農研機構
NARO 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構

Enteropathogens in suckling and weaned piglets with multi-etiological diarrhea in Japan

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2019-03-22 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 勝田, 賢, 河本, 麻理子, 川嶌, 健司, 庄司, 智太郎, 小野寺, 利幸, 小田, 幸博, 堀野, 理恵子, 高橋, 秀之, 恒光, 裕 メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24514/00001982

資　料

複合感染症としての豚下痢症の実態解明

勝田　賢[1)*]，河本麻理子[1)]，川嶌健司[1)]，庄司智太郎[1)]，小野寺利幸[1)]，
小田幸博[1)]，堀野理恵子[2)]，高橋秀之[2)]，恒光　裕[1)]

（平成16年７月28日　受付）

Enteropathogens in suckling and weaned piglets with multi-etiological diarrhea in Japan

Ken KATSUDA[1)*], Mariko KOHMOTO[1)], Kenji KAWASHIMA[1)], Tomotaro SHOJI[1)], Toshiyuki ONODERA[1)], Yukihiro ODA[1)], Rieko HORINO[2)], Hideyuki TAKAHASHI[2)] & Hiroshi TSUNEMITSU[1)]

子豚の下痢症は，多くの農場で常時発生している。本症の発生には多様なウイルス，細菌，寄生虫が関与していると考えられる。わが国における子豚下痢症の実態を明らかにするため，哺乳豚（153頭）および離乳豚（116頭）の下痢症例を対象に広範囲な下痢関連病原微生物の検査を実施した。

哺乳豚の60.8%は単独感染で，22.9%は混合感染であった。各病原体の検出割合は，ロタウイルスが67.3%と最も多く，コクシジウム，病原性大腸菌およびサッポロウイルスの検出率はそれぞれ21.6%，14.4%および5.8%であった。離乳豚では43.1%が単独感染で，47.4%は混合感染であり，ロタウイルス（65.5%）と病原性大腸菌（52.5%）が高率に検出され，サッポロウイルス，コクシジウム，クリプトスポリジウムの検出率はそれぞれ20.7%，14.7%，12.9%であった。各病原体の検出率と検査豚週齢を比較すると，一般的な哺乳期間の３週齢までは，ロタウイルスとコクシジウムが，それ以降の豚では，大腸菌とロタウイルスが高率に検出された。ロタウイルスは週齢にかかわらず高率に検出されたが，哺乳豚では検出されるロタウイルスの87.5%が単独血清群であり，離乳豚では51.6%から複数の血清群が同時に検出された。

従来，新生豚では毒素原性大腸菌を主原因とする細菌性下痢が優勢で，ロタウイルスによる下痢は３週齢以降に好発すると考えられていた。しかし，今回の調査では新生豚においても高率にロタウイルスが検出された。また，離乳豚の下痢症では，ロタウイルスと大腸菌を中心として，複数の病原体に感染している混合感染性下痢が半数近く認められ，これらが病態を複雑にしていると考えられる。

はじめに

豚の下痢症は，発生率が高く，特に哺乳・離乳期の下痢症は後の成育や呼吸器病発生に大きく影響することから，養豚経営に与える経済的被害が大きな疾病である。豚の下痢症には多様なウイルス，細菌，寄生虫が関与していると考えられる。また，農場毎に下痢の発生状況は多種多様であり，成書に記載されているような個々の微生物が単独原因となる典型的な発生例はあまり多く認められないと言われている（23）。加えて，過去においては豚の下痢症で原因微生物を特定できたものは半数程度

1）　動物衛生研究所七戸研究施設
〒039-2586　青森県上北郡七戸町字海内31
Shichinohe Research Unit, National Institute of Aminal Health
2）　動物衛生研究所生産病研究部

* Corresponding author: Ken KATSUDA, D.V.M., PhD, Environmental Hygiene Section, Shichinohe Research Unit, National Institute of Animal Health, 31 Uminai, Shichinohe, Kamikita, Aomori, 039-2586, Japan.
Tel. 81-176-62-5115 Fax 81-176-62-5117
E-mail: katsuda@affrc.go.jp

