



川乡黑猪、巴克夏猪、杜洛克猪肠道微生物多样性差异分析

王 言¹, 顾以韧², 张进威^{3,4}, 杨雪梅¹, 梁 艳¹, 刘 锐¹, 陶 璇¹, 杨跃奎¹, 安 瑞¹,
杨 坤¹, 张 兴¹, 陈晓晖¹, 龚建军^{1*}

(1. 四川省畜牧科学研究院, 畜禽种业四川省重点实验室, 成都 610066;

2. 西南民族大学畜牧兽医学院, 成都 610041; 3. 重庆市畜牧科学院, 重庆 402460;

4. 农业农村部养猪科学重点实验室 养猪科学重庆市重点实验室, 重庆 402460)

摘 要: 旨在通过16S rRNA测序技术和生物信息学分析手段探究川乡黑猪、巴克夏猪、杜洛克猪肠道微生物的多样性差异。川乡黑猪、巴克夏猪、杜洛克猪在体重达120 kg时进行屠宰, 屠宰时采集3个猪种直肠的粪便, 利用16S rRNA测序技术和生物信息学手段对不同猪种肠道微生物多样性进行分析。结果表明, 巴克夏猪的菌群多样性显著低于川乡黑猪和杜洛克猪($P<0.05$), 3个猪种的菌群群落结构有显著差异($P<0.05$)。在门水平, 川乡黑猪厚壁菌门(Firmicutes)丰度显著低于巴克夏猪($P<0.05$), 川乡黑猪和杜洛克猪的拟杆菌门(Bacteroidota)丰度显著高于巴克夏猪($P<0.05$)。在属水平, 川乡黑猪和杜洛克猪的理研菌科RC9菌属丰度(*Rikenellaceae* RC9 gut group)显著高于巴克夏猪($P<0.05$), 川乡黑猪普雷沃氏菌属(*Prevotella*)、普雷沃氏菌科NK3B31菌属(*Prevotellaceae* NK3B31 group)丰度显著高于杜洛克猪和巴克夏猪($P<0.05$), 杜洛克和巴克夏猪狭义梭菌属1(*Clostridium sensu stricto* 1)丰度显著高于川乡黑猪($P<0.05$); LEfSe分析显示, 在属水平上, 川乡黑猪、巴克夏猪、杜洛克猪中分别存在14种、7种、1种差异微生物; 功能预测结果显示, 川乡黑猪的微生物群落中与氨基酸代谢相关的通路显著富集, 巴克夏猪中与丙酮酸代谢等相关的通路显著富集, 杜洛克猪中与蛋白质运输等相关的通路显著富集。综上所述, 川乡黑猪、巴克夏猪和杜洛克猪的肠道微生物组成和功能存在显著差异, 这些差异可能影响宿主的营养代谢、能量利用和免疫调节等功能。

关键词: 川乡黑猪; 巴克夏猪; 杜洛克猪; 16S rRNA; 微生物多样性

中图分类号: S828.2

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2026)01-0146-09

Analysis of Intestinal Microbial Diversity Differences among Chuanxiang Black Pigs, Berkshire Pigs and Duroc Pigs

WANG Yan¹, GU Yiren², ZHANG Jinwei^{3,4}, YANG Xuemei¹, LIANG Yan¹, LIU Rui¹, TAO Xuan¹,
YANG Yuekui¹, AN Rui¹, YANG Kun¹, ZHANG Xing¹, CHEN Xiaohui¹, GONG Jianjun^{1*}

(1. Animal Genetic Breeding and Reproduction Key Laboratory of Sichuan Province, Sichuan Animal Science Academy, Chengdu 610066, China; 2. College of Animal and Veterinary Sciences of Southwest Minzu University, Chengdu 610041, China; 3. Chongqing Academy of Animal Sciences, Chongqing 402460, China; 4. Ministry of Agriculture and Rural Affairs Key Laboratory of Pig Sciences, Chongqing Key Laboratory of Pig Sciences, Chongqing 402460, China)

收稿日期: 2025-05-28

基金项目: 农业农村部养猪科学重点实验室开放课题(24507C); 省财政运行专项(SASA2025CZYX001); 现代农业产业技术体系四川生猪创新团队(SCCXTD-2025-08); 国家现代农业产业技术体系(CARS-35)

