周文譞,赵真坚,陈栋,等.基于肠道代谢组解析杜洛克猪剩余采食量社会遗传效应的关键通路[J].华中农业大学学报,2026,45(1):246-254.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.01.022

基于肠道代谢组解析杜洛克猪剩余采食量社会遗传效应的关键通路

周文譞,赵真坚,陈栋,崔晟頔,王俊戈,陈子旸,
禹世欣,陈佳苗,周垚茜,黄润杰,唐国庆

四川农业大学动物科技学院/猪禽种业全国重点实验室/农业农村部畜禽生物组学重点实验室/
四川省畜禽遗传资源发掘与创新利用重点实验室,成都 611130

摘要 为从肠道代谢组层面探究与杜洛克猪剩余采食量社会遗传效应关联的关键代谢物与代谢通路,在分子层面解释猪饲料报酬社会遗传效应,对209头杜洛克猪进行剩余采食量社会遗传效应(residual feed intake-social genetic effects,RFI-SGE)值估计,选取两端极值个体各10头,分为高社会遗传效应组(HRS)与低社会遗传效应组(LRS),采用超高效液相色谱-高分辨质谱(UPLC-Q Exactive)分析20头杜洛克猪回肠和盲肠代谢物组成,利用PLS-DA等方法筛选回肠与盲肠内HRS组和LRS组的显著差异代谢物,并对显著差异代谢物进行KEGG富集分析,获取差异代谢物参与的主要功能通路。液相二级质谱(LC-MS/MS)分析结果显示,在杜洛克猪回肠与盲肠中分别鉴定出1 111个与590个显著差异代谢物,回肠与盲肠共有γ-氨基丁酸(γ-aminobutyric acid,GABA)等13个差异代谢物。KEGG富集分析结果显示,回肠差异代谢物主要富集于丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢、ABC转运蛋白、氨酰-tRNA生物合成等26条通路;盲肠差异代谢物主要富集于色氨酸代谢、不饱和脂肪酸的生物合成、嘌呤代谢等8条通路。结果表明,杜洛克猪剩余采食量的社会遗传效应与肠道差异代谢物(如GABA等)及关键代谢通路(如氨基酸代谢、色氨酸代谢等)显著相关。

关键词 杜洛克猪;社会遗传效应;代谢组学;剩余采食量;γ-氨基丁酸;氨基酸代谢

中图分类号 S858.28 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)01-0246-09

杜洛克猪作为一种高度群居的动物,在自然和社会环境中表现出显著的社会属性,它们通过复杂的社交互动建立群体结构,这种结构不仅影响个体的福利和健康,还可能通过社会遗传效应影响群体的整体生产性能[1]。剩余采食量(residual feed intake,RFI)是衡量猪饲料报酬的重要指标[2]。低RFI值表明猪具有更高的饲料转化效率,是现代养猪业追求的重要目标。然而,RFI不仅受个体遗传因素的影响,还受到群体内社会互动的显著影响。社会遗传效应(social genetic effects,SGE)在农业群养动物中普遍存在[3],高SGE个体可以通过改善群体的采食行为和福利水平,提升整体生产效率,对揭示RFI的社会遗传效应如何提高生产效益具有重要意义。

基于核磁共振(NMR)和质谱(MS)的代谢组学能够全面检测生物体内的代谢物变化,反映动物生理状态和代谢活动[4]。代谢组不仅可以更早、更全面、更常规地进行诸多性状的测定,还可以避免动物的死亡,节约育种资源。目前,代谢组学已在畜禽生产中广泛应用,例如,通过分析血液代谢组可评估母羊妊娠状态并发现与妊娠建立相关的关键代谢物[5],脂质组与转录组联合分析亦被用于揭示南阳牛不同肌肉组织中脂质特征的差异表达模式及其调控基因[6],这些研究充分展示了其在解析营养代谢与生产性状关联方面的强大潜力。然而,现有研究多聚焦于个体遗传效应,对社会遗传效应背景下代谢调控机制的解析仍较为缺乏,尤其在群体行为影响饲料