で，通常的にみられる下痢の多くは飼料の急変や乳汁成分の異常等に起因する非感染性下痢ではないかとの報告もある（22）。近年，遺伝子増幅法などの高精度・高感度な検出方法が開発され，一部の下痢症関連微生物についても応用されている（2, 4, 5, 6, 9）。これらの検査方法による検出成績から判断すると，過去に考えられていた以上に感染性下痢が存在し，また混合感染や重複感染も多いと推察される。しかしながら，わが国においては，豚下痢症に関して総合診断的調査成績がないため，各微生物の関与頻度は明らかではない。そこで，わが国における子豚下痢症の実態を明らかとすることを目的として，子豚下痢症の野外調査を下痢に関与頻度が高いと考えられる病原体（23）を中心に実施した。本研究は，平成14～15年度に所内プロジェクト「複合感染症としての豚下痢症の実態解明」により実施された。

試験研究方法

1．検査材料

2001年から2003年に7県16農場から収集した哺乳豚153頭，離乳豚116頭の下痢便を供試した。

2．ウイルス検査

ウイルス検査はロタウイルス，サッポロウイルス，豚伝染性胃腸炎ウイルス，豚流行性下痢ウイルスを検索対象に，糞便からRNAを抽出してreverse transcription-polymerase chain reaction（RT-PCR）法により行った（2, 6, 16, 21）。また，ロタウイルスについてはRNAのポリアクリルアミドゲル電気泳動法を併用し，血清群の同定も同時に行った（19）。

3．細菌検査

細菌検査は大腸菌，サルモネラ菌，*Clostridium perfringens*を対象に行った。

大腸菌の分離（定量培養）にはDHL寒天培地と5%羊脱線維素血液加寒天培地を用いた。1検体当たり大腸菌10コロニーを純化し，病原因子に関連する遺伝子を標的にPCR法によりスクリーニングを行い，病原遺伝子が検出されたものを病原性大腸菌（以下「大腸菌」）とした。標的遺伝子は易熱性エンテロトキシン（LT）遺伝子，耐熱性エンテロトキンシ（STIとSTII）遺伝子，ベロ毒素（VT1とVT2）遺伝子，線毛抗原（F4，F5，F6，F41，F18）遺伝子，attaching and effacing 病変　に関与する遺伝子（*eaeA*）とした（4, 5, 9）。鋳型DNAはInstaGene（バイオラド）を用いて抽出し，各標的遺伝子を至適条件により増幅し，1.5%アガロースゲル電気泳動を行った後，各遺伝子増幅産物を検出した。

サルモネラ菌の分離は，ラパポート培地とハーナーテトラチオン酸塩培地で増菌培養後，ノボビオシン加DHL寒天培地を用いて行った。サルモネラ菌の同定は常法により行った。

*C.perfringens*の分離（定量培養）はカナマイシン加CW寒天培地を用いて行った。*C.perfringens*の毒素（α，β，ε，ι）遺伝子検査はPCR法により行った（20）。

4．大腸菌の血清型別

分離した大腸菌株のO群血清型別は既報（13）に従い行った。血清型別試験には市販（デンカ生研）の病原大腸菌診断用免疫血清および動物衛生研究所疫学研究部臨床疫学研究室・小林秀樹主任研究官から分与された免疫血清を用いた。

5．寄生虫検査

寄生虫検査はコクシジウムとクリプトスポリジウムを対象に行った。滅菌蒸留水で10倍希釈した糞便懸濁液からショ糖液遠心浮遊法でオオシストを集め，コクシジウム検査は100倍，クリプトスポリジウム検査は200倍で鏡検し，オオシストの有無を判定した。

結果の概要

1．下痢便からの病原体検出成績

哺乳豚153頭中93頭（60.8%）はロタウイルス（74頭），大腸菌（3頭），サッポロウイルス（2頭），コクシジウム（14頭）の単独感染であり，34頭（22.2%）はこれらの病原体の混合感染であった。また，26頭（17.0%）では今回検査対象とした病原体は検出されなかった（表1）。

離乳豚116頭中50頭（43.1%）はロタウイルス（26頭），大腸菌（16頭），サッポロウイルス（5頭），クリプトスポリジウム（3頭）の単独感染であり，55頭（47.4%）からは複数の病原微生物が検出された。また，検査対象とした病原体が検出されなかった離乳豚は11頭（9.5%）であった（表1）。