作者简介: 王 言, 助理研究员, 硕士, 主要从事猪遗传育种与繁殖研究, E-mail: 376471617@qq.com

* 通信作者: 龚建军, 主要从事猪遗传育种与繁殖研究, E-mail: 460616227@qq.com

Abstract: This study aimed to investigate the differences in intestinal microbial diversity among Chuanxiang Black pigs, Berkshire pigs, and Duroc pigs using 16S rRNA sequencing technology and bioinformatics analysis. When the body weight of the pigs reached 120 kg, Chuanxiang Black pigs, Berkshire pigs, and Duroc pigs were slaughtered, and rectal fecal samples were collected from each breed. The intestinal microbial diversity of the different pig breeds was then analyzed using 16S rRNA sequencing technology and bioinformatics approaches. The results demonstrated that the microbial diversity of Berkshire pigs was significantly lower than that of Chuanxiang Black pigs and Duroc pigs ($P < 0.05$), and the microbial community structures among the 3 pig breeds showed significant differences ($P < 0.05$). At the phylum level, the abundance of Firmicutes in Chuanxiang Black pigs was significantly lower than that in Berkshire pigs ($P < 0.05$), while the abundance of Bacteroidota in both Chuanxiang Black pigs and Duroc pigs was significantly higher than that in Berkshire pigs ($P < 0.05$). At the genus level, the abundance of *Rikenellaceae* RC9 gut group in Chuanxiang Black pigs and Duroc pigs was significantly higher than that in Berkshire pigs ($P < 0.05$). The abundances of *Prevotella* and *Prevotellaceae* NK3B31 group in Chuanxiang Black pigs were significantly higher than those in Duroc pigs and Berkshire pigs ($P < 0.05$), while the abundance of *Clostridium sensu stricto* 1 in both Duroc pigs and Berkshire pigs was significantly higher than that in Chuanxiang Black pigs ($P < 0.05$). LEfSe analysis showed that there were 14, 7, and 1 differential microorganisms in Chuanxiang Black pigs, Berkshire pigs, and Duroc pigs at the genus level, respectively. Functional prediction results showed that pathways related to amino acid metabolism were significantly enriched in the microbial community of Chuanxiang Black pigs, pathways related to pyruvate metabolism and others were significantly enriched in Berkshire pigs, and pathways related to protein transport and others were significantly enriched in Duroc pigs. In conclusion, there are significant differences in the composition and function of intestinal microbiota among Chuanxiang Black pigs, Berkshire pigs, and Duroc pigs. These differences may affect the host's nutritional metabolism, energy utilization, immune regulation, and other functions.

Keywords: Chuanxiang black pigs; Berkshire pigs; Duroc pigs; 16S rRNA; microbial diversity

* **Corresponding author:** GONG Jianjun, E-mail:460616227@qq.com

随着人们生活水平的提升,对于肉质的要求也越来越高。经过长期高强度的人工选择,国外引进的瘦肉型猪品种在产肉效率方面得到了很大的提升,但是肉质性状改良相对迟缓^[1]。生产上可以通过将瘦肉型猪与地方品种猪杂交来提升肉质风味^[2],但当地方猪与杜洛克猪或巴克夏猪进行二元杂交生产商品猪时,能保持地方猪优良的肉质口感,但瘦肉率仅53%左右,膘过肥;若进行三元杂生产商品猪,瘦肉率可达56%~58%,背膘适宜,但肉质明显下降,且毛色分离严重,经济效益差^[3]。川乡黑猪是四川省畜牧科学研究院育成的我国首个具备完全自主知识产权的突破性父本新品种,其被毛黑色,生长快、瘦肉率高、肉质优,生长发育性能优于巴克夏猪,与杜洛克十分接近,但其肌肉脂肪

含量达3.52%,显著优于杜洛克猪和巴克夏猪^[4],对于川乡黑猪这些优良性状形成的遗传基础和分子机制仍在很大程度上是未知的。不同品系猪种的性能差异受到遗传因素的调控,另一方面,肠道微生物作为机体的“第二基因组”,也是影响猪种性能的重要因素^[5]。不少研究者针对不同品种对猪肠道微生物群的影响展开了探索,发现中国本土品种或放牧型品种与商业品种有着明显的差异^[6-12]。

为探究不同猪种肠道微生物菌群的差异以及与其特性的可能联系,本研究对川乡黑猪、巴克夏猪、杜洛克猪的肠道微生物进行比较分析,丰富猪种肠道微生物数据库,鉴定不同猪种中的优势菌群,从微生物角度揭示品种特性形成的可能机制,为猪的品种选育和遗传改良提供新的视角和靶点。

1 材料与方法

1.1 试验动物和样品采集

本研究在四川省畜牧科学研究院简阳猪育种基地选取出生日期相近的川乡黑猪、巴克夏猪和杜洛克猪分别 16、12、24 头,当试验猪只体重达 30 kg 时上试,分别于体重达 120 kg 的时候进行屠宰,屠宰时收集每头猪直肠的粪便样本,置于液氮保存。将试验猪根据品种分为 3 组,分别命名为 C(川乡黑猪)、B(巴克夏猪)和 D(杜洛克猪),试验期间所有猪只采用相同的饲料进行饲喂。

1.2 粪便微生物基因组 DNA 抽提

采用 CTAB/SDS 法提取粪便微生物基因组总 DNA,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA。

