřebován požadovaný substrát pro udržení jejich kondice. Mezi potenciální mechanismy manipulace chování hostitele patří manipulace s bažením po odměně, produkce hormonů podobných látek, které mění emoční stav nebo změny chuťových receptorů (Alcock et al. 2014; O'Callaghan et al. 2016). Dle Bulmer et al. (2019) by chování koní mohlo být způsobeno neuroendokrinními změnami, které způsobila krmná dávka měnící střevní mikrobiotu. Destrez et al. (2015) ještě doplňují, že kromě toho může být změna chování vyvolaná výše zmíněnými skutečnostmi potenciálně použita k predikci a prevenci poruch tlustého a slepého střeva způsobených nutričním managementem koní.

3.3.1.3 Druh a forma zpracování koncentrovaného krmiva

Dle Harlow et al. (2015) se zdá, že botanický zdroj škrobu má též vliv na mikrobiotu tlustého a slepého střeva. Přidání ovsa do krmné dávky vedlo ke zvýšení počtu laktobacilů a snížení grampozitivních koků, naopak u kukuřice se jejich počet snížil (Harlow et al. 2016). Situaci vysvětlují Kienzle et al. (1997), že to může být způsobeno vyšší stravitelností ovsa v preileální oblasti ve srovnání s kukuřicí. Další vysvětlení nabízí Mishra et al. (2012), kteří tvrdí, že to může být též způsobeno rozdíly v poměru amylozy a amylopektinu, morfologií škrobových granul, přítomností neškrobových složek v zrnech (např. vysoké hladiny β -glukanů

v ovsu), náchylnost k želatinaci a retrogradace molekul škrobu kukuřice a ovsu. V důsledku toho se zdá, že ačkoli všechny zdroje škrobu stimulovaly zvýšení počtu celkových amylolytických bakterií, existovaly rozdíly v tom, které amylolytické bakterie proliferovaly v reakci na každý zdroj škrobu (Harlow et al. 2016).

Co se týče vlivu formy zpracování koncentrovaného krmiva, ve studii Philippeau et al. (2015) krmili koně senem a koncentrovaným krmivem, konkrétně ječmenem, ve čtyřech různých formách: celozrnný ječmen, mletý ječmen na 2,5 mm, ječmen ve formě vloček a ječmen ve formě granulí. Pomocí kultivačních technik nezjistili v tlustém střevě žádný rozdíl v koncentraci anaerobních, celulólytických a amylolytických bakterií a bakterií využívajících kyselinu mléčnou. Nicméně počty celulólytických bakterií, hodnota pH a poměr mezi těkavými mastnými kyselinami byly nižší u koní, kteří dostávali do krmné dávky mletý ječmen. To naznačuje, že potenciální negativní dopad škrobu na fibrolytickou aktivitu v pravých břišních slohách tračníku u koní můžeme omezit spíše pomocí termomechanických úprav krmiva (tvorba granulí a vloček) než pomocí úprav mechanických (mletí) (Philippeau et al. 2015). Další výzkum využívající sekvenování DNA by pravděpodobně upozornil na změnu hlavních bakteriálních populací, které se změnily v důsledku změny stravy. Kromě toho, získání bližších informací ohledně enzymatické aktivity může přinést další informace o mikrobiální aktivitě v tlustém střevě koní (Julliand, Grimm 2017).

3.3.1.4 Frekvence krmení

Venable et al. (2017) popsali účinky velikosti a frekvence krmné dávky na mikrobiotu slepého střeva koně. Tato studie využívala sekvenování založené na genu 16S rRNA. Autoři studie krmili koně každý den stejnou porcí, která se objevila v jedné, dvou nebo třech stejných krmných dávkách. Tyto krmné dávky se skládaly z koncentrovaného krmiva ve formě granulí. Koním bylo podáváno maximálně devět gramů škrobu na kilogram tělesné hmotnosti na krmnou dávku a šest gramů ve vodě rozpustných sacharidů na kilogram tělesné hmotnosti na krmnou dávku. Takové rozvržení krmných dávek nepřesáhlo dva gramy škrobu na kilogram tělesné hmotnosti za den, a navíc koně dostávali během dne tři kilogramy sena a měli šest hodin přístup na pastu (Venable et al. 2017). Dle Julliand et al. (2006) daná hranice dva gramy škrobu na kilogram tělesné hmotnosti nepředstavuje riziko, že se větší množství škrobu dostane i do tlustého střeva, protože by ho tenké střevo nestačilo strávit. Je ale důležité zmínit, že dle Garber et al. (2020) je hranice níže, na jednom gramu škrobu na kilogram tělesné hmotnosti.

Každé dvě hodiny měřili autoři strukturu komunity bakterií a jejich diverzitu ve slepém střevě. Zatímco druhová diverzita bakterií se nezměnila, množství mikrobů bylo odlišné u koní krmených jednou velkou krmnou dávkou ve srovnání s jedinci, kteří dostávali tři menší dávky krmiva během dne. Změny byly pozorovány na úrovni rodů *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Prevotella*, *Coprococcus* a *Phascolarctobacterium*. Konkrétně u rodu *Streptococcus* vedla zvýšená frekvence krmení k větší stabilitě relativního množství tohoto rodu, zatímco krmení jednou denně vedlo k širokým výkyvům, které mohou být spojovány s vysokou produkcí kyseliny mléčné a následně s nástupem laminitidy u koní. Relativní množství rodu *Lactobacillus* se v průběhu dne velmi měnilo, vrcholilo během krmení u koní krmených jednou denně, a postupně se během dne zvyšovalo u koní krmených vícekrát denně. Je zajímavé poznamenat, že relativní množství rodu *Prevotella* bylo nižší s vyšší frekvencí jídla. Pro

chovatele koní není tento rod tak důležitý, protože jeho význam u koní není znám, nicméně rod *Prevotella* působí preventivně vůči acidóze v bacheru skotu, takže významná bude spíše pro chovatele přežvýkavců (Venable et al. 2017).

Autoři studie v závěru uvádějí, že mikrobiota slepého střeva koně je ovlivněna frekvencí a velikostí krmných dávek (Venable et al. 2017).

3.3.1.5 Krmné doplňkové látky

Dle nařízení Evropské komise jsou krmné doplňkové látky produkty používané ve výživě zvířat za účelem zlepšení kvality krmiva a jakosti potravin živočišného původu nebo jsou používány ke zlepšení užitkovosti a zdraví zvířat, např. poskytnutím lepší stravitelnosti krmných surovin. Krmné doplňkové látky nejsou krmnými surovinami a do krmných dávek se dávají v malém množství. Na základě regulací Evropské komise se dělí do pěti tříd na krmné doplňkové látky senzorké, nutriční, zootechnické a technické a na kokcidiostatika a histomonostatika. Ve výživě koní se nejčastěji používají zootechnické doplňkové látky, tedy probiotika a prebiotika (Pandey et al. 2019).

Studie zkoumající krmné doplňkové látky u koní ve spojitosti se střevní mikrobiotou se nejčastěji zaměřují na probiotika, prebiotika a postbiotika. Bylo prokázáno, že probiotika a prebiotika ovlivňují stravitelnost *in vivo* a *in vitro* a používají se ke stabilizaci mikrobioty v tlustém střevě koní (Garber et al. 2020), studie zaměřující se na tuto problematiku však ukazují protichůdné výsledky (Morgan et al. 2007; Murray et al. 2008; Jouany et al. 2009; Mackenthun et al. 2013; Elghandour et al. 2016; Grimm et al. 2016; Salem et al. 2016; Gobesso et al. 2018; Garber et al. 2020). Přesto jsou probiotika i prebiotika široce používána k modulaci rovnováhy mikrobioty jak u hospodářských zvířat, tak u koní (Chaucheyras-Durand, Durand 2010; Schoster 2018).

3.3.1.5.1 Probiotika

Organizace OSN pro výživu a zemědělství definuje probiotika jako „živé mikroorganismy, které, když jsou podávány v adekvátním množství, mají pro hostitele zdravotní přínos“ (Garber et al. 2020). V Evropské unii jsou probiotika považována za doplňkové látky krmiv a stabilizátory střevní flóry pro zdravá zvířata (Schoster et al. 2014).

Co se vlastností týče, probiotika by měla být schopna přežít žaludeční prostředí, mít antimikrobiální vlastnosti vůči patogenům a adherovat k hlenu a epitelialním buňkám. Jsou navržena tak, aby dosáhla tlustého střeva a usadila se v něm (Kauter et al. 2019). Jako probiotika by se měly primárně využívat druhy, které jsou přirozené pro daný živočišný druh. Mezi mikroorganismy obvykle používané jako probiotika patří kvasinky a bakterie, zejména bakterie produkující kyselinu mléčnou, jako jsou laktobacily a bifidobakterie. Bakterie, které obsahují komerční probiotika, tvoří celkem méně než jedno procento všech střevních mikroorganismů. V závislosti na druhu a hodnoceném segmentu gastrointestinálního traktu může být jejich relativní četnost mnohem vyšší (Schoster et al. 2014; Schoster 2018).

Dle Hesta a Costa (2021) jsou hlavními rody vyskytujícími se v komerčních produktech pro koně *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus* a *Saccharomyces* spp. Jiné studie označují za nejčastěji používané rody pro probiotika pouze rody *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* a *Enterococci* a udávají, že ačkoli tyto kmeny prokázaly výhody *in vitro*, ani jeden z rodů není

v tlustém střevě koní nejhojněji zastoupen (Costa et al. 2012; Dougal et al. 2012; Dougal et al. 2013; Costa et al. 2016). Za normálních okolností se jim nedaří trvale kolonizovat střevo, protože je obtížné konkurovat druhům, které se ve střevě stabilně nacházejí (Hesta, Costa 2021). Dle Schoster (2018) jsou rody *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Bacillus* a *Streptococcus* považovány pro koně za prospěšné. Studie zkoumající použití probiotik u koní by se spíše měly zaměřit na druhy, které se v tlustém střevě vyskytují s větší četností. Jedná se hlavně o zástupce třídy *Clostridia*. Tato třída by teoreticky mohla mít lepší účinek než výše zmíněné rody (Schoster et al. 2014).

Bakteriální probiotika byla hodnocena především z hlediska jejich účinnosti při léčbě a prevenci gastrointestinálních onemocnění, než jako doplněk pravidelné krmné dávky (Schoster 2018). Studie Tanabe et al. (2014) prokázala přínosy používání bakteriálních probiotik rodu *Lactobacillus* a *Bifidobacteria*. Konkrétně se jednalo o průjem hřibat, jehož výskyt se po použití probiotik snížil. Naopak dle Schoster et al. (2015a) nemají probiotika na výskyt průjmu u hřibat vliv. Schoster et al. (2015b) určili, že multikmenové laktobacily mají omezený účinek na gastrointestinální mikrobiotu, což v kombinaci s nedostatkem klinických zlepšení zdravotních stavů jedinců může naznačovat, že probiotika nemusí být schopna zlepšit nebo zabránit průjmu u hřibat. Nicméně Ward et al. (2004) prokázali, že vylučování *Salmonella* ve výkalech bylo sníženo již dva dny po podání probiotik *Lactobacillus* spp. a *Enterococcus faecium*, což naznačuje, že tento terapeutický přístup by mohl být použit ke snížení rizika nebo ke zpomalení progresu tohoto onemocnění. Dle Petrof et al. (2013) by probiotika byla teoreticky účinnější při střevní dysbióze (např. průjem nebo terapie antimikrobiálními látkami). Kromě toho může být manipulace s mikrobiotou účinnější během prvního měsíce života hříběte, než se mikrobiota stane stabilnější. Jedním z nových přístupů, který se má u koní použít k obnovení střevní homeostázy, je využití komplexních probiotik obsahujících mnoho organismů (někdy více než 25 různých druhů bakterií a kvasinek) (Petrof et al. 2013).

Nicméně Garber et al. (2020) uvádí, že nápomocné může být i preventivní přidání probiotik do stravy s vysokým obsahem škrobu. Tím se ve slepém střevě zabrání poklesu pH a snížení produkce kyseliny mléčné. Celý proces vytvoří příznivé podmínky pro celulolytické bakterie. Studie dále uvádí, že je potřeba dalšího výzkumu zaměřeného na vhodné kombinace probiotik a substrátu. Je též nutné přihlídnout k dalším faktorům, jako je dávkování, věk zvířete (probiotika mohou mít různý účinek na nezralou mikrobiotu hřibat), plemeno, výživný stav a případnou graviditu a laktaci (Garber et al. 2020).

Diskutuje se i o tom, jaký vliv na kolonizaci probiotik ve střevě, má specifita neboli druh hostitele (v této práci *Equus ferus* f. *caballus*) (Gibson, Fuller 2000). Konkrétně rod *Lactobacillus* byl vysoce adherentní k enterocytům, pokud pocházel ze zdravých koňských výkalů nebo z žaludečního epitelu (Yuki et al. 2000). Na druhé straně se ukázalo, že enterokoky s probiotickými vlastnostmi izolované ze zdravých koňských výkalů nejlépe přilnou k lidskému a psímu hlenu, který se nachází na sliznici střeva (Lauková et al. 2004; Lauková et al. 2008). Stejný jev byl pozorován u laktobacilů izolovaných z lidí a psů (Rinkinen et al. 2003). Zdá se tedy, že schopnost probiotik kolonizovat střevní trakt není vždy hostitelsky specifická, což naznačuje, že kmény by měly být vybírány na základě jejich probiotických vlastností, nikoli jejich původu. Informace o technické nestabilitě bakteriálního kmene je důležitá pro komerční využití probiotik. Nestabilita je totiž často omezujícím faktorem, který ale není nemožné v komerční produkci překonat (Schoster et al. 2013).

I přesto, že terapie probiotiky má v humánní medicíně slibné výsledky, důkazy o tom, že je lze stejně využít u koní, jsou zatím slabé. Cíl vyvinout jedno probiotikum pro prevenci nebo léčbu všech gastrointestinálních nemocí je nereálný, protože každý bakteriální taxon má jiné účinky. Selektce a kombinace kmenů pro terapeutické využití musí být specifická pro každé onemocnění a měl by být založen na vlastnostech rodů *in vitro*. Placebem kontrolované klinické studie za kontrolovaných podmínek jsou pak nezbytné pro poskytnutí důkazů o významu probiotik u koní (Schoster et al. 2014).