混合感染と診断された下痢便からの病原体検出成績を図1に示した。哺乳豚では34頭中11頭でロタウイルスとコクシジウムが，10頭でロタウイルスと大腸菌が同時に検出された。各病原体の検出頻度はロタウイルスが85.3%（29頭）と最も多く，次いで大腸菌とコクシジウムがそれぞれ55.9%（19頭），サッポロウイルスが20.6%（7頭）であった。

表1　子豚下痢便からの病原体検出成績

病原体	哺乳豚		離乳豚	
	陽性頭数	陽性率（%）	陽性頭数	陽性率（%）
単独感染				
ロタウイルス	74	48.4	26	22.4
大腸菌	3	1.9	16	13.8
サッポロウイルス	2	1.3	5	4.3
コクシジウム	14	9.2	0	0.0
クリプトスポリジウム	0	0.0	3	2.6
混合感染	34	22.2	55	47.4
原因不明*	26	17.0	11	9.5
合計	153	100.0	116	100.0

＊検査対象微生物は検出されず

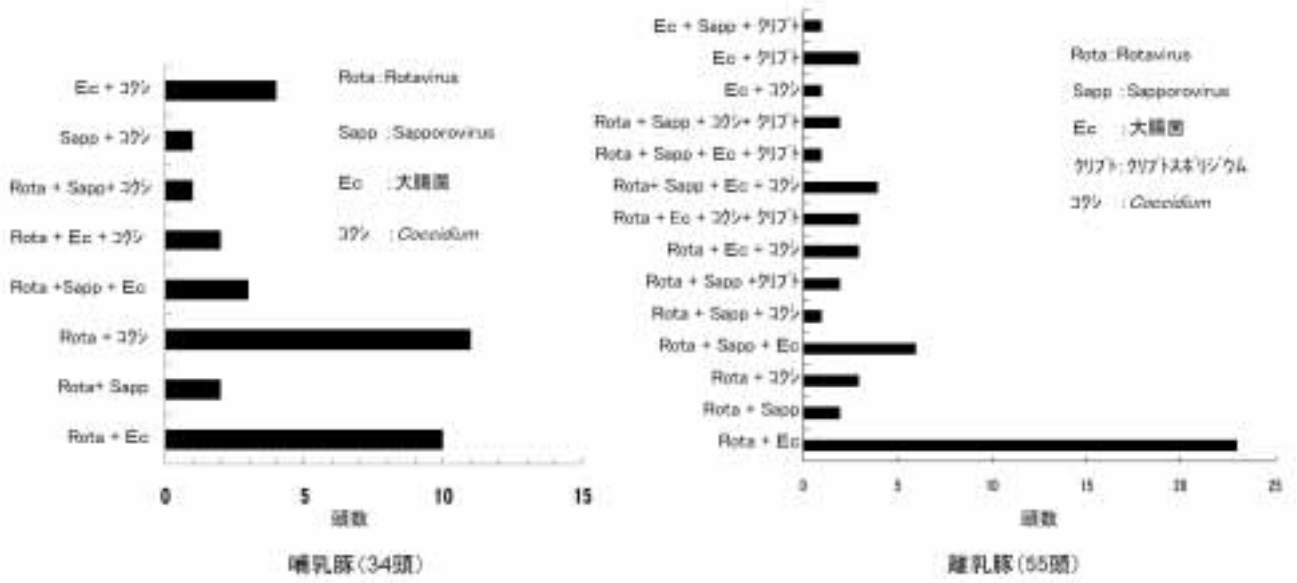


図1　混合感染していた病原体の組み合わせと検出頻度

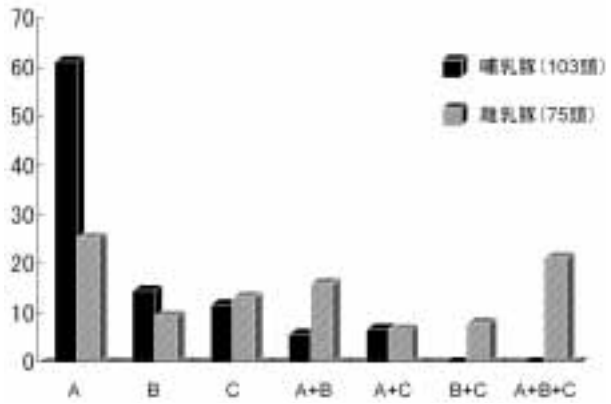


図2　各血清群ロタウイルスの検出率
A：血清群A群，B：血清群B群，C：血清群C群

離乳豚ではロタウイルスと大腸菌が同時に検出された個体が55頭中23頭（41.8%）と最も多く認められた。次いでロタウイルス，大腸菌，サッポロウイルスの混合感染が6頭，ロタウイルス，大腸菌，サッポロウイルス，コクシジウムの混合感染が4頭認められた。混合感染時の各病原体検出率はロタウイルスが90.9%（50頭），大腸菌が81.8%（45頭），サッポロウイルスが34.5%（19頭），コクシジウムが30.9%（17頭），クリプトスポリジウムが21.8%（12頭）であり，ほとんどにロタウイルスと大腸菌が関与していた。

なお，伝染性胃腸炎ウイルス，流行性下痢ウイルス，サルモネラ菌および*C.perfringens*は検出されなかった。

表2　分離された大腸菌の病原遺伝子

付着因子遺伝子	毒素遺伝子陽性株数										合計
	LT	*STI*	*STII*	*VT1*	*VT2*	*LT+STI*	*STI+STII*	*STII+VT2*	*LT+STI+VT2*	*LT+STI+STII*	