1.3 PCR 扩增

根据 16S rRNA 基因 V4-V5 区保守序列,以粪便基因组 DNA 为模板,合成带有 barcode 的特异引物 515F 和 907R (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3', 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3')。PCR 仪使用 ABI GeneAmp® 9700 型,PCR 采用 TransStart Fastpfu DNA Polymerase, 20 μ L 反应体系: 5 $\times$ FastPfu Buffer 4 μ L, 2.5 mmol $\cdot$ L⁻¹ dNTPs 2 μ L, Forward Primer (5 μ mol $\cdot$ L⁻¹) 0.8 μ L, Reverse Primer (5 μ mol $\cdot$ L⁻¹) 0.8 μ L, FastPfu Polymerase 0.4 μ L, Template DNA 10 ng, 补 ddH₂O 至 20 μ L。PCR 反应参数为: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 95 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 58 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 45 s, 30 个循环; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min, 10 $^{\circ}$ C 保存。每个样本 3 个 PCR 重复, 将 3 个重复的 PCR 产物混合, 使用 2% 浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测。PCR 产物使用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit 进行纯化。

1.4 文库构建和上机测序

使用 NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit 进行建库, 利用 Illumina 公司的 NovaSeq PE250 平台进行测序。

1.5 信息分析

1.5.1 测序数据优化 使用 fastp^[13] 软件对原始测序序列进行质控, 过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基, 设置 50 bp 的窗口, 如果窗口内的平均质量值低于 20, 从窗口开始截去后端碱基, 过滤质控后 50 bp 以下的 reads, 去除含 N 碱基的 reads。使用 FLASH^[14] 软件进行拼接, 根据 PE reads 之间的

overlap 关系, 将成对 reads 拼接成一条序列, 最小 overlap 长度为 10 bp。

1.5.2 OTU 聚类 and 注释 使用 UPARSE 软件^[15], 根据 97%^[15-16] 的相似度对序列进行 OTU 聚类, 利用 RDP classifier^[17] 对每条序列进行物种分类注释, 比对 Silva 16S rRNA 数据库, 设置比对阈值为 70%, 获得分类学信息并分别在各个分类水平: phylum (门)、class (纲)、order (目)、family (科)、genus (属)、species (种) 统计各样本的群落组成。最后对各样本的数据进行均一化处理, 以样品中数据量最少的为标准进行均一化处理, 后续的 Alpha 多样性分析和 Beta 多样性分析都是基于均一化处理后的数据。

1.5.3 Alpha 多样性分析 使用 R 语言计算 Alpha 多样性指数, 包括 ACE、Chao1、Shannon-Wiener 等, 其中 ACE 和 Chao1 为丰富度指数, Shannon-Wiener 为多样性指数。

1.5.4 Beta 多样性分析 使用 R 语言计算 Bray-Curtis 距离, 并采用 Bray-Curtis 距离进行主坐标分析 (PCoA), 同时进行 ANOSIM 组间和组内差异统计分析。使用 LEfSe 分析作图构建更直观的组间差异比较图。

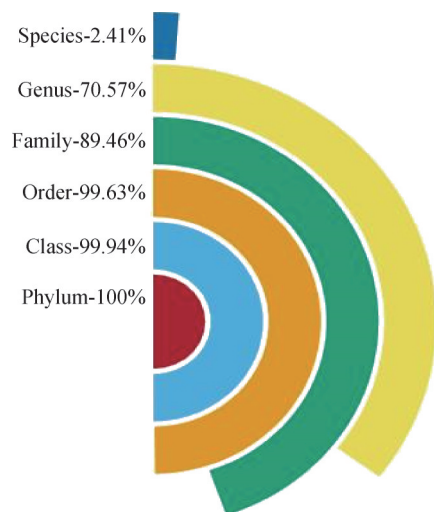
1.5.5 LEfSe 分析 使用 LEfSe 分析鉴别 3 个品种间差异显著的微生物。

1.5.6 PICRUST2 功能预测 使用 PICRUST2 软件, 并基于 KEGG 数据库对微生物群落进行功能预测, 得到不同 KEGG 层级水平内功能基因的相对丰度。

2 结果

2.1 测序数据及注释

C 组、B 组和 D 组共 52 个样本共计产生了 1 981 923 条 16S rRNA 基因序列, 其中 C 组 627 143 条, B 组 454 874 条, D 组 899 906 条。样本有效序列数在 32 982~41 824 之间, 有效序列平均长度为 372 bp, 对每个样本的有效序列进行注释和 OUT 聚类, 最终获得 OTUs 数目 3 645 个, 根据注释情况, 将每个样品注释到各分类水平 (门、纲、目、科、属、种), 发现它们属于 18 个菌门, 27 个菌纲, 55 个菌目, 87 个菌科, 226 个菌属和 53 个菌种, 由于很大一部分微生物并不能有效归属于种水平, 所以注释到的菌种数量很少, 注释结果见图 1。将测序深度设为 30 000, 计算了每个样本的 Shannon-Wiener 指



圆环展示所有样本在不同分类学水平得到成功注释的比例。圆环从内到外依次为门、纲、目、科、属水平,半圆代表100%注释

The circular diagram displays the proportion of all samples successfully annotated at different taxonomic levels. From the inside to the outside, the circles represent the phylum, class, order, family, and genus levels, respectively, with a half-circle indicating 100% annotation

