

微生物活菌发酵饲料对育肥猪肠道相关菌群分布的影响

陈 琰¹, 乔艳明¹, 陈文强^{1,2*}, 邓百万^{1,2}, 穆娜林³

(1. 陕西理工学院生物科学与工程学院, 汉中 723000; 2. 陕西省食药菌工程技术研究中心, 汉中 723000;

3. 陕西大秦汉集团有限公司, 汉中 723000)

摘 要:

“ × × ” 29±1 kg

	1	2		3
()	8.8×10 ⁵ ±0.09×10 ⁵ CFU·mL ⁻¹	1	5.70×10 ⁵ ±0.32×10 ⁵ CFU·mL ⁻¹	
54.39% (P 0.05)	2	8.40×10 ⁴ ±0.33×10 ⁴ CFU·mL ⁻¹	947.62% (P 0.05)	
		3.90×10 ⁵ ±0.14×10 ⁵ CFU·mL ⁻¹	1	1.06×10 ⁵ ±0.22×10 ⁵
CFU·mL ⁻¹	267.92% (P 0.05)	2	4.10×10 ⁴ ±0.55×10 ⁴ CFU·mL ⁻¹	851.22% (P 0.05)
	2 ()		1.13×10 ⁵ ±0.10×10 ⁵ CFU·mL ⁻¹	1
9.10×10 ⁴ ±0.21×10 ⁴ CFU·mL ⁻¹	24.18% (P 0.05)	2	2.31×10 ⁴ ±0.09×10 ⁴ CFU·mL ⁻¹	
389.18% (P 0.05)				

关键词:

中图分类号: S816.6

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2016)03-0436-05

Effect of viable bacteria fermented feed on the bacterium distribution in the intestine of growing-finishing pigs

CHEN Yan¹, QIAO Yanming¹, CHEN Wenqiang^{1,2}, DENG Baiwan¹, MU Nalin³

(1. College of Biological Science and Engineering, Shaanxi University of Technology, Hanzhong 723000;

2. Shaanxi Engineering Research Center of Edible and Medicated Fungi, Hanzhong 723000;

3. Shaanxi Daqinhan Group Co., Ltd., Hanzhong 723000)

Abstract: The effect of viable bacteria fermented feed on the related bacterial distribution in the intestine of the growing-finishing Duroc-Landrace-Yorkshire pigs (29±1 kg) was studied. The experimental group was fed with viable bacteria fermented feed. The control group 1 and 2 were fed with a complete formula feed of a local brand and another different brand, respectively. The related bacterial distribution in each section of intestine was isolated, cultivated and counted by serial dilution, tissue culture, and flat colony counting methods. The results showed that the best colonization zone of *Bacillus* was ileum. The concentration of *Bacillus* in the experimental group was (8.8×10⁵±0.09×10⁵) CFU·mL⁻¹, which was higher than that in control group 1 (5.70×10⁵±0.32×10⁵) CFU·mL⁻¹ by 54.39% (P<0.05) and control group 2 (8.40×10⁴±0.33×10⁴) CFU·mL⁻¹ by 947.62% (P<0.05). The best colonization zone of *Lactobacillus* was cecum. The concentration of *Lactobacillus* in the experimental group was (3.90×10⁵±0.14×10⁵) CFU·mL⁻¹, which was higher than in the control group 1 (1.06×10⁵±0.22×10⁵) CFU·mL⁻¹ by 267.92% (P<0.05) and in control group 2 (4.10×10⁴±0.55×10⁴) CFU·mL⁻¹ by 851.22% (P<0.05). The best colonization zone of Yeast was jejunum. The concentration of Yeast in experimental group was (1.13×10⁵±0.10×10⁵) CFU·mL⁻¹, which was higher than that in control group 1 (9.10×10⁴±0.21×10⁴) CFU·mL⁻¹ by 24.18% (P<0.05) and control group 2 (2.31×10⁴±0.09×10⁴) CFU·mL⁻¹ by 389.18% (P<0.05). The results indicated that the viable bacteria fermented feed can influence the intestinal flora of growing-finishing pigs and

收稿日期: 2015-12-28

基金项目: 陕西理工学院重大科研项目(4250266)资助。

作者简介: 陈 琰, 硕士研究生。E-mail: 541346065@qq.com

* 通信作者: 陈文强, 教授。E-mail: wenqiangc@126.com

adjust the micro-ecological balance.

