

Application of Kombiflor Probiotic in the case of intestinal dysbiosis in domestic dogs and cats

S. Kravchenko✉ | A. Suhak | N. Kanivets | N. Dmytrenko | T. Burda | S. Kulynych | V. Rudyashko

Article info

Correspondence Author

S. Kravchenko

E-mail:

sergii.kravchenko@pdaa.edu.ua

Poltava State Agrarian
University,
Skovoroda St., 1/3,
Poltava, 36000, Ukraine

Citation: Kravchenko, S., Suhak, A., Dmytrenko, N., Kanivets, N., Burda, T., Kulynych, S., & Rudyashko, V. (2025). Application of Kombiflor Probiotic in the case of intestinal dysbiosis in domestic dogs and cats. *Scientific Progress & Innovations*, 28 (2), 152–157. doi: 10.31210/spi2025.28.02.23

The article describes the results of a study of the effect of the complex probiotic Modes Kombiflor Probiotic on the clinical parameters and composition of the intestinal microbiome of domestic dogs and cats with dysbiosis. The aim of the study was to determine the effect of the investigational drug on the body of dogs and cats with dysbiosis. The subjects of the study were clinically healthy and sick domestic dogs and cats. The methods of the study were clinical and microbiological. The drug was administered in recommended doses for 14 days. It was found that the intestinal microflora of clinically healthy dogs is mainly represented by *Escherichia coli*, *Streptococcus* spp., *Klebsiella pneumoniae*, *Bifidobacterium* spp. and *Lactobacillus* spp. In case of dysbiosis, the activity of these microorganisms decreases, along with an increase in the activity of *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella* spp., and cultures of *Candida* spp. and *Staphylococcus aureus* are detected. After the probiotic administration, among the clinical symptoms, intermittent diarrhea was detected in 12.5 % of dogs, in 87.5 % of animals no clinical symptoms were recorded, the fecal microbial landscape consisted of active cultures of *Escherichia coli*, *Streptococcus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp. In addition, a high activity of *Enterococcus faecium* culture was detected. In clinically healthy domestic cats, *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli* were the permanent representatives of the microflora in 100 % of animals. In some healthy cats (30–40 %) *Clostridium butyricum*, *Staphylococcus epidermidis* and *Streptococcus* spp. were recorded. In cats with dysbiosis, a significant number of obligate and opportunistic microflora were recorded – *Clostridium butyricum*, *Klebsiella* spp., *Streptococcus* spp., and in 27.8 % – *Candida* spp. After treatment, the intestinal microbiome of cats contained normal intestinal flora typical of clinically healthy animals, mainly cultures that are part of the studied probiotic.

Keywords: diagnostics and therapy of animals, dogs, cats, digestive system, dehydration, oliguria, urinary system.

Застосування препарату Kombiflor Probiotic за дисбактеріозу кишечника у свійських собак та котів

С. О. Кравченко | А. О. Сугак | Н. С. Канівець | Н. І. Дмитренко | Т. Л. Бурда | С. М. Кулинич |
В. С. РудяшкоПолтавський державний
аграрний університет,
м. Полтава, Україна

У статті викладено результати дослідження впливу комплексного пробіотику Modes Kombiflor Probiotic на клінічні показники та склад мікробіому кишечника свійських собак та котів за дисбактеріозу. Метою дослідження було з'ясувати вплив досліджуваного препарату на організм собак і котів за дисбактеріозу. Об'єктом дослідження були клінічно здорові та хворі свійські собаки та коти. Методи дослідження – клінічні та мікробіологічні. Препарат призначали у рекомендованих дозах, впродовж 14 діб. Встановлено, що представниками кишкової мікрофлори клінічно здорових собак є переважно *Escherichia coli*, *Streptococcus* spp., *Klebsiella* spp., *Bifidobacterium* spp. та *Lactobacillus* spp. За дисбактеріозу знижується активність вказаних мікроорганізмів, поряд з підвищенням активності *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella* spp., а також виявляються культури *Candida* spp. та *Staphylococcus aureus*. Після застосування пробіотику серед клінічних симптомів виявляли періодичну діарею у 12,5 % собак, у 87,5 % тварин жодних клінічних симптомів не реєстрували, мікробний пейзаж фекалій складався з активних культур *Escherichia coli*, *Streptococcus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp. Окрім цього, було виявлено високу активність культури *Enterococcus faecium*. У клінічно здорових свійських котів постійними представниками мікрофлори у 100 % тварин були *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli*. У частини здорових котів (30–40 %) реєстрували *Clostridium butyricum*, *Staphylococcus epidermidis* та *Streptococcus* spp. У котів за дисбактеріозу реєстрували значну кількість облігатної та умовно патогенної мікрофлори – *Clostridium butyricum*, *Klebsiella* spp., *Streptococcus* spp., а у 27,8 % – *Candida* spp. Після лікування мікробіом кишечника котів мів нормальну кишкову флору, властиву клінічно здоровим тваринам, переважно культур, що входять до складу досліджуваного пробіотику.