图1 注释比例图

Fig. 1 Annotation proportion diagram

数,结果见图2,Shannon指数随着测序深度的增加而增加,并趋于平缓,说明样本量和序列读数足以覆盖群落中的菌群。

2.2 菌群Alpha多样性分析

根据物种注释结果,各样本选取在不同分类水平(门、纲、目、科、属)上最大丰度排名前10的物种,

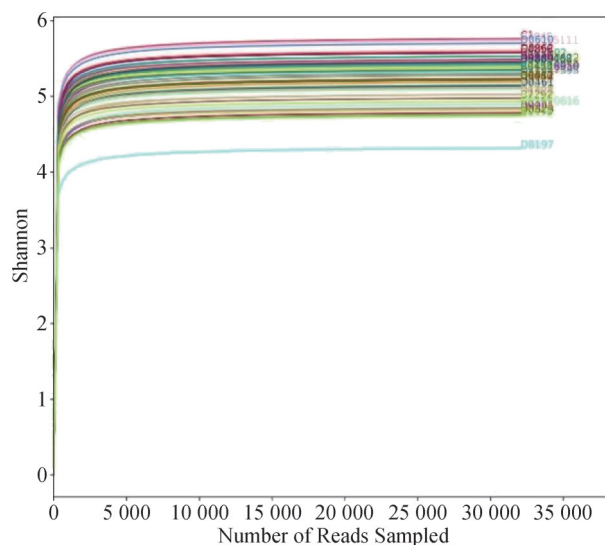


图2 肠道微生物测序数据质控

Fig. 2 Quality control of intestinal microbiota sequencing data

生成物种相对丰度柱形累加图,见图3。

由于菌群物种组成复杂,不能直观反映不同品种猪种的菌群丰富度差异,因此计算每个样本的ACE指数、Chao1指数、shannon指数,ACE和Chao1为丰富度指数,能反映样本微生物群落的丰富度,值越大,表示物种种类越多,Shannon为多样性指数,能反映样本微生物群落的多样性和均匀度,值越大,表示物种多样性越高。Alpha指数在3个品种间的差异检验结果见图4,可知川乡黑猪和杜洛克猪菌群丰富度显著高于巴克夏猪($P < 0.05$),川乡黑猪菌群的多样性显著高于巴克夏猪($P < 0.05$)。

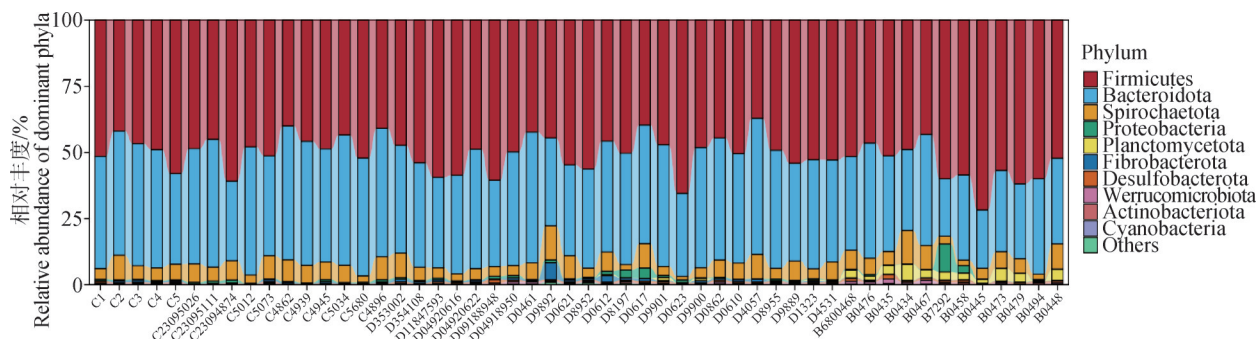


图3 门水平上物种相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of species at the phylum level

2.3 菌群Beta多样性分析

根据粪样OTU信息计算样品间的Bray-Curtis距离,并进行主坐标分析,结果如图5所示,川乡黑

猪、杜洛克猪、巴克夏猪在横坐标轴明显分开,同时,进行PERMANOVA(adonis)检验, $R^2=0.1663$, $P=0.001$,结果表明所研究的3个组别之间,其微生

