



Análisis metagenómico del microbioma intestinal en lechones lactantes con consorcio bacteriano nativo y su impacto en peso y diarreas

Metagenomic analysis of the gut microbiome in suckling piglets with native bacterial consortium and its impact on weight and diarrhea

Rodríguez-Rufasto, Sandra Dioscórida ^{1*}

Puicón-Niño-de-Guzmán, Víctor Humberto ¹

Lopez-Flores, Alicia Maria ¹

¹Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto, Perú

Recibido: 18 Oct. 2024 | **Aceptado:** 30 Dic. 2024 | **Publicado:** 20 Ene. 2025

Autor de correspondencia*: sdrodriguezr@alumno.unsm.edu.pe

Cómo citar este artículo: Rodríguez-Rufasto, S. D., Puicón-Niño-de-Guzmán, V. H. & Lopez-Flores, A. M. (2025). Análisis metagenómico del microbioma intestinal en lechones lactantes con consorcio bacteriano nativo y su impacto en peso y diarreas. *Revista de Veterinaria y Zootecnia Amazónica*, 5(1), e1085. <https://doi.org/10.51252/revza.v5i1.1085>

RESUMEN

El objetivo del estudio fue identificar la composición del microbioma intestinal en lechones lactantes tratados con un consorcio bacteriano nativo y evaluar su efecto en la ganancia de peso y la incidencia de diarreas. El experimento se realizó en 120 lechones de una granja porcina localizada en San Martín, distribuidos en tres grupos: Probiótico (recibió 1 ml de consorcio bacteriano nativo [3×10^8 UFC/ml]), Excipiente (1 ml de agua) y Control (sin intervención). El periodo de estudio fue de 15 días. Para el análisis metagenómico, se seleccionaron cinco lechones por grupo, tomando muestras del duodeno mediante hisopado. La identificación del microbioma se realizó mediante PCR. En los lechones del grupo Probiótico se identificaron géneros bacterianos como *Lactobacillus*, *Actinobacillus*, *Alloprevotella*, *Clostridium sensu stricto 1*, entre otros. Los resultados mostraron que este grupo obtuvo mayor ganancia de peso (1.99 kg) y no presentó casos de diarrea, a diferencia del grupo Excipiente. Se concluye que la administración del consorcio bacteriano nativo fue beneficiosa al mejorar significativamente la ganancia de peso e inhibir la aparición de diarreas en lechones lactantes durante su etapa crítica de desarrollo.

Palabras clave: caracterización genómica; lechones destetados; PCR; probióticos

ABSTRACT

The objective of this study was to identify the composition of the gut microbiome in suckling piglets treated with a native bacterial consortium and evaluate its effect on weight gain and diarrhea incidence. The experiment was conducted on 120 piglets from a pig farm located in San Martín, distributed into three groups: Probiotic (received 1 ml of native bacterial consortium [3×10^8 CFU/ml]), Excipient (1 ml of water), and Control (no intervention). The study period was 15 days. For metagenomic analysis, five piglets per group were selected, and duodenal samples were swabbed. Microbiome identification was performed by PCR. Bacterial genera such as *Lactobacillus*, *Actinobacillus*, *Alloprevotella*, and *Clostridium sensu stricto 1*, among others, were identified in the piglets in the Probiotic group. The results showed that this group achieved greater weight gain (1.99 kg) and did not present any cases of diarrhea, unlike the Excipient group. It is concluded that the administration of the native bacterial consortium was beneficial by significantly improving weight gain and inhibiting the occurrence of diarrhea in suckling piglets during their critical stage of development.

Keywords: genomic characterization; weaned piglets; PCR; probiotics



1. INTRODUCCIÓN

En los últimos años, el estudio de la metagenómica del intestino animal, incluyendo datos de secuenciación metagenómica y del amplicón 16S, ha experimentado un crecimiento exponencial (1). La creciente presión por optimizar la producción de animales monogástricos ha llevado al uso frecuente e inapropiado de antimicrobianos para mejorar el rendimiento del crecimiento y prevenir enfermedades, lo que ha contribuido significativamente al aumento de la resistencia a los antimicrobianos (2).

Asimismo, la leche de cerda es la principal fuente de alimento para los lechones durante sus primeras tres semanas de vida (3), no solo proporciona nutrientes esenciales y una amplia variedad de compuestos bioactivos, sino que también constituye una fuente indispensable de bacterias comensales. De hecho, los microorganismos presentes en la leche materna representan una fuente importante de bacterias comensales para el intestino neonatal (4). Sharkar et al. (5) sugieren que las intervenciones maternas con probióticos constituyen estrategias prometedoras para mejorar la respuesta inmunitaria de los lechones mediante la modificación del microbioma intestinal. Por tanto, preparar fisiológicamente a los lechones recién nacidos reviste gran importancia para la industria porcina, ya que podría reducir los costos operativos y el uso de medicamentos, especialmente antibióticos, por parte de los productores porcinos (6).

