

发酵床养殖对仔猪胃肠道大肠杆菌和乳酸菌增殖的影响

任素芳 郭立辉 骆延波 凌泽春 柳尧波

山东省农业科学院畜牧兽医研究所, 济南 250100

摘要 为阐明发酵床养殖对断奶仔猪消化道菌群的影响,对发酵床和水泥地养殖仔猪消化道大肠杆菌和乳酸菌的动态变化进行比较分析。试验期为 42 d。15 头 30 日龄断奶仔猪分别在试验开始第 1 天(断奶当天)、第 21 天和第 42 天进行扑杀,每次每组扑杀 3 头,取胃、回肠、盲肠、结肠黏膜层及各段内容物进行 2 类细菌的分离计数,同时检测相同时间点发酵床表层与深层垫料中的细菌数量。结果发现:随着养殖时间的延长(1~42 d),消化道大肠杆菌呈下降趋势,如发酵床仔猪结肠段大肠杆菌由开始的 6.4×10^7 降低到 2.2×10^5 ,而乳酸菌先下降后上升,如发酵床仔猪回肠段内容物乳酸菌数量由 4.6×10^9 降到 2.6×10^8 后再增加到 1.4×10^{10} 。发酵床养殖未改变仔猪胃肠道细菌变化规律,同时发酵床垫料中的乳酸菌数量不影响断奶仔猪消化道内的乳酸菌数量;此外,随着发酵床使用时间延长,发酵床垫料中致病菌的数量和种类增加,发酵床垫料底层大肠杆菌在试验开始未检测到,在试验 42 d 时增加到 6.1×10^7 。

关键词 发酵床; 仔猪; 大肠杆菌; 乳酸菌; 胃; 肠

中图分类号 S 815.2 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2013)01-0087-05

发酵床养猪技术是利用微生物发酵技术在猪舍内原位处理粪尿等排泄物,实现养猪无污染和“零”排放的一种新的环保福利型养猪模式^[1-2]。针对动物粪污组成特点筛选获得高活性的数种粪污降解益生菌株,制成微生态制剂。当这种微生态制剂与发酵床垫料(秸秆、锯末、稻壳和粪尿等)混合后,粪尿等排泄物通过细菌降解作用,转换成无臭味和无污染的有机垫料。发酵床养猪技术的最主要优点在于可降低养猪业造成的污染和改善猪舍环境^[2];其次,发酵床养猪技术能显著提高仔猪日增重和饲料转化率^[1,3],并改善猪肉品质^[4]。该技术提高生产性能的机制可能是多方面的,如减少环境应激(如冬季冷应激和氨等有害气体排放^[5]等)、减少猪肢蹄和体表擦伤^[6]、提高免疫功能^[5,7]、垫料中的益生菌能有效抑制动物体表与发酵床中有害微生物增殖,从而间接减少动物感染和发病机会^[8-9]等。但目前为止的文献报道很少涉及到发酵床养猪技术对肠道内微生物菌群的影响。

消化道是病原微生物入侵的主要途径之一。动

物肠道中由正常微生物菌群形成的微生态平衡对肠道正常的消化吸收功能、抵抗病原微生物感染和致病、维持正常的免疫水平等具有重要作用^[10]。由此推测,发酵床养猪可能影响肠道微生物菌群,并进一步导致生长性能与肌肉品质的提高。为验证这一假设,本研究选用刚断奶的杜×长×大仔猪进行发酵床与传统猪舍(水泥地面)的饲养试验,通过比较分析 2 种地面模式下仔猪消化道不同部位及其内容物中大肠杆菌和乳酸菌数量,揭示发酵床技术对消化道微生物菌群的影响,旨在为阐明发酵床技术提高猪生产性能的微生态机制提供理论依据,并为发酵床养殖技术的推广应用提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 试验动物及分组

试验于 2011 年 11—12 月在山东省农业科学院畜牧兽医研究所原种猪场内进行,试验猪饲养在产床上。30 日龄断奶的杜×长×大三元杂交仔猪共 15 头,其中 3 头于试验开始第 1 天屠宰,另外 12 头

收稿日期: 2012-08-06

基金项目: 山东省科技发展计划项目(2010GNC10952)和山东省济南市高校院所自主创新项目(200906051)