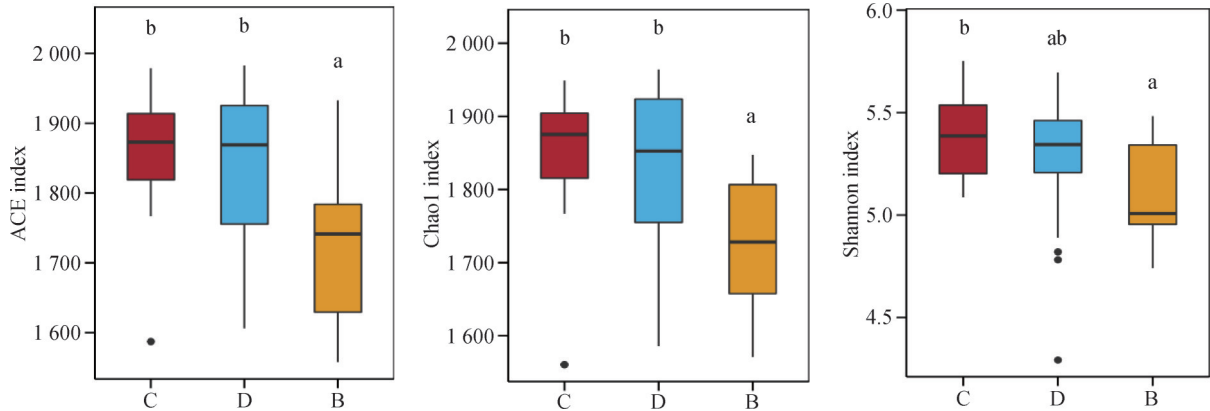


图4 肠道菌群Alpha多样性

Fig. 4 Alpha diversity of intestinal microbiota

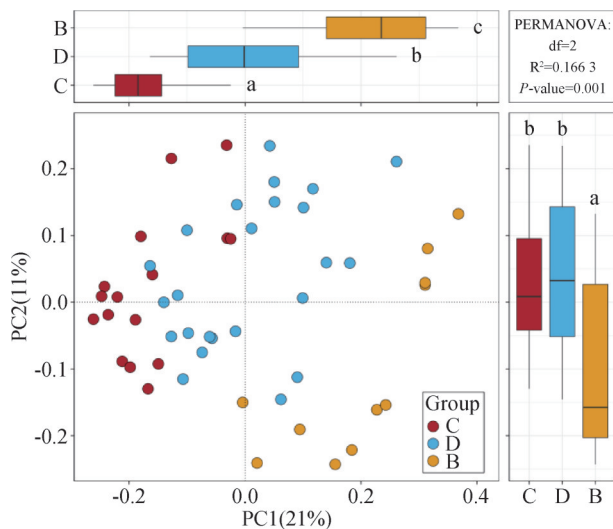


图5 不同品种猪肠道微生物Bray-Curtis距离矩阵计算的PCoA分析

Fig. 5 PCoA analysis based on Bray-Curtis distance matrix of intestinal microbiota in different pig breeds

物群落结构存在显著差异($P=0.001$),且这种差异中约16.63%可由分组因素解释。

2.4 物种相对丰度及组间差异分析

根据OTU物种注释信息计算出在门、属水平上物种的相对丰度,分别选取相对丰度排名前10的物种做Tukey's HSD检验,进行组间差异分析,结果见图6、图7。

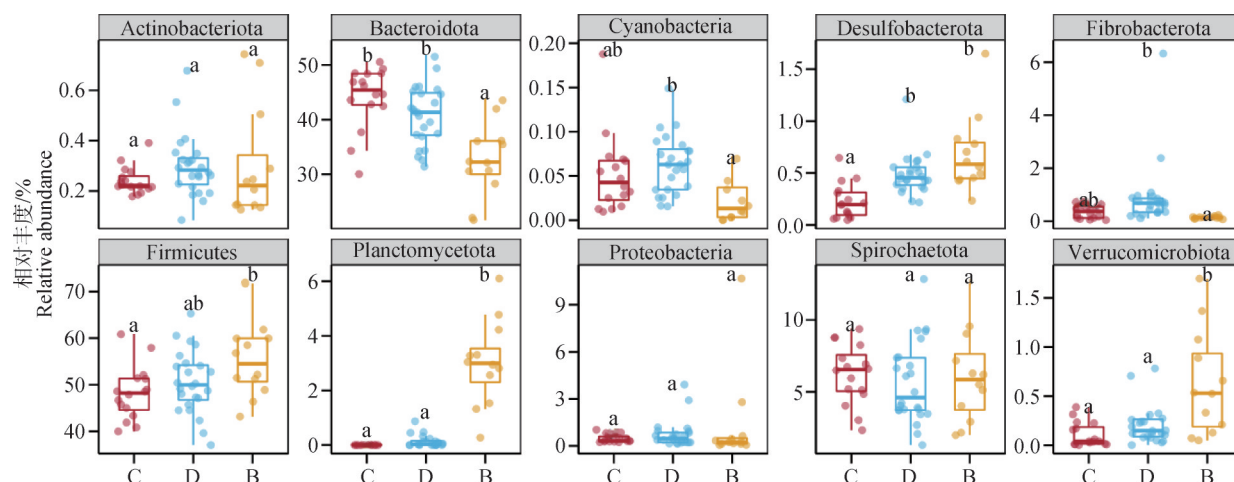
从图6可看出,在门水平上,3个猪种丰度较高的菌类均是厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes),川乡黑猪的厚壁菌门显著低于巴克夏猪($P<0.05$),但川乡黑猪和杜洛克猪的拟杆菌门显著高于巴克夏猪($P<0.05$),杜洛克猪的蓝