F4	6	3	0	0	0	0	8	0	0	21	38
F5	0	4	0	0	0	0	1	2	0	0	7
F6	0	8	0	0	0	0	2	0	0	0	10
F41	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
F18	0	0	0	0	2	0	0	0	8	0	10
eaeA	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	4
Negative	0	5	1	0	1	3	2	0	0	0	12
合計	6	22	1	4	3	3	13	2	8	21	83

2．検出されたロタウイルスの血清群

哺乳豚103頭，離乳豚75頭から検出されたロタウイルス各血清群の検出率を比較した（図2）。ロタウイルスが検出された哺乳豚のうち87.5%からは単独血清群が，残り12.5%からは複数の血清群が同時に検出された。各血清群の検出率はA群が61.2%と最も多く認められ，次いでB群が14.6%，C群が11.7%であった。一方，離乳豚ではA群が25.3%，B群が9.3%，C群が13.3%と，哺乳豚と比較するとA群単独感染が減少し，51.6%から複数の血清群のウイルスが同時に検出された。

3．大腸菌の線毛および毒素遺伝子の検出（表2）

線毛遺伝子検査の結果，検出頻度の高い順にF4線毛遺伝子保有株が38株，F6線毛とF18線毛遺伝子保有株がそれぞれ10株，F5線毛遺伝子保有株が7株，F41線毛遺伝子保有株が2株であった。また，eaeAが4株から検出された。これらの付着因子に関与する遺伝子が検出されなかった株が12株認められ，いずれも離乳豚からの分離株であった。

毒素遺伝子の検出成績を表2に示した。今回検出されたVT2遺伝子はすべて*VT2e*であった。

4．大腸菌の血清型別

O群血清型検査の結果，O149が39株と最も多く，次いでO141が11株，O20が12株，O8が8株，O9が7株，O139が3株，O64が1株であった。また，8株が今回用いた免疫血清で型別できなかった。

線毛遺伝子と血清型との関係を表3に示した。F4線毛遺伝子を保有する38株中33株（86.8%）がO149で，残り5株がO9であった。F5線毛遺伝子保有5株はすべてがO8であり，F6線毛遺伝子保有10株中7株がO20であった。また，F18線毛遺伝子保有10株中8株がO141であった。