Ключові слова: діагностика і терапія тварин, собаки, коти, апарат травлення, дегідратація, олігурія, сечовидільна система.

Бібліографічний опис для цитування: Кравченко С. О., Сугак А. О., Канівець Н. С., Дмитренко Н. І., Бурда Т. Л., Кулинич С. М., Рудяшко В. С. Застосування препарату Kombiflor Probiotic за дисбактеріозу кишечника у свійських собак та котів. *Scientific Progress & Innovations*. 2025. № 28 (2). С. 152–157.

Вступ

Застосування пробіотиків для оптимізації процесів травлення відоме людині з давніх часів. Саме слово «пробіотик» походить від грецького *probios*, що означає «для життя», в той час як «антибіотик» – проти життя. Відомо, що культури певних мікроорганізмів відіграють важливу позитивну роль у кишковому травленні тварин різних видів [1, 2]. Сукупність мікроорганізмів, які живуть у шлунково-кишковому тракті тварин, називають мікробіомом (мікробіотою) [6, 9, 11, 19]. Це складний симбіоз різноманітних мікроорганізмів, який включає бактерії, гриби, найпростіші мікроорганізми, віруси. Проте, більшість мікробного пейзажу кишківника свійських собак та котів складають бактерії [16]. Мікрофлора відіграє важливу та багатопрофільну роль у фізіології тварини, забезпечуючи її здоров'я шляхом формування імунної системи кишківника, що запобігає впливу ендогенних токсинів та екзогенних патогенів [22]. Склад та кількість мікрофлори різняться в залежності від відділу травного тракту, а також від виду тварини [23, 24]. Найбільше мікрофлори міститься у тонкому та товстому відділах кишківника. Мікробіом відіграє складну роль у здоров'ї тварини, забезпечуючи поживні субстрати, модулюючи імунну систему та допомагаючи в захисті від кишкових патогенів. Завдяки своєму впливу та взаємодії з хазяїном шлунково-кишковий мікробіом вважається метаболічним та імунним органом, який починається в ротовій порожнині та закінчується в прямій кишці. Він складається з 10^{13} – 10^{15} мікроорганізмів, налічує понад 1000 видових форм, а його геном у понад 100 разів більший за геном тварини, яку він колонізує [14]. Зокрема, клубова кишка у собак містить близько 10^7 КУО (колонієутворюючих одиниць)/мл хімусу, а у товстому кишечнику – 10^9 – 10^{11} [20, 21]. Аналіз, проведений за допомогою ПЛР показав, що мікробний пейзаж кожної окремої тварини (клінічно здорової) є значною мірою індивідуальним та стабільним, а також залежить від складу раціону. Схожа ситуація спостерігається і у свійських котів [14]. Наукові публікації свідчать, що хвороби шлунково-кишкового тракту, які супроводжуються кишковими розладами, змінюють склад мікрофлори кишечника, що негативно впливає на патогенез захворювання та уповільнює процес одужання. Водночас, значна кількість хвороб та патологічних станів різної етіології (вірусні, бактеріальні інфекції, інтоксикації, кормові токсикоінфекції, порушення годівлі, застосування кормів, що не відповідають фізіологічним потребам тварини), супроводжуються порушенням природного мікробіому кишечника та розладами травлення. Для визначення такого стану застосовують термін «дисбактеріоз». До дисбактеріозу може призвести також застосування антибіотиків (як виправдане, так і безконтрольне, з перевищенням дози та без урахування чутливості патогенної мікрофлори) [10]. У таких випадках очевидною стає потреба відновити популяції «корисних» мікроорганізмів та збільшити кількісний та якісний склад мікробіому кишечника, а також профілакувати розвиток дисбактеріозу в