藻菌门(Cyanobacteria)和纤维杆菌门(Fibrobacterota)显著高于巴克夏猪($P<0.05$),川乡黑猪和杜洛克猪的浮霉菌门(Planctomycetota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)显著低于巴克夏猪($P<0.05$);从图7可看出,在属水平上,川乡黑猪的优势菌群为理研菌科RC9菌属(Rikenellaceae RC9 gut group)、普雷沃氏菌属(Prevotella)、普雷沃氏菌科NK3B31菌属(Prevotellaceae NK3B31 group),杜洛克猪的优势菌群为乳杆菌属(Lactobacillus)、Rikenellaceae RC9 gut group、密螺旋体属(Treponema),巴克夏猪的优势菌群为Lactobacillus、Treponema、链球菌属(Streptococcus),川乡黑猪的狭义梭菌属1(Clostridium sensu stricto 1)相对丰度显著低于杜洛克猪和巴克夏猪($P<0.05$),川乡黑猪中Prevotella、瘤胃球菌属UCG-005相对丰度显著高于巴克夏猪($P<0.05$),川乡黑猪中Prevotellaceae NK3B31 group相对丰度显著高于其它两个猪种($P<0.05$),川乡黑猪和杜洛克猪中Rikenellaceae RC9 gut group相对丰度显著高于巴克夏猪。

2.5 LEfSe分析

本研究利用LEfSe分析不同的分组间菌群物种组成的差异,以寻找不同品种猪的粪样微生物标记,且以更直观的形式呈现出来,见图8。

结果显示,共有5个门、5个纲、7个目、10个科、23个属水平的品种间差异肠道微生物。在属水平上,川乡黑猪较其余两个猪种的差异物种有艾森伯格菌属(Eisenbergiella)、副萨特氏菌属(Parasutterella)等14种,巴克夏猪较其余两个猪种的差异物种有狭义梭菌属1型(Clostridium_sensu_



箱子上的小写字母不同代表该物种相对丰度组间差异显著 ($P < 0.05$), 下同

Different lowercase letters above the boxes indicate significant differences in the relative abundance of the species between groups ($P < 0.05$), the same as below

图6 不同品种猪肠道微生物门水平上相对丰度排名前10的物种

Fig. 6 The top 10 species with relative abundance at the phylum level of intestinal microbiota in different pig breeds

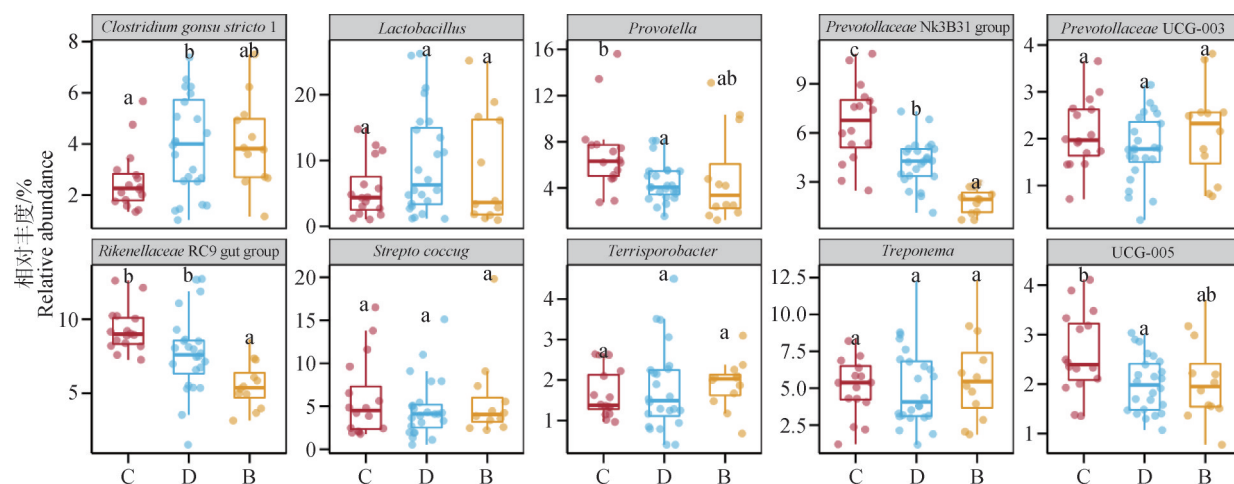


图7 不同品种猪肠道微生物属水平上相对丰度排名前10的物种

Fig. 7 The top 10 species with relative abundance at the genus level of intestinal microbiota in different pig breeds

stricto_1)、普雷沃氏菌属7型(*Prevotella_7*)等7种, 杜洛克猪较其余两个猪种的差异物种有纤维杆菌属(*Fibrobacter*)1种。

2.6 肠道微生物功能预测

利用PICRUST2软件预测了不同猪种中高丰度微生物的功能(图9), 结果显示, 在川乡黑猪中精氨酸和脯氨酸代谢, 甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸的代谢, 丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸的代谢, 苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸的生物合成, 肽聚糖生物合成, 氮代谢等通路显著富集, 杜洛克猪中蛋白质运输, 淀粉和蔗糖代谢, 氨基糖和核苷酸糖代谢, 糖酵解等通路显著富集, 巴克夏猪中半胱氨酸和甲硫氨酸代谢,