La diarrea del lechón es una enfermedad gastrointestinal grave con una alta morbilidad y mortalidad que causa un gran perjuicio económico a la industria porcina (7). Por lo tanto, el microbioma intestinal puede constituir un factor de relevancia respecto a la diarrea en lechones (8). Sin embargo, el conocimiento sobre la variedad del microbioma intestinal en lechones recién nacidos es limitado (9).

Por otro lado, la resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa una seria amenaza para la salud de los animales domésticos. En este contexto, los cerdos se consideran una fuente significativa de genes de resistencia a los antimicrobianos (ARG) (10). Sin embargo, aún existe una marcada escasez de datos cuantitativos a gran escala sobre la distribución de los ARG en la industria porcina. Además, las especies bacterianas que albergan estos genes en el microbioma intestinal no han sido claramente identificadas (11).

Dado el papel fundamental que desempeña el microbioma intestinal en la salud, el desarrollo inmunológico y el rendimiento productivo de los animales monogástricos (12), el presente estudio se centró en caracterizar molecularmente el microbioma intestinal porcino mediante técnicas independientes del cultivo *in vitro*, específicamente a través del enfoque metagenómico. Además, se aisló y caracterizó molecularmente las bacterias ácido lácticas presentes en el intestino de lechones que recibieron la administración de un consorcio bacteriano.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

La investigación se realizó en una granja porcina situada en el distrito de La Banda de Shilcayo, en la provincia y departamento de San Martín. Los procedimientos del presente trabajo de investigación fueron aprobados por el Comité Institucional de Bioética para la Investigación, Gestión de la Biodiversidad y Bienestar Animal de la Universidad Nacional de San Martín. Se consideraron como variables principales al consorcio bacteriano nativo, Microbioma intestinal, Ganancia de peso, Incidencia de diarreas, y como variables secundarias, la alimentación, manejo sanitario y, la instalación de la granja.

Para identificar el microbioma intestinal, se seleccionaron 120 lechones lactantes con similares características de camada, edad y peso. Inicialmente se manejaron en conjunto, luego se dividieron aleatoriamente en tres grupos de 40 lechones: Grupo Control (manejo estándar con antibióticos), Grupo Excipiente (1 ml de agua potable) y Grupo Probiótico (1 ml de consorcio bacteriano nativo [3×10^8 UFC/ml]). El tratamiento se administró por vía oral desde el segundo día al quinceavo día de nacimiento.

El consorcio bacteriano incluyó *Lactobacillus jhonsoni*, *Pediococcus pentosaceus*, *Weissella sp.* y *Lactobacillus plantarum*, identificados molecularmente y proporcionados por el laboratorio de Biotecnología Molecular del Instituto 24 de Julio de Zarumilla – Tumbes, Perú.

El día 15, se seleccionaron aleatoriamente cinco lechones por grupo para tomar muestras mediante hisopado intestinal, bajo anestesia con ketamina (3 mg/kg) aplicada en la vena tibial medial. La cirugía se realizó en la línea alba, región mesogástrica, accediendo al duodeno. Las muestras fueron conservadas en frascos estériles con ARN Later y procesadas en el laboratorio mencionado. Antes de la extracción del ADN, se esterilizaron los materiales en cámara de flujo laminar con luz UV por 15 minutos. Se utilizó el kit de extracción de ADN metagenómico (Invitrogen by Thermo Fisher Scientific), siguiendo el protocolo correspondiente. Finalmente, se registró la ganancia de peso y las incidencias en casos de diarrea.

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Composición del microbioma intestinal (bacteriano) a nivel de Filo

Tabla 1. Top fillos más abundantes (abundancia relativa porcentual ≥ 3), del microbioma intestinal

Filo	Abundancia relativa (%)		
	Probiótico	Excipiente	Control
Actinobacteriota	3,31	5,2	7,01
Bacteroidota	7,63	--	--
Firmicutes	67,12	83,41	83,84
Proteobacteria	19,42	9,49	7,15