потенційно небезпечних ситуаціях. Для цього вітчизняні та зарубіжні виробники пропонують біологічні препарати, зокрема, пребіотики та пробіотики, що різняться за складом та співвідношенням культур мікроорганізмів. Призначення таких лікарських засобів повинне відповідати фізіологічним особливостям травлення тварин певного виду та враховувати природний склад мікробіому, від чого залежить ефективність їх застосування. Основною метою застосування пробіотиків є утворення метаболічно-активної популяції пробіотичних бактерій у травному тракті, що сприяє якійсь зміні складу протеїну корму на користь тварини-господаря, а також збільшенню бактеріального синтезу ферментів та пропускної здатності слизової кишечника.

Одним з методів визначення ефективності пробіотиків є клінічна апробація препаратів, що передбачає аналіз мікробіому кишечника тварини до початку та після курсу застосування певного препарату, що надає об'єктивну інформацію щодо впливу пробіотику. Тому тема досліджень є актуальною.

Мета дослідження

Метою наших досліджень було охарактеризувати зміни мікробіоценозу кишечника та клінічних показників у свійських собак та котів за дисбактеріозу та після застосування комплексного пробіотичного препарату Modes Kombiflor Probiotic.

Матеріали і методи

Дослідження проводили на базі навчально-науково-виробничої клініки ветеринарної медицини Полтавського державного аграрного університету, в умовах кафедри терапії імені професора П. І. Локеса. Матеріалом для досліджень слугували свійські собаки ($n=16$) та коти ($n=18$) з клінічними ознаками розладу травлення (антибіотикоасоційована діарея). Клінічні дослідження проводили в умовах клініки, бактеріологічні дослідження фекалій – у Полтавському філіалі Медичного центру «ЦМЕД» «Медлайн». Тваринам задавали препарат Modes Kombiflor Probiotic, що містить паспортизовані штами мікроорганізмів, здатні оптимально колонізуватися в кишечнику тварин, зокрема: *Enterococcus faecium*, який зменшує зростання концентрації кишкових патогенів, збільшує здатність всмоктування та секреції слизових товстої кишки та покращує цілісність кишкового бар'єру; *Lactobacillus* spp., що беруть участь в імунному захисті організму, активно борються з патогенами, беруть участь у процесах секреції та ліпідному обміні, протистоять алергічним реакціям, покращують травлення та засвоєння поживних речовин травним трактом; *Bifidobacterium bifidum*, які виробляють кислоти, лізоцим, бактеріоциди, спирти, що перешкоджають проникненню мікробів у верхні відділи шлунково-кишкового тракту; *Streptococcus thermophilus*, який має бактерицидну дію, забезпечує пригнічення розмноження патогенних мікроорганізмів у кишечнику, під впливом бактерії

відбувається зброджування вуглеводів та утворення молочної кислоти – сприятливого середовища для розмноження корисних бактерій.

Препарат задавали в рекомендованих дозах: собакам та котам перорально, з кормом або питною водою, до 5 кг – один пакет (2 г) двічі на добу, від 5 до 20 кг – два пакети двічі на добу, понад 20 кг – три пакети двічі на добу. Лікування тривало 14 діб. Клінічне обстеження тварин та бактеріологічні дослідження фекалій проводили на початку лікування та на 14-й день. Експериментальна частина досліджень проводилася з урахуванням «Загальних етичних принципів експериментів на тваринах», схвалених на Національному конгресі з біоетики

(Київ, 2001) [18] із дотриманням міжнародних вимог Європейської конвенції «Про захист хребетних тварин, що використовуються для дослідних та інших наукових цілей» (Страсбург, 1986) [4].

До досліджень було залучено 16 свійських собак та 18 котів. Отримані результати порівнювали з показниками клінічно здорових тварин (10 собак та 10 котів).

Результати та їх обговорення

Результати клінічних досліджень собак та котів дослідної групи наведено у **таблиці 1**.