收稿日期:2025-04-27
基金项目:国家生猪技术创新中心先导科技项目(NCTIP-XD/B01);四川省科技厅项目(2020YFN0024;2021ZDZX0008;2021YFYZ0030);四川省猪创新团队项目(sccxtd-2022-08)
周文譞,E-mail:1073382497@qq.com
通信作者:唐国庆,E-mail:tyq003@163.com

效率的代谢基础方面尚属空白。本研究将肠道代谢组学与社会遗传效应相结合，系统挖掘与RFI-SGE相关的关键代谢物与通路，旨在从代谢层面揭示社会行为影响饲料效率的内在机制，为群体饲养条件下猪只生产性能的精准调控提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　试验动物与饲养管理

本研究从中国四川某商业化猪场的核心育种群中选择健康状况良好、系谱清晰的209头加系杜洛克猪作为试验群体。试验猪群在平均体质量达30 kg（70～75日龄）时转入育肥舍，正式开始为期约85 d试验测定期，直至平均体质量达到115 kg结束。所有试验猪均佩戴电子耳标，通过奥斯本（Osborne）自动饲喂站系统进行个体精准识别与数据采集。猪只采用群养模式，随机分配至15个圈栏（每栏10～15头）。整个试验周期内，猪舍环境温度通过自动化系统维持在20～22 ℃的适宜范围。所有猪只自由采食不含任何抗生素或促生长药物的商品化玉米-豆粕型基础日粮（营养成分符合中国国家标准GB/T 5915—2020《仔猪、生长育肥猪配合饲料》），并保证充足、洁净的饮水持续供应。

1.2　表型数据采集与处理

个体采食行为与生长数据通过奥斯本自动饲喂站系统采集，记录内容包括进出站体质量、个体号、采食量及采食时间，所有数据自动上传至中央数据库。待平均体质量达到115 kg时，使用实时B型超声MyLab™X7检测每头猪第6和第7肋骨之间的背膘厚度。其间，每周对奥斯本饲喂站进行体质量秤和料秤的校正，以确保采集数据的可靠性。参考Gilbert等[7]的方法计算个体剩余采食量大小。

1.3　社会遗传效应评估与分组

基于RFI表型，利用社会遗传效应遗传模型[8]估计209头杜洛克猪关于RFI的SGE值：$Y_{RFI}=Xb+Z_d a_d+Z_s a_s+Wl+Vg+e$。其中，$Y_{RFI}$表示RFI表型值向量；$b$表示固定效应向量，包括猪圈、测定年月、出生年月；$a_d$和$a_s$是直接遗传效应和社会遗传效应向量；$l$表示随机窝效应向量；$g$表示随机组效应向量；$e$表示随机残差向量；$X$、$Z_d$、$Z_s$、$W$、$V$是对应的关联矩阵。计算得到的RFI-SGE的95%置信区间为−4.304～4.304。根据该区间，本研究选择高于4.304或低于−4.304的极端动物各10头，组成高社会遗传效应组（高RFI-SGE组，HRS）和低社会遗传效应组（低RFI-SGE组，LRS）。

1.4　屠宰及组织样本采集

所选生猪按照国家质量监督检验检疫总局和国家标准化管理委员会批准的GB/T 17236—2019《畜禽屠宰操作规程 生猪》进行屠宰。屠宰后，在无菌条件下采集回肠和盲肠组织，并立即将其转移至无菌50 mL离心管中，随后使用液氮保存备用。试验获得四川农业大学动物科技学院实验动物护理和使用委员会批准（中国四川，批准号20230157）。

1.5　代谢物提取

从冻存回肠与盲肠内容物中，每个样品称量约50 mg。用组织研磨机将样品研磨成匀浆。随后加入800 μL提取溶剂（按甲醇∶乙腈∶水＝2∶2∶1体积配比）进行提取。离心（13 000 r/min，15 min，4 ℃）后，收集上清液用于后续分析。