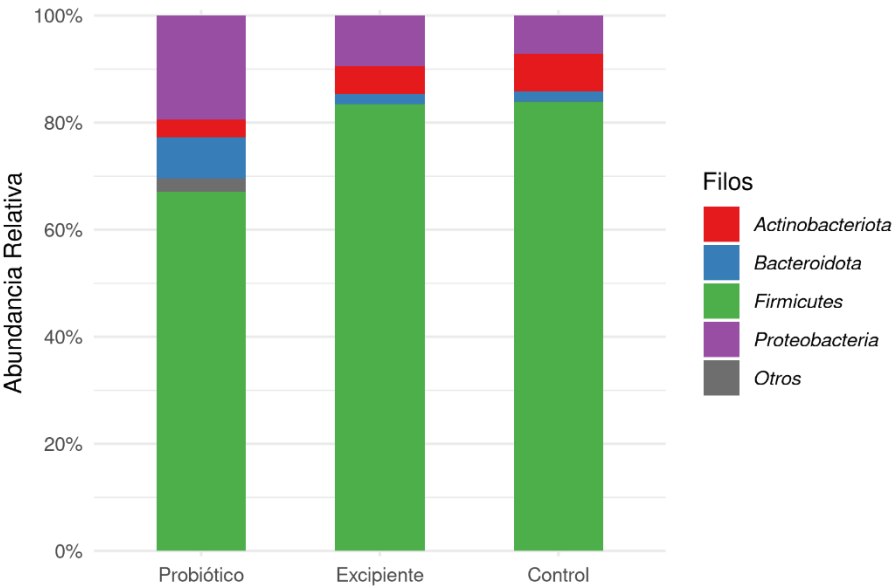


Figura 1. Composición del microbioma (Clasificación taxonómica) intestinal (bacteriano) a nivel Filo (Grupal)

En la Tabla 1 y la Figura 1 se presenta la composición microbiana intestinal a nivel de filo en los tres tratamientos evaluados. Se observó que el filo Firmicutes predominó en los grupos Excipiente y Control, con una presencia superior al 80%. En contraste, en el grupo Probiótico, la abundancia de Firmicutes fue notablemente menor, situándose por debajo del 70%. Además, se detectó una mayor proporción del filo Proteobacteria en el grupo Probiótico, alcanzando el 19,4%, en comparación con los grupos Excipiente y Control, donde su presencia fue considerablemente inferior. El filo Bacteroidota también mostró una mayor abundancia en el grupo Probiótico, mientras que en los grupos Excipiente y Control se registró una mayor prevalencia del filo Actinobacteriota.

3.2. Variantes de Secuencia de Amplicón (ASV)

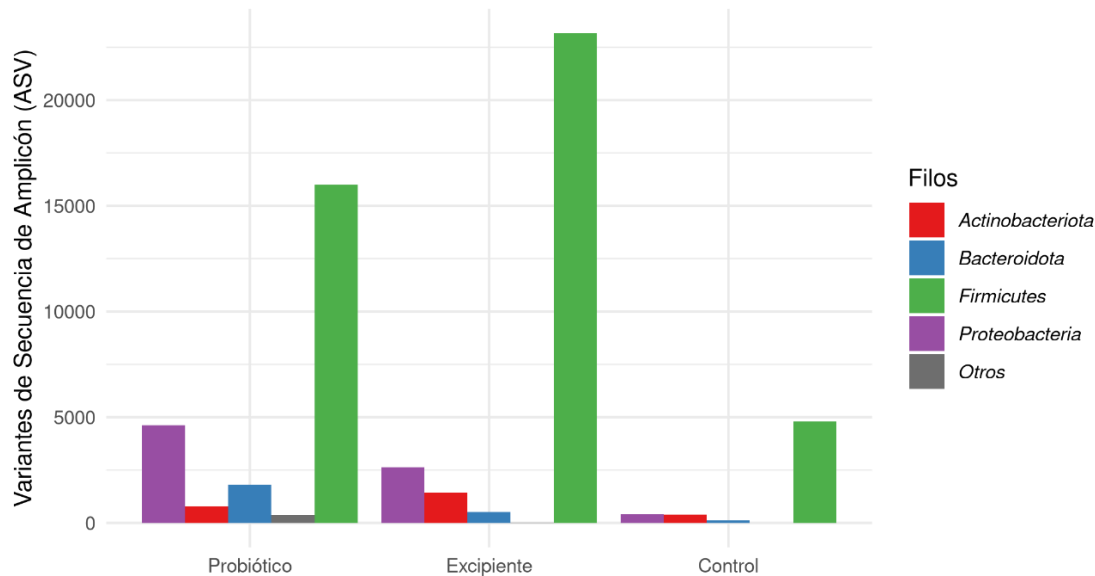


Figura 2. Gráfico de Variantes de Secuencia de Amplicón (ASV) a nivel grupal, del microbioma intestinal

La figura 2 muestra el número de ASVs fue muy superior en el filo *Firmicutes*, para todos los grupos en estudio (Probiótico: > 15000, Excipiente: > 25000 y Control: > 4500). El filo *Proteobacteria* fue el segundo, en cuanto a presencia, en los tres grupos de estudio, pero muy por debajo del primer filo en mención.