Таблиця 1

Клінічні ознаки кишкового дисбактеріозу у свійських собак та котів

Клінічні ознаки	Собаки (n=16)		Коти (n=18)	
	кількість, голів	%	кількість, голів	%
Загальна слабкість	12	75	13	72,2
Анорексія	2	12,5	5	27,8
Гіпорексія	8	50	11	61,1
Діарея	16	100	18	100
Кахексія	12	75	13	72,2
Дегідратація:	10	62,5	15	83,3
легкий ступінь 4–6 % втрати маси тіла	7	43,8	6	33,3
середній 6–8 %	3	18,8	9	50
Гіпотензія	12	75	10	55,6
Сухість шкіри/зниження еластичності шкіри	10	62,5	15	83,3
Гіпотонія кишечника	4	25	5	27,8
Тахікардія	11	68,8	7	38,9
Тахіпноє	11	68,8	7	38,9
Олігурія	10	62,5	15	83,3

Дані **таблиці 1** свідчать, що кишковий дисбактеріоз (за наявності діареї) супроводжується у більшості собак і котів: загальною слабкістю, кахексією, дегідратацією (переважно легкого ступеню), гіпотензією, сухістю шкіри, олігурією. Водночас, у котів менш виражена гіпотензія, ніж у собак, що пояснюється вищими адаптивними здатностями, які обумовлені у тварин родини котячих меншою потребою води [3]. Ця тенденція підтверджується більш стабільними показниками пульсу та дихання у котів, ніж у собак, за діареї.

Проведені дослідження мікробіому фекасу у клінічно здорових собак показали, що мікробний пейзаж формують наступні види мікроорганізмів: *Escherichia coli*, *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus* spp., *Klebsiella* spp., *Bifidobacterium* spp. та *Lactobacillus* spp. За даними літератури склад мікробіому залежить від типу харчування і може різко відрізнятися [5, 15]. Порівняна кількість окремих культур бактерій наведено у **таблиці 2**.

Таблиця 2

Результати мікробіологічного дослідження фекалій собак за дисбактеріозу, у порівнянні із клінічно здоровими тваринами

Види мікроорганізмів	Клінічно здорові (n=10)		Хворі на дисбактеріоз (n=16)	
	%	КУО (min–max), на 1 г фекалій	%	КУО (min–max), на 1 г фекалій
<i>Escherichia coli</i>	100	10 ⁶ –10 ⁸	62,5	10 ³ –10 ⁵
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	40,0	0–10 ³	75,0	10 ³ –10 ⁶
<i>Klebsiella</i> spp.	30	0–10 ²	93,8	10 ⁴ –10 ⁷
<i>Candida</i> spp.	–	–	25,0	10 ⁴ –10 ⁵
<i>Streptococcus</i> spp.	100	10 ⁴ –10 ⁶	75,0	10 ³ –10 ⁴
<i>Bifidobacterium</i> spp.	100	10 ⁶ –10 ¹⁰	62,5	10 ² –10 ⁴
<i>Lactobacillus</i> spp.	100	10 ⁸ –10 ¹⁰	62,5	10 ² –10 ³
<i>Staphylococcus aureus</i>	–	–	6,3	10 ³ –10 ⁴

Дослідження мікробіоценозу кишечника хворих на дисбактеріоз собак, у порівнянні із показниками клінічно здорових тварин, показали суттєво нижчу кількість КУО *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp., що були виділені лише у 62,5 % випадків; зниження кількості тварин, у яких виділено *Streptococcus* spp.,

на 25 %, а також менший вміст КУО до 10³–10⁴ на 1 г фекалій. Популяція *Escherichia coli* була меншою у тварин за дисбактеріозу, у порівнянні із клінічно здоровими і виявлялась лише у 62,5 % випадків у кількості 10³–10⁵ КУО. Поряд з цим, спостерігали більший вміст облигатної та умовно патогенної флори:

Staphylococcus epidermidis реєстрували у більшості тварин (10^3 – 10^6 КУО), а у 25 % собак виявляли гриби роду *Candida* spp. У однієї тварини було виявлено культуру *Staphylococcus aureus*, що пов'язано із запаленням товстого кишечника [7, 8].

Отже, за дисбактеріозу, що супроводжується діареєю, у собак суттєво порушується мікробіом кишечника, у порівнянні із клінічно здоровими.