任素芳,高级畜牧师,研究方向:兽医微生物学。E-mail: rensufang158@126.com

通讯作者: 柳尧波,研究员,研究方向:环境微生物学。E-mail: liuyao158@126.com

随机分成 2 组, 每组 6 头, 分别饲养在同一舍内的发酵床栏和水泥地面栏内。试验猪统一饲喂本场自配的保育料, 自由采食, 自动饮水。

1.2 采样方法

试验开始第 1 天(即仔猪断奶当天)及分组饲养后第 21 天和第 42 天, 每组各屠宰 3 头仔猪, 以无菌方法刮取胃、小肠回肠段、盲肠及结肠 4 个部位的消化道粘膜 0.5 g, 收集于灭菌试管中; 同时取相应部位内容物各 0.5 g, 放入灭菌试管中, 备用。

发酵床垫料取样: 取未饲养仔猪及饲养后第 21 天、第 42 天的发酵床垫料表层及表层以下 40 cm 处垫料样品各 0.5 g, 放入灭菌试管中, 备用。

1.3 细菌培养与计数

利用平板计数法进行样本的大肠杆菌和乳酸菌的分离与计数。向每个样品管中加入 4.5 mL 灭菌生理盐水, 充分涡旋混匀。对各样本进行 10 倍递增稀释, 粘膜稀释成 $10^{-1} \sim 10^{-5}$ 5 个稀释度, 内容物则为 $10^{-3} \sim 10^{-7}$ 5 个稀释度。每个稀释度取 0.1 mL 稀释液涂布于乳酸菌鉴别培养基 MRS 琼脂平板(购自北京陆桥技术有限责任公司)和大肠杆菌鉴别培养基麦康凯琼脂平板(购自北京陆桥技术有限责任公司), 每个梯度做 2 个平行。涂布好的平板在洁净操作台上正放静置 20 min 后, 将平板倒置于 37 °C 恒温培养箱中培养 48 h, 进行菌落计数。

1.4 统计分析

试验数据采用 SPSS 17.0 统计软件进行 One-

Way ANOVA 分析和 Duncan 氏多重比较。

2 结果与分析

2.1 发酵床养殖与水泥地面养殖仔猪消化道大肠杆菌的数量比较

断奶当天为本试验的第 1 天, 屠宰 3 头仔猪, 经检测, 其消化道内大肠杆菌数量在 $10^5 \sim 10^7$, 且随着消化道后移, 大肠杆菌数量逐渐增加, 结肠中大肠杆菌数量最多, 达 10^7 。随着分组后养殖时间的延长, 结肠中大肠杆菌数量降低, 其中以水泥地面养殖降低更明显; 同时, 回肠中大肠杆菌数量增加, 以水泥地面养殖增加更快(表 1)。

分组饲养 21 d 后, 无论发酵床还是水泥地养殖, 仔猪结肠段大肠杆菌数量下降幅度都较大, 发酵床较分组前降低了 3 个数量级, 而水泥地养殖较分组前下降更多, 降低了 4 个数量级。水泥地养殖组回肠段大肠杆菌数量增加幅度大, 较分组前增加了 2 个数量级(表 1)。

分组饲养 42 d, 发酵床养殖仔猪消化道大肠杆菌数量在 $10^5 \sim 10^6$, 而水泥地养殖组数量在 $10^4 \sim 10^6$ 之间。与 21 d 相比, 2 种地面养殖的仔猪结肠大肠杆菌数量均回升了 1 个数量级, 但水泥地大肠杆菌数量仍较发酵床低 1 个数量级; 其他肠段大肠杆菌数量与 21 d 比较, 变化范围都在 1 个数量级以内(表 1)。方差分析的结果显示, 2 种养殖地面模式下, 各段消化道内大肠杆菌数量差异在统计学上均

表 1 发酵床与水泥地面养殖仔猪消化道及其内容物大肠杆菌和乳酸菌数量比较¹⁾

Table 1 Comparison of *E. coli* and lactic acid bacteria in digestive tracts and in contents of digestive tracts of piglets raised on cement floor and fermentation bed