1.6　LC-MS/MS检测

采用Waters 2D UPLC系统与串联Q Exactive高分辨率质谱仪组合对样本中各代谢物进行分离、提取、鉴别与量化。色谱条件如下：使用的色谱柱为BEH C18柱，100 mm×2.10 mm，粒径1.70 μm。正模式流动相A是含0.1%甲酸的水溶液，流动相B为含0.1%甲酸的甲醇；负模式流动相A为10 mmol/L甲酸铵的水溶液，流动相B为10 mmol/L甲酸铵和95%甲醇的混合液。质谱信号通过正、负离子模式扫描获得，喷雾电压3.80 kV（正），3.20 kV（负）；毛细管温度320 ℃；辅助气体加热器温350 ℃；鞘气（N_2）流量40 μL/min；辅助气体流量10 μL/min。

1.7　差异代谢物筛选

LC-MS/MS分析后获得的数据通过MetaX软件预处理、统计分析、代谢物分类注释和功能注释[9]。利用代谢组分析平台MetaboAnalyst 5.0进行分析[10]。利用偏最小二乘判别分析（partial least squares-based discriminant analysis，PLS-DA）方法[11]计算投影中的变量重要值（variable importance in the projection，VIP）。设立VIP≥1.00、$|\log_2 FC|>1.00$、$P<0.05$（Student's t-test）作为差异代谢物（differentially metabolite，DM）标准[12]。结果使用Rstudio（v 4.3.3）进行可视化。