3.3. Composición del microbioma intestinal (bacteriano) a nivel de género

Tabla 2. Top géneros más abundantes (abundancia relativa porcentual $\geq 1,5$) del microbioma intestinal

Género	Abundancia relativa (%)		
	Probiótico	Excipiente	Control
<i>Acidaminococcus</i>	--	--	2,02
<i>Actinobacillus</i>	5,28	--	1,96
<i>Alkanindiges</i>	2,4	--	--
<i>Alloprevotella</i>	5,84	--	1,61
<i>Bifidobacterium</i>	--	--	6,5
<i>Clostridium_sensu_stricto_1</i>	3,87	3,28	1,66
<i>Corynebacterium</i>	--	2,09	--
<i>Jeotgalicoccus</i>	--	5,49	--
<i>Lactobacillus</i>	52,89	63,9	49,25
<i>Megasphaera</i>	--	--	5,64
<i>Mitsuokella</i>	--	--	6,06
<i>Moraxella</i>	3,26	2,35	4,31
<i>Pseudomonas</i>	--	2,88	--
<i>Romboutsia</i>	1,61	--	2,8
<i>Serratia</i>	3,52	--	--
<i>Sharpea</i>	--	--	7,73
<i>Streptococcus</i>	--	--	3,05
<i>Turicibacter</i>	--	2,04	--
<i>Veillonella</i>	--	1,71	3,17

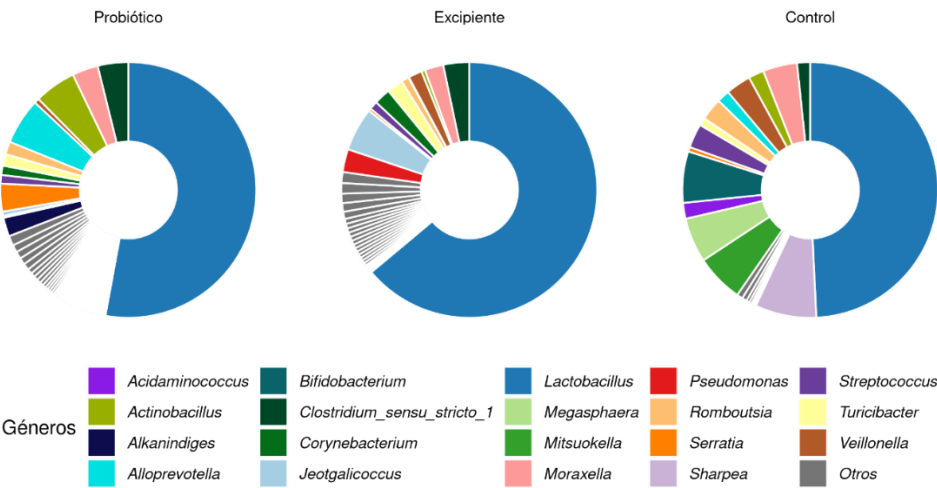


Figura 3. Clasificación taxonómica a nivel de género, del microbioma intestinal

En la tabla 2 y figura 3, vemos la abundancia relativa de los microbios intestinales, a nivel de género, por grupo de investigación (Probiótico, Excipiente y Control). Es notable la superioridad que existe en la abundancia relativa del género *Lactobacillus*, en todos los grupos. Sin embargo, en el Grupo Control, su abundancia estuvo por debajo del 50%, a diferencia del grupo Probiótico y Excipiente, donde presentó una abundancia por encima del 50%.



Figura 4. Nivel de familia (d: Dominio, p: Filo, c: Clase, o: Orden y f: Familia) del microbioma intestinal

La figura 4 indica mayor abundancia, en tanto la coloración se torna de mayor claridad. Por el contrario, si la categoría estudiada presenta una tonalidad más oscura, indicará escasa o nula abundancia. Entonces, podemos observar que el Filo Firmicutes presenta un comportamiento especial, porque las Bacilli – Lactobacillales – Lactobacillaceae (perteneciente a su filo) presentan mayor abundancia en el grupo Excipiente y en el grupo Control, respectivamente; y menor abundancia en el grupo Probiótico; mientras que las *Negativicutes* – *Veillonellales* y *Selenomonadales* – *Selenomonadaceae*, pertenecientes al mismo filo, presentaron abundancia importante en el grupo Probiótico, mientras que en los grupos Excipiente y Control, su presencia fue nula. Así mismo, *Actinobacteria* – *Corynebacteriales* – *Dietziaceae*, pertenecientes al filo *Actinobacteriota*, al igual que las *Bacilli* – *Bacillales*, del filo *Firmicutes*, mostraron ausencia en los grupos Probiótico y Control, pero presencia en el grupo Excipiente.