种类 Species	时间/d Time	组别 Groups	ST	STC	IL	ILC	CE	CEC	CO	COC	
大肠杆菌 <i>E. coli</i>	1	UB	9.3×10^5	2.7×10^8	3.1×10^5	0.9×10^{10}	3.0×10^6	1.7×10^8	6.4×10^7	4.6×10^7	
		FB	2.1×10^6	—	5.7×10^5	1.7×10^8	2.5×10^6	2.4×10^8	0.8×10^5	1.4×10^7	
	21	CF	4.3×10^4	5.3×10^6	1.3×10^7	0.7×10^9	4.4×10^6	1.2×10^8	1.8×10^3	2.7×10^6	
		FB	0.7×10^5	3.8×10^7	2.0×10^6	6.2×10^8	4.6×10^5	3.2×10^8	2.2×10^5	4.1×10^6	
		42	CF	1.6×10^6	0.8×10^8	3.2×10^6	3.9×10^8	3.9×10^6	4.5×10^8	1.3×10^4	3.3×10^5
			FB	1.1×10^6	3.1×10^8	4.7×10^4	4.6×10^9	3.5×10^6	4.3×10^8	5.2×10^7	1.7×10^8
乳酸菌 Lactic acid bacteria	1	UB	1.1×10^6	3.1×10^8	4.7×10^4	4.6×10^9	3.5×10^6	4.3×10^8	5.2×10^7	1.7×10^8	
		FB	5.0×10^6	2.1×10^8	1.9×10^6	2.6×10^8	2.1×10^7	1.3×10^9	1.4×10^7	3.5×10^9	
	21	CF	1.3×10^6	1.5×10^8	2.8×10^7	1.3×10^9	2.6×10^7	3.3×10^9	2.7×10^6	1.3×10^9	
		FB	5.1×10^5	1.9×10^9	6.7×10^6	1.4×10^{10}	3.8×10^6	7.5×10^8	3.1×10^6	3.4×10^9	
		42	CF	2.4×10^6	2.0×10^9	2.2×10^7	1.0×10^{10}	2.5×10^7	1.1×10^{10}	4.0×10^5	8.4×10^9
			FB	5.1×10^5	1.9×10^9	6.7×10^6	1.4×10^{10}	3.8×10^6	7.5×10^8	3.1×10^6	3.4×10^9

1) “—”表示未检出, 下同 “—” means no detected, the same as below; 2) UB 未分组: Unbanked; 3) FB: 发酵床 Fermentation bed; 4) CF: 水泥地 Cement floor; 5) ST: 胃 Stomach; 6) STC: 胃内容物 Contents of stomach; 7) IL: 回肠 Ileum; 8) ILC: 回肠内容物 Contents of ileum; 9) CE: 盲肠 Cecum; 10) CEC: 盲肠内容物 Contents of cecum; 11) CO: 结肠 Colon; 12) COC: 结肠内容物 Contents of colon.

无显著意义($P>0.05$)。

2.2 发酵床与水泥地面养殖仔猪消化道乳酸菌的数量比较

仔猪未分组前,其消化道内乳酸菌数量在 $10^4\sim 10^7$,其中结肠中乳酸菌数量最多,达到 10^7 数量级;而回肠段数量最少,只有 10^4 的数量级。随着分组后养殖时间的延长,结肠中乳酸菌数量持续降低;同时,回肠和盲肠中乳酸菌数量增加,以水泥地面养殖增加更快更多(表1)。

分组饲养21 d后,发酵床和水泥地面养殖仔猪消化道的乳酸菌数量均在 $10^6\sim 10^7$ 之间,整体说来较未分组时数量略有所增加,其中回肠段上升幅度大,发酵床仔猪上升了2个数量级,水泥地养殖仔猪上升了3个数量级;但结肠段数量略有下降。2种地面模式间无统计学差异($P>0.05$)(表1)。

分组饲养42 d后,发酵床和水泥地养殖仔猪消化道乳酸菌数量整体上较21 d时有所下降,其中结肠段下降趋势较明显,但回肠中数量较为稳定。发酵床细菌数量在 $10^5\sim 10^6$ 数量级,而水泥地养殖仔猪乳酸菌数量在 $10^5\sim 10^7$ 数量级。方差分析结果显示,2种养殖地面模式下,各消化道段内乳酸菌数量差异在统计学上均不显著($P>0.05$)(表1)。