Наступним етапом було застосування препарату Modes Kombiflor Probiotic впродовж 14 діб у

рекомендованих дозах. Жодних інших препаратів тваринам не застосовували. Після цього було проаналізовано клінічні симптоми та оцінено пейзаж мікрофлори фекалій. В результаті було встановлено, що лише у двох тварин (12,5 %) реєстрували спорадичні розлади травлення у вигляді діареї. У 87,5 % собак після лікування не спостерігали жодних клінічних ознак дисбактеріозу. Було повторно проведено мікробіологічне дослідження фекалій. Результати наведено у [таблиці 3](#).

Таблиця 3

Результати мікробіологічного дослідження фекалій собак за дисбактеріозу, після лікування (n=16)

Види мікроорганізмів	До лікування		14 доба лікування	
	%	КУО (min–max)	%	КУО (min–max)
<i>Escherichia coli</i>	62,5	10^3 – 10^5	100	10^8 – 10^9
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	75,0	10^3 – 10^6	31,3	0 – 10^3
<i>Klebsiella</i> spp.	93,8	10^4 – 10^7	18,8	10^2 – 10^3
<i>Candida</i> spp.	25,0	10^4 – 10^5	–	–
<i>Streptococcus</i> spp.	75,0	10^3 – 10^4	100	10^6 – 10^8
<i>Bifidobacterium</i> spp.	62,5	10^2 – 10^4	100	10^8 – 10^{10}
<i>Lactobacillus</i> spp.	62,5	10^2 – 10^3	100	10^9 – 10^{11}
<i>Staphylococcus aureus</i>	6,3	10^3 – 10^4	–	–
<i>Enterococcus faecium</i>	–	–	100	10^5 – 10^8

Отже, після застосування впродовж 14 діб препарату Modes Kombiflor Probiotic, мікробіотний пейзаж фекалій складався з активних культур *Escherichia coli*, *Streptococcus* pp., *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp. Окрім цього, було виявлено високу активність культури *Enterococcus faecium*. Натомість, не виявлено в жодної собаки культур *Candida* spp. та *Staphylococcus aureus*. Тобто, культури мікроорганізмів, що є складовими апробованого препарату, успішно колонізували кишечник собак дослідної групи та призвели до пригнічення умовно патогенних та патогенних мікроорганізмів. Що узгоджується з

результатами інших дослідників, які повідомляли про зменшення кількості стафілококів та *Pseudomonas*-подібних бактерій на тлі підвищення інших бактеріальних культур [12].

Наступним етапом дослідження був аналіз змін складу мікробіому кишечника свійських котів після застосування препарату Modes Kombiflor Probiotic за дисбактеріозу, що супроводжується діареєю. Результати мікробіологічного дослідження фекалій хворих котів, у порівнянні із здоровими, наведено у [таблиці 4](#).

Таблиця 4

Результати мікробіологічного дослідження фекалій котів за дисбактеріозу, у порівнянні із клінічно здоровими тваринами

Види мікроорганізмів	Клінічно здорові (n=10)		Хворі на дисбактеріоз (n=18)	
	%	КУО(min–max), на 1 г фекалій	%	КУО (min–max), на 1 г фекалій
<i>Lactobacillus</i> spp.	100	10^7 – 10^9	33,3	10^2 – 10^5
<i>Clostridium butyricum</i>	40,0	10^2 – 10^3	72,2	10^4 – 10^6
<i>Bifidobacterium</i> spp.	100	10^5 – 10^8	55,6	10^3 – 10^4
<i>Escherichia coli</i>	100	10^5 – 10^7	50,0	10^2 – 10^4
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	30,0	0 – 10^2	21,1	10^3 – 10^5
<i>Klebsiella</i> spp.	10	10^3	83,3	10^4 – 10^8
<i>Candida</i> spp.	–	–	27,8	10^3 – 10^5
<i>Streptococcus</i> spp.	40	10^2 – 10^4	55,6	10^5 – 10^7

Зокрема, у клінічно здорових свійських котів постійними представниками мікроорганізмів, що демонстрували високоактивні культури, та присутні у результатах мікробіологічних досліджень 100 % тварин, були *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli*. У значної частини здорових котів (30–40 %) реєстрували *Clostridium butyricum*, *Staphylococcus epidermidis* та *Streptococcus* spp. Проте, їх активність була значно меншою та становила 10^2 – 10^3 КУО/г фекалій. У однієї тварини було виявлено *Klebsiella* spp. Інші дослідники повідомляли про досить різноманітну й складну кишкову екосистему котів, зокрема наявність бактерій *Firmicutes*,

Bacteroidetes, *Actinobacteria* та *Proteobacteria*, що становили понад 99 % і залежали від споживання тваринами розчинних волокон і протеїну який містився в раціоні [13].