Navzdory všem těmto omezením jsou probiotika obecně považována za bezpečná, nákladově efektivní a snadno aplikovatelná. S využitím nových poznatků o složení koňské mikrobioty by se těžiště probiotického výzkumu mělo přesunout od aktuálně používaných látek k druhům, které se hojně vyskytují ve střevní mikrobiotě koní. Zvláštní důraz by měl být kladen na bakteriální druhy, které jsou spojeny s mikrobiotou zdravých koní. Přístup k podávání jednoho nebo několika kmenů společně by měl být přehodnocen (Schoster et al. 2014).

3.3.1.5.2 Prebiotika

Dle Gibson et al. (2017) jsou prebiotika definována jako „substrát, který je selektivně využíván hostitelskými mikroorganismy a jsou přínosné pro zdraví“. Studie Hesta a Costa (2021) uvádějí prebiotika jako sloučeniny pro hostitele nestravitelné, které ale mohou být použity jako zdroj potravy pro některé prospěšné bakterie. Prebiotika v kombinaci s probiotiky se nazývají symbiotika, ale studie hodnotící tuto kombinaci u koní jsou raritou (Hesta, Costa 2021). Vhodné párování probiotik a prebiotik by mělo být dále zkoumáno, aby bylo možné dosáhnout konzistentnějších příznivých účinků (Coverdale 2016).

Potenciál prebiotik ovlivňovat gastrointestinální mikrobiotu zvířat byl již dříve přezkoumán (Zivkovic et al. 2011; Markowiak, Śliżewska 2018). Mezi nejčastěji používaná prebiotika ve výživě patří oligofruktóza, inulin, fruktooligosacharidy a mannanoligosacharidy, dále byly jako zdroj prebiotik využity i produkty fermentace kvasinek, jejich buněčné stěny a neživé *Lactobacillus acidophilus* (Coverdale 2016). Dle Heaton et al. (2019) zmírňují fruktooligosacharidy s krátkým řetězcem pokles stravitelnosti, se kterým se setkávají starší koně a snižují narušení mikrobioty tlustého střeva po rychlém jednorázovém pozření ječmene (velkého množství škrobu) (Respondek et al. 2008). Glatter et al. (2016) uvádí, že u dospělých koní, kteří dostávali do krmné dávky topinamburovou moučku obsahující fruktooligosacharidy, došlo ke stimulaci mikrobiální aktivity, ale pouze v oblasti ventrální slouhy tlustého střeva.

Podobně jako u probiotik existují v literatuře ohledně účinnosti prebiotik protichůdné výsledky (Coverdale 2016). Navzdory nedostatku důkazů o pozitivních vlivech prebiotik na mikrobiotu jsou široce používána, za účelem snížení rizika narušení mikrobiálních populací v tlustém a slepém střevě, například z důvodu užívání antibiotik (Berg et al. 2005; Respondek et al. 2008; Glatter et al. 2016).

Účinek suplementace enzymů na gastrointestinální trakt koní nebyl dosud dobře prozkoumán (Garber et al. 2020). Studie Proudman et al. (2014) nezaznamenala žádnou změnu v rozmanitosti mikrobioty po dodání amylázy do krmné dávky. Podstatné změny však nastaly v relativním množství dvou nejpočetnějších kmenů – *Bacteroidetes* a *Firmicutes*. U obou kmenů byl zaznamenán procentuální vzrůst. Navíc zvýšená relativní četnost čeledi *Veillonellaceae*, která využívá kyselinu mléčnou spolu se snížením celkového množství mastných kyselin může naznačovat, že suplementace enzymů má potenciál ovlivnit zdravý střev

u koňovitých. Důvodem je pravděpodobně zvýšené množství škrobu, které se stráví již v tenkém střevě, a do tlustého střeva tak pokračuje menší množství nestráveného škrobu (Proudman et al. 2015).

3.3.1.5.3 Postbiotika

Postbiotika jsou metabolity produkované bakteriemi (tj. kyselina máselná), které mohou přímo podporovat zdraví střev nebo také sloužit jako zdroj energie pro jiné prospěšné bakterie. Potenciál metabolitů modulovat střevní mikrobiotu byl prokázán (Ott et al. 2017). Léčba mikroenkapsulovaným butyrátem sodným může být prospěšná u koní (Wambacq et al. 2020), je však zapotřebí dalšího výzkumu (Hesta, Costa 2021).

3.3.1.6 Dietetické problémy související s narušením mikrobioty

Narušení střevní mikrobioty je často spojeno s poruchami gastrointestinálního traktu (Garber et al. 2020), jako je kolika (Weese et al. 2015), kolitida (Costa et al. 2012), laminitida (Moreau et al. 2014), metabolický syndrom koní (Elzinga et al. 2016) nebo equinní dysautonomie (EGS) (Garrett et al. 2002). Nicméně není jednoduché odhadnout, zda narušení mikrobioty způsobí onemocnění, či naopak (Costa, Weese 2018; Garber et al. 2020). Studie Whitfield-Cargile et al. (2015) ale uvádí, že složení a diverzita fekálního mikrobiomu nemusí vždy nutně přispívat k náchylnosti rozvoje patologických stavů.

3.3.1.6.1 Kolika

Kolika se řadí k nejčastějším a k nejzávažnějším zdravotním potížím, které se u koní vyskytují. Mezi hlavní rizikové faktory patří změna stravy a podmínky ustájení (Curtis et al. 2019), nicméně jedná se o multifaktoriální onemocnění, což znesnadňuje zkoumání pouze z dietetického pohledu (Durham 2009). Vzhledem k tomu, že střevní mikrobiota je poměrně citlivá na velké množství stresorů, lze očekávat, že po epizodách koliky nastanou v mikrobiotě výrazné změny, i když příčiny a závažnost stavu mohou být v každém případě velmi odlišné. Navzdory závažnosti onemocnění bylo provedeno pouze málo studií, které hodnotí důsledky koliky na střevní mikrobiotu koní (Costa, Weese 2018; Garber et al. 2020).

Studie Venable et al. (2013) se věnovala kolikám u koní a bylo zjištěno, že u koní trpících kolikou došlo k nárůstu kmene *Bacteroidetes* a druhu *Clostridium phytofermentans*. Weese et al. (2015) zaznamenali i nárůst kmene *Proteobacteria*, který je spojen se zvýšeným rizikem výskytu koliky. Naopak čeledi *Lachnospiraceae* a *Ruminococcaceae* z kmene *Firmicutes* s kolikou spojovány nebyly. Tento výsledek může mít diagnostický potenciál k predikci a prevenci koliky, protože existuje souvislost mezi vypuknutím koliky a danými kmeny (*Firmicutes* a *Proteobacteria*) a to tak, že čím vyšší je poměr mezi kmeny, tím je méně pravděpodobné, že se kolika rozvine (Weese et al. 2015).

Co se příčin koliky týče, dle Garber et al. (2020) může kolika souviset s neschopností střevní mikrobioty se přizpůsobit změnám typu píce, ročního období a okolního počasí, které mohou být specifické pro jednotlivce. To by mohlo vysvětlovat, proč tyto faktory mohou u některých koní zvýšit riziko koliky, zatímco u jiných jedinců se žádné příznaky nevyskytnou (Garber et al. 2020). Další studie uvádějí, že jakákoli změna v množství, zdroji nebo frekvenci krmení koncentrovanými krmivy, doplňkovými krmivy nebo pící, a to včetně přechodu na novou šarži, může zvýšit riziko koliky. Epizoda koliky často přichází během dvou týdnů po

změně krmné dávky (Tinker et al. 1997; Hudson et al. 2001; Hillyer et al. 2010; McCarthy et al. 2010; Hesta, Costa 2021), proto je důležitá postupná adaptace na novou várku krmiva (Harris et al. 2017). Dle Al Jassim a Andrews (2009) může ke kolice přispět i chrup ve špatném zdravotním stavu, který zapříčiní neúčinné žvýkání a následné požití velkých částic krmiva.

3.3.1.6.2 Kolitida

Kolitidou se rozumí zánětlivý stav tlustého střeva, který může být doprovázen průjmem (Uzal, Diab 2015). Hlavními bakteriemi spojenými s příčinami kolitidy u koní jsou *Clostridium difficile*, *Clostridium perfringens*, *Salmonella* spp. a *Neorickettsia risticii* (Costa, Weese 2018). Dle Uzal a Diab (2015) patří mezi nejčastější bakteriální příčiny ještě *Clostridium piliforme*, *Rhodococcus equi*, *Ehrlichia risticii* a *Lawsonia intracellularis*, nicméně studie se zabývala i příčinami enteritidy. Rodriguez et al. (2015) ale uvedli, že namnožení *Clostridium difficile* by nemuselo nutně vyvolat zánětlivý stav. Další mikroorganismy, jako jsou *Fusobacterium* spp. a *Escherichia* spp., byly nalezeny u koní s průjmovým onemocněním, ale u zdravých zvířat nikoliv (Clark et al. 2018; Morrison et al. 2018). Dle Garber et al. (2020) je potřeba u *Fusobacterium* spp. udělat další výzkum, protože mohou působit enteropatogenně. Navíc není jasné, zda jsou některé bakterie nadměrně zastoupeny v gastrointestinálním traktu koní s kolitidou, protože přispívají k propuknutí onemocnění nebo protože se mohou rychleji množit v oslabeném střevě (Garber et al. 2020).

Ve studii Costa et al. (2012) měli zdraví jedinci, co se četnosti týče, dominantní kmen *Firmicutes* (68 %) a po něm procentuálně následoval kmen *Bacteroidetes* (14 %). U koní s kolitidou dominoval kmen *Bacteroidetes* (40 %) a to zvýšeně ve srovnání se zdravými koňmi, až poté následoval kmen *Firmicutes* (30 %). Navíc zdraví koně měli vyšší zastoupení kmenů *Actinobacteria* a *Spirochaetae*, zatímco koně s kolitidou měli více *Fusobacteria*. Naopak třída *Clostridia* byla hojněji zastoupena u zdravých koní, což naznačuje, že může přispívat ke zdravému „core“. Změny v mikrobiotě střeva během kolitidy nebyly překvapivé, protože enteropatogenní bakterie byly již dříve s tímto onemocněním spojovány. Příčina však často zůstává nejasná (Desrochers et al. 2005; Costa et al. 2012; Uzal, Diab 2015). Navíc snížená střevní permeabilita nebo syndrom zvýšené propustnosti střeva mohou také přispívat ke změně v mikrobiální populaci (Stewart et al. 2017). Dysfunkce střeva jakožto bariéry, která je vyvolaná patogeny, může vést ke snížení nebo zvýšení proliferace jiných bakterií. Nedávná zjištění naznačují, že kolitida je onemocněním související s velkými mikrobiálními střevními poruchami a není způsobeno pouze jedním patogenem (Costa et al. 2012).

3.3.1.6.3 Laminitida

K rozvoji klinické laminitidy u koní přispívají různé dietetické i nedietetické faktory (Bailey et al. 2004; Milinovich et al. 2006; Al Jassim, Andrews 2009; Milinovich et al. 2010; Steelman et al. 2012; Moreau et al. 2014; Horn et al. 2019). Více studií se zaměřuje na faktory spojené s výživou koní, např. při přetížení gastrointestinálního traktu škrobem z koncentrovaných krmiv nebo fruktany při nadměrném spásání jarní pastvy (Garber et al. 2020). Nicméně i další nedietetické faktory, jako je opakované poranění kopyt nebo používání glukokortikoidů (Johnson et al. 2002) jsou důležité, protože také mohou vést k nástupu laminitidy (Costa, Weese 2018). Mezi nejvýraznější změny, které jsou způsobeny dietetickými

faktory, patří změny mikrobioty v počtu streptokoků a laktobacilů (Milinovich et al. 2010; Moreau et al. 2014).

3.3.2 Léčiva

Využití léčiv u koní též patří mezi klíčové faktory, které mají potenciál ovlivnit gastrointestinální mikrobiotu. Literatura nejčastěji uvádí antimikrobiální léčbu, nesteroidní protizánětlivé léky a anthelmintika, která se využívají při parazitárních onemocněních (Garber et al. 2020).

3.3.2.1 Antimikrobiální terapie

Ze všech vnějších faktorů vedoucích ke změnám mikrobioty může mít podávání antimikrobiálních léků nejzávažnější důsledek (Jalanka-Tuovinen et al. 2011). V klinické praxi může perorální podávání antibiotik vyvolat dysbiózu, která může vést k průjmům (Barr et al. 2013; Collinet et al. 2019). I když je výskyt průjmů souvisejícího s léčbou antimikrobiálními látkami sporadický, může léčba stále představovat významné zdravotní riziko kvůli přítomnosti enteropatogenů, například *Clostridium difficile* (Barr et al. 2013). Ve studiích, ve kterých se výzkum zaměřoval na mikrobiotu člověka, způsobuje disbióza vyvolaná antibiotiky snížení mikrobiální diverzity a zvýšené riziko rozvoje onemocnění spojených s patobionty (Lange et al. 2016). Takto změněná mikrobiální populace může vést ke zhoršení struktury ochranné vrstvy sliznice (Jakobsson et al. 2015).

Cílem studie Costa et al. (2015b) bylo charakterizovat změny spojené s podáváním často používaných antimikrobiálních léků ve fekálních bakteriálních populacích zdravých koní. Konkrétně se jednalo o intramuskulární podávání prokainpenicilinu a ceftiofuru sodného a perorální podávání trimethoprim sulfadiazinu. Všechna testovaná antibiotika měla účinek na mikrobiotu, přičemž trimethoprim sulfadiazin vedl k výraznějším změnám, jako je snížená druhová rozmanitost bakterií a rozdíly ve struktuře populace převážně ve kmeni *Verrucomicrobia*. Byl to však jediný lék podávaný orálně a není jasné, zda to bylo kvůli většímu inherentnímu účinku léku nebo kvůli způsobu podání (Costa et al. 2015b).