Key words: viable bacteria; fermented feed; intestine; microflora

微生物活菌发酵饲料是在人工控制条件下, 通过微生物的代谢活动, 将饲料中的大分子物质和抗营养因子分解或转化, 产生更有利于动物采食和利用的富含多种高活性益生菌及其代谢产物的饲料。因其具有和酸化剂、微生态制剂及抗生素生长因子类似的功能^[1], 且不含抗生素、无激素、无有害添加剂, 受到消费者广泛认可。近年来, 众多研究表明: 微生物活菌发酵饲料具有天然的发酵香味及良好的诱食效果, 能显著提高动物对饲料的适口性; 其含有的大量有益菌可降低饲料的 pH 值和毒素含量, 能合成品质较好的微生物蛋白; 发酵成品中基本不含有大肠杆菌、沙门氏菌等有害菌, 对动物肠道的生态健康有积极的保护作用^[2-4]。

微生物活菌发酵饲料在动物体内主要通过有益活性菌改善肠道内的微生态平衡而发挥作用, 而此类有益活性菌主要以乳酸菌、酵母菌和芽孢杆菌为代表^[5]。王娜等^[6]的研究表明, 对断奶仔猪饲喂混合益生菌制剂不仅能调节仔猪肠道相应益生菌的生长, 还能调节肠道肠球菌、链球菌、大肠杆菌与双歧杆菌的生长。李小燕等^[7]的研究表明, 与普通饲

料相比, 发酵饲料饲喂的断奶仔猪可显著提高仔猪十二指肠、空肠和回肠中乳酸菌菌群数量, 显著降低大肠杆菌菌群数量。目前, 微生物活菌发酵饲料对育肥猪肠道相关菌群分布的影响尚无研究报道。

本研究以“杜×长×大”(DLY)育肥猪为试验材料, 分别使用微生物活菌发酵猪饲料和市售的两种常规全价颗粒猪饲料进行饲喂试验, 并根据育肥猪肠道各区段分布的芽孢菌、乳酸菌和酵母菌活性菌落总数, 定量分析微生物活菌发酵饲料对育肥猪肠道相关菌群分布的影响, 以期对微生物活菌发酵饲料的应用和推广提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 选取“杜×长×大”育肥猪(29±1) kg 共 60 头, 随机分成 3 组, 每组 2 个重复, 每个重复 10 头。试验组由微生物活菌发酵饲料饲喂, 对照 1 组和对照 2 组由市售的两种全价颗粒猪饲料饲喂。在陕西大秦汉集团有限公司进行 20 周的饲喂试验, 其中试验期 18 周, 预试期 2 周。

表 1 试验日粮组成及其营养成分

Table 1 The composition and nutrients of experimental diet

项目 Project	试验组 Test group	对照 1 组 Control group 1	对照 2 组 Control group 2	
原料组成/% Feed composition	玉米 Corn	61.00	58.00	59.10
	豆粕 Soybean meal	24.55	19.50	18.40
	棉粕 Cottonseed meal	6.00	2.20	9.50
	麦麸 Wheat bran			9.90
	米糠 Rice bran		17.40	
	鱼粉 Fishmeal		1.92	2.13
	食盐 Salt		0.42	0.43
	饲料添加剂 Feed additives	3.45	0.55	0.53
	发酵料 Fermented material	5.00		
	土霉素 Terramycin		0.01	0.01
营养成分/% Nutrient content	粗蛋白 Crude protein	14.50	15.50	15.50
	粗纤维 Crude fiber	8.00	7.50	7.50
	粗灰分 Crude ash	9.00	9.00	9.00
	钙 Calcium	0.80	0.85	0.82
	总磷 Total Phosphorus	0.40	0.40	0.40
	氯化钠 Sodium chloride	0.39	0.48	0.45
	赖氨酸 Lysine	0.85	0.66	0.65