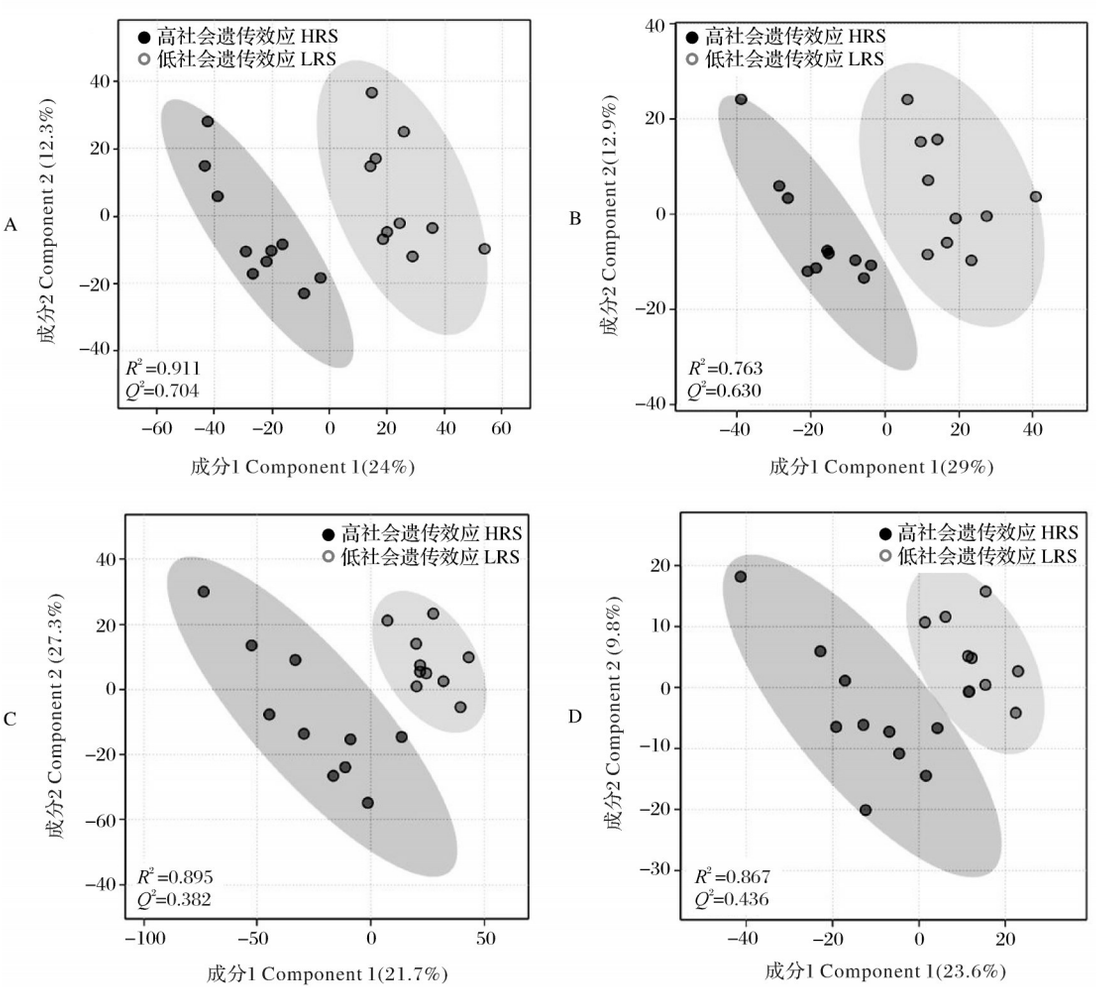
1.8　差异代谢物KEGG富集分析

为深入理解差异代谢物在机体中承担的生物学功能，本研究对回肠与盲肠中差异代谢物进行KEGG富集分析[13]，研究差异代谢物涉及的主要生化代谢通路与信号转导途径。

2 结果与分析

2.1 组织样品分离度分析

使用PLS-DA方法对样本各代谢物成分进行分析，初步统计正负离子2种模式下2种组织样品的分离程度。如图1所示，HRS与LRS的组内聚合程度与重复性良好且组间差异明显。回肠正离子模式下HRS组与LRS组：R^2=0.911，Q^2=0.704，$R^2>Q^2$；回肠负离子模式下HRS组与LRS：R^2=0.763，Q^2=0.63，$R^2>Q^2$；盲肠正离子模式下HRS组与LRS组：R^2=0.895，Q^2=0.382，$R^2>Q^2$；盲肠负离子模式下HRS组与LRS：R^2=0.867，Q^2=0.436，$R^2>Q^2$。上述信息表明模型质量高且差异代谢物的可靠性高，可用于后续筛选分析。



A、B分别为HRS组与LRS组回肠正、负离子模式下代谢物PLS-DA得分图；C、D分别为HRS组与LRS组盲肠正、负离子模式下代谢物PLS-DA得分图。A，B are the PLS-DA score plots of metabolites in the ileum under positive and negative ion modes for the HRS group and LRS group，respectively；C，D are the PLS-DA score plots of metabolites in the cecum under positive and negative ion modes for the HRS group and LRS groups，respectively.