Аналіз мікробного пейзажу свійських котів, хворих на дисбактеріоз кишечника за діареї, свідчив про значну зміну мікробіому. Зокрема, культури *Lactobacillus* spp. Було виявлено лише у 33,3 % тварин, *Bifidobacterium* spp. – у 55,6 %, а *Escherichia coli* у половини тварин. Окрім цього, їх активність була значно нижчою за показники клінічно здорових – 10^2 – 10^5 КУО/г, що вказує на значне збіднення мікробного пейзажу. Водночас, реєстрували значну

кількість облигатної та умовно патогенної мікрофлори – *Clostridium butyricum*, *Klebsiella* spp., *Streptococcus* spp., а у 27,8 % – *Candida* spp. Отримані нами показники мікробіому підтверджуються даними інших дослідників, які зазначають, що зниження бактеріального різноманіття кишечника котів за діареї [17].

Таблиця 5

Результати мікробіологічного дослідження фекалій котів за дисбактеріозу, після лікування (n=18)

Види мікроорганізмів	До лікування		14 доба лікування	
	%	КУО (min–max), на 1 г фекалій	%	КУО (min–max), на 1 г фекалій
<i>Lactobacillus</i> spp.	33,3	10 ² –10 ⁵	100	10 ⁶ –10 ⁹
<i>Clostridium butyricum</i>	72,2	10 ⁴ –10 ⁶	27,8	10 ² –10 ³
<i>Bifidobacterium</i> spp.	55,6	10 ³ –10 ⁴	100	10 ⁶ –10 ⁸
<i>Escherichia coli</i>	50,0	10 ² –10 ⁴	100	10 ⁴ –10 ⁷
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	21,1	10 ³ –10 ⁵	11,1	0–10 ³
<i>Klebsiella</i> spp.	83,3	10 ⁴ –10 ⁸	–	–
<i>Candida</i> spp.	27,8	10 ³ –10 ⁵	–	–
<i>Streptococcus</i> spp.	55,6	10 ⁵ –10 ⁷	61,1	10 ⁴ –10 ⁶

Склад мікробіому кишечника котів після лікування містив нормальну кишкову флору, властиву клінічно здоровим тваринам, переважно культур, що входять до складу Modes Kombiflor Probiotic: *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli* та *Streptococcus* spp. При цьому, активність культур становила 10⁴–10⁹ КУО/г фекалій, що відповідає показникам клінічно здорових тварин. Умовно патогенної мікрофлори (*Klebsiella* spp., *Candida* spp.) не було виявлено, а кількість *Staphylococcus epidermidis* була мінімальною та становила 0–10³ КУО/г фекалій.

Висновки

Дослідженнями встановлено, що за дисбактеріозу кишечника у собак відбуваються зміни мікробіому: зменшується кількість КУО *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp та зростає вміст *Staphylococcus epidermidis*, *Candida* spp. Після застосування препарату Modes Kombiflor Probiotic у собак зникають симптоми дисбактеріозу, збагачується мікробний пейзаж фекалій (*Escherichia coli*, *Streptococcus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Lactobacillus* spp.), не виявляються представники *Candida* spp. та *Staphylococcus* spp.

У котів за дисбактеріозу кишечника відбувається збіднення мікробного пейзажу за рахунок зменшення *Lactobacillus* spp, *Bifidobacterium* spp та *Escherichia coli*, виявляються представники умовно патогенної флори (*Clostridium butyricum*, *Klebsiella* spp., *Streptococcus* spp., *Candida* spp). Після застосування Modes Kombiflor Probiotic у котів нормалізується клінічний стан, мікробіом кишечника складають представники *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli* та *Streptococcus* spp. за активності 10⁴–10⁹ КУО/г фекалій, що відповідає показникам клінічно здорових тварин.