2.3 发酵床与水泥地面养殖仔猪消化道各段内容物大肠杆菌数量比较

断奶仔猪消化道粘膜细菌大肠杆菌数量明显少于消化道各段内容物中的数量(表1)。未分组时仔猪消化道各段内容物大肠杆菌数量在 $10^7\sim 10^9$,其中回肠内容物中大肠杆菌数量较多,接近 10^{10} 。分组后随着饲养时间的延长,结肠内容物中大肠杆菌数量呈逐渐下降趋势,且水泥地面的变化幅度更大;回肠内容物中大肠杆菌在21 d时下降明显,但21 d和42 d间波动不大。胃内容物中大肠杆菌数量变化大,盲肠内容物中大肠杆菌数量波动小。

分组饲养21 d后,发酵床养殖仔猪消化道内容物中大肠杆菌数量在 $10^7\sim 10^8$,水泥地养殖仔猪消化道内容物大肠杆菌数量在 $10^6\sim 10^8$,2组比较无显著差异($P>0.05$)。但发酵床组胃内容物未检出大肠杆菌。

分组饲养42 d后,发酵床养殖仔猪消化道内容物中大肠杆菌数量在 $10^6\sim 10^8$ 数量级,水泥地养殖

仔猪消化道内容物中大肠杆菌数量在 $10^5\sim 10^8$,但2组间无显著差异($P>0.05$)。

2.4 发酵床养殖与水泥地面养殖仔猪消化道各段内容物乳酸菌数量比较

内容物中乳酸菌数量明显多于消化道粘膜乳酸菌数量(表1)。未分组时仔猪消化道内容物中乳酸菌数量在 $10^8\sim 10^9$,其中回肠内容物中乳酸菌较多,达到 10^9 。随着养殖时间的增加,2种养殖方式仔猪胃、回肠、结肠内容物中乳酸菌都有增多趋势,其中水泥地面养殖仔猪回肠和结肠内容物中乳酸菌增加更多。发酵床与水泥地相比,21 d发酵床养殖仔猪回肠、42 d时盲肠内容物中乳酸菌数量均相对少于水泥地养殖仔猪相应肠段。

21 d时发酵床与水泥地养殖仔猪消化道内容物中乳酸菌数量均无明显差异($P>0.05$),仔猪消化道内容物乳酸菌数量均在 $10^8\sim 10^9$;42 d时,发酵床养殖仔猪消化道内容物乳酸菌数量在 $10^8\sim 10^{10}$,水泥地养殖仔猪消化道内容物乳酸菌数量在 $10^9\sim 10^{10}$,其中水泥地养殖仔猪盲肠内容物比发酵床养殖仔猪盲肠内容物乳酸菌数量高出2个数量级(表1)。

2.5 发酵床不同深度垫料不同饲养时间大肠杆菌动态变化

对发酵床养殖过程中垫料中大肠杆菌的变化趋势进行了分析(表2)。随着仔猪养殖时间的增加,垫料表层大肠杆菌数量未发生明显变化,即1、21、42 d垫料表层大肠杆菌数量差异不显著;在垫料深层,未放养仔猪时,发酵床深40 cm处垫料中没有检出大肠杆菌。随着放养仔猪时间增加,垫料深层中大肠杆菌数量增加。但至21 d后,深层大肠杆菌数量趋于稳定,到42 d时数量只有轻度增加,21 d和42 d深层大肠杆菌数量间的差异不显著($P>0.05$)。

2.6 发酵床不同深度垫料不同饲养时间乳酸菌动态变化

比较试验不同时期(1、21和42 d)发酵床垫料中乳酸菌变化趋势,结果发现:无论表层或深层,乳酸菌数量变化均由多到少再增多;同时各时间段的表层垫料乳酸菌数量和深层垫料乳酸菌数量间无显著差异、以及同一时间段表层和深层乳酸菌数量间的差异不显著($P>0.05$)(表2)。

表 2 发酵床垫料中大肠杆菌和乳酸菌数量比较

Table 2 Comparison of *E. coli* and lactic acid bacteria in fermentated stroma cushion

试验时间/d Treatment time	大肠杆菌 <i>E. coli</i>		乳酸菌 Lactic acid bacteria	
	垫料表层 ¹⁾ Surface layer	垫料深层 ²⁾ Deep layer	垫料表层 ¹⁾ Surface layer	垫料深层 ²⁾ Deep layer
1	6.0×10^6	—	1.1×10^8	4.5×10^7
21	6.0×10^5	1.3×10^7	2.1×10^6	8.5×10^6
42	1.9×10^7	6.1×10^7	1.4×10^8	1.5×10^8

1) 垫料表层: 发酵床表面取垫料样品 Surface: the mat samples was taken from the surface of fermentation bed; 2) 垫料深层: 发酵床表层以下 40 cm 深处取垫料样品 Deep: the mat sample was taken from 40 cm depth below the surface of the fermentation bed.