1.1.2 本试验使用的微生物活菌发酵饲料采用先需氧发酵、后厌氧发酵的“两段式组合发酵”工艺生产。其制备方法为: 将酵母菌冻干粉、芽孢杆菌冻干粉、乳酸杆菌冻干粉、猪用

复合酶、红糖、水按质量比 0.3:0.3:0.4:1:20:280 制成多菌种混合液; 玉米、豆粕和血粉按 19:52:1 的质量比制成混合料; 将混合料和多菌种混合液按质量比 10:3.1 混合, 在 25~38 °C 下经 4~5 d 发酵制

成发酵料；将猪用复合酶、植酸酶、饲料级磷酸氢钙、饲料级碳酸钙石灰粉、食盐、赖氨酸、蛋氨酸、氯化胆碱、育肥猪用多维、育肥猪用多矿、果寡糖按重量份数 1:1:24:36:18:12:2:3:2:20:1 制成饲料添加剂；再按表 1 配制成试验组日粮。3 组试验饲料的原料组成及其营养成分见表 1。

1.2 方法

1.2.1 入舍前 3 d，清洗并对猪舍消毒。群饲，每天定时喂养 4 次相同食量的新鲜饲料，自由采食，保证充足清洁饮水，对猪舍每天打扫 2 次，定时观察猪的采食和健康状况(采食、粪便、精神状态)，人工控温，常规免疫。

1.2.2 饲喂试验结束后，每重复选择 5 头体重相近的且生长状况良好、未发生过消化道疾病的育肥猪，空腹处理 3 d，解剖。取其完整肠道，表面用 75% 乙醇清洗，取 7 段 2.0 cm 等长的猪肠道，其中：十二指肠 2 段、小肠 4 段(空肠 2 段，回肠 2

段)、盲肠 1 段。超净工作台内将各段猪肠道剪取 1.0 cm，无菌手术刀剖开各段肠道，将其内容物分别溶于 100.0 mL 已灭菌的生理盐水中，搅拌均匀，作为待测样品。肠道相关菌群(芽孢菌、乳酸菌和酵母菌)的分离、培养、活性菌落总数统计方法均按照文献[8]执行。

1.2.3 采用 Excel 2007 对数据进行归纳整理，采用 SPSS 21.0 统计软件中的 ANOVA 程序和 Duncan (SSR)对实验数据进行单因素方差分析和比较。

2 结果与分析

2.1 微生物活菌发酵饲料对芽孢菌在育肥猪肠道各区段分布的影响

育肥猪分别用 3 种不同猪饲料饲喂后，肠道各区段芽孢菌的分布见表 2。

表 2 芽孢菌在育肥猪肠道各区段的活性菌落总数

Table 2 Bacteria number of *Bacillus* in different intestinal segments in growing-finishing pig