Collinet et al. (2019) zjistili, že perorální podání trimethoprim sulfadiazinu vedlo ke snížení krátkodobých koncentrací celulolytických bakterií, zatímco počet amylolytických bakterií se zvýšil. Fekálním mikrobiálním komunitám trvalo přibližně 28 dní, než se po podání antibiotik vrátilo do jejich původního stavu (Collinet et al. 2019). Stejnou látkou se zabývala i studie Harlow et al. (2013), která zjistila, že se snížil výskyt celulolytických bakterií ve výkalech koní, kterým byl podáván trimethoprim sulfadiazin nebo ceftiofur a byl stále snížen ve srovnání s kontrolami po období vysazení. Výsledky studie navíc naznačovaly, že antibiotika narušila mikrobiotu gastrointestinálního traktu a umožnila proliferaci rodu *Salmonella* a druhu *Clostridium difficile*, kteří jsou běžně spojovány s průjmem u koní i po ukončení antibiotické léčby (Harlow et al. 2013).

3.3.2.2 Nesteroidní protizánětlivé léky

Nesteroidní protizánětlivé léky, jako je fenylobutazon, se u koní běžně používají ke zmírnění bolesti způsobené kolikou, gastropatií, enteropatií nebo kolitidou (Chapman 2009;

Marshall, Blikslager 2011; Whitfield-Cargile et al. 2018) a inhibicí obnovy bariérové funkce sliznice (Tomlinson et al. 2004). Whitfield-Cargile et al. (2018) prokázali, že terapeutické dávky nesteroidních protizánětlivých léků vedly k přechodné dysbióze ve fekální mikrobiotě zdravých koní. Mikrobiální změny byly charakterizovány úbytkem kmene *Firmicutes* a čeledí *Lachnospiraceae*, *Clostridiaceae* a *Ruminococcaceae*, a to bez ohledu na typ použitého léčiva (fenylbutazon nebo firocoxib). Tato zjištění naznačují, že dysbióza vyvolaná nesteroidními protizánětlivými léky může paradoxně způsobit zánět (Whitfield-Cargile et al. 2018).

3.3.2.3 Anthelmintika

Parazité gastrointestinálního traktu obývají stejné prostředí jako jeho bakterie, archea a houby. Vzájemně se ovlivňují a jejich interakce hrají důležitou, ale zatím ne zcela pochopenou roli v regulaci imunity a zánětu (Peachey et al. 2018; Walshe et al. 2019). U koní je léčba anthelmintiky rizikovým faktorem pro vznik koliky (Hillyer et al. 2010). Změny střevní mikrobioty po léčbě zahrnují snížení relativní abundance kmenu *Bacteroidetes* (Sirois 2013; Walshe et al. 2019). Sirois (2013) ve své studii použil jako anthelmintikum fenbendazol a ivermektin. Zjistil, že před anthelmintickou léčbou byl ve střevní mikrobiotě nejhojnějším kmenem kmen *Bacteroidetes* (43 %) následovaný kmenem *Firmicutes* (27 %) a po léčbě naopak kmen *Firmicutes* (35 %), po kterém následoval kmen *Bacteroidetes* (32 %) (Sirois 2013).

Walshe et al. (2019) uvádí podobné výsledky, pokles kmene *Bacteroidetes* bez ohledu na věk koní a léčbu (fenbendazolem nebo moxidektinem). Studie též zjistila sníženou diverzitu mezi vzorky týden po léčbě a toto období se shoduje s degradací helmintů. Změny byly spojeny se zvýšením zánětlivých biomarkerů a byly zvráceny dva týdny po léčbě (Walshe et al. 2019).

Kunz et al. (2019), jejichž studie se přímo zaměřovala na změny fekální mikrobioty spojené s podáváním anthelmintik naznačuje, že moxidektin a praziquantel snížily mikrobiální diverzitu, zatímco diverzita mezi vzorky zůstala nezměněna. Autoři se shodují, že jejich studie nenaznačuje zásadní dopady na mikrobiotu po léčbě anthelmintiky. Výsledky tohoto výzkumu však naznačují specifické změny mikrobioty spojené s podáváním anthelmintik koním, které nebyly dříve hlášeny. Tyto změny jsou naznačeny poklesem mikrobiální diverzity ve vzorcích a významnými rozdíly v četnosti několika taxonomických skupin po ošetření (Kunz et al. 2019).

Podobně Daniels et al. (2017) uvedli, že moxidektin významně nezměnil bakteriální diverzitu. Zvýšená bohatost a diverzita byla spojena s napadením hlísty, zatímco pokles diverzity mezi vzorky byl prokázán s podáváním anthelmintik (Daniels et al. 2017; Walshe et al. 2019; Kunz et al. 2019). Kromě přímého účinku anthelmintik na bakteriální populace mohou helminti měnit produkci mucinu, což může vést ke změnám prostředí pro střevní bakterie (Fricke et al. 2015). Vzhledem k prevalenci užívání anthelmintik u koní po celém světě je důležité pochopit fyziologický dopad a potenciální zdravotní rizikové faktory spojené s jejich podáváním (Kunz et al. 2019).

3.3.3 Variabilita mezi jedinci

Variabilita mikrobioty mezi jedinci již byla popsána několika studiemi (Blackmore et al. 2013; Proudman et al. 2015; Salem et al. 2018). Mezi nejčastější faktory, které mají potenciál

ovlivnit mikrobiotu, patří plemenná příslušnost, pohlaví, věk, březost, porod nebo laktace (Weese et al. 2015; Mshelia et al. 2018).

Dle Weese et al. (2015) je fekální mikrobiota u klisen během pozdní březosti odlišná od nebřezích kontrolních klisen. Jednalo se o rozdíly v jednotlivých zástupcích a struktuře, ale nikoliv v relativním množství hlavních kmenů. Tyto rozdíly mohou být způsobeny změnou střevní kapacity březích klisen, hormonálními změnami probíhajícími během březosti a stresem souvisejícím se změnami v manipulaci před porodem. Uvádí se, že u klisen je plemeno predisponujícím faktorem pro určité klinické stavy (Weese et al. 2015). Podle nejlepšího vědomí autorů studie Zhao et al. (2015) však existuje jen několik studií popisujících meziplemné variace ve střevní mikrobiotě koní.

Ve studii Mshelia et al. (2018) měla populace klisen rozmanitější mikrobiom ve srovnání s hřebci. Zvýšení diverzity a určité konkrétní snížení bylo zjištěno u druhů *Escherichia coli*, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Corynebacteria*, *Klebsiella*, *Salmonella* a *Bacillus* u obou pohlaví (Mshelia et al. 2018).

Studie Massacci et al. (2020) se věnovala vlivu plemenné příslušnosti a uvedla, že celková struktura mikrobiomu nebyla významně spojena s genetickým původem. Ang et al. (2022) se zabývali identifikací fekálního mikrobiomu u koní ze tří různých kontinentů. Byly pozorovány rozdíly, které odlišovaly zejména koně japonské od argentinských nebo evropských koní. Většina eukaryotních druhů byla spojována s houbami, které mohly být zavlečeny do střevní mikrobioty koní prostřednictvím potravy, jako v případě *Lentinula edodes*, která je nejoblíbenější houbou ve východní Asii, a bylo zjištěno, že jím je obohacen mikrobiom u japonských koní. Pokud jde o rozdíly v bakteriálních druzích, španělští koně byli obohaceni o různé druhy *Lactobacillus*, koně z Finska o *Romboutsii* a koně z Argentiny o *Bifidobacterium boum*. Kromě toho se zdá, že i místo výskytu má vliv na fekální mikrobiom, protože ve stejné zeměpisné poloze se mikrobiom divokých koní lišil od koní domácích (Ang et al. 2022).

3.3.4 Antropogenní vlivy

Mezi vlivy antropogenního původu, které mohou mít dopad na mikrobiotu, patří domestikace, výcvik, obezita a s ní související metabolický syndrom, sociální interakce, prostředí, ve kterém kůň žije, umělý odstav a přeprava koní. Management chovu těchto zvířat často zasahuje jejich přirozené chování takovým způsobem, že změny jsou pozorovatelné i na úrovni mikroorganismů v tlustém střevě.

3.3.4.1 Domestikace

Domestikace zvířat je spojena s ovlivňováním pohybu druhů, krmení, ochrany druhů, chovu, ale nejvíce je spojena s kontrolou chování (Zeder 2012). Domestikovaní savci a druhy chované v zajetí mají na rozdíl od divoce žijících druhů odlišnou a méně rozmanitou mikrobiotu (McKenzie et al. 2017; Ang et al. 2022). Narušení těsně vyvinutých vztahů mezi hostitelem a jeho střevní populací může být patrné kromě člověka také u dalších savců, zejména u těch, kteří jsou vystaveni velkým změnám ve způsobu jejich života (Metcalf et al. 2017).

Dle Ang et al. (2022) vykazovali domácí koně vyšší zastoupení archeí a nižší zastoupení eukaryot a virů. Proto se zdá, že domestikace nebo zajetí souvisí s obohacením o metanogenní druhy, jako je *Methanobrevibacter* a se snížením diverzity bakterií (Ang et al. 2022).

Studie Metcalf et al. (2017) zkoumala účinky domestikace a života v zajetí tak, že porovnávala fekální mikrobiom u nedomestikovaného koně Převalského (*Equus ferus przewalskii*) a u koně domácího (*Equus ferus f. caballus*). Zjistila, že fekální mikrobiom koní Převalského se liší složením a je ve srovnání s domestikovanými koňmi rozmanitější. Mikrobiomy byly fylogeneticky odlišné a s různými poměry taxonů v řádech *Clostridiales*, *Bacteroidales*, *Erysipelotrichales* a *Spirochaetales* (Metcalf et al. 2017). Analýza složení odhalila, že fekální mikrobiomy koní Převalského měly významně vyšší výskyt rodu *Phascolarctobacterium* (řád *Clostridiales*), který je spojen se sukcinátovou dráhou, jejíž konečným produktem je kyselina propionová (Louis et al. 2014). Tyto rozdíly mohou naznačovat, že mikrobioty obou druhů využívají různé dráhy střevního metabolismu. Bylo též zjištěno, že druhové zastoupení rostlin se na pastvách lišilo, avšak diverzita rostlin byla na pastvách podobná. Autoři poukazují na možnost, že rozdíly ve stravě mohou odpovídat za některé rozdíly ve střevní mikrobiotě. Preference pastvy u koní mohou být dalšími přispívajícími faktory a je zapotřebí dalšího výzkumu (Metcalf et al. 2017).

Jednotlivé fekální mikrobiomy koní Převalského měly výrazně rozmanitější konsorcia bakterií ve srovnání s koněm domácím, ačkoli interindividuální variace byly nižší. Je možné, že odlišná dieta koní Převalského podporuje vyšší diverzitu gastrointestinálních mikroorganismů. Další možností je, že diverzita mikroorganismů ve střevech byla ztracena v důsledku domestikace, což odráží ztráty zjištěné u člověka, který během historie svého druhu přešel k zemědělskému a městskému životnímu stylu (Metcalf et al. 2017).

3.3.4.2 Výcvik

Zdraví gastrointestinálního traktu je jedním z klíčových faktorů pro podávání dobrých výkonů u koní ve výcviku, nicméně pouze omezené množství studií zkoumalo střevní mikrobiotu ve vztahu ke cvičení (Garber et al. 2020). Studie Pagan et al. (1998) uvádí, že cvičení mělo za následek významný pokles stravitelnosti sušiny a také snížilo průměrnou dobu její retence v organismu. Jiná studie, Almeida et al. (2016), prokázala, že intenzivní trénink může vyvolat změny ve složení mikrobioty. Vzorky odebrané na začátku experimentálního období byly více podobné vzorkům odebraným na konci studie, během pokusu se ale lišily. To vše naznačuje, že se střevní mikrobiota přizpůsobuje náročnosti cvičení a že právě změny ve fyzické námaze mohou být důležitějším faktorem při ovlivňování mikrobioty ve srovnání s cvičením jako takovým (Almeida et al. 2016).

Studie Mach et al. (2020) zkoumala mikrobiotu sportovních koní a prokázala, že odchýlení střevní mikrobioty u zdravých sportovních koní krmených stejnou krmnou dávkou a chovaných ve stejné jezdecké škole primárně souvisela s jezdeckým zaměřením. Fyzické a psychické stresory byly pravděpodobně hlavními proměnnými, které ovlivňovaly mikrobiální populace u jedinců chovaných pro drezuru a skoky. Populace si také byli podobnější než u koní chovaných pro všestrannost. Autoři uvedli, že tyto typy stresorů jsou ve skutečnosti způsobeny přílišným využíváním koní během soutěží. Jedná se zejména o nedostatečnou regeneraci, stání v uzavřených boxech, konzumaci suchých koncentrovaných krmiv a přeprava na dlouhé vzdálenosti (Mach et al. 2020).

Dle Plancade et al. (2019) nelze využít složení mikrobioty jako biomarker pro predikci výkonu jedince, protože nekorelovala s biochemickými a metabolomickými krevními

parametry během závodů ve vytrvalosti. Další výzkum prokazující spojení mezi střevní mikrobiotou a cvičením by umožnil budoucí manipulaci s mikrobiotou za účelem zvýšení sportovního výkonu (Plancade et al. 2019). Otázkou zůstává, jak daleko jsou trenéři koní ochotni zajít pro zlepšení výkonu u koní.

3.3.4.3 Obezita a metabolický syndrom

V poslední době se u koní čím dál tím častěji setkáváme s vyšší mírou obezity. Metabolický syndrom je považován za klíčový problém (Elzinga et al. 2016), protože může vést ke stavu dysregulace a rezistence na inzulín, zvýšenému riziku laminitidy (Johnson 2002), intoleranci tepla, snížené výkonnosti a problémům s klouby (Biddle et al. 2018). Krmná dávka patří mezi hlavní hnací faktory rozvoje obezity i metabolického syndromu. Obě onemocnění jsou úzce propojena s managementem výživy koní, konkrétně s krmivem, která jsou bohatá na živiny (Morrison et al. 2018). Vzhledem k tomu, že strava též ovlivňuje gastrointestinální mikrobiální populaci, obezita a metabolický syndrom souvisejí i s mikroorganismy ve střevech. Na druhou stranu složení střevní mikrobioty ovlivňuje efektivitu využití energie ze stravy, potažmo dostupnost přebytečné energie pro skladování, a nakonec rozvoj obezity (Morrison et al. 2018; Durham et al. 2019).