Перевага використання апробованого препарату полягає у тому, що штами мікроорганізмів, які входять до його складу, є нетоксичними і, на відміну від антибіотиків, не провокують виникнення резистентності бактерій.

Після двотижневого курсу лікування препаратом Modes Kombiflor Probiotic клінічні ознаки характеризувалися відсутністю діареї, ознак дегідратації та диспепсії. Апетит тварин покращився до нормального, хахектичні тварини почали набирати вагу. Результати мікробіологічного дослідження фекалій свійських котів демонстрували суттєві зміни (табл. 5).

Конфлікт інтересів

Автори стверджують про відсутність конфлікту інтересів щодо їхнього викладу та результатів досліджень.

References

- Adebawo, O. O., Akingbala, J. O., Ruiz-Barba, J. L., & Osilesi, O. (2000). Utilization of high lysine-producing strains of *Lactobacillus plantarum* as starter culture for nutritional improvement of ogi. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 16 (5), 451–455. <https://doi.org/10.1023/a:1008967625335>
- Atrih, A., Rekhif, N., Moir, A. J. G., Lebrhi, A., & Lefebvre, G. (2001). Mode of action, purification and amino acid sequence of plantaricin C19, an anti-*Listeria* bacteriocin produced by *Lactobacillus plantarum* C19. *International Journal of Food Microbiology*, 68 (1–2), 93–104. [https://doi.org/10.1016/s0168-1605\(01\)00482-2](https://doi.org/10.1016/s0168-1605(01)00482-2)
- Butturini de Carvalho, E., & Paiva Moreno Gonçalves, R. (2017). Arterial hypotension in dogs and cats – a review. *Clinica Veterinaria*, XXII (127), 38–50. <https://doi.org/10.46958/rcv.2017.xxii.n.127.p.38-50>
- No. 29468. European Convention for the protection of vertebrate animals used for experimental and other scientific purposes. Concluded at Strasbourg on 18 March 1986. (2000). *Treaty Series* 1862, 610–610. <https://doi.org/10.18356/ec490af8-en-fr>
- Grześkowiak, Ł., Endo, A., Beasley, S., & Salminen, S. (2015). Microbiota and probiotics in canine and feline welfare. *Anaerobe*, 34, 14–23. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2015.04.002>
- Hernandez, J., Rhimi, S., Kriaa, A., Mariale, V., Boudaya, H., Drut, A., Jablaoui, A., Mkaouer, H., Saidi, A., Biourge, V., Borgi, M. A., Rhimi, M., & Maguin, E. (2022). Domestic Environment and gut microbiota: lessons from pet dogs. *Microorganisms*, 10 (5), 949. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050949>
- Herstad, H. K., Nesheim, B. B., L'Abée-Lund, T., Larsen, S., & Skancke, E. (2009). Effects of a probiotic intervention in acute canine gastroenteritis – a controlled clinical trial. *Journal of Small Animal Practice*, 51 (1), 34–38. <https://doi.org/10.1111/j.1748-5827.2009.00853.x>
- Honneffer, J. B. (2014). Microbiota alterations in acute and chronic gastrointestinal inflammation of cats and dogs. *World Journal of Gastroenterology*, 20 (44), 16489. <https://doi.org/10.3748/wjg.v20.i44.16489>
- Jergens, A. E. (2017). Host-microbiota interactions in gastrointestinal health and disease. In: Ettinger, S. J., Feldman, E. C., Côté, E., editors. *Textbook of veterinary internal medicine: diseases of the dog and the cat*. 8th ed. St. Louis, MO: Elsevier.
- Kesavelu, D., & Jog, P. (2023). Current understanding of antibiotic-associated dysbiosis and approaches for its management. *Therapeutic Advances in Infectious Disease*, 10. <https://doi.org/10.1177/20499361231154443>

