งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ เพื่อศึกษาความหลากหลายและคัดเลือกแบคทีเรียแลคติกที่มีคุณสมบัติเป็นโพรไบโอติกจากมูลลูกสุกร ผลการศึกษาพบแบคทีเรียแลคติกในมูลลูกสุกรอยู่ในช่วง 8.03 – 8.79 log cfu/กรัม จากมูลลูกสุกร 136 ตัวอย่าง และสามารถแยกแบคทีเรียแลคติกได้ 317 ไอโซเลท จากการจัดจำแนกเชื้อที่แยกได้ขั้นต้นด้วยเทคนิค PCR-RFLP ของ 16S rDNA โดยใช้เอนไซม์ *Hae*III สามารถจัดกลุ่มแบคทีเรียแลคติกทั้ง 317 ไอโซเลท ได้ 8 กลุ่ม เมื่อนำเชื้อที่เป็นตัวแทนแต่ละกลุ่มมาจัดจำแนกโดยการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของบริเวณ V1-V3 ของยีน 16Sr RNA พบว่าเชื้อทั้ง 8 กลุ่มให้ผลการจัดจำแนกเป็นเชื้อ *Lactobacillus reuteri, L. amylovorus, Streptococcus alactolyticus*, *L. mucosae*, *L. plantarum, L. johnsonii*, *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* และ *Enterococcus cecorum* และพบว่าเชื้อชนิดเด่นที่แยกได้จากมูลสุกรได้แก่ *L. reuteri* และ *L. amylovorus* การคัดเลือกแบคทีเรียแลคติกที่มีคุณสมบัติเป็นโพรไบโอติก โดยทดสอบความสามารถในการยับยั้งเชื้อก่อโรคในระบบทางเดินอาหารของสุกร 8 สายพันธุ์ จากเชื้อ 317 ไอโซเลท พบ 171 ไอโซเลท สามารถยับยั้งเชื้อก่อโรคได้อย่างน้อย 3 สายพันธุ์ เมื่อนำมาทดสอบความสามารถในการทนต่อสารเลียนแบบกรดในกระเพาะอาหารและเกลือน้ำดีในลำไส้ พบเชื้อ 5 ไอโซเลท ได้แก่ *L. amylovorus* 1 ไอโซเลท และ *L. reuteri* 4 ไอโซเลท มีชีวิตอยู่รอดได้สูงสุด โดยเชื้อทั้ง 5 ไอโซเลท สามารถผลิตเอนไซม์ bile salt hydrolase และเอนไซม์อะไมเลส นอกจากนี้ยังสามารถยึดเกาะผนังเซลล์ลำไส้ได้ ผลการศึกษาความไวต่อยาปฏิชีวนะพบว่าเชื้อดื้อต่อยาปฏิชีวนะ penicillin G, oxytetracyclin, neomycin, lincomycin และ vancomycin แต่ไวต่อสาร rifampicin และ bacitracin จากคุณสมบัติความเป็นจุลินทรีย์โพรไบโอติก แบคทีเรียแลคติกทั้ง 5 ไอโซเลท จึงมีศักยภาพในการนำมาใช้เป็นจุลินทรีย์โพรไบโอติกเสริมในอาหารสัตว์ โดยเฉพาะในอาหารสุกร

The objective of the present work was to investigate the diversity of Lactic Acid Bacteria (LAB) and screen for probiotic LAB. The number of LAB isolated from piglet faeces ranged from 8.03 to 8.79 log cfu/g. A total of 317 LAB were isolated from 136 samples of piglet faeces. Identification of LAB was preliminarily performed using PCR-RFLP of 16S rDNA. Restriction patterns generated by digestion of 16S rDNA with the *Hae*III enzyme could differentiate 317 LAB into 8 groups. Representative isolates from each group were further identified by sequencing the V1-V3 region of the 16S rRNA gene. The results showed that 8 groups with distinct PCR-RFLP profiles were identified as *Lactobacillus reuteri, L. amylovorus, Streptococcus alactolyticus, L. mucosae, L. plantarum, L. johnsonii, Lactococcus lactis* subsp. *lactis* and *Enterococcus cecorum.* The results also revealed a strong dominance of isolates belonging to *L. reuteri* and *L. amylovorus* in piglet faeces. Preliminary screening of probiotic was based on antimicrobial activity against eight pathogenic bacteria. Of the 317 isolates, 171 isolates exhibited antimicrobial activity against at least 3 indicator strains. However, only 5 isolates, one identified as *L. amylovorus* and 4 identified as *L. reuteri*, were selected as they showed high survival under simulated gastric and intestinal conditions. These 5 selected isolates also exhibited bile salt hydrolase activity, amylolytic activity and possed the ability to adhere to the epithelial cell. The results of antibiotic susceptibility testing showed that all isolates were resistant to penicillin G, oxytetracycline, neomycin, lincomycin and vancomycin, but sensitive to rifampicin and bacitracin. Based on their probiotic properties, these 5 LAB isolates could have a potential application as probiotic used in animal feed, especially for pig.