Studie Biddle et al. (2018) identifikovala rozdíly v mikrobiomu koní s kachexií, dobrou kondicí a obezitou, které souvisely s krevními analyty spojenými s výživným stavem. Poměr kmenů *Firmicutes* a *Bacteroidetes* a rozmanitost mikrobioty byly vyšší u obézních koní ve srovnání s jedinci s kachexií a průměrným výživným stavem. Metadata shromážděná od každého koně zahrnovala stravu, která byla kategorizována během analýzy. Studie však nekontrolovala stravu, o které je známo, že primárně ovlivňuje mikrobiální složení (krmná dávka bohatá na koncentrované krmivo s vysokým obsahem škrobu) (Biddle et al. 2018).

Jiná studie, Elzinga et al. (2016), zaznamenala rozdíly mezi jedinci s metabolickým syndromem a zdravými koňmi v celkové struktuře mikrobiálních populací. Metabolický syndrom koní souvisel se zvýšeným výskytem *Clostridium* cluster XI, populacemi kmene *Verrucomicrobia*, *Lactobacillus*, *Cellulosilyticum* a *Elusimicrobium* a sníženým počtem čeledí *Lachnospiraceae*, *Flavobacteriaceae* a *Rhodospirillaceae*, *Fimentrobacter* a *Anaberovoraxer*. Kromě toho vykazovali koně s metabolickým syndromem snížení fekální mikrobiální diverzity. Ačkoli tato studie identifikovala rozdíly ve složení fekálního mikrobiomu mezi zdravými a nemocnými jedinci, není známo, zda tyto rozdíly přetrvávají, pokud jsou koně s kachexií a obezitou krmeni stejnou stravou (Elzinga et al. 2016).

Morrison et al. (2018) provedli studii s jedním plemenem pony. Hlavní hypotézou bylo, že fekální mikrobiom koní s obezitou bude mít rozmanitější zastoupení bakteriálních druhů, což je v souladu se studií Biddle et al. (2018). Nicméně výsledky studie Morrison et al. (2018) odhalily zvýšenou četnost kmenů *Bacteroidetes* a *Actinobacteria* ve skupině koní s obezitou, zatímco studie Biddle et al. (2018) uvádí pokles výše uvedených taxonů. Tyto rozdíly by mohly být způsobeny heterogennější populací a rozmanitější stravou ve studii Biddle et al. (2018). Kulecka et al. (2016) prokázali, že u jiných živočišných druhů, konkrétně u myší, zmírnila obézním zvířatům fekální transplantace od zdravých jedinců s normální tělesnou hmotností symptomy metabolického syndromu. Tento výsledek naznačuje, že mikrobiom může hrát důležitou roli ve fyziologii regulace hmotnosti. Manipulace se střevním mikrobiomem pomocí

fekálních transplantací u koňovitých vyžaduje další zkoumání, aby se zjistilo, zda jsou podobné účinky evidentní (Garber et al. 2020).

3.3.4.4 Sociální interakce

Dle Costa et al. (2012) hrají sociální interakce důležitou roli při vytváření střevního mikrobiomu a tento faktor by měl být brán v úvahu při interpretaci studií střevní mikrobioty.

Ve studii Antwis et al. (2018) byl popsán vliv sociálních interakcí na mikrobiální složení semiferálních poníků. Sociální chování, jako je např. grooming, ke kterému dochází mezi členy stejného stáda, poskytuje jednotlivcům příležitosti ke sdílení mikrobiálních populací. Navíc těsná prostorová blízkost také podporuje sdílení střevních mikrobiomů prostřednictvím kontaktu s nedávno vyloučenými výkaly, včetně potenciální koprofágie (Ransom, Cade 2009). Je tedy pravděpodobné, že se mikrobiomy jedinců s úzkými sociálními vazbami budou sbližovat a specifické interakce (tj. matka-potomek a hřebec-klisna) vedou k podobným mikrobiomům. To dále podporuje hypotézu, že jednotlivci ovlivňují složení mikrobiomu sobě navzájem, a nakonec i skupině. Hlavním prediktorem složení mikrobiomu však zůstává individuální mikrobiální identita. Afiliativní chování se vyskytuje častěji mezi matkami a jejich potomky než mezi hříbaty a cizími klisnami, ale vertikální přenos mikrobiomů mezi matkami a jejich hříbaty může proběhnout i během porodu a kojení (Dominguez-Bello et al. 2010; Duranti et al. 2017; Meehan et al. 2018).

Hřebci zaujímají ve skupině ústřední společenskou roli (Stanley et al. 2018), což se odráží ve větší podobnosti mikrobiomů mezi hřebci a klisnami (než mezi klisnami navzájem). Není jasné, zda je konvergence mikrobiomů způsobena hřebcem, klisnou, nebo na to mají vliv obě pohlaví, nicméně jedná se s velkou pravděpodobností o důsledek afiliativního chování mezi hřebci a klisnami (včetně připouštění). Další možností je kontakt hřebce s trusem klisen (Shultz, Stanley 2012; Stanley et al. 2018). Bylo by také zajímavé porovnat složení mikrobiomů ve skupinách odrostlých hřebců (bachelor groups) se složením hřebců v harémech, abychom mohli určit potenciál klisen měnit hřebčí mikrobiomy (Antwis et al. 2018).

3.3.4.5 Odstav

Odstav patří mezi jednu z nejvíce stresujících událostí v životě koní (Erber et al. 2012). Proces umělého odstavu je spojený s dočasnými potenciálními psychologickými, fyziologickými a nutričními stresory a může mít za následek zvýšenou frekvenci vokalizace, změnu chování během krmení, podrážděnost, úzkost, agresivitu a neochotu si hrát. U mnohých hříbat lze zaznamenat zvýšené hladiny glukokortikoidů, změny srdeční frekvence a tělesné teploty, stejně jako zpomalení růstu (Waran et al 2008; Henry et al. 2012).

Ve studii Mach et al. (2017) bylo analyzováno složení střevní mikrobioty ve vztahu ke dvěma různými metodám odstavu u hříbat (metoda postupného odstavu a metoda náhlého odstavu). Na základě hladin kortizolu ve slinách byl stupeň stresu jasně vyšší u hříbat, která byla odstavována metodou náhlého odstavu. Nicméně Erber et al. (2012) uvádějí zvýšené uvolňování kortizolu po delší dobu u postupného odstavu na rozdíl od hříbat, která byla odstavována náhle. Střevní mikrobiota byla ovlivněna odstavem jako takovým bez ohledu na metodu odstavu. Nejvýraznější změny byly zaznamenány třetí den po odstavu. Vzrostly relativní abundance rodů *Prevotella*, *Oscillibacter*, *Streptococcus*, *Anaerovibrio* a

Lactobacillus, zatímco relativní abundance rodů *Fibrobacter*, *Clostridium* XIVa, *Treponemococcus*, *Ruminococcus* a blíže nespecifikovaných zástupců čeledi *Lachnospiraceae* se snížily. Mikrobiota se vrátila do relativní stability za sedm dní. Autoři též uvádí, že změny pozorované po odstavení mohly souviset se stresem (Mach et al. 2017). Naopak Lindenberg et al. (2019) uvádějí, že odstavení nemělo zásadní vliv na mikrobiální složení.

Na základě rozdílů mezi studii tedy nelze jednoznačně dospět k závěru ohledně vlivu odstavení. K nejvýznamnějším změnám v mikrobiálním složení však dochází během prvních dvou měsíců před odstavením, což odpovídá období, kdy se hříbata začínají krmit stravou bohatou na vlákninu (Garber et al. 2020).

3.3.4.6 Přeprava

Koně jsou často přepravováni za různými účely, například po zakoupení, na závody a trénink, za účelem reprodukce nebo cesty z důvodu veterinárního ošetření (Faubladiet et al. 2013). Perry et al. (2018) předpokládají, že stres způsobený cestováním přispívá k různým zdravotním komplikacím, včetně gastrointestinálních, behaviorálních a respiračních problémů. Mezi takový stres patří změny teploty a vlhkosti, špatná kvalita vzduchu, fyzická náročnost nebo omezení příjmu krmiva a vody (Perry et al. 2018).

Faubladiet et al. (2013) studovali účinky suplementace kvasinkami na fekální mikrobiom u koní vystavených dvouhodinové přepravě. Počet streptokoků byl ovlivněn transportem, zatímco koncentrace celulólytických bakterií, bakterií využívajících kyselinu mléčnou a zástupců rodu *Lactobacillus* zůstala nezměněna. Suplementace kvasinkami dokonce vedla k vyšším koncentracím u bakterií využívajících kyselinu mléčnou (Faubladiet et al. 2013).

Schoster et al. (2016) uvedli, že 12 hodin po převozu, který trval jednu hodinu, měli koně snížený výskyt zástupců třídy *Clostridia* a řádu *Rickettsiales* ve srovnání s výchozí hodnotou před transportem, zatímco indexy diverzity se nezměnily.

Ve studii Perry et al. (2018) byla druhová rozmanitost a rovnoměrnost rozptýlení taxonů po transportu snížena ve srovnání s výchozí hodnotou před transportem. Ve srovnání s výchozí hodnotou se však diverzita snížila i v kontrolní skupině koní. Autoři studie si tento jev vysvětlují tak, že kontrolní jedinci byli ovlivněni návratem sledované skupiny koní do stáje. Na úrovni genetické podobnosti přítomných taxonů nebyl pozorován žádný vliv transportu. Na individuální taxonomické úrovni se po přepravě významně snížilo zastoupení kmenu *Bacteroidetes* pouze ve sledované skupině. Ostatní taxony byly též ovlivněny, nicméně pouze velmi málo. Tyto změny zahrnují zvýšení acidofilních *Lactobacillus* a *Streptococcus* spp. během cestování. Nedostatek rozdílů mezi sledovanou a kontrolní skupinou může být způsoben stresem z odloučení jednotlivých skupin. Ze studie však nelze vždy vyloučit další faktory, navíc v managementu chovu koní se změny, které mohou ovlivnit mikrobiom, nedějí izolovaně (např. přeprava souvisí se změnou teploty, vlhkosti, kvality vzduchu, režimu krmení) (Perry et al. 2018).

3.3.4.7 Prostředí

Salem et al. (2018) jako první studovali sezónní variace ve fekálním mikrobiomu koní. Management chovu byl nastaven s minimálními změnami, přičemž koně byli po dobu 12 měsíců drženi na pastvě. Pouze během pár měsíců v roce, kdy travní porost nestačil k zajištění

dostatečné výživy zvířat, dostávali koně doplňkovou senáž *ad libitum*. Studie zjistila, že roční období, počasí (teplota a srážky) a senáž navíc byly spojeny se změnami v mikrobiální populaci. Zajímavý byl vliv počasí, který mohl být způsoben buď přímou korelací mezi povětrnostními podmínkami a druhy krmiva, které jsou pro koně k dispozici, nebo vlivem počasí na složení bakterií v prostředí (v půdě a trávě nebo senážní mikrobiota). Změny ve složení půdních mikrobiálních populací byly spojeny se změnami povětrnostních podmínek (Salem et al. 2018). Cruz-Martínez et al. (2012) zkoumali vliv dešťových srážek na půdní mikrobiální populace travních porostů a uvádí významný vliv půdní vlhkosti a teploty na složení přidružených mikrobiálních populací. Bakterie z prostředí požitá s krmivem mohou přežít enzymatické trávení v žaludku a tenkém střevě a mohou kolonizovat tlusté střevo, což vede ke změnám ve střevní mikrobiotě (Cruz-Martínez et al. 2012). Studie David et al. (2014) tuto informaci potvrdila na lidech, u kterých byly ve fekální mikrobiotě indentifikovány mikrobi přenášené na potravinách. Zde se opět nachází prostor pro další studie, které by se zaměřily čistě na populace koní (David et al. 2014).

Výsledky studie Salem et al. (2018) naznačují, že mikrobiom střeva je vysoce dynamický a reaguje na změny prostředí. Studie považuje kolísání stavu mikrobioty v důsledku výkyvu počasí a stravy za normální. V dalších krocích výzkumu by bylo třeba zjistit, zda jsou tyto výsledky konzistentní v průběhu sezon, délka výzkumu by se ideálně posunula na alespoň 24 až 36 měsíců (Salem et al. 2018).

Kromě přírodních vlivů se na prostředí, ve kterém koně žijí, podílí hlavně člověk. Jeho úkolem je dbát na welfare chovu koní a vytvořit pro koně dobré životní podmínky. Mezi ně patří zejména oprostění od hladu, žízně a podvýživy, nepohodlí, bolesti nebo strachu. Dále je potřeba umožnit koním projevit svoje přirozené chování. Všechny tyto okolnosti patří mezi tzv. pět svobod a jejich dodržováním v chovu umožňujeme koním žít spokojený život. Naopak při jejich porušování mohou koně trpět a jak již bylo zmíněno výše, spousta vnějších faktorů, které mimo jiné souvisí s dodržováním pěti svobod, mají vliv na mikrobiotu střeva koní (Webster 2001; Chen et al. 2021).