3.4. Microbioma núcleo a nivel de Género

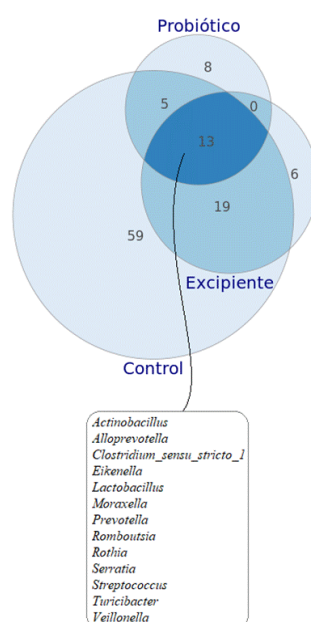


Figura 5. Diagrama de Venn – Euler del microbioma núcleo de los géneros compartidos

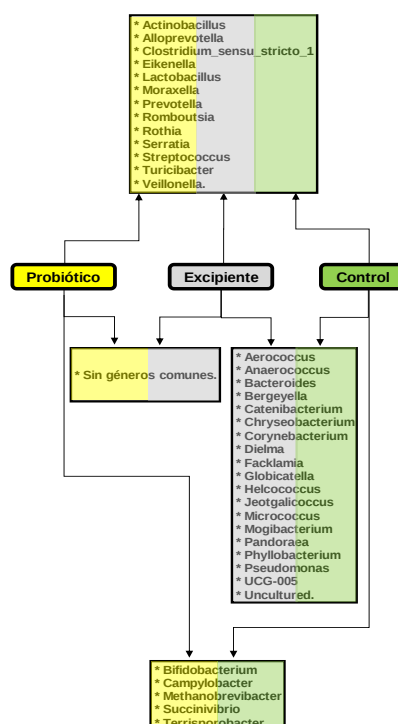


Figura 6. Listas de géneros comunes entre grupos estudiados

Con respecto a los géneros compartidos por los grupos estudiados (Probiótico, Excipiente y Control), la figura 5 evidencia que los grupos Excipiente y Control fueron los géneros que más compartieron con 19. Los grupos Probiótico y Control sólo compartieron cinco géneros, mientras que los tres grupos llegaron a compartir 13 géneros. No se encontraron géneros compartidos entre los grupos Probióticos y Excipiente. La especificación de los géneros compartidos, se muestran en la figura 6.

Los géneros que se identificaron y que conformaron el microbioma núcleo (comunes entre los tres tratamientos) fueron: *Actinobacillus*, *Alloprevotella*, *Clostridium sensu stricto 1*, *Eikenella*, *Lactobacillus*, *Moraxella*, *Prevotella*, *Romboutsia*, *Rothia*, *Serratia*, *Streptococcus*, *Turicibacter* y *Veillonella*.

Cabe mencionar que se encontró un taxón no común, cuya taxonomía fue: Dominio: Bacteria, Filum: Firmicutes, Clase: Clostridia, Orden: Oscillospirales, Familia: Oscillospiraceae, Género: g_UCG-005.

3.5. Evaluación de la ganancia de peso en lechones lactantes administrados con un consorcio bacteriano nativo

Tabla 3. Ganancia de peso obtenidas durante el período de investigación, para los tres tratamientos

Tratamiento	Ganancia Peso (kg). Semana 1	Ganancia Peso (kg). Semana 2	Ganancia Peso (kg). Acumulada
Control	0,70 a	1,31 a	2,01 a
Probiótico	0,69 a	1,30 a	1,99 a
Excipiente	0,56 b	1,13 b	1,69 b
CV *	37,19	26,85	24,51
EE **	0,04	0,05	0,07
p-valor ***	0,0258	0,0278	0,0039

Nota: * Coeficiente de variabilidad ** Error experimental *** (a,b,c): Diferentes superíndices indica diferencia significativa entre filas (p<0,05)

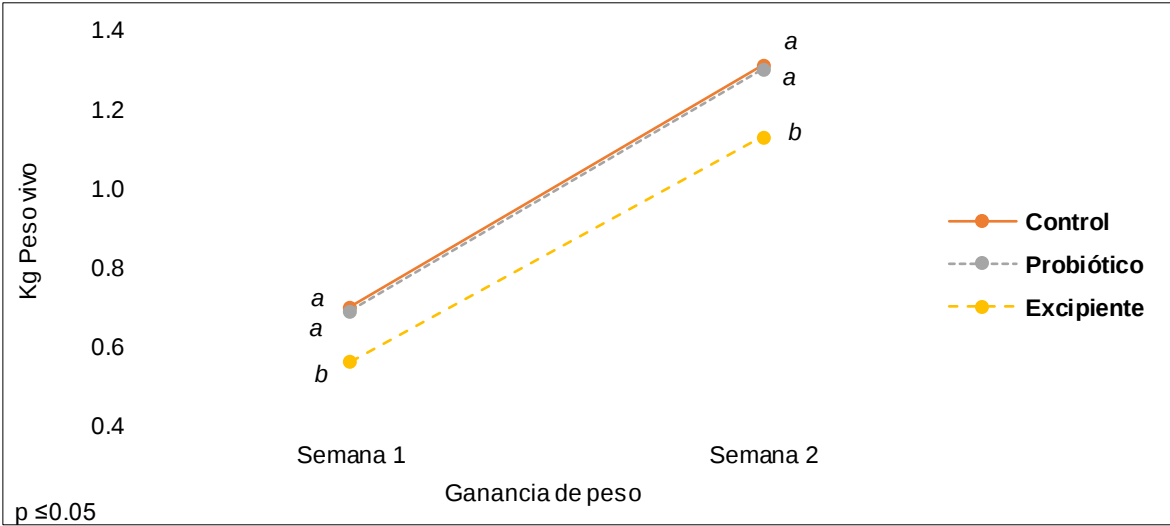


Figura 7. Comportamiento de las ganancias de peso obtenidas durante el período de investigación, para los tres tratamientos