肠道 Intestinal	菌落总数/CFU·mL ⁻¹ Total number of colonies		
	试验组 Test group	对照 I 组 Control group 1	对照 II 组 Control group 2
十二指肠 1 Duodenum1	3.60×10 ⁴ ±0.20×10 ⁴ a	8.60×10 ³ ±0.82×10 ³ b	0.30×10 ³ ±0.50×10 ³ c
十二指肠 2 Duodenum2	9.60×10 ⁴ ±0.34×10 ⁴ a	5.10×10 ⁴ ±0.41×10 ⁴ b	1.20×10 ³ ±0.63×10 ³ c
小肠 1 Small intestine1	3.30×10 ⁵ ±0.07×10 ⁵ a	1.09×10 ⁵ ±0.05×10 ⁵ b	9.70×10 ³ ±0.58×10 ³ c
小肠 2 Small intestine2	5.10×10 ⁵ ±0.16×10 ⁵ a	3.63×10 ⁵ ±0.39×10 ⁵ b	5.90×10 ⁴ ±0.65×10 ⁴ c
小肠 3 Small intestine3	8.80×10 ⁵ ±0.09×10 ⁵ a	5.70×10 ⁵ ±0.32×10 ⁵ b	8.40×10 ⁴ ±0.33×10 ⁴ c
小肠 4 Small intestine4	3.50×10 ⁵ ±0.44×10 ⁵ a	1.64×10 ⁵ ±0.39×10 ⁵ b	3.30×10 ⁴ ±0.36×10 ⁴ c
盲肠 Cecum	1.18×10 ⁵ ±0.16×10 ⁵ a	8.70×10 ⁴ ±0.41×10 ⁴ b	1.34×10 ⁴ ±0.28×10 ⁴ c

注：同行数据字母不同表示差异显著($P < 0.05$)，字母相同表示差异不显著($P > 0.05$)。下同。

Note: Different letters indicate significant differences between the peer data ($P < 0.05$), The same letter indicates no significant

照 1 组和对照 2 组 ($P < 0.05$)。

2.2 微生物活菌发酵饲料对乳酸菌在育肥猪肠道各区段分布的影响

育肥猪分别用 3 种不同猪饲料饲喂后, 肠道各区段乳酸菌的分布见表 3。

由表 3 可见, 3 种饲料饲喂的育肥猪肠道内乳酸菌活性菌落总数的分布趋势为: 十二指肠内分布最少, 其中对照 2 组在十二指肠 1 和十二指肠 2 两区段均不能检出乳酸菌; 小肠至盲肠处乳酸菌的活性菌落总数逐步增加, 在盲肠处达到最大, 因此盲肠为乳酸菌的最佳定殖区段。由微生物活菌发酵猪饲料饲喂的育肥猪肠道内, 乳酸菌在盲肠处的活性

菌落总数为 $(3.90 \times 10^5 \pm 0.14 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹, 与对照 1 组 $(1.06 \times 10^5 \pm 0.22 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹ 相比增加了 267.92% ($P < 0.05$), 与对照 2 组 $(4.10 \times 10^4 \pm 0.55 \times 10^4)$ CFU·mL⁻¹ 相比增加了 851.22% ($P < 0.05$); 在小肠 2 段(空肠)处的乳酸菌活性菌落总数, 试验组少于对照 1 组 ($P < 0.05$), 但在其他各肠道区段试验组均高于对照 1 组和对照 2 组 ($P < 0.05$)。

2.3 微生物活菌发酵饲料对酵母菌在育肥猪肠道各区段分布的影响

育肥猪分别用 3 种不同猪饲料饲喂后, 肠道各区段酵母菌的分布见表 4。

表 4 酵母菌在育肥猪肠道各区段的活性菌落总数

Table 4 Number of Yeast in different intestinal segments in growing-finishing pig