3.4 Využití metod hodnocení mikrobioty pro účely zoorehabilitace

3.4.1 Zoorehabilitace

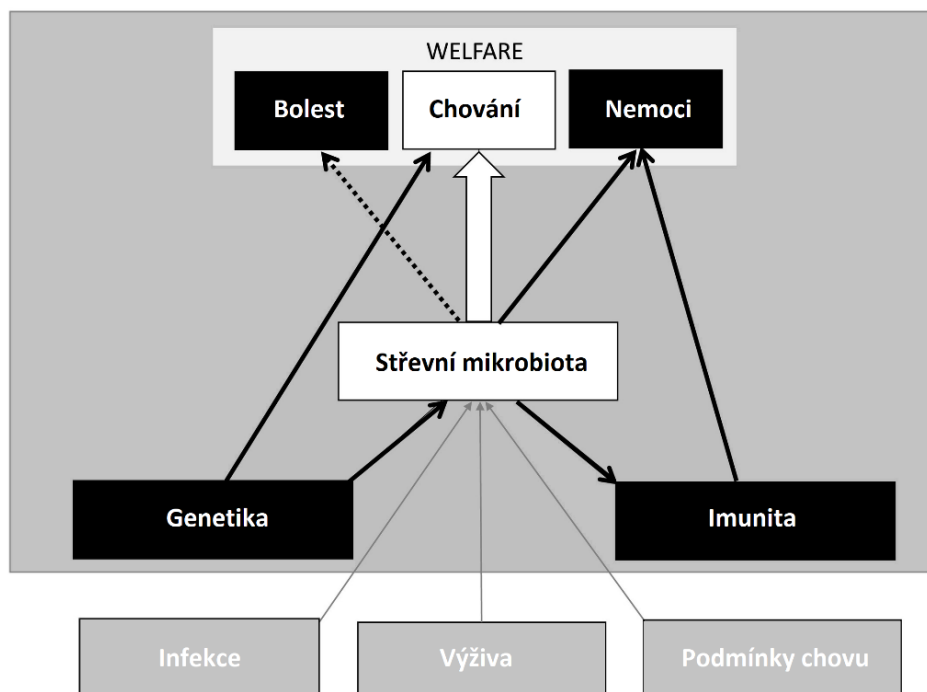
Americká asociace pro hipoterapii (American Hippotherapy Association, AHA) dělí aktivity a terapie za účasti koní (equine-assisted activities and therapies, EAAT) na dvě kategorie intervencí, konkrétně na aktivity za účasti koní (equine-assisted activities, EAA) a na terapii za účasti koní (equine-assisted therapy, EAT). AHA definuje EAA jako specifické aktivity, ve kterých se setkává kůň, klient a daný odborník. EAA zahrnuje v českém názvosloví hiporehabilitaci v pedagogické a sociální praxi a parajezdecktví. U EAT se jedná o terapii, tudíž odborníkem musí být kvalifikovaný zdravotník. Během hipoterapie ve fyzioterapii a ergoterapii se jedná o fyzioterapeuta nebo ergoterapeuta, během hipoterapie v psychiatrii a psychologii se jedná na psychiatra nebo psychologa. EAAT tedy zahrnuje rozmanitou škálu intervencí za účasti koní (Koca, Ataseven 2016; McDaniel Peters, Wood 2017).

AHA uvádí, že pro bezpečný průběh hiporehabilitace nebo hipoterapie musí být koně zdraví a dobře vycvičení dle specializace. Je potřeba, aby koně byli klidní a vyrovnaní i

v situacích, kdy se v jejich blízkosti vyskytují cizí lidé, neznámé zvuky nebo pachy. To vše se dá zajistit výběrem správného jedince, který bude mít povahu vhodnou pro zoorehabilitaci, zvládnutý speciální výcvik a dobrou fyzickou i psychickou kondici. Zároveň je potřeba, aby koně netrápily žádné vnitřní stresory, které mohou souviset s managementem chovu (např. změny ve střevní mikrobiotě z důvodu nevhodné krmné dávky, použití krmných doplňkových látek, léčiv nebo nevhodného ustájení). Proto by mělo být naprostým základem dodržování welfare koní jak v běžném chovu, tak během terapií (Ferlazzo et al. 2023).

3.4.2 Souvislost mikrobioty a reaktivity koní

Dle Kraimi et al. (2019) má mikrobiota tlustého střeva vliv nejen na imunitu, růst, metabolismus, ale také na vývoj mozku a chování. V této problematice velmi dominuje pojem osa mikrobiota-střevo-mozek (Microbiota Gut-Brain Axis, MGBA). Jedná se o komplexní obousměrnou komunikační síť mezi centrálním a enterickým nervovým systémem. Tento systém propojuje emoční a kognitivní centra mozku s periferními střevními funkcemi (Carabotti et al. 2015). Vliv MGBA nemá za následek pouze patologické stavy, vliv osy je možné zaznamenat i u zdravých zvířat. Naopak složení mikrobioty se může modifikovat i stresujícími situacemi, které se v chovu vyskytují a daná modifikace má dále potenciál zesílit negativní účinky stresu. Tím se kůň dostává do situace, ve které jeden problém umocňuje druhý. Proto je potřeba v chovech dbát na to, aby různé faktory negativně neovlivňovaly mikrobiotu. Veškeré vlivy jsou znázorněny na Obrázku 1 (Kraimi et al. 2019).



Obrázek 1 Střevní mikrobiota jako klíčový činitel pro dobré životní podmínky zvířat (Kraimi et al. 2019).

Během studie Destrez et al. (2015) obsahovala krmná dávka koní nižší množství sena, než je minimální doporučené množství a vyšší množství škrobu než maximální doporučené množství. Tato dieta vyvolala změny v mikrobiotě, autoři zjistili zvýšení koncentrace celkových anaerobních bakterií, bakterií využívajících kyselinu mléčnou a amylolytických

bakterií. Dieta měla vliv na koncentrace krvinek, konkrétně na zvýšení počtu granulocytů (Destrez et al. 2015). Broom (2006) předpokládal, že stres může u zvířat vyvolat řadu reakcí, včetně imunologických reakcí, které například zahrnují právě proliferaci a aktivaci granulocytů. Autoři studie Destrez et al. (2015) tedy označují krmnou dávku, kterou ve studii použili, za spouštěče alimentárního stresu koní. Tento stres také změnil chování koní v boxech kvůli tomu, že trávili méně času příjmem potravy a více času odpočívání, což může bez dostatečného enrichmentu vyvolat stereotypní chování. Další ukazatelem stresu byl neklid koní a přílišná ostražitost, která se po zkrmování této krmné dávky také zvýšila (Destrez et al. 2015).

I výsledky studie Bulmer et al. (2019) ukazují jasnou souvislost mezi stravou, složením fekálních mikrobiálních populací a chováním. Koně krmení krmnou dávkou s vysokým obsahem škrobu byli ostražitější a reaktivnější. Nárůst reaktivního chování může způsobit, že koně budou méně předvídatelní a bude obtížnější s nimi manipulovat. Autoři zaznamenali vzestup bakterií produkujících kyselinu mléčnou u koní krmených krmnou dávkou s vysokým obsahem škrobu. Tento vzestup je spojen s poklesem fibrolytických bakterií (Bulmer et al. 2019). Podobné výsledky přinesla i studie Destrez et al. (2019), která zkoumala souvislost mezi fluktuací mikrobioty tlustého střeva v důsledku dietních změn a změnami v chování, které odráží úzkostné poruchy u koní. Krmné dávky s vysokým obsahem škrobu zvýšily v tlustém střevě amylolytickou aktivitu, a naopak snížily aktivitu fibrolytickou. Přestože autoři nezjistili žádné významné rozdíly v hodnotách pH, pH negativně korelovalo s frekvencí úlekové reakce při testu, ve kterém byl kůň nečekaně vystaven otevření deštníku. Proto když se pH obsahu tlustého střeva snížilo, frekvence úlekové reakce se u tohoto testu zvýšila. Během testu se však neprokázali významné rozdíly v chování, které by byly způsobeny krmnou dávkou s vysokým obsahem škrobu. Tento jev může být způsoben stropním efektem, protože všichni koně vykazovali na náhlé otevření deštníku velmi silné behaviorální reakce (Destrez et al. 2019).

Stejně tak během testu, při kterém koně zkoumali nové předměty, byli jedinci krmení krmnou dávkou s vysokým obsahem škrobu více neklidní a vykazovali výrazně vyšší frekvenci odfrkávání (blowing). Tato frekvence pozitivně korelovala s koncentrací amylolytických bakterií. Takové chování u koní může být považováno za varovné chování a může být spojeno s úzkostí (Destrez et al. 2019).

4 Závěr

Cílem práce bylo shrnout aktuální poznatky o mikrobiotě tlustého střeva koní a faktory, které ovlivňují její složení. Střevní mikrobiota koní hraje klíčovou roli při trávení živin a udržování dobrého zdravotního stavu.

Hlavní vliv na mikrobiotu tlustého střeva má složení krmné dávky, konkrétně poměr objemného a koncentrovaného krmiva. U koní krmených výhradně objemným krmivem byla mikrobiota tlustého střeva rozmanitá, což je pro hostitele přínosné. Naopak krmné dávky s vysokým obsahem škrobu indukují pro hostitele negativní změny v mikrobiotě střeva, ze kterých může vzniknout dysbióza, případně onemocnění, které může mít i fatální následky. Studie také spojují tyto změny s behaviorálním stresem a zvýšenou reaktivitou.

Dalším významným faktorem, který jde ruku v ruce s výživou koní, je jejich domestikace. Domestikovaní koně chovaní v zajetí mají na rozdíl od svých divoce žijících příbuzných odlišnou a méně rozmanitou mikrobiotu. Domácí koně již nežijí jako jejich divocí předkové, lidé je trénují pro účely jezdeckých sportů a hiporehabilitace, přepravují je v uzavřených prostorech na velké vzdálenosti, překrmují je nebo mění jejich sociální uspořádání. To vše má na mikrobiotu významný vliv. Je tedy důležité, abychom kromě užitečnosti těchto zvířat dbali i na welfare chovu.

5 Literatura

- Al Jassim RAM, Andrews FM. 2009. The Bacterial Community of the Horse Gastrointestinal Tract and Its Relation to Fermentative Acidosis, Laminitis, Colic, and Stomach Ulcers. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **25**:199–215.
- Al Jassim RAM, Scott PT, Trebbin AL, Trott D, Pollitt CC. 2005. The genetic diversity of lactic acid producing bacteria in the equine gastrointestinal tract. *FEMS Microbiology Letters* **248**:75–81.
- Alcock J, Maley CC, Aktipis CA. 2014. Is eating behavior manipulated by the gastrointestinal microbiota? Evolutionary pressures and potential mechanisms. *BioEssays* **36**:940–949.
- Alexander F. 1955. FACTORS AFFECTING THE BLOOD SUGAR CONCENTRATION IN HORSES. *Quarterly Journal of Experimental Physiology and Cognate Medical Sciences* **40**:24–31.
- Almeida MLM de et al. 2016. Intense Exercise and Aerobic Conditioning Associated with Chromium or L-Carnitine Supplementation Modified the Fecal Microbiota of Fillies. *PLOS ONE* **11**:e0167108.
- Ang L et al. 2022. Gut Microbiome Characteristics in feral and domesticated horses from different geographic locations. *Communications Biology* **5**:172.
- Antwis RE, Lea JMD, Unwin B, Shultz S. 2018. Gut microbiome composition is associated with spatial structuring and social interactions in semi-feral Welsh Mountain ponies. *Microbiome* **6**:207.
- Argenzio R, Southworth M, Stevens C. 1974. Sites of organic acid production and absorption in the equine gastrointestinal tract. *American Journal of Physiology-Legacy Content* **226**:1043–1050.
- Bailey SR, Baillon M-L, Rycroft AN, Harris PA, Elliott J. 2003. Identification of Equine Cecal Bacteria Producing Amines in an In Vitro Model of Carbohydrate Overload. *Applied and Environmental Microbiology* **69**:2087–2093.
- Bailey SR, Marr CM, Elliott J. 2004. Current research and theories on the pathogenesis of acute laminitis in the horse. *The Veterinary Journal* **167**:129–142.
- Barr BS, Waldridge BM, Morresey PR, Reed SM, Clark C, Belgrave R, Donecker JM, Weigel DJ. 2013. Antimicrobial-associated diarrhoea in three equine referral practices: Antimicrobial-associated diarrhoea in three equine referral practices. *Equine Veterinary Journal* **45**:154–158.
- Bell R, Mogg T, Kingston J. 2007. Equine gastric ulcer syndrome in adult horses: A review. *New Zealand Veterinary Journal* **55**:1–12.

- Berg EL, Fu CJ, Porter JH, Kerley MS. 2005. Fructooligosaccharide supplementation in the yearling horse: Effects on fecal pH, microbial content, and volatile fatty acid concentrations^{1,2}. *Journal of Animal Science* **83**:1549–1553.
- Berg JT, Chambers B, Siegel H, Biddle A. 2017. Equine microbiome project: Understanding differences in the horse gut microbiome related to diet. *Journal of Equine Veterinary Science* **52**:94.
- Bergmann GT, Bates ST, Eilers KG, Lauber CL, Caporaso JG, Walters WA, Knight R, Fierer N. 2011. The under-recognized dominance of Verrucomicrobia in soil bacterial communities. *Soil Biology and Biochemistry* **43**:1450–1455.
- Biddle AS, Black SJ, Blanchard JL. 2013. An In Vitro Model of the Horse Gut Microbiome Enables Identification of Lactate-Utilizing Bacteria That Differentially Respond to Starch Induction. *PLoS ONE* **8**:e77599.
- Biddle AS, Tomb J-F, Fan Z. 2018. Microbiome and Blood Analyte Differences Point to Community and Metabolic Signatures in Lean and Obese Horses. *Frontiers in Veterinary Science* **5**:225.
- Blackmore TM et al. 2013. Strong Stability and Host Specific Bacterial Community in Faeces of Ponies. *PLoS ONE* **8**:e75079.
- Bonhomme-Florentin A. 1988. Degradation of hemicellulose and pectin by horse caecum contents. *British Journal of Nutrition* **60**:185–192.
- Bordin AI, Suchodolski JS, Markel ME, Weaver KB, Steiner JM, Dowd SE, Pillai S, Cohen ND. 2013. Effects of Administration of Live or Inactivated Virulent *Rhodococcus equi* and Age on the Fecal Microbiome of Neonatal Foals. *PLoS ONE* **8**:e66640.
- Broom DM. 2006. Behaviour and welfare in relation to pathology. *Applied Animal Behaviour Science* **97**:73–83.
- Bulmer LS, Murray J-A, Burns NM, Garber A, Wemelsfelder F, McEwan NR, Hastie PM. 2019. High-starch diets alter equine faecal microbiota and increase behavioural reactivity. *Scientific Reports* **9**:18621.
- Cann AJ, Fandrich SE, Heaphy S. 2004. Analysis of the Virus Population Present in Equine Faeces Indicates the Presence of Hundreds of Uncharacterized Virus Genomes. *sw*.
- Carabotti M, Scirocco A, Maselli MA, Severi C. 2015. The gut-brain axis: interactions between enteric microbiota, central and enteric nervous systems. *Annals of Gastroenterology*.
- Clark A, Sallé G, Ballan V, Reigner F, Meynadier A, Cortet J, Koch C, Riou M, Blanchard A, Mach N. 2018. Strongyle Infection and Gut Microbiota: Profiling of Resistant and Susceptible Horses Over a Grazing Season. *Frontiers in Physiology* **9**:272.