表3　分離大腸菌のO群血清型と線毛遺伝子との関係

線毛および毒素遺伝子型	株数	O群血清型(株数)
F4・LT	6	O149 (6)
F4・STI	3	O9 (3)
F4・STI&II	8	O9 (2), O149 (6)
F4・LT・STI&II	21	O149 (21)
F5・STI	4	O8 (4)
F5・STI&II	1	O8 (1)
F6・STI	8	O20 (5), O64 (1), 141 (2)
F6・STI&II	2	O20 (2)
F41・STI	2	O9 (2)
F18・VT2	2	O139 (2)
F18・LT・STI・VT2	8	O141 (8)
Neg・*STI*	5	O20 (4), O141 (1)
Neg・*STII*	1	O20 (1)
Neg・*VT2*	1	O139 (1)
Neg・*LT・STI*	3	O8 (3)

考察・まとめ

豚の感染性下痢症について原因調査を行った結果，哺乳豚では60.8%が単独感染，22.2%が混合感染であり，離乳豚では43.1%が単独感染，47.4%が混合感染であった。これまで豚下痢症の原因調査では哺乳豚，離乳豚ともに60～80%が単独病原体感染によるとされていたが(8, 12)，2種類以上の病原体が同時に分離される混合感染症の事例が増加していることも報告されている（22)。今回の調査結果から，わが国においては，特に離乳豚では混合感染による下痢症例が多数存在することが明らかとなった。このような混合感染では下痢症の主原因が特定できない事例が多く存在し（15)，的確な予防・治療を実施することが困難になっていると考えられる。

病原体別では哺乳豚の67.3%，離乳豚の65.5%からロタウイルスが検出され，ロタウイルスが国内の豚下痢症の主要因であると考えられる。Johnsonら（8）もロタ

ウイルスが子豚下痢症に関与する最も重要な病原体で，35%～60%の豚から分離された事を報告している。今回の調査では，特に哺乳豚における検出頻度が顕著に高く，データは示さなかったが，1週齢以内の新生豚から81.7%と高率に検出されている。ロタウイルス性下痢症は“3 week scours”とも呼ばれ（1），従来，離乳期に当たる3週齢前後に多発し，移行抗体により防御されている新生豚ではロタウイルスによる下痢の発生は希と考えられていた。今回，1週齢以内の発症豚から非常に高率にロタウイルスが分離されたことは，母豚の抗体レベルや子豚の初乳摂取状況と関連がある可能性が推察される。

ロタウイルスの血清群型別では，ロタウイルス陽性哺乳豚の87.5%からは単一血清群（A群：61.2%，B群：14.6%，C群：11.7%）が，離乳豚ではロタウイルス陽性豚の52.0%から複数の血清群が同時に検出された。哺乳豚から分離されるロタウイルスの60～70%はA群に属し，離乳豚では非A群や複数血清群の同時感染の割合が増加する事が報告されている（7）。今回の調査でも同様の結果が得られた。ロタウイルスでは血清群の異なるウイルス間で交差防御は成立しないので，離乳豚では，離乳時の群編成により血清群の異なる株の感染を受けた結果，複数の血清群のウイルスが検出されると考えられる。また，このことが離乳後下痢症の病態をさらに複雑化しているとも考えられる。

大腸菌は，哺乳豚の17.2%，離乳豚の58.1%から分離され，既報（8, 12, 13）と比較して哺乳豚での分離頻度が低いが，今回の調査農場については，十分なデータはないが，農場における衛生管理や飼養管理の改善が影響した可能性が考えられる。Wielerら（22）も哺乳豚からの毒素原性大腸菌の分離率が，最近低下してきていることが報告し，抗菌剤の適切な使用や母豚に対する大腸菌ワクチンの接種が影響していると推察している。

大腸菌とロタウイルスの重感染では，腸管での分泌亢進と吸収不全が同時に起こるため，単独感染に比較し，死亡率の上昇や症状の悪化に繋がる（14）。また，離乳豚においてはロタウイルスの先行感染による小腸絨毛の損傷が毒素原生大腸菌の定着を容易にしているとの報告もある（10）。今回の調査でも大腸菌はロタウイルスと同時に検出されることが多く，哺乳豚では混合感染の44.1%，離乳豚では72.7%から少なくともこれら2種類の病原体が検出された。

分離された大腸菌の92.0%は1種類以上のエンテロトキシンを産生し，79.3%の株が付着線毛遺伝子を保有していたことから，従来通り（13），子豚の下痢原性大腸菌の主因は毒素原性大腸菌であることが明らかとなった。