肠道 Intestinal	菌落总数/CFU·mL ⁻¹ Total number of colonies		
	试验组 Test group	对照 1 组 Control group 1	对照 2 组 Control group 2
十二指肠 1 Duodenum1	$1.80 \times 10^3 \pm 0.12 \times 10^3$ a	$0.8 \times 10^3 \pm 0.06 \times 10^3$ b	0.00 ± 0.00 c
十二指肠 2 Duodenum2	$3.10 \times 10^3 \pm 0.21 \times 10^3$ a	$1.20 \times 10^3 \pm 0.19 \times 10^3$ b	$2.00 \times 10^2 \pm 0.18 \times 10^3$ c
小肠 1 Small intestine1	$4.60 \times 10^4 \pm 0.09 \times 10^4$ a	$2.80 \times 10^3 \pm 0.04 \times 10^3$ c	$5.10 \times 10^3 \pm 0.26 \times 10^3$ b
小肠 2 Small intestine2	$1.13 \times 10^5 \pm 0.10 \times 10^5$ a	$9.10 \times 10^4 \pm 0.21 \times 10^4$ b	$2.31 \times 10^4 \pm 0.09 \times 10^4$ c
小肠 3 Small intestine3	$8.10 \times 10^4 \pm 0.36 \times 10^4$ a	$6.80 \times 10^4 \pm 0.11 \times 10^4$ b	$1.76 \times 10^4 \pm 0.46 \times 10^4$ c
小肠 4 Small intestine4	$5.20 \times 10^4 \pm 0.36 \times 10^4$ a	$3.10 \times 10^4 \pm 0.22 \times 10^4$ b	$9.80 \times 10^3 \pm 0.51 \times 10^3$ c
盲肠 Cecum	$3.80 \times 10^4 \pm 0.31 \times 10^4$ a	$2.30 \times 10^3 \pm 0.26 \times 10^3$ b	$3.50 \times 10^3 \pm 0.13 \times 10^3$ c

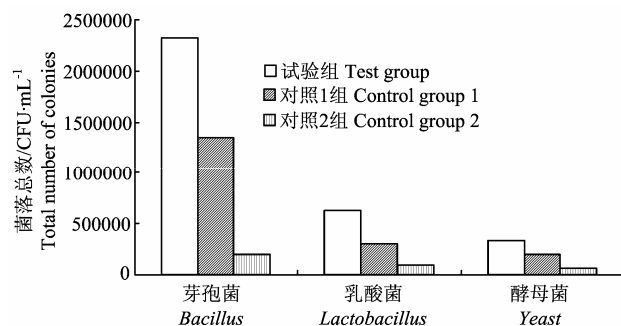


图 1 芽孢菌、乳酸菌和酵母菌在其定殖区段活性菌落总数
Figure 1 Number of *Bacillus* *Lactobacillus* and *Yeast* colonies in the best intestinal segments

由表 4 可见, 3 种饲料饲喂的育肥猪肠道中酵母菌活性菌落总数的分布趋势为: 十二指肠内分布最少, 其中对照 2 组的十二指肠 1 段不能检测出酵母菌的定殖; 十二指肠 2 段至小肠 2 段活性菌落总数显著增加, 小肠 2 段至盲肠处逐渐降低, 因此小肠 2 段(空肠)处是酵母菌的最佳定殖区段。由微生物活菌发酵猪饲料饲喂的育肥猪肠道内, 酵母菌在小肠 2 段(空肠)处的活性菌落总数为 $(1.13 \times 10^5 \pm 0.10 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹, 与对照 1 组 $(9.10 \times 10^4 \pm 0.21 \times 10^4)$ CFU·mL⁻¹ 相比增加了 24.18% ($P < 0.05$), 与对照 2 组 $(2.31 \times 10^4 \pm 0.09 \times 10^4)$ CFU·mL⁻¹ 相比增加了 389.18% ($P < 0.05$); 试验组酵母菌在其他各肠道区段的活性菌落总数均

高于对照 1 组和对照 2 组 ($P < 0.05$), 其中小肠 1 段(空肠)处, 对照 2 组高于对照 1 组 ($P < 0.05$)。

2.4 微生物活菌发酵饲料对 3 类有益菌定殖区段活性菌落总数的影响

育肥猪分别用 3 种不同猪饲料饲喂后, 肠道芽孢菌、乳酸菌和酵母菌在其定殖区段的活性菌落总数见图 1。

由图 1 可知, 3 类有益菌在育肥猪肠道内定殖区段的活性菌落总数由多到少依次为芽孢菌、乳酸菌和酵母菌; 由微生物活菌发酵猪饲料饲喂的育肥猪肠道内, 芽孢菌、乳酸菌和酵母菌在其最佳定殖区段的活性菌落总数均高于对照 1 组和对照 2 组 ($P < 0.05$); 其中, 芽孢菌的活性菌落总数可达 $(8.80 \times 10^5 \pm 0.09 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹, 乳酸菌的活性菌落总数可达 $(3.90 \times 10^5 \pm 0.14 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹, 酵母菌的活性菌落总数可达 $(1.13 \times 10^5 \pm 0.10 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹。