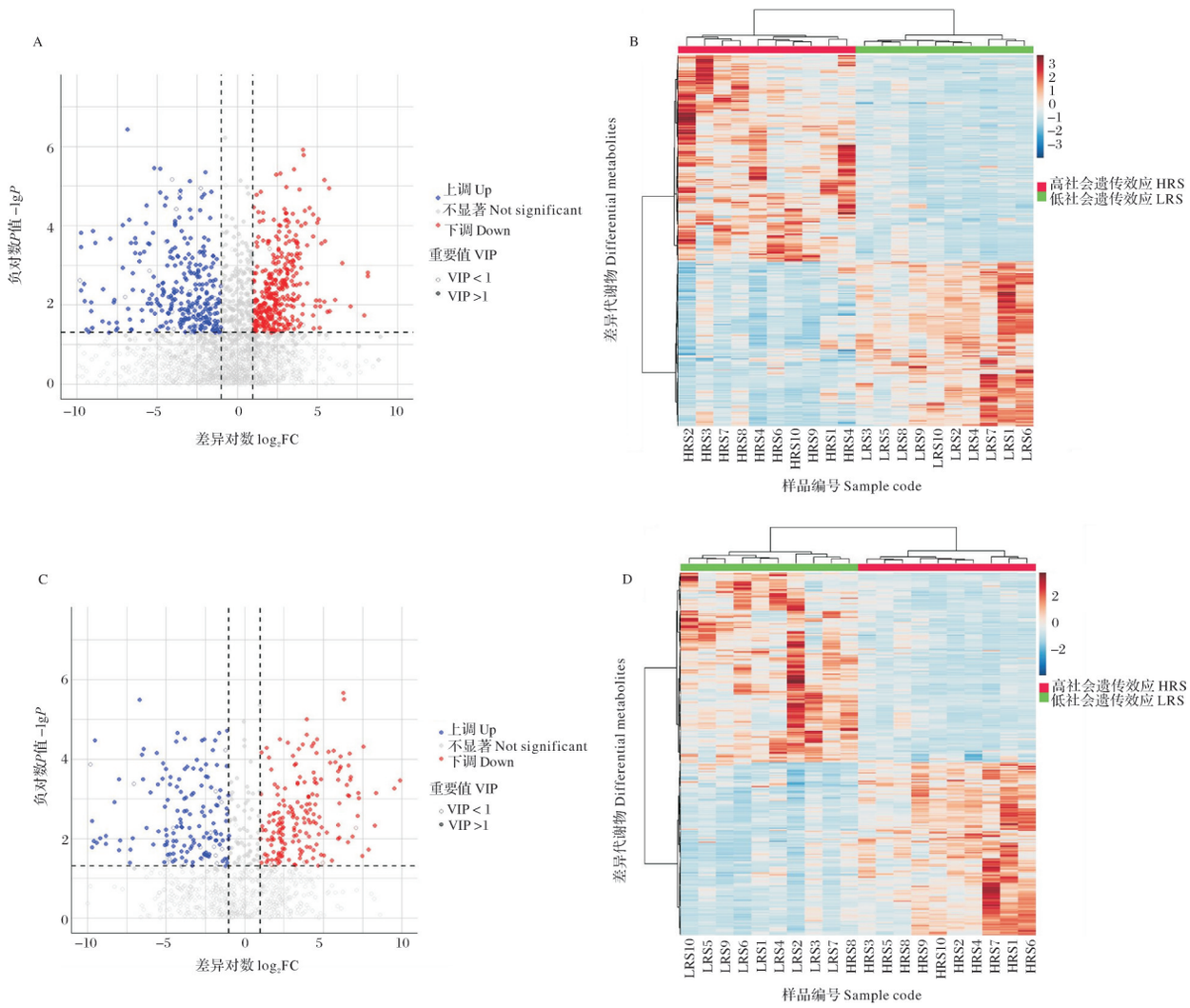
图1 盲肠与回肠的正负离子PLS-DA分析图

Fig.1 PLS-DA score diagram of positive and negative ions

2.2 回肠与盲肠差异代谢物筛选

筛选回肠中HRS与LRS组差异代谢物结果显示，$|\log_2 FC|>1$，VIP>1，$P<0.05$。HRS与LRS在回肠组织正离子模式下检测到719个差异代谢物，其中369种代谢物上调，350种代谢物下调；负离子模式下共检测到392个差异代谢物，其中191种代谢物上调，201种代谢物下调。火山图（图2A、2C）展示了回肠组织中，HRS组与LRS组的不同显著差异代谢物丰度分布情况；从聚类热图（图2B、2D）看出，回肠组织中，2组正、负离子差异代谢物均存在明显分离，聚类状况良好。

HRS组与LRS组的盲肠组织在正离子模式下检



A、C分别为回肠的差异代谢物正负离子火山图，B、D分别为其正负离子聚类热图。A and C are the volcano plots of differential metabolites in the ileum for positive and negative ions, respectively, while B and D are the corresponding clustering heatmaps for positive and negative ions, respectively.

图2　回肠中差异代谢物的火山图与聚类热图

Fig. 2　Volcano plots and clustering heatmaps of differential metabolites in the ileum