La tabla 3 muestra la ganancia de peso, notándose que la curva fue superior en los grupos Probiótico y Control ($p \leq 0.05$), tanto semanalmente o acumulada. Así mismo en la figura 7 se evidencia que, para todos los grupos, la ganancia de peso fue mayor en la segunda semana.

3.6. Evaluación de la incidencia de diarreas en lechones lactantes administrados con un consorcio bacteriano nativo

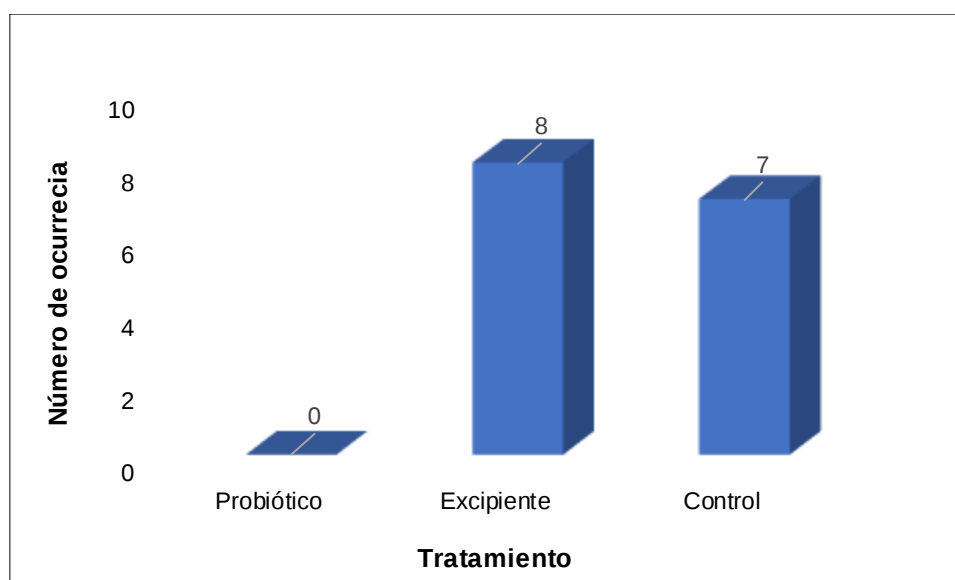


Figura 8. Casos presentados de diarreas en lechones, por grupo estudiado (tratamiento)

La figura 8 evidencia que los lechones a los que se les aplicó el consorcio bacteriano (Probiótico) no presentaron casos de diarrea, a diferencia del grupo Excipiente, que presentó ocho casos diarreicos, y el grupo Control, que presentó siete casos.

Discusión

Los filos más predominantes identificados fueron Firmicutes, Bacteroidota, Proteobacteria y Actinobacteriota (Figura 1). Estos hallazgos coinciden con estudios previos, como los de Zhang et al. (13) y Xu et al. (14), que también reportaron la prevalencia de estos filos en porcinos, destacando al filo Firmicutes como el más abundante. Esta predominancia podría atribuirse a que, después del nacimiento, la dieta de las cerdas lactantes, rica en carbohidratos y proteínas altamente digeribles, favorece el crecimiento de Firmicutes y otros filos con alta capacidad para descomponer carbohidratos. Específicamente, se ha sugerido que estas bacterias fermentadoras de carbohidratos, presentes antes del nacimiento, obtienen una ventaja adicional en esta etapa (13), como resultado, su posición dominante dentro del microbiota se incrementa aún más (15). Además, Looft et al. (16), señalan que, el microbiota central de los cerdos domésticos está dominado por Firmicutes y Bacteroidetes, como consecuencia de procesos evolutivos. Las variaciones en las abundancias relativas de los filos observados podrían deberse a que la administración oral de probióticos contribuye a la restauración del microbiota disbiótico y a la prevención de ciertos trastornos digestivos (17).

En el experimento, se observó que el género *Lactobacillus* fue el más predominante, esto podría explicarse por su alta representatividad y abundancia en el microbioma intestinal de lechones lactantes, como lo señalan Xu et al. (18). Además, el uso del probiótico contribuyó a su persistencia, dado que *Lactobacillus* es un habitante natural del microbioma intestinal y posee una moderada a fuerte capacidad de adherencia a la mucosa intestinal, lo que a su vez fortalece la inmunidad intestinal (19).