3 讨论与结论

猪肉作为我国居民的日常消费产品, 其肉质品质安全极大程度取决于猪饲料的安全状况。虽然在猪饲料中添加抗生素可以提高猪的生产性能和对营养物质的利用率, 但也会带来猪肉产品抗生素残留和环境污染等问题。因此, 开发具有无抗生素残留、

防病促生长等作用的微生物活菌发酵饲料,对提高猪肉品质的安全具有重要的意义。

有关益生菌对猪肠道菌群的调控研究进展表明:由于动物十二指肠内胆盐的抑制作用,细菌数目较少,到达空肠和回肠后数目和种类逐渐增多,以好氧菌为主;另外,由于大肠的 pH 接近中性,因此,大肠是猪消化道内微生物活动的主要场所,以厌氧菌为主^[9]。何贝贝等^[10]的研究表明:在生长性能高的猪盲肠中,乳酸菌是优势菌。田晖艳^[11]的研究表明:空肠为育肥猪 6 个消化道部位(十二指肠、空肠、回肠、盲肠、胃、结肠)酵母菌存活量最多的肠段。本研究结果表明:芽孢菌、乳酸菌和酵母菌的最佳肠道定殖区段分别为回肠、盲肠和空肠,此与以上研究结论相一致。有研究表明,发酵饲料中的酵母菌和芽孢杆菌等厌氧菌的存在可为乳酸菌的生长繁殖提供厌氧环境,而乳酸菌大量繁殖可产生乳酸,使得发酵饲料产品具有酸香味,改善了饲料适口性,从而刺激猪的采食^[12]。由微生物活菌发酵猪饲料饲喂的育肥猪肠道内,芽孢菌、乳酸菌和酵母菌在其最佳定殖区段的活性菌落总数均高于对照 1 组和对照 2 组($P < 0.05$),这是因为发酵饲料中芽孢菌、乳酸菌、酵母菌可以相互调节,进入猪肠道后,可以竞争性抑制沙门杆菌等致病菌,排挤有害菌,成为优势菌群,从而维持肠道微生态平衡^[13]。

芽孢菌在其最佳定殖区段小肠 3 段(回肠)处的活性菌落总数为 $(8.80 \times 10^5 \pm 0.09 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹,与对照 1 组相比增加了 54.39% ($P < 0.05$),与对照 2 组相比增加了 947.62% ($P < 0.05$),这是因为芽孢杆菌作为饲料添加剂以内生孢子形式存在于饲料中,能耐高温、耐酸、耐胆盐,进入动物肠道后能迅速萌发成具有新陈代谢作用的营养型细菌^[14],从而发展成为优势菌群。乳酸菌在其最佳定殖区段盲肠处的活性菌落总数为 $(3.90 \times 10^5 \pm 0.14 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹,与对照 1 组相比增加了 267.92% ($P < 0.05$),与对照 2 组相比增加了 851.22% ($P < 0.05$),这是因为乳酸菌可通过自身以及代谢产物与其他微生物之间的相互作用来调整菌群之间的关系,从而维持和保证微环境中微生物菌群最佳优势组合以及这种组合的相对稳定^[15],提升抗病能力^[16-17]。酵母菌在其最佳定殖区段小肠 2 段(空肠)处的活性菌落总数为 $(1.13 \times 10^5 \pm 0.10 \times 10^5)$ CFU·mL⁻¹,与对照 1 组相比增加了 24.18% ($P < 0.05$),与对照 2 组相比增加了 389.18% ($P < 0.05$),这是因为酵母细胞内的微量元