3 讨论

断奶是仔猪生长的一个关键时期, 断奶后日粮组成、营养成分、消化道粘膜发育状态、对断奶应激的生理性适应、环境条件等都可导致肠道菌群的调整, 菌群失调将导致仔猪腹泻等疾病。本研究将 30 日龄断奶仔猪饲养在发酵床养殖和水泥地养殖 2 种地面条件下, 比较断奶后 21 d(51 日龄) 与 42 d(72 日龄) 仔猪消化道不同节段大肠杆菌和乳酸菌的变化趋势。整体说来, 随着分组后养殖时间的延长, 肠道大肠杆菌数量降低, 乳酸菌数量增加, 且乳酸菌数量超过大肠杆菌。该变化规律符合仔猪正常生长时肠道菌群的规律, 与前人研究结果相似, 如据李永明等^[11]报道, 仔猪断奶后, 由于饲喂饲料, 肠道环境发生改变, 大肠杆菌数量下降, 至 55 日龄时, 降低到最低点; 另据报道^[12], 28 日龄断奶的杜洛克及长白仔猪 43 日龄时, 仔猪肠道内容物中以乳杆菌、肠球菌和梭菌占绝对优势, 其数量明显高于大肠杆菌。

比较发酵床养殖和水泥地养殖 2 种地面条件下仔猪不同节段消化道中大肠杆菌和乳酸菌数量, 从结果可看出水泥地养殖条件下, 细菌变化速度更快且变化幅度更大, 表明发酵床养殖有利于维持仔猪断奶后消化道中微生态的稳定。然而, 本试验大肠杆菌、乳酸菌数量进行统计学分析显示均无显著差异, 2 种养殖模式下大肠杆菌和乳酸菌变化趋势类似, 说明 2 种养殖模式对消化道中大肠杆菌和乳酸菌增殖的影响较小。

关于发酵床使用与环境中微生物间的关系, 目前褒贬不一。一种观点认为, 发酵床生态中存在大量乳酸菌等益生菌, 益生菌通过抑制环境中致病菌

的生长或被仔猪摄取后在消化道抑制致病菌增殖而发挥保健作用^[3-8]; 另一种观点认为, 发酵床内不能进行频繁的人工翻动, 猪粪便和尿液在发酵床的表层沉积, 从而滋生更多的致病菌, 增加了仔猪的疫病风险^[13-15]。笔者发现, 发酵床垫料在使用过程中, 乳酸菌先减少后增多, 底层多于表层, 且同一时间点表层和深层的乳酸菌数量处于同一数量级, 可见发酵床的发酵是成功的。然而, 发酵床养殖条件下第 21 天和 42 天仔猪消化道乳酸菌的数量与水泥地面间无显著差异, 证实发酵床环境中的乳酸菌对仔猪消化道内的乳酸菌增殖量无明显影响。与此同时, 垫料刚使用时, 深层无大肠杆菌; 但随着使用时间增加, 深层大肠杆菌持续增多, 表明使用发酵床能增加细菌的种类与数量, 且益生菌不能阻止大肠杆菌的增殖。结果中第 21 天和 42 天时表层和深层间大肠杆菌数量差异不大, 可见发酵床使用过程中翻动维护良好, 大肠杆菌数量增加不是发酵床维护不当所致。

综上, 发酵床养殖未改变仔猪胃肠道细菌变化趋势, 发酵床垫料中的乳酸菌数量不影响断奶仔猪消化道内的乳酸菌数量; 同时, 随着发酵床使用时间延长, 发酵床垫料中致病菌的数量和种类增加。