Asimismo, se observó una mayor presencia de las Veillonellales y Selenomonadaceae (pertenecientes al filo Firmicutes) en el grupo probiótico (Figura 4). Esto podría estar relacionado con factores nutricionales específicos de la dieta, como la baja disponibilidad de fósforo. Se ha reportado que, estos microorganismos podrían contribuir a la degradación del fitato en animales alimentados con dietas bajas en fósforo. Es decir, una dieta reducida en este mineral esencial en cerdos desencadena respuestas compensatorias mediadas por la microbiota, que incluyen la escisión del fitato y la liberación de fósforo, aumentando así la disponibilidad de este mineral tanto para el huésped como para el microbiota intestinal (20).

CONCLUSIÓN

El microbioma intestinal en lechones lactantes administrados con un consorcio bacteriano nativo (Probiótico), estuvo conformado por bacterias del género *Lactobacillus*, *Actinobacillus*, *Alkanindiges*, *Alloprevotella*, *Clostridium sensu stricto 1*, *Moraxella*, *Romboutsia* y *Serratia*.

La ganancia de peso, en lechones lactantes administrados con un consorcio bacteriano nativo (Probiótico), fue mayor, significativamente, que el obtenido en lechones suministrados con excipiente (agua potable). Esta superioridad se mantuvo a lo largo de todo el período de experimentación.

No se registró incidencia de diarreas, en lechones lactantes administrados con un consorcio bacteriano nativo (Probiótico), a diferencia de los lechones del grupo Control (7 casos) y de los del grupo Excipiente (8 casos).

FINANCIAMIENTO

Concurso de proyecto de tesis de pregrado financiado por la Universidad Nacional de San Martín a través del Instituto de Investigación y Desarrollo (Resolución N° 053-2020-UNSM-T/FCA/NLU).

CONFLICTO DE INTERESES

No existe ningún tipo de conflicto de interés relacionado con la materia del trabajo.

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

Conceptualización y análisis formal: Rodríguez-Rufasto, S. D. Investigación: Rodríguez-Rufasto, S. D., López-Flores, A. M., Puicón-Niño-de-Guzmán, V. H. Metodología: Rodríguez-Rufasto, S. D. Administración del proyecto, supervisión y validación: Rodríguez-Rufasto, S. D., López-Flores, A. M. Redacción - borrador original y redacción - revisión y edición: Rodríguez-Rufasto, S. D., López-Flores, A. M., Puicón-Niño-de-Guzmán, V. H.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Xin J, Zeng D, Wang H, Sun N, Zhao Y, Dan Y, et al. Probiotic *Lactobacillus johnsonii* BS15 Promotes Growth Performance, Intestinal Immunity, and Gut Microbiota in Piglets. *Probiotics Antimicrob Proteins* [Internet]. 2020 Mar 7;12(1):184–93. Available from: <http://link.springer.com/10.1007/s12602-018-9511-y>
2. Wang K, Zhu Q, Kong X, Song M, Azad MAK, Xiong L, et al. Dietary Probiotics or Synbiotics Supplementation During Gestation, Lactation, and Nursery Periods Modifies Colonic Microbiota, Antioxidant Capacity, and Immune Function in Weaned Piglets. *Front Vet Sci* [Internet]. 2020 Dec 14;7. Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2020.597832/full>
3. McCormack UM, Curião T, Buzoianu SG, Prieto ML, Ryan T, Varley P, et al. Exploring a Possible Link between the Intestinal Microbiota and Feed Efficiency in Pigs. Dudley EG, editor. *Appl Environ Microbiol* [Internet]. 2017 Aug;83(15). Available from: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/AEM.00380-17>
4. He Y, Kim K, Kovanda L, Jinno C, Song M, Chase J, et al. *Bacillus subtilis*: a potential growth promoter in weaned pigs in comparison to carbadox. *J Anim Sci* [Internet]. 2020 Sep 1;98(9). Available from: <https://academic.oup.com/jas/article/doi/10.1093/jas/skaa290/5900678>
5. Sarkar VK, De UK, Kala A, Verma AK, Chauhan A, Paul BR, et al. Early-Life Intervention of Lactoferrin and Probiotic in Suckling Piglets: Effects on Immunoglobulins, Intestinal Integrity, and Neonatal Mortality. *Probiotics Antimicrob Proteins* [Internet]. 2023 Feb 6;15(1):149–59. Available from: <https://link.springer.com/10.1007/s12602-022-09964-y>