赖氨酸的生物合成, 丙酮酸代谢等通路显著富集。

3 讨论

本研究通过16S rRNA测序揭示了川乡黑猪、巴克夏猪和杜洛克猪肠道微生物多样性的显著差异。结果显示, 川乡黑猪的菌群丰富度(Chao1、ACE指数)和多样性(Shannon指数)均显著高于巴克夏猪($P < 0.05$), 也高于杜洛克猪, 这可能与杜洛克猪、巴克夏猪作为国外引进品种长期经历高强度人工选育有关, 人工选育可能导致宿主遗传背景趋同, 进而限制肠道微生物的多样性, 这与Bergamaschi等^[7,12]的研究结果一致, 川乡黑猪是我

猪中的高丰度可能与其对饲料中纤维成分的高效利用有关,这或许是其生长速度优于巴克夏猪的微生物学基础之一^[18,22]。巴克夏猪和杜洛克猪的 *Clostridium sensu stricto* 1 丰度高于川乡黑猪 ($P < 0.05$),该菌属可能与蛋白质代谢相关^[27],这与杜洛克猪作为瘦肉型猪种的特性相符,该菌属部分成员可产生丁酸等短链脂肪酸,为宿主提供能量,但过量可能与肠道炎症相关^[28],结合巴克夏猪较低的菌群多样性,其肠道微生态可能处于相对不稳定状态,这或许与其生长速度较慢的表型存在关联。

功能预测结果显示,巴克夏猪中半胱氨酸和甲硫氨酸代谢通路的富集,川乡黑猪的微生物群落中与氨基酸代谢(如精氨酸、谷氨酸、天冬氨酸等)相关的通路显著富集,这可能与其较高的肌肉脂肪含量和优良肉质相关^[29]。杜洛克猪中淀粉代谢、糖酵解等通路较强,可能支持其快速生长和瘦肉沉积的特性^[30-31]。

4 结 论

川乡黑猪、巴克夏猪和杜洛克猪的肠道微生物组成和功能存在显著差异,这些差异可能通过影响宿主的营养代谢、能量利用和免疫调节等途径,进而影响猪种的生长性能和肉质特性。本研究为从微生物角度解析猪种特性形成的机制提供了重要依据,同时也为猪的品种选育和遗传改良提供了潜在的微生物靶点。

参考文献(References):

- [1] 冯思敏. 高低肌肉脂肪含量杜洛克猪遗传与肠道微生物组成比较研究[D]. 武汉:华中农业大学,2023.
FENG S M. Comparison of genetic and intestinal microbiota composition between Duroc pigs with high and low intramuscular fat content [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2023. (in Chinese)
- [2] 王 盼,王忠刚,吴卓穗,等. 改善猪肉品质的研究进展[J]. 广东畜牧兽医科技,2024,49(6):50-56.
WANG P, WANG Z G, WU Z S, et al. Research progress on improving pork quality [J]. *Guangdong Journal of Animal and Veterinary Science*, 2024, 49(6):50-56. (in Chinese)
- [3] 陶 璇,梁 艳,应三成,等. 川乡黑猪杂交试验研究[J]. 中国畜牧杂志,2021,57(S1):214-217.
TAO X, LIANG Y, YING S C, et al. Study on crossbreeding experiments of Chuanxiang Black pigs [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2021, 57(S1):214-217. (in Chinese)
- [4] 孟兴缘,陈 科. 国内首个自主知识产权生猪父本新品种育成[N]. 科技日报,2021-12-29(006).
MENG X Y, CHEN K. China's first new pig sire breed with independent intellectual property rights has been developed [N]. *Science and Technology Daily*, 2021-12-29(006). (in Chinese)
- [5] HUANG J Q, ZHANG W J, FAN R, et al. Composition and functional diversity of fecal bacterial community of wild boar, commercial pig and domestic native pig as revealed by 16S rRNA gene sequencing [J]. *Arch Microbiol*, 2020, 202(4):843-857.
- [6] YANG L N, BIAN G R, SU Y, et al. Comparison of faecal microbial community of lantang, bama, erhualian, meishan, xiaomeishan, duroc, landrace, and yorkshire sows[J]. *Asian-Australas J Anim Sci*, 2014, 27(6):898-906.
- [7] LI C, ZHAO X Y, ZHAO G S, et al. Comparative analysis of structural composition and function of intestinal microbiota between Chinese indigenous Laiwu pigs and commercial DLY pigs [J]. *Vet Sci*, 2023, 10(8):524.
- [8] YANG H, XIAO Y P, WANG J J, et al. Core gut microbiota in Jinhua pigs and its correlation with strain, farm and weaning age [J]. *J Microbiol*, 2018, 56(5):346-355.
- [9] PAJARILLO E A, CHAE J P, BALOLONG M P, et al. Characterization of the fecal microbial communities of Duroc pigs using 16S rRNA gene pyrosequencing [J]. *Asian-Australas J Anim Sci*, 2015, 28(4):584-591.
- [10] DIAO H, YAN H L, XIAO Y, et al. Intestinal microbiota could transfer host gut characteristics from pigs to mice [J]. *BMC Microbiol*, 2016, 16(1):238.
- [11] XIAO Y P, KONG F L, XIANG Y, et al. Comparative biogeography of the gut microbiome between Jinhua and Landrace pigs [J]. *Sci Rep*, 2018, 8(1):5985.
- [12] BERGAMASCHI M, TIEZZI F, HOWARD J, et al. Gut microbiome composition differences among breeds impact feed efficiency in swine [J]. *Microbiome*, 2020, 8(1):110.
- [13] CHEN S F, ZHOU Y Q, CHEN Y R, et al. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor [J]. *Bioinformatics*, 2018, 34(17):i884-i890.
- [14] MAGOC T, SALZBERG S L. FLASH: fast length