参 考 文 献

- [1] 帅起义, 邓昌彦, 李家连, 等. 发酵床健康养猪工艺的研究与应用报告[J]. 湖北农业科学, 2011, 50(10): 2066-2069.
- [2] 李良华. 概念养猪——零排放[J]. 养殖与饲料, 2009(1): 51-52.
- [3] 王诚, 张印, 王怀忠, 等. 发酵床饲养模式对猪舍环境、生长性能、猪肉品质和血液免疫的影响[J]. 山东农业科学, 2009(11): 110-112.
- [4] 周玉刚, 闻爱友, 宁康健, 等. 微生物发酵床对育肥猪生产性能及猪肉品质的影响[J]. 安徽科技学院学报, 2011, 25(1): 9-12.
- [5] 盛清凯, 王诚, 武英, 等. 冬季发酵床养殖模式对猪舍环境及猪生产性能的影响[J]. 家畜生态学报, 2009, 30(1): 82-85.
- [6] ZORIC M, NILSSON E, MATTSSON S, et al. Abrasions and lameness in piglets born in different farrowing systems with different types of floor[J]. Acta Vet Scand, 2008, 50: 37.
- [7] 赵迪武, 贺月林, 符利辉, 等. 益生菌发酵床养猪对猪生产性能及饲养效益的影响[J]. 湖北农业科学, 2010, 49(11): 2842-2845.
- [8] 卢舒娴. 养猪发酵床垫料微生物群落动态及其对猪细菌病原生防作用的研究[D]. 福州: 福建农林大学图书馆, 2011.
- [9] 林莉莉, 姜雪, 冯聪, 等. 发酵床养猪猪舍环境与猪体表微生物分布状况的研究[J]. 安徽农业科学, 2010, 38(34): 19530-

19532.

- [10] KOSIEWICZ M M, ZIRNHELD A L, ALARD P. Gut microbiota, immunity, and disease: a complex relationship[J]. *Front Microbiol*, 2011, 180(2): 1-11.
- [11] 李永明, 方定一, 董国雄, 等. 正常仔猪肠道菌群的初步研究[J]. *江苏农学院学报*, 1983, 4(1): 28-32.
- [12] 禹慧明, 廖玲, 陈平洁, 等. 断奶仔猪肠道菌群的研究[J]. *中国微生态学杂志*, 2000, 12(2): 81-82.
- [13] 李长军, 刘海东, 张生卫. 浅谈发酵床养猪应用中存在的缺点[J]. *中国畜禽种业*, 2011, 7(2): 74-75.
- [14] 王利军, 张娟, 付艳, 等. 发酵床养猪技术的优缺点[J]. *现代农业科技*, 2010(19): 297-299.
- [15] 万昭军, 廖党金, 田浪, 等. 发酵床养殖生猪的疫病风险性研究[J]. *四川畜牧兽医*, 2010(5): 24-25.

Effect of fermentation bed on bacterial growth in gastrointestinal tracts of weaned piglets

REN Su-fang GUO Li-hui LUO Yan-bo LING Ze-chun LIU Yao-bo

*Institute of Animal Science and Veterinary Medicine,
Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China*

Abstract In order to elucidate the effect of fermentation bed on bacterial growth in gastrointestinal tracts of weaned piglets, the changes of *Escherichia coli* and lactic acid bacteria in weaned piglets raised in pens with fermentation bed and cement floors were analyzed kinetically. Three piglets in each treatment were slaughtered at 0 d, 21 d and 42 d respectively. The mucous layer and the content of the stomach, ileum, cecum, and colon as well as the cushion of fermentation bed, were sampled at each time point for bacterial detection. As a result, the number of *E. coli* decreased gradually with time, for example, the number of *E. coli* collected from the colon of the piglets raised on the fermentation bed decreased from 10^7 at the beginning to 10^5 . However, the amount of lactic acid bacteria in gastrointestinal tracts decreased at the early stage but increased at the later stage, such as, the number of lactic acid bacteria collected from the ileum of piglets raised on the fermentation bed was 10^9 at the beginning, then decreased to 10^8 and increased 10^{10} at last. The fermentation bed did not alter the tendency of bacterial fluctuation. Meanwhile, the high number of lactic acid bacteria in the fermentation bed cushion did not contribute to the growth of these bacteria in gastrointestinal tracts of weaned piglets. In addition, the species and number of potential pathogens in fermentation bed would increase with the lengthening of utilization time with no *E. coli* in the bottom of fermentation mattress material and 10^7 on day 42.

Key words fermentation bed; piglets; *E. coli*; lactic acid bacteria; stomach; intestine

(责任编辑:边书京)