- Clarke G, Stilling RM, Kennedy PJ, Stanton C, Cryan JF, Dinan TG. 2014. Minireview: Gut Microbiota: The Neglected Endocrine Organ. *Molecular Endocrinology* **28**:1221–1238.
- Coenen M, Vervuert I. 2010. A minimum of roughage and a maximum of starch – necessary benchmarks for equine diets: *Pferdeheilkunde Equine Medicine* **26**:147–151.
- Collinet A, Grimm P, Julliand S, Julliand V. 2019. Oral administration of antibiotics alters fecal ecosystem of adult horses in the long-term. *Journal of Equine Veterinary Science* **76**:94.
- Conway de Macario E, Macario A. 2009. Methanogenic archaea in health and disease: A novel paradigm of microbial pathogenesis. *International Journal of Medical Microbiology* **299**:99–108.
- Costa MC, Stämpfli HR, Allen-Vercoe E, Weese JS. 2016. Development of the faecal microbiota in foals. *Equine Veterinary Journal* **48**:681–688.
- Costa MC, Silva G, Ramos RV, Staempfli HR, Arroyo LG, Kim P, Weese JS. 2015. Characterization and comparison of the bacterial microbiota in different gastrointestinal tract compartments in horses. *The Veterinary Journal* **205**:74–80.
- Costa MC, Stämpfli HR, Arroyo LG, Allen-Vercoe E, Gomes RG, Weese J. 2015. Changes in the equine fecal microbiota associated with the use of systemic antimicrobial drugs. *BMC Veterinary Research* **11**:19.
- Costa MC, Arroyo LG, Allen-Vercoe E, Stämpfli HR, Kim PT, Sturgeon A, Weese JS. 2012. Comparison of the Fecal Microbiota of Healthy Horses and Horses with Colitis by High Throughput Sequencing of the V3-V5 Region of the 16S rRNA Gene. *PLoS ONE* **7**:e41484.
- Costa MC, Weese JS. 2012. The equine intestinal microbiome. *Animal Health Research Reviews* **13**:121–128.
- Costa MC, Weese JS. 2018. Understanding the Intestinal Microbiome in Health and Disease. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **34**:1–12.
- Coverdale JA. 2016. HORSE SPECIES SYMPOSIUM: Can the microbiome of the horse be altered to improve digestion?1,2. *Journal of Animal Science* **94**:2275–2281.
- Cruz-Martínez K, Rosling A, Zhang Y, Song M, Andersen GL, Banfield JF. 2012. Effect of Rainfall-Induced Soil Geochemistry Dynamics on Grassland Soil Microbial Communities. *Applied and Environmental Microbiology* **78**:7587–7595.
- Cryan JF, Dinan TG. 2012. Mind-altering microorganisms: the impact of the gut microbiota on brain and behaviour. *Nature Reviews Neuroscience* **13**:701–712.

- Curtis L, Burford JH, England GCW, Freeman SL. 2019. Risk factors for acute abdominal pain (colic) in the adult horse: A scoping review of risk factors, and a systematic review of the effect of management-related changes. *PLOS ONE* **14**:e0219307.
- Daly K, Stewart CS, Flint HJ, Shirazi-Beechey SP. 2001. Bacterial diversity within the equine large intestine as revealed by molecular analysis of cloned 16S rRNA genes. *FEMS Microbiology Ecology*.
- Daniels S, Leng, Ellis, Swann, Moore-Colyer, Proudman. 2017. The Effect of Moxidectin Treatment on the Equine Hind Gut Microbiome, Metabonome and Feed Fermentation Kinetics in Horses with Very Low Parasite Burdens. *Equine Veterinary Education* **29**:6–6.
- David LA et al. 2014. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature* **505**:559–563.
- de Fombelle A, Julliand V, Drogoul C, Jacotot E. 2001. Feeding and microbial disorders in horses: 1-effects of an abrupt incorporation of two levels of barley in a hay diet on microbial profile and activities. *Journal of Equine Veterinary Science* **21**:439–445.
- De GRAAF-ROELFSEMA E, Keizer HA, Wijnberg ID, Van Der KOLK JH. 2010. The incidence and severity of gastric ulceration does not increase in overtrained Standardbred horses: Incidence of gastric ulcers during overtraining. *Equine Veterinary Journal* **42**:58–61.
- Desrochers AM, Dolente BA, Roy M-F, Boston R, Carlisle S. 2005. Efficacy of *Saccharomyces boulardii* for treatment of horses with acute enterocolitis. *Journal of the American Veterinary Medical Association* **227**:954–959.
- Destrez A, Grimm P, Cézilly F, Julliand V. 2015. Changes of the hindgut microbiota due to high-starch diet can be associated with behavioral stress response in horses. *Physiology & Behavior* **149**:159–164.
- Destrez A, Grimm P, Julliand V. 2019. Dietary-induced modulation of the hindgut microbiota is related to behavioral responses during stressful events in horses. *Physiology & Behavior* **202**:94–100.
- Dijkerman R, Op den Camp HJM, Van der Drift C, Vogels GD. 1997. The role of the cellulolytic high molecular mass (HMM) complex of the anaerobic fungus *Piromyces* sp. strain E2 in the hydrolysis of microcrystalline cellulose. *Archives of Microbiology* **167**:137–142.
- Dominguez-Bello MG, Costello EK, Contreras M, Magris M, Hidalgo G, Fierer N, Knight R. 2010. Delivery mode shapes the acquisition and structure of the initial microbiota across multiple body habitats in newborns. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **107**:11971–11975.

- Dougal K, de la Fuente G, Harris PA, Girdwood SE, Pinloche E, Newbold CJ. 2013. Identification of a Core Bacterial Community within the Large Intestine of the Horse. *PLoS ONE* **8**:e77660.
- Dougal K, de la Fuente G, Harris PA, Girdwood SE, Pinloche E, Geor RJ, Nielsen BD, Schott HC, Elzinga S, Newbold CJ. 2014. Characterisation of the Faecal Bacterial Community in Adult and Elderly Horses Fed a High Fibre, High Oil or High Starch Diet Using 454 Pyrosequencing. *PLoS ONE* **9**:e87424.
- Dougal K, Harris PA, Edwards A, Pachebat JA, Blackmore TM, Worgan HJ, Newbold CJ. 2012. A comparison of the microbiome and the metabolome of different regions of the equine hindgut. *FEMS Microbiology Ecology* **82**:642–652.
- Duranti S et al. 2017. Maternal inheritance of bifidobacterial communities and bifidophages in infants through vertical transmission. *Microbiome* **5**:66.
- Durham AE. 2009. The Role of Nutrition in Colic. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **25**:67–78.
- Durham AE, Frank N, McGowan CM, Menzies-Gow NJ, Roelfsema E, Vervuert I, Feige K, Fey K. 2019. ECEIM consensus statement on equine metabolic syndrome. *Journal of Veterinary Internal Medicine* **33**:335–349.
- Dyer J, Al-Rammahi M, Waterfall L, Salmon KSH, Geor RJ, Bouré L, Edwards GB, Proudman CJ, Shirazi-Beechey SP. 2009. Adaptive response of equine intestinal Na⁺/glucose co-transporter (SGLT1) to an increase in dietary soluble carbohydrate. *Pflügers Archiv - European Journal of Physiology* **458**:419–430.
- Elghandour MMY, Kholif AE, López S, Mendoza GD, Odongo NE, Salem AZM. 2016. In Vitro Gas, Methane, and Carbon Dioxide Productions of High Fibrous Diet Incubated With Fecal Inocula From Horses in Response to the Supplementation With Different Live Yeast Additives. *Journal of Equine Veterinary Science* **38**:64–71.
- Elzinga SE, Weese JS, Adams AA. 2016. Comparison of the Fecal Microbiota in Horses With Equine Metabolic Syndrome and Metabolically Normal Controls Fed a Similar All-Forage Diet. *Journal of Equine Veterinary Science* **44**:9–16.
- Erber R, Wulf M, Rose-Meierhöfer S, Becker-Birck M, Möstl E, Aurich J, Hoffmann G, Aurich C. 2012. Behavioral and physiological responses of young horses to different weaning protocols: A pilot study. *Stress* **15**:184–194.
- Ericsson AC, Johnson PJ, Lopes MA, Perry SC, Lanter HR. 2016. A Microbiological Map of the Healthy Equine Gastrointestinal Tract. *PLOS ONE* **11**:e0166523.

- Everard A et al. 2013. Cross-talk between *Akkermansia muciniphila* and intestinal epithelium controls diet-induced obesity. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **110**:9066–9071.
- Faubladier C, Chaucheyras-Durand F, da Veiga L, Julliand V. 2013. Effect of transportation on fecal bacterial communities and fermentative activities in horses: Impact of *Saccharomyces cerevisiae* CNCM I-1077 supplementation1. *Journal of Animal Science* **91**:1736–1744.
- Faubladier C, Sadet-Bourgeteau S, Philippeau C, Jacotot E, Julliand V. 2014. Molecular monitoring of the bacterial community structure in foal feces pre- and post-weaning. *Anaerobe* **25**:61–66.
- Ferlazzo A, Fazio E, Cravana C, Medica P. 2023. Equine-assisted services: An overview of current scientific contributions on efficacy and outcomes on humans and horses. *Journal of Veterinary Behavior* **59**:15–24.
- Fricke WF et al. 2015. Type 2 immunity-dependent reduction of segmented filamentous bacteria in mice infected with the helminthic parasite *Nippostrongylus brasiliensis*. *Microbiome* **3**:40.
- Fuerst JA. 2013. The PVC superphylum: exceptions to the bacterial definition? *Antonie van Leeuwenhoek* **104**:451–466.
- Garber A, Hastie P, Murray J-A. 2020. Factors Influencing Equine Gut Microbiota: Current Knowledge. *Journal of Equine Veterinary Science* **88**:102943.
- Garrett LA, Brown R, Poxton IR. 2002. A comparative study of the intestinal microbiota of healthy horses and those suffering from equine grass sickness. *Veterinary Microbiology* **87**:81–88.
- Gibson GR, Fuller R. 2000. Aspects of In Vitro and In Vivo Research Approaches Directed Toward Identifying Probiotics and Prebiotics for Human Use. *The Journal of Nutrition* **130**:391S-395S.
- Gibson GR et al. 2017. Expert consensus document: The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of prebiotics. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology* **14**:491–502.
- Glatter M et al. 2016. Fermentation Characteristics along the Gastrointestinal Tract after Feeding of Jerusalem Artichoke Meal to Adult Healthy Warmblood Horses.
- Gobesso AAO, Pombo GV, Costa RL, Pereira YS, Feltre K. 2018. Effect of yeast supplementation on digestibility, fecal microbiota and serum endotoxin levels in non-exercising and exercising horses. *Livestock Science* **215**:21–24.

- Golomidova A, Kulikov E, Isaeva A, Manykin A, Letarov A. 2007. The Diversity of Coliphages and Coliforms in Horse Feces Reveals a Complex Pattern of Ecological Interactions. *Applied and Environmental Microbiology* **73**:5975–5981.
- Goodson J, Tyznik WJ, Cline JH, Dehority BA. 1988. Effects of an abrupt diet change from hay to concentrate on microbial numbers and physical environment in the cecum of the pony. *Applied and Environmental Microbiology* **54**:1946–1950.
- Grimm P, Julliand V, Philippeau C, Sadet-Bourgeteau S. 2016. Effect of yeast supplementation on hindgut microbiota and digestibility of horses subjected to an abrupt change of hays. *Livestock Science* **186**:34–40.
- Grimm P, Philippeau C, Julliand V. 2017. Faecal parameters as biomarkers of the equine hindgut microbial ecosystem under dietary change. *Animal* **11**:1136–1145.
- Gürelli G, Göçmen B. 2012. Intestinal ciliate composition found in the feces of racing horses from Izmir, Turkey. *European Journal of Protistology* **48**:215–226.
- Hansen NCK, Avershina E, Mydland LT, Næsset JA, Austbø D, Moen B, Måge I, Rudi K. 2015. High nutrient availability reduces the diversity and stability of the equine caecal microbiota. *Microbial Ecology in Health & Disease* **26**. Available from <http://www.microbecolhealthdis.net/index.php/mehd/article/view/27216> (accessed December 24, 2022).
- Harhangi HR et al. 2003. Cel6A, a major exoglucanase from the cellulosome of the anaerobic fungi *Piromyces* sp. E2 and *Piromyces equi*. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Structure and Expression* **1628**:30–39.
- Harlow BE, Donley TM, Lawrence LM, Flythe MD. 2015. Effect of starch source (corn, oats or wheat) and concentration on fermentation by equine faecal microbiota *in vitro*. *Journal of Applied Microbiology* **119**:1234–1244.
- Harlow BE, Lawrence LM, Flythe MD. 2013. Diarrhea-associated pathogens, lactobacilli and cellulolytic bacteria in equine feces: Responses to antibiotic challenge. *Veterinary Microbiology* **166**:225–232.
- Harlow BE, Lawrence LM, Hayes SH, Crum A, Flythe MD. 2016. Effect of Dietary Starch Source and Concentration on Equine Fecal Microbiota. *PLOS ONE* **11**:e0154037.
- Harris P, Dunnett C. 2018. Nutritional tips for veterinarians. *Equine Veterinary Education* **30**:486–496.
- Harris PA, Ellis AD, Fradinho MJ, Jansson A, Julliand V, Luthersson N, Santos AS, Vervuert I. 2017. Review: Feeding conserved forage to horses: recent advances and recommendations. *Animal* **11**:958–967.