分離された毒素原性大腸菌の血清型は検出頻度順に，O149，O141，O20，O8，O9，O64であり，既報（11, 13）と同様O149が最優勢であった。また，今回O64が1株，哺乳豚から分離されている。本血清型の牛下痢からの分離報告は多く認められるが，豚からの分離はカナダと沖縄での報告しか認められない（3, 11）。また，今回の分離株も既報同様O64・STI遺伝子保有株であった。今回の調査で沖縄以外の県からO64・STI株が分離されたことは，今後，本血清型の国内拡散に注意を払う必要性があることが示唆された。

豚の糞便からのコクシジウムの検出率は10～15%と報告されているが（18），今回の調査では哺乳豚から高率（37%）に検出されている。哺乳豚に下痢原性を示すコクシジウムは2属5種が報告されている（17）。今回の調査では種同定まで行わなかったが，今後は種同定を含めた更に詳細な調査を行うことが必要であると考えられる。離乳豚に対するコクシジウムやクリプトスポリジウムの下痢原性は明確ではないが，複合感染下痢症では主原因が特定できない事例が多く存在し，また，単独感染に比較すると症状が重篤化する傾向がある。また，子豚に対してほとんど病原性を示さない病原体も起病性を発揮するとすることがある（15）。今回離乳豚から分離されたコクシジウムやクリプトスポリジウムはこれに該当すると考えられる。

今回の調査から，子豚下痢症の30%には複数の病原体が関与していることが明らかとなった。特にロタウイルスは検査豚全体の65%以上と非常に高率に検出されており，本ウイルスを中心とした感染性下痢症の予防対策の確立が急務であると考えられる。

おわりに

本課題を推進するに当たり，検査材料の採取等にご協力頂いた皆様に深謝致します。

引用文献

1） Bohl, EH., Kohler EM., Saif, LJ. et al.: Rotavirus as a cause of diarrhea in pigs. J. Am. Vet. Med. Assoc. 172, 458-463 (1978).

2） Duarte, M., Tobler, K., Bridgen, A. et al.: Sequence analysis of the porcine epidemic diarrhea virus genome between the nucleocapsid and spike protein genes reveals a polymorphic ORF. Virology. 198, 466-476 (1994).