11. Lederberg, B. J., & McCray, A. T. (2001). 'Ome sweet' omics: a genealogical treasury of words. *Scientist*, 15 (7), 8.
12. Marciňáková, M., Simonová, M., Stropňová, V., & Lauková, A. (2006). Oral application of *Enterococcus faecium* strain EE3 in healthy dogs. *Folia Microbiologica*, 51 (3). <https://doi.org/10.1007/bf02932129>
13. Minamoto, Y., Hooda, S., Swanson, K. S., & Suchodolski, J. S. (2012). Feline gastrointestinal microbiota. *Animal Health Research Reviews*, 13(1), 64–77. <https://doi.org/10.1017/S1466252312000060>
14. Mondo, E., Marliani, G., Accorsi, P. A., Cocchi, M., & Di Leone, A. (2019). Role of gut microbiota in dog and cat's health and diseases. *Open Veterinary Journal*, 9 (3), 253. <https://doi.org/10.4314/ovj.v9i3.10>
15. O'Mahony, D., Murphy, K. B., MacSharry, J., Boileau, T., Sunvold, G., Reinhart, G., Kiely, B., Shanahan, F., & O'Mahony, L. (2009). Portrait of a canine probiotic Bifidobacterium-from gut to gut. *Veterinary Microbiology*, 139 (1-2), 106–112. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.05.002>
16. Pilla, R., & Suchodolski, J. S. (2020). The role of the canine gut microbiome and metabolome in health and gastrointestinal disease. *Frontiers in Veterinary Science*, 6. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00498>
17. Ritchie, L. E., Steiner, J. M., & Suchodolski, J. S. (2008). Assessment of microbial diversity along the feline intestinal tract using 16S rRNA gene analysis. *FEMS Microbiology Ecology*, 66 (3), 590–598. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2008.00609.x>
18. Ryeznykov, O. H. (2003). Zahalni etychni pryntsyropy eksperymentiv na tvarynakh. *Endokrynolohiya*, 8 (1), 142–145. [in Ukrainian]
19. Schmitz, S., & Suchodolski, J. (2016). Understanding the canine intestinal microbiota and its modification by pro-, pre- and synbiotics – what is the evidence? *Veterinary Medicine and Science*, 2 (2), 71–94. <https://doi.org/10.1002/vms3.17>
20. Suchodolski, J. S., Camacho, J., & Steiner, J. M. (2008). Analysis of bacterial diversity in the canine duodenum, jejunum, ileum, and colon by comparative 16S rRNA gene analysis. *FEMS Microbiology Ecology*, 66 (3), 567–578. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2008.00521.x>
21. Suchodolski, J. (2013). Das gastrointestinale Mikrobiom bei gesunden und kranken Hunden. *Veterinary Focus*, 23 (02), 22–28. <https://doi.org/10.1055/s-0034-1381897>
22. Tal, S., Tikhonov, E., Aroch, I., Hefetz, L., Turjeman, S., Koren, O., & Kuzi, S. (2021). Developmental intestinal microbiome alterations in canine fading puppy syndrome: a prospective observational study. *Npj Biofilms and Microbiomes*, 7 (1). <https://doi.org/10.1038/s41522-021-00222-7>
23. Wernimont, S. M., Radosevich, J., Jackson, M. I., Ephraim, E., Badri, D. V., MacLeay, J. M., Jewell, D. E., & Suchodolski, J. S. (2020). The Effects of nutrition on the gastrointestinal microbiome of cats and dogs: impact on health and disease. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01266>
24. Ziese, A.-L., & Suchodolski, J. S. (2021). Impact of changes in gastrointestinal microbiota in canine and feline digestive diseases. *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice*, 51 (1), 155–169. <https://doi.org/10.1016/j.cvsm.2020.09.004>

ORCID

- | | | |
|---------------|---|---|
| S. Kravchenko |  | https://orcid.org/0000-0002-7420-9320 |
| A. Suhak |  | https://orcid.org/0009-0009-9589-6543 |
| N. Kanivets |  | https://orcid.org/0000-0001-9520-2999 |
| N. Dmytrenko |  | https://orcid.org/0000-0001-5336-2361 |
| T. Burda |  | https://orcid.org/0000-0002-2262-9040 |
| S. Kulynych |  | https://orcid.org/0000-0003-1660-643X |
| V. Rudyashko |  | https://orcid.org/0009-0009-4671-6227 |



2025 Kravchenko S. et al. This is an open-access article distributed under the Creative Commons Attribution License <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.