- Heaton CP, Cavinder CA, Paz H, Rude BJ, Smith T, Memili E, Harris P, Liburt N, Krotky A. 2019. Are prebiotics beneficial for digestion in mature and senior horses? *Journal of Equine Veterinary Science* **76**:87–88.
- Heilig HGJ, Zoetendal EG, Vaughan EE, Marteau P, Akkermans ADL, de Vos WM. 2002. Molecular Diversity of *Lactobacillus* spp. and Other Lactic Acid Bacteria in the Human Intestine as Determined by Specific Amplification of 16S Ribosomal DNA. *Applied and Environmental Microbiology* **68**:114–123.
- Henry S, Zanella AJ, Sankey C, Richard-Yris M-A, Marko A, Hausberger M. 2012. Adults may be used to alleviate weaning stress in domestic foals (*Equus caballus*). *Physiology & Behavior* **106**:428–438.
- Hesta M, Costa M. 2021. How Can Nutrition Help with Gastrointestinal Tract–Based Issues? *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **37**:63–87.
- Hillyer MH, Taylor FGR, Proudman CJ, Edwards GB, Smith JE, French NP. 2010. Case control study to identify risk factors for simple colonic obstruction and distension colic in horses. *Equine Veterinary Journal* **34**:455–463.
- Hintz HF, Cymbaluk NF. 1994. *Nutrition of the Horse*:25.
- Hoffman RM, Lawrence LA, Kronfeld DS, Cooper WL, Sklan DJ, Dascanio JJ, Harris PA. 1999. Dietary carbohydrates and fat influence radiographic bone mineral content of growing foals. *Journal of Animal Science* **77**:3330.
- Horn R, Bamford NJ, Afonso T, Sutherland M, Buckerfield J, Tan RHH, Secombe CJ, Stewart AJ, Bertin FR. 2019. Factors associated with survival, laminitis and insulin dysregulation in horses diagnosed with equine pituitary pars intermedia dysfunction. *Equine Veterinary Journal* **51**:440–445.
- Hudson JM, Cohen ND, Gibbs PG, Thompson JA. 2001. Feeding practices associated with colic in horses. *Journal of the American Veterinary Medical Association* **219**:1419–1425.
- Chapman AM. 2009. Acute Diarrhea in Hospitalized Horses. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **25**:363–380.
- Chaucheyras-Durand F, Durand H. 2010. Probiotics in animal nutrition and health. *Beneficial Microbes* **1**:3–9.
- Chen S, Luo S, Yan C. 2021. Gut Microbiota Implications for Health and Welfare in Farm Animals: A Review. *Animals* **12**:93.
- Jakobsson HE, Rodríguez-Piñeiro AM, Schütte A, Ermund A, Boysen P, Bemark M, Sommer F, Bäckhed F, Hansson GC, Johansson ME. 2015. The composition of the gut microbiota shapes the colon mucus barrier. *EMBO reports* **16**:164–177.

- Jalanka-Tuovinen J, Salonen A, Nikkilä J, Immonen O, Kekkonen R, Lahti L, Palva A, de Vos WM. 2011. Intestinal Microbiota in Healthy Adults: Temporal Analysis Reveals Individual and Common Core and Relation to Intestinal Symptoms. *PLoS ONE* **6**:e23035.
- Johnson PJ. 2002. The equine metabolic syndrome Peripheral Cushing's syndrome.
- Johnson PJ, Slight SH, Ganjam VK, Kreeger JM. 2002. Glucocorticoids and laminitis in the horse. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **18**:219–236.
- Jouany J-P, Medina B, Bertin G, Julliand V. 2009. Effect of live yeast culture supplementation on hindgut microbial communities and their polysaccharidase and glycoside hydrolase activities in horses fed a high-fiber or high-starch diet. *Journal of Animal Science* **87**:2844–2852.
- Julliand V, De Fombelle A, Varloud M. 2006. Starch digestion in horses: The impact of feed processing. *Livestock Science* **100**:44–52.
- Julliand V, Grimm P. 2016. HORSE SPECIES SYMPOSIUM: The microbiome of the horse hindgut: History and current knowledge¹. *Journal of Animal Science* **94**:2262–2274.
- Julliand V, de Vaux A, Millet L, Fonty G. 1999. Identification of *Ruminococcus flavefaciens* as the Predominant Cellulolytic Bacterial Species of the Equine Cecum. *Applied and Environmental Microbiology* **65**:3738–3741.
- Julliand V, Grimm P. 2017. The Impact of Diet on the Hindgut Microbiome. *Journal of Equine Veterinary Science* **52**:23–28.
- Kauter A et al. 2019. The gut microbiome of horses: current research on equine enteral microbiota and future perspectives. *Animal Microbiome* **1**:14.
- Kern DL, Slyter LL, Weaver JM, Leffel EC, Samuelsons G. 1973. Pony Cecum vs. Steer Rumen: The Effect of Oats and Hay on the Microbial Ecosystem. *Journal of Animal Science* **37**:463–469.
- Kienzle E, Pohlenz J, Radicke S. 1997. Morphology of Starch Digestion in The Horse. *Journal of Veterinary Medicine Series A* **44**:207–221.
- Kienzle E, Radicke S, Landes E, Kleffken D, Illenseer M, Meyer H. 1994. Activity of amylase in the gastrointestinal tract of the horse. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition* **72**:234–241.
- Kirkpatrick CE, Saik JE. 1988. Ciliated protozoa in the colonic wall of horses. *Journal of Comparative Pathology* **98**:205–212.
- Koca TT, Ataseven H. 2016. What is hippotherapy? The indications and effectiveness of hippotherapy. *Northern Clinics of Istanbul* DOI: [10.14744/nci.2016.71601](https://doi.org/10.14744/nci.2016.71601). Available

from https://www.journalagent.com/nci/pdfs/NCI_2_3_247_252.pdf (accessed March 1, 2023).

- Koike S, Shingu Y, Inaba H, Kawai M, Kobayashi Y, Hata H, Tanaka K, Okubo M. 2000. Fecal Bacteria in Hokkaido Native Horses as Characterized by Microscopic Enumeration and Competitive Polymerase Chain Reaction Assays. *Journal of Equine Science* **11**:45–50.
- Kraimi N, Dawkins M, Gebhardt-Henrich SG, Velge P, Rychlik I, Volf J, Creach P, Smith A, Colles F, Leterrier C. 2019. Influence of the microbiota-gut-brain axis on behavior and welfare in farm animals: A review. *Physiology & Behavior* **210**:112658.
- Kulecka M, Paziewska A, Zeber-Lubecka N, Ambrozkiwicz F, Kopczynski M, Kuklinska U, Pysniak K, Gajewska M, Mikula M, Ostrowski J. 2016. Prolonged transfer of feces from the lean mice modulates gut microbiota in obese mice. *Nutrition & Metabolism* **13**:57.
- Kulikov EE, Isaeva AS, Rotkina AS, Manykin AA, Letarov AV. 2007. Diversity and dynamics of bacteriophages in horse feces. *Microbiology* **76**:236–242.
- Kunz IGZ, Reed KJ, Metcalf JL, Hassel DM, Coleman RJ, Hess TM, Coleman SJ. 2019. Equine Fecal Microbiota Changes Associated With Anthelmintic Administration. *Journal of Equine Veterinary Science* **77**:98–106.
- Lange K, Buerger M, Stallmach A, Bruns T. 2016. Effects of Antibiotics on Gut Microbiota. *Digestive Diseases* **34**:260–268.
- Lauková A, Strompfová V, Ouwehand A. 2004. Adhesion Properties of Enterococci to Intestinal Mucus of Different Hosts. *Veterinary Research Communications* **28**:647–655.
- Lauková A, Simonová M, Strompfová V, Štyriak I, Ouwehand AC, Várady M. 2008. Potential of enterococci isolated from horses. *Anaerobe* **14**:234–236.
- Liggenstoffer AS, Youssef NH, Couger MB, Elshahed MS. 2010. Phylogenetic diversity and community structure of anaerobic gut fungi (phylum Neocallimastigomycota) in ruminant and non-ruminant herbivores. *The ISME Journal* **4**:1225–1235.
- Lindenberg F, Krych L, Kot W, Fielden J, Frøkiær H, van Galen G, Nielsen DS, Hansen AK. 2019. Development of the equine gut microbiota. *Scientific Reports* **9**:14427.
- Louis P, Hold GL, Flint HJ. 2014. The gut microbiota, bacterial metabolites and colorectal cancer. *Nature Reviews Microbiology* **12**:661–672.
- Mackenthun E, Coenen M, Vervuert I. 2013. Effects of *Saccharomyces cerevisiae* supplementation on apparent total tract digestibility of nutrients and fermentation profile in healthy horses. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition* **97**:115–120.

- Mach N et al. 2017. The Effects of Weaning Methods on Gut Microbiota Composition and Horse Physiology. *Frontiers in Physiology* **8**:535.
- Mach N et al. 2020. Priming for welfare: gut microbiota is associated with equitation conditions and behavior in horse athletes. *Scientific Reports* **10**:8311.
- Marchesi JR, Ravel J. 2015. The vocabulary of microbiome research: a proposal. *Microbiome* **3**:31, s40168-015-0094-5.
- Markowiak P, Śliżewska K. 2018. The role of probiotics, prebiotics and synbiotics in animal nutrition. *Gut Pathogens* **10**:21.
- Marshall JF, Blikslager AT. 2011. The effect of nonsteroidal anti-inflammatory drugs on the equine intestine: Effect of NSAIDs on intestine. *Equine Veterinary Journal* **43**:140–144.
- Martin C, Morgavi DP, Doreau M. 2009. Methane mitigation in ruminants: from microbe to the farm scale. *Animal* **4**:351–365.
- Massacci FR, Clark A, Ruet A, Lansade L, Costa M, Mach N. 2020. Inter-breed diversity and temporal dynamics of the faecal microbiota in healthy horses. *Journal of Animal Breeding and Genetics* **137**:103–120.
- McCarthy HE, French NP, Edwards GB, Poxton IR, Kelly DF, Payne-Johnson CE, Miller K, Proudman CJ. 2010. Equine grass sickness is associated with low antibody levels to *Clostridium botulinum*: a matched case-control study. *Equine Veterinary Journal* **36**:123–129.
- McDaniel Peters BC, Wood W. 2017. Autism and Equine-Assisted Interventions: A Systematic Mapping Review. *Journal of Autism and Developmental Disorders* **47**:3220–3242.
- McKenzie VJ et al. 2017. The Effects of Captivity on the Mammalian Gut Microbiome. *Integrative and Comparative Biology* **57**:690–704.
- Meehan CL, Lackey KA, Hagen EH, Williams JE, Roulette J, Helfrecht C, McGuire MA, McGuire MK. 2018. Social networks, cooperative breeding, and the human milk microbiome.
- Merritt AM, Sanchez LC, Burrow JA, Church M, Ludzia S. 2003. Effect of GastroGard and three compounded oral omeprazole preparations on 24 h intragastric pH in gastrically cannulated mature horses. *Equine Veterinary Journal* **35**:691–695.
- Metcalf JL et al. 2017. Evaluating the impact of domestication and captivity on the horse gut microbiome. *Scientific Reports* **7**:15497.

- Milnovich GJ, Trott DJ, Burrell PC, van Eps AW, Thoefner MB, Blackall LL, Al Jassim RAM, Morton JM, Pollitt CC. 2006. Changes in equine hindgut bacterial populations during oligofructose-induced laminitis. *Environmental Microbiology* **8**:885–898.
- Milnovich GJ, Klieve AV, Pollitt CC, Trott DJ. 2010. Microbial Events in the Hindgut During Carbohydrate-induced Equine Laminitis. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **26**:79–94.
- Mishra S, Hardacre A, Monro J. 2012. Food Structure and Carbohydrate Digestibility. Page in Chang C-F, editor. *Carbohydrates - Comprehensive Studies on Glycobiology and Glycotechnology*. InTech. Available from <http://www.intechopen.com/books/carbohydrates-comprehensive-studies-on-glycobiology-and-glycotechnology/food-structure-and-carbohydrate-digestibility> (accessed December 25, 2022).
- Moore BE, Dehority BA. 1993. Effects of diet and hindgut defaunation on diet digestibility and microbial concentrations in the cecum and colon of the horse. *Journal of Animal Science* **71**:3350–3358.
- Moreau MM, Eades SC, Reinemeyer CR, Fugaro MN, Onishi JC. 2014. Illumina sequencing of the V4 hypervariable region 16S rRNA gene reveals extensive changes in bacterial communities in the cecum following carbohydrate oral infusion and development of early-stage acute laminitis in the horse. *Veterinary Microbiology* **168**:436–441.
- Morgan LM, Coverdale JA, Froetschel MA, Yoon I. 2007. Effect of Yeast Culture Supplementation on Digestibility of Varying Forage Quality in Mature Horses. *Journal of Equine Veterinary Science* **27**:260–265.
- Morrison PK, Newbold CJ, Jones E, Worgan HJ, Grove-White DH, Dugdale AH, Barfoot C, Harris PA, Argo CM. 2018. The Equine Gastrointestinal Microbiome: Impacts of Age and Obesity. *Frontiers in Microbiology* **9**:3017.
- Mshelia ES, Adamu L, Wakil Y, Turaki UA, Gulani IA, Musa J. 2018. The association between gut microbiome, sex, age and body condition scores of horses in Maiduguri and its environs. *Microbial Pathogenesis* **118**:81–86.
- Muegge BD, Kuczynski J, Knights D, Clemente JC, González A, Fontana L, Henrissat B, Knight R, Gordon JI. 2011. Diet Drives Convergence in Gut Microbiome Functions Across Mammalian Phylogeny and Within Humans. *Science* **332**:970–974.
- Muhonen S, Connysson M, Lindberg JE, Julliand V, Bertilsson J, Jansson A. 2008. Effects of crude protein intake from grass silage-only diets on the equine colon ecosystem after an abrupt feed change¹. *Journal of Animal Science* **86**:3465–3472.
- Murcia PR. 2019. Clinical insights: The equine microbiome. *Equine Veterinary Journal* **51**:714–715.