3） Fairbrother, JM., Lariviere, S. & Johnson, WM.: Prevalence of fimbrial antigens and enterotoxins in nonclassical serogroups of *Escherichia coli* isolated from newborn pigs with diarrhea. Am. J. Vet. Res. 49, 1325-1328 (1988).
4） Frydendahl K.: Prevalence of serogroups and virulence genes in *Escherichia coli* associated with postweaning diarrhea and edema disease in pigs and a comparison of diagnostic approaches. Vet Microbiol. 85, 169-182 (2002).
5） Gannon VP., Rashed, M., King, RK. et al.: Detection and characterization of the eae gene of Shiga-like toxin-producing *Escherichia coli* using polymerase chain reaction. J Clin Microbiol. 31, 1268-74 (1993).
6） Gouvea, V., Glass, RI., Woods, P. et al.: Polymerase chain reaction amplification and typing of rotavirus nucleic acid from stool specimens. J. Clin. Microbiol. 28, 276-282 (1990).
7） Janke, BH., Nelson, JK., Benfield, DA. et al.: Relative prevalence of typical and atypical strains among rotaviruses from diarrheic pigs in conventional swine herds. J. Vet. Diagn. Invest. 2, 308-311 (1990).
8） Johnson, MW., Fitzgerald, GR., Welter, MW. et al.: The six most common pathogens responsible for diarrhea in newborn pigs. Vet. Med. 4, 382-386 (1992).
9） Kwon, D., Kim, O. & Chae, C.: Prevalence of genotypes for fimbriae and enterotoxins and O serogroups in *Escherichia coli* isolated from diarrheic piglets in Korea. J. Vet. Diagn. Invest. 11, 146-151 (1999).
10） Lecce, JG., Balsbaugh, RK., Clare, DA. et al.: Roatavirus and hemolytic enteropathogenic *Escherichia coli* in weanling dearrhea og pigs. J. Clin. Microbiol. 16, 715-723 (1982).
11） 又吉正直, 貝賀眞俊,大城　聡他：沖縄県で分離された子豚下痢由来腸管毒素原性大腸菌（ETEC）の細菌学的性状と病原遺伝子保有状況．日獣会誌 54, 595-600 (2001).
12） Morin, M., Turgeon, D., Jolette, Y. et al.: Neonatal diarrhea of pigs in Quebec: Infectious causes of singnificant outbreaks. Can. J. Comp. Med. 47, 11-17 (1983).
13） Nakazawa, M., Sugimoto, C., Isayama, Y. et al.: Virulence factors in Escherichia coli isolated from piglets with neonatal and post-weaning diarrhea in Japan. Vet. Microbiol. 13, 291-300 (1987).
14） 中澤宗生：大腸菌病. 豚病学(柏崎守ほか編). 第4版, 328-337, 近代出版, 東京(1999).
15） 成田實, 中澤宗生：日和見感染・混合感染.　豚病学, (柏崎守ほか編). 第4版, 155-160, 近代出版, 東京 (1999).
16） Qian, YA., Jiang, BM., Saif, LJ. et al.: Sequence conservation of gene 8 between human and porcine group C rotaviruses and its relationship to the VP7 gene of group A rotaviruses. Virology 182, 562-569 (1991).
17） 志村亀夫：寄生虫による豚の下痢症．臨床獣医、807、17-20 (1988).
18） 志村亀夫：コクシジウム病. 豚病学(柏崎守ほか編). 第4版, 407-409, 近代出版, 東京(1999).
19） Theil, KW., McCloskey, CM., Saif, LJ. et al.: Rapid, simple method of preparing rotavirus double-stranded ribonucleic acid for analysis by polyacrylamide gel electrophoresis. J. Clin. Microbiol. 14, 273-280 (1981).
20） Uzal, FA., Plumb, JJ., Blackall, LL. et al.: PCR detection of *Clostridium perfringens* producing different toxins in faeces of goats. Lett Appl Microbiol. 5, 39-44 (1997).
21） Vaughn, EM., Halbur, PG. & Paul, PS.: Three new isolates of porcine respiratory coronavirus with various pathogenicities and spike (S) gene deletions. J. Clin. Microbiol. 32, 1809-1812 (1994).
22） Wieler, LH., Ilieff, A., Herbst, W. et al.: Prevalence of enteropathogens in suckling and weaned piglets with diarrhea in southern Germany. J. Vet. Med. B. 48, 151-159 (2001).
23） 矢原　芳博：子豚期の下痢、腸管感染症の近年における発生動向．Pig Journal. 56, 24-27(2002).

Summary

Enteropathogens in suckling and weaned piglets with multi-etiological diarrhea in Japan

Ken KATSUDA [1)*], Mariko KOHMOTO [1)], Kenji KAWASHIMA [1)], Tomotaro SHOJI [1)], Toshiyuki ONODERA [1)], Yukihiro ODA [1)], Rieko HORINO [2)], Hideyuki TAKAHASHI [2)] & Hiroshi TSUNEMITSU [1)]

Fecal samples from suckling (n = 153) and weaned (n = 116) piglets with diarrhea in Japan were examined for shedding of viral, bacterial and parasitic pathogens using culture, microscopic and PCR methods. In suckling piglets, diarrhea was attributed to infection with a single etiologic agent in 60.8% and combinations of agents in 22.9%, while in weaned piglets, it was attributed to a single etiologic agent in 43.1% and combinations of agents in 47.4%. Although the importance of rotavirus infection in suckling piglets has not been generally recognized, rotavirus was the most prevalent agent in suckling (67.3%) and weaned (65.5%) piglets. The detection of other pathogens was associated with the age of the animals examined. *Coccidium* spp. was predominantly isolated from suckling piglets, while *Escherichia coli* were predominantly in weaned piglets. For rotavirus although there was no relationship was obserbed between the detection rate and age of piglets, a single type of rotavirus was detected in 87.5% of suckling piglets, while in weaned piglets multiple types were detected in 51.6%. The results of this study confirm that diarrhea in piglets is a multi-etiological syndrome. Additionally, they also indicate some reasons that make this disease can be difficult to control.