6. Yue S, Li Z, Hu F, Picimbon JF. Curing piglets from diarrhea and preparation of a healthy microbiome with *Bacillus* treatment for industrial animal breeding. *Sci Rep* [Internet]. 2020 Nov 10;10(1):19476. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-75207-1>
7. Crespo-Piazuelo D, Estellé J, Revilla M, Criado-Mesas L, Ramayo-Caldas Y, Óvilo C, et al. Characterization of bacterial microbiota compositions along the intestinal tract in pigs and their interactions and functions. *Sci Rep* [Internet]. 2018 Aug 24;8(1):12727. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-018-30932-6>
8. Ramayo-Caldas Y, Mach N, Lepage P, Levenez F, Denis C, Lemonnier G, et al. Phylogenetic network analysis applied to pig gut microbiota identifies an ecosystem structure linked with growth traits. *ISME J* [Internet]. 2016 Dec 1;10(12):2973–7. Available from: <https://academic.oup.com/ismej/article/10/12/2973-2977/7538136>
9. Dudík B, Kiňová Sepová H, Bilka F, Pašková L, Bilková A. Mucin pre-cultivated *Lactobacillus reuteri* E shows enhanced adhesion and increases mucin expression in HT-29 cells. *Antonie Van Leeuwenhoek* [Internet]. 2020 Aug 14;113(8):1191–200. Available from: <https://link.springer.com/10.1007/s10482-020-01426-1>
10. Gardiner GE, Metzler-Zebeli BU, Lawlor PG. Impact of Intestinal Microbiota on Growth and Feed Efficiency in Pigs: A Review. *Microorganisms* [Internet]. 2020 Nov 28;8(12):1886. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-2607/8/12/1886>
11. Lin CF, Lin MY, Lin CN, Chiou MT, Chen JW, Yang KC, et al. Potential probiotic of *Lactobacillus* strains isolated from the intestinal tracts of pigs and feces of dogs with antibacterial activity against multidrug-resistant pathogenic bacteria. *Arch Microbiol* [Internet]. 2020 Sep 23;202(7):1849–60. Available from: <https://link.springer.com/10.1007/s00203-020-01908-w>
12. Gilbert H, Billon Y, Brossard L, Faure J, Gatellier P, Gondret F, et al. Review: divergent selection for residual feed intake in the growing pig. *Animal* [Internet]. 2017;11(9):1427–39. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S175173111600286X>
13. Zhang S, Zhang H, Zhang C, Wang G, Shi C, Li Z, et al. Composition and evolutionary characterization of the gut microbiota in pigs. *Int Microbiol* [Internet]. 2023 Nov 20;27(4):993–1008. Available from: <https://link.springer.com/10.1007/s10123-023-00449-8>
14. Xu T, Sun H, Yi L, Yang M, Zhu J, Huang Y, et al. Comparing the taxonomic and functional profiles of gut microbiota from three pig breeds by metagenomic sequencing. *Front Genet* [Internet]. 2022 Oct 14;13. Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2022.999535/full>
15. Herrmann E, Young W, Reichert-Grimm V, Weis S, Riedel C, Rosendale D, et al. In Vivo Assessment of Resistant Starch Degradation by the Caecal Microbiota of Mice Using RNA-Based Stable Isotope Probing—A Proof-of-Principle Study. *Nutrients* [Internet]. 2018 Feb 6;10(2):179. Available from: <https://www.mdpi.com/2072-6643/10/2/179>
16. Looft T, Allen HK, Cantarel BL, Levine UY, Bayles DO, Alt DP, et al. Bacteria, phages and pigs: the effects of in-feed antibiotics on the microbiome at different gut locations. *ISME J* [Internet]. 2014 Aug 1;8(8):1566–76. Available from: <https://academic.oup.com/ismej/article/8/8/1566-1576/7582538>
17. Stojanov S, Berlec A, Štrukelj B. The Influence of Probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes Ratio in the Treatment of Obesity and Inflammatory Bowel disease. *Microorganisms* [Internet]. 2020 Nov 1;8(11):1715. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-2607/8/11/1715>
18. Xu M, Tian P, Zhu H, Zou R, Zhao J, Zhang H, et al. *Lactobacillus paracasei* CCFM1229 and *Lactobacillus rhamnosus* CCFM1228 Alleviated Depression- and Anxiety-Related Symptoms of Chronic Stress-Induced Depression in Mice by Regulating Xanthine Oxidase Activity in the Brain. *Nutrients* [Internet]. 2022 Mar 18;14(6):1294. Available from: <https://www.mdpi.com/2072-6643/14/6/1294>
19. Shen J, Zhang J, Zhao Y, Lin Z, Ji L, Ma X. Tibetan Pig-Derived Probiotic *Lactobacillus amylovorus* SLZX20-1 Improved Intestinal Function via Producing Enzymes and Regulating Intestinal

- Microflora. *Front Nutr* [Internet]. 2022 Mar 29;9. Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fnut.2022.846991/full>
20. Reyer H, Sjöberg PJR, Oster M, Wubuli A, Murani E, Ponsuksili S, et al. Mineral Phosphorus Supply in Piglets Impacts the Microbial Composition and Phytate Utilization in the Large Intestine. *Microorganisms* [Internet]. 2021 Jun 1;9(6):1197. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-2607/9/6/1197>