- Murray J-AMD, Longland A, Dunnett C. 2008. Effect of yeast supplementation on the in vitro fermentation of high-temperature dried lucerne incubated with an equine faecal inoculum. *Animal Feed Science and Technology* **146**:149–159.
- Nadeau JA, Andrews FM, Mathew AG, Argenzio RA, Blackford JT, Sohtell M, Saxton AM. 2000. Evaluation of diet as a cause of gastric ulcers in horses. *American Journal of Veterinary Research* **61**:784–790.
- O’ Donnell MM, Harris HMB, Jeffery IB, Claesson MJ, Younge B, O’ Toole PW, Ross RP. 2013. The core faecal bacterial microbiome of Irish Thoroughbred racehorses. *Letters in Applied Microbiology* **57**:492–501.
- O’Callaghan TF, Ross RP, Stanton C, Clarke G. 2016. The gut microbiome as a virtual endocrine organ with implications for farm and domestic animal endocrinology. *Domestic Animal Endocrinology* **56**:S44–S55.
- Orpin CG. 1981. Isolation of Cellulolytic Phycomycete Fungi from the Caecum of the Horse. *Microbiology* **123**:287–296.
- Ott SJ et al. 2017. Efficacy of Sterile Fecal Filtrate Transfer for Treating Patients With *Clostridium difficile* Infection. *Gastroenterology* **152**:799-811.e7.
- Pagan JD, Harris P, Brewster-Barnes T, Duren SE, Jackson SG. 1998. Exercise Affects Digestibility and Rate of Passage of All-Forage and Mixed Diets in Thoroughbred Horses. *The Journal of Nutrition* **128**:S2704–S2707.
- Pandey AK, Kumar P, Saxena MJ. 2019. Feed Additives in Animal Health. Pages 345–362 in Gupta RC, Srivastava A, Lall R, editors. *Nutraceuticals in Veterinary Medicine*. Springer International Publishing, Cham. Available from http://link.springer.com/10.1007/978-3-030-04624-8_23 (accessed February 18, 2023).
- Peachey LE, Molena RA, Jenkins TP, Di Cesare A, Traversa D, Hodgkinson JE, Cantacessi C. 2018. The relationships between faecal egg counts and gut microbial composition in UK Thoroughbreds infected by cyathostomins. *International Journal for Parasitology* **48**:403–412.
- Perry E, Cross T-WL, Francis JM, Holscher HD, Clark SD, Swanson KS. 2018. Effect of Road Transport on the Equine Cecal Microbiota. *Journal of Equine Veterinary Science* **68**:12–20.
- Petrof EO, Gloor GB, Vanner SJ, Weese SJ, Carter D, Daigneault MC, Brown EM, Schroeter K, Allen-Vercoe E. 2013. Stool substitute transplant therapy for the eradication of *Clostridium difficile* infection: ‘RePOOPulating’ the gut. *Microbiome* **1**:3.
- Philippeau C, Sadet-Bourgeteau S, Varloud M, Julliand V. 2015. Impact of barley form on equine total tract fibre digestibility and colonic microbiota. *Animal* **9**:1943–1948.

- Plancade S, Clark A, Philippe C, Helbling J-C, Moisan M-P, Esquerré D, Le Moyec L, Robert C, Barrey E, Mach N. 2019. Unraveling the effects of the gut microbiota composition and function on horse endurance physiology. *Scientific Reports* **9**:9620.
- Proudman C, Darby A, Escalona E. 2014. Faecal Microbiome of the Thoroughbred Racehorse and Its Response to Dietary Amylase Supplementation. *Equine Veterinary Journal* **46**:35–35.
- Proudman CJ, Hunter JO, Darby AC, Escalona EE, Batty C, Turner C. 2015. Characterisation of the faecal metabolome and microbiome of Thoroughbred racehorses: Racehorse faecal metabolome and microbiome. *Equine Veterinary Journal* **47**:580–586.
- Rabuffo TS, Hackett ES, Grenager N, Boston R, Orsini JA. 2009. Prevalence of Gastric Ulcerations in Horses with Colic. *Journal of Equine Veterinary Science* **29**:540–546.
- Ransom JL, Cade BS. 2009. Techniques and Methods. *Techniques and Methods, Techniques and Methods*.
- Respondek F, Goachet AG, Julliand V. 2008. Effects of dietary short-chain fructooligosaccharides on the intestinal microflora of horses subjected to a sudden change in diet. *Journal of Animal Science* **86**:316–323.
- Richards N, Hinch G, Rowe J. 2006. The effect of current grain feeding practices on hindgut starch fermentation and acidosis in the Australian racing Thoroughbred. *Australian Veterinary Journal* **84**:402–407.
- Rinkinen M, Westermarck E, Salminen S, Ouwehand AC. 2003. Absence of host specificity for in vitro adhesion of probiotic lactic acid bacteria to intestinal mucus. *Veterinary Microbiology* **97**:55–61.
- Rodriguez C et al. 2015. Faecal microbiota characterisation of horses using 16 rdna barcoded pyrosequencing, and carriage rate of clostridium difficile at hospital admission. *BMC Microbiology* **15**:181.
- Salem AZM, Elghandour MMY, Kholif AE, Barbabosa A, Camacho LM, Odongo NE. 2016. Influence of Feeding Horses a High Fiber Diet With or Without Live Yeast Cultures Supplementation on Feed Intake, Nutrient Digestion, Blood Chemistry, Fecal Coliform Count, and In Vitro Fecal Fermentation. *Journal of Equine Veterinary Science* **39**:12–19.
- Salem SE, Maddox TW, Berg A, Antczak P, Ketley JM, Williams NJ, Archer DC. 2018. Variation in faecal microbiota in a group of horses managed at pasture over a 12-month period. *Scientific Reports* **8**:8510.
- Sauvant D, CHAPOUTOT P, ARCHIMEDE H. 1994. La digestion des amidons par les ruminants et ses conséquences. *INRAE Productions Animales* **7**:115–124.

- Shade A, Handelsman J. 2012. Beyond the Venn diagram: the hunt for a core microbiome: The hunt for a core microbiome. *Environmental Microbiology* **14**:4–12.
- Shepherd ML, Swecker WS, Jensen RV, Ponder MA. 2012. Characterization of the fecal bacteria communities of forage-fed horses by pyrosequencing of 16S rRNA V4 gene amplicons. *FEMS Microbiology Letters* **326**:62–68.
- Shirazi-Beechey SP. 1995. Molecular Biology of Intestinal Glucose Transport. *Nutrition Research Reviews* **8**:27–41.
- Shultz S, Stanley CR. 2012. Mummy's boys: sex differential maternal-offspring bonds in semi-feral horses. *Behaviour* **149**:251–274.
- Schoster A, Guardabassi L, Staempfli HR, Abrahams M, Jalali M, Weese JS. 2015. The longitudinal effect of a multi-strain probiotic on the intestinal bacterial microbiota of neonatal foals. *Equine Veterinary Journal* **48**:689–696.
- Schoster A, Kokotovic B, Permin A, Pedersen PD, Bello FD, Guardabassi L. 2013. In vitro inhibition of *Clostridium difficile* and *Clostridium perfringens* by commercial probiotic strains. *Anaerobe* **20**:36–41.
- Schoster A, Mosing M, Jalali M, Staempfli HR, Weese JS. 2016. Effects of transport, fasting and anaesthesia on the faecal microbiota of healthy adult horses. *Equine Veterinary Journal* **48**:595–602.
- Schoster A, Staempfli HR, Abrahams M, Jalali M, Weese JS, Guardabassi L. 2015. Effect of a Probiotic on Prevention of Diarrhea and *Clostridium difficile* and *Clostridium perfringens* Shedding in Foals. *Journal of Veterinary Internal Medicine* **29**:925–931.
- Schoster A, Weese JS, Guardabassi L. 2014. Probiotic Use in Horses - What is the Evidence for Their Clinical Efficacy? *Journal of Veterinary Internal Medicine* **28**:1640–1652.
- Schoster A. 2018. Probiotic Use in Equine Gastrointestinal Disease. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **34**:13–24.
- Sirois R. 2013. Comparison of the Fecal Microbiota of Horses Before and After Treatment for Parasitic Helminths: Massively Parallel Sequencing of the V4 Region of the 16S Ribosomal RNA Gene.
- Stanley CR, Mettke-Hofmann C, Hager R, Shultz S. 2018. Social stability in semiferal ponies: networks show interannual stability alongside seasonal flexibility. *Animal Behaviour* **136**:175–184.
- Steelman SM, Chowdhary BP, Dowd S, Suchodolski J, Janečka JE. 2012. Pyrosequencing of 16S rRNA genes in fecal samples reveals high diversity of hindgut microflora in horses and potential links to chronic laminitis. *BMC Veterinary Research* **8**:231.

- Stewart AS, Pratt-Phillips S, Gonzalez LM. 2017. Alterations in Intestinal Permeability: The Role of the “Leaky Gut” in Health and Disease. *Journal of Equine Veterinary Science* **52**:10–22.
- Tanabe S et al. 2014. Anti-inflammatory and Intestinal Barrier-protective Activities of Commensal Lactobacilli and Bifidobacteria in Thoroughbreds: Role of Probiotics in Diarrhea Prevention in Neonatal Thoroughbreds. *Journal of Equine Science* **25**:37–43.
- Tap J et al. 2009. Towards the human intestinal microbiota phylogenetic core. *Environmental Microbiology* **11**:2574–2584.
- Thursby E, Juge N. 2017. Introduction to the human gut microbiota. *Biochemical Journal* **474**:1823–1836.
- Tinker MK, White NA, Lessard P, Thatcher CD, Pelzer KD, Davis B, Carmel DK. 1997. Prospective study of equine colic risk factors. *Equine Veterinary Journal* **29**:454–458.
- Tomlinson JE, Wilder BO, Young KM, Blikslager AT. 2004. Effects of flunixin meglumine or etodolac treatment on mucosal recovery of equine jejunum after ischemia. *American Journal of Veterinary Research* **65**:761–769.
- Uzal FA, Diab SS. 2015. Gastritis, Enteritis, and Colitis in Horses. *Veterinary Clinics of North America: Equine Practice* **31**:337–358.
- van den Boom R. 2022. Equine gastric ulcer syndrome in adult horses. *The Veterinary Journal* **283–284**:105830.
- Venable EB, Kerley MS, Raub R. 2013. Assessment of equine fecal microbial profiles during and after a colic episode using pyrosequencing. *Journal of Equine Veterinary Science* **33**:347–348.
- Venable EB et al. 2017. Effects of Feeding Management on the Equine Cecal Microbiota. *Journal of Equine Veterinary Science* **49**:113–121.
- Walshe N, Duggan V, Cabrera-Rubio R, Crispie F, Cotter P, Feehan O, Mulcahy G. 2019. Removal of adult cyathostomins alters faecal microbiota and promotes an inflammatory phenotype in horses. *International Journal for Parasitology* **49**:489–500.
- Wambacq WA, van Doorn DA, Rovers-Paap PM, Ducatelle R, Vlaminck L, Lourenço M, Hesta M. 2020. Dietary supplementation of micro-encapsulated sodium butyrate in healthy horses: effect on gut histology and immunohistochemistry parameters. *BMC Veterinary Research* **16**:121.
- Waran NK, Clarke N, Farnworth M. 2008. The effects of weaning on the domestic horse (*Equus caballus*). *Applied Animal Behaviour Science* **110**:42–57.

- Ward MP, Alinovi CA, Couëtil LL, Glickman LT, Wu CC. 2004. A randomized clinical trial using probiotics to prevent *Salmonella* fecal shedding in hospitalized horses. *Journal of Equine Veterinary Science* **24**:242–247.
- Warzecha CM, Coverdale JA, Janecka JE, Leatherwood JL, Pinchak WE, Wickersham TA, McCann JC. 2017. Influence of short-term dietary starch inclusion on the equine cecal microbiome. *Journal of Animal Science* **95**:5077–5090.
- Webster AJF. 2001. Farm Animal Welfare: the Five Freedoms and the Free Market. *The Veterinary Journal* **161**:229–237.
- Weese JS, Holcombe SJ, Embertson RM, Kurtz KA, Roessner HA, Jalali M, Wismer SE. 2015. Changes in the faecal microbiota of mares precede the development of *post partum* colic: Faecal microbiota in *post partum* colic. *Equine Veterinary Journal* **47**:641–649.
- Whitfield-Cargile CM, Cohen ND, Suchodolski J, Chaffin MK, McQueen CM, Arnold CE, Dowd SE, Blodgett GP. 2015. Composition and Diversity of the Fecal Microbiome and Inferred Fecal Metagenome Does Not Predict Subsequent Pneumonia Caused by *Rhodococcus equi* in Foals. *PLOS ONE* **10**:e0136586.
- Whitfield-Cargile CM, Chamoun-Emanuelli AM, Cohen ND, Richardson LM, Ajami NJ, Dockery HJ. 2018. Differential effects of selective and non-selective cyclooxygenase inhibitors on fecal microbiota in adult horses. *PLOS ONE* **13**:e0202527.
- Willing B, Vörös A, Roos S, Jones C, Jansson A, Lindberg JE. 2009. Changes in faecal bacteria associated with concentrate and forage-only diets fed to horses in training. *Equine Veterinary Journal* **41**:908–914.
- Yuki N, Shimazaki T, Kushiro A, Watanabe K, Uchida K, Yuyama T, Morotomi M. 2000. Colonization of the Stratified Squamous Epithelium of the Nonsecreting Area of Horse Stomach by Lactobacilli. *Applied and Environmental Microbiology* **66**:5030–5034.
- Ze X, Mougén FL, Duncan SH, Louis P, Flint HJ. 2013. Some are more equal than others. *Gut Microbes* **4**.
- Zeder MA. 2012. The Domestication of Animals. *JOURNAL OF ANTHROPOLOGICAL RESEARCH*.
- Zhao Y et al. 2015. Comparison of Fecal Microbiota of Mongolian and Thoroughbred Horses by High-throughput Sequencing of the V4 Region of the 16S rRNA Gene. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* **29**:1345–1352.
- Zivkovic B, Migdal W, Radovic C. 2011. Probiotics in nutrition of sows and piglets. *Biotechnology in Animal Husbandry* **27**:547–559.