素具有很好的稳定性,与饲料中的其他微量元素及营养物质间具有很好的配伍性,且不影响其他微量组分的稳定性和生物学价值^[18]。

本试验以 DLY 育肥猪为材料,通过对其肠道各区段相关菌群进行分离、培养和计数,定量分析微生物活菌发酵饲料和另外两种常规全价颗粒饲料对育肥猪肠道相关菌群分布的影响。结果表明,微生物活菌发酵饲料能够更好的促进有益活性菌在育肥猪肠道的定殖,进一步影响肠道菌群环境、调节肠道微生态平衡。

参考文献:

- [1] 高妍. 我国对微生物发酵饲料的研究与应用[J]. 畜牧与兽医, 2013, 45(11): 93-95.
- [2] 陆文清, 胡起源. 微生物发酵饲料的生产与应用[J]. 饲料与畜牧, 2008(7): 5-9.
- [3] 李旋亮, 吴长德, 李建涛, 等. 微生物发酵饲料的研究与应用[J]. 饲料博览, 2010(2): 26-28.
- [4] 李德发. 生物饲料与生猪无抗养殖研究进展[J]. 今日畜牧兽医, 2009(11): 1-5.
- [5] 陶蕾, 周玉岩, 赵凤舞, 等. 微生物发酵饲料在畜禽养殖中的发展现状及应用[J]. 安徽农业科学, 2015, 43(13): 167-169.
- [6] 王娜, 商志伟, 赵敏. 混合益生菌对仔猪生长及肠道菌群的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2014, 40(3): 305-310.
- [7] 李小燕, 韩信, 吴超, 等. 发酵液体饲料对断奶仔猪生产性能、肠道微生物菌群及血液生化指标的影响[J]. 饲料研究, 2013(10): 63-66.
- [8] 陈琰, 乔艳明, 邓百万, 等. 陕南杜长大育肥猪肠道定殖菌的生活状态和分布[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2015(18): 112-114.
- [9] 刘志林. 益生菌对猪肠道菌群的调控研究进展[J]. 山东畜牧兽医, 2010(3): 71-73.
- [10] 何贝贝, 李天天, 朱玉华, 等. 不同生长性能猪肠道菌群差异分析[J]. 动物营养学报, 2014, 26(8): 2327-2334.
- [11] 田晖艳. 猪肠道酵母菌的分离鉴定及应用研究[D]. 武汉: 武汉工业学院, 2012: 35-36.
- [12] 许镡文, 李元晓, 庞有志. 液体发酵饲料对断奶仔猪肠道健康的影响[J]. 动物营养学报, 2011, 23(12): 2105-2108.
- [13] 梁娜, 曾敏, 孙会松, 等. 发酵饲料在畜禽生产的应用现状[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2014(1): 84-86.
- [14] 李春风, 林显华, 谷巍. 枯草芽孢杆菌在饲料生产及环境防治中的应用[J]. 中国饲料, 2013(1): 10-12.
- [15] 贾朋辉, 郭洪新, 李国军, 等. 微生态发酵饲料菌群变化及其应用[J]. 饲料博览, 2009(3): 24-27.
- [16] 王长芝. 猪肠道疾病防治中应用乳酸菌及其制剂的效果观察[J]. 畜牧与饲料科学, 2014, 35(11): 109-110.
- [17] 王发明, 朝克图, 侯璐. 益生菌及寡糖对猪肠道乳酸菌群多样性的影响[J]. 畜牧与饲料科学, 2015, 36(3): 3-7.
- [18] 陈耀钦. 酵母菌在奶牛饲料中的应用研究[J]. 饲料研究, 2011(2): 22-24.