- adjustment of short reads to improve genome assemblies [J]. *Bioinformatics*, 2011, 27 (21) : 2957-2963.
- [15] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nat Methods*, 2013, 10(10):996-998.
- [16] STACKEBRANDT E, GOEBEL B M. Taxonomic Note: A place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology [J]. *Int J System Bacteriol*, 1994, 44(4):846-849.
- [17] WANG Q, GARRITY G M, TIEDJE J M, et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2007, 73(16):5261-5267.
- [18] 杨雪梅, 杨跃奎, 曾凯, 等. 川乡黑猪新品种培育 [J]. 中国畜禽种业, 2025, 21(1):49-56.
- YANG X M, YANG Y K, ZENG K, et al. Cultivation of Chuanxiang Black pig breed [J]. *The Chinese Livestock and Poultry Breeding*, 2025, 21(1):49-56. (in Chinese)
- [19] ZHANG S H, ZHANG H, ZHANG C, et al. Composition and evolutionary characterization of the gut microbiota in pigs [J]. *Int Microbiol*, 2024, 27(4):993-1008.
- [20] TURNBAUGH P J, BACKHED F, FULTON L, et al. Diet-induced obesity is linked to marked but reversible alterations in the mouse distal gut microbiome [J]. *Cell Host Microbe*, 2008, 3(4):213-223.
- [21] FLINT H J, SCOTT K P, DUNCAN S H, et al. Microbial degradation of complex carbohydrates in the gut [J]. *Gut Microbes*, 2012, 3(4):289-306.
- [22] 梁艳, 陶璇, 杨雪梅, 等. 川藏黑猪 S05 系育肥性能研究 [J]. 黑龙江畜牧兽医, 2014, (3):61-62, 65.
- LIANG Y, TAO X, YANG X M, et al. Study on the fattening performance of the S05 line of Sichuan-Tibet black swine [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2014, (3):61-62, 65. (in Chinese)
- [23] YU S Q, LI L X, ZHAO H Y, et al. Characterization of the dynamic changes of ruminal microbiota colonizing citrus pomace waste during rumen incubation for volatile fatty acid production [J]. *Microbiol Spectrum*, 2023, 11(2):10.1128.
- [24] FRAMPTON J, MURPHY K G, FROST G, et al. Short-chain fatty acids as potential regulators of skeletal muscle metabolism and function [J]. *Nat Metab*, 2020, 2(9):840-848.
- [25] 杨跃奎, 龚建军, 陶璇, 等. 川藏黑猪 S04 系生长发育及肉质性状选育进展研究 [J]. 中国畜牧兽医文摘, 2014, 30(9):70-71.
- YANG Y K, GONG J J, TAO X, et al. Study on the breeding progress of growth development and meat quality traits of Chuanzang Black pig S04 line [J]. *Chinese Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine Abstracts*, 2014, 30(9):70-71. (in Chinese)
- [26] 张洁, 张力莉, 徐晓锋. 反刍动物瘤胃内普雷沃氏菌的研究进展 [J]. 中国饲料, 2020, (7):17-21.
- ZHANG J, ZHANG L L, XU X F. Research progress on prevotella in rumen of ruminants [J]. *China Feed*, 2020, (7):17-21. (in Chinese)
- [27] FAN P X, LIU P, SONG P X, et al. Moderate dietary protein restriction alters the composition of gut microbiota and improves ileal barrier function in adult pig model [J]. *Sci Rep*, 2017, 7:43412.
- [28] YANG W Y, LEE Y, LU H, et al. Analysis of gut microbiota and the effect of lauric acid against necrotic enteritis in *Clostridium perfringens* and *Eimeria* side-by-side challenge model [J]. *PLoS One*, 2019, 14(5):e0205784.
- [29] MA X Y, YU M, LIU Z C, et al. Effect of amino acids and their derivatives on meat quality of finishing pigs [J]. *J Food Sci Technol*, 2020, 57(2):404-412.
- [30] TIAN W C, YANG L, LIU Y S, et al. Resveratrol attenuates doxorubicin-induced cardiotoxicity in rats by up-regulation of vascular endothelial growth factor B [J]. *J Nutr Biochem*, 2020, 79:108132.
- [31] 赵敏孟. 胚蛋注射丙酮酸肌酸调控肉鸡能量代谢和肌肉发育的作用机理研究 [D]. 南京:南京农业大学, 2017.
- ZHAO M M. Regulatory mechanism of *in ovo* feeding of creatine pyruvate on energy metabolism and muscle development of broiler chickens [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2017. (in Chinese)

(编辑 郭云雁)