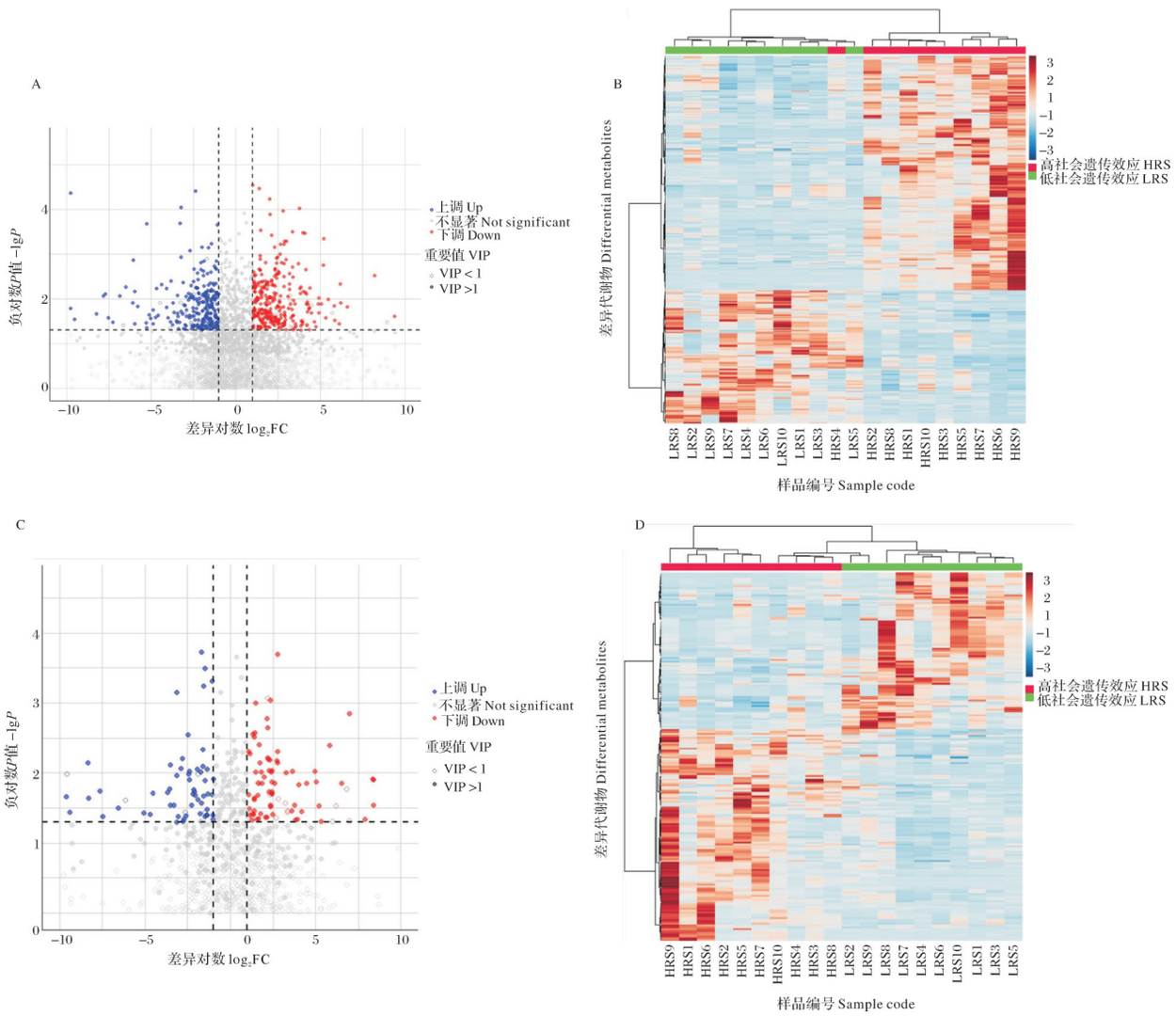
测到390个差异代谢物，其中248种代谢物上调，142种代谢物下调；负离子模式下，检测到200个差异代谢物，其中97种代谢物上调，103种代谢物下调（$P<0.05$，$|\log_2FC|>1$，VIP>1）。火山图（图3A、3C）同样展现了HRS组与LRS组在盲肠中不同显著差异代谢物丰度分布情况，同时聚类热图（图3B、3D）表明2组之间的差异代谢物分离度明显，聚类状况良好。回肠组织与盲肠组织的共同显著差异代谢物有13种，具体见表1。

2.3　差异代谢物功能性分析

为深入理解差异代谢物在HRS组与LRS组间的代谢分歧导致的组间RFI-SGE异质性，本试验对2种组织的差异代谢物进行KEGG富集分析，结果如图4所示。富集结果显示，回肠组织中，HRS组与LRS组的差异代谢物主要富集于丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢、ABC转运蛋白、氨酰-tRNA生物合成、不饱和脂肪酸的生物合成等26条显著差异通路（图4A）；在盲肠组织中，HRS组与LRS组间差异代谢物主要富集于不饱和脂肪酸的生物合成、色氨酸代谢、脂肪酸生物合成等8条显著差异通路（图4B）。

3　讨　论

代谢物是生物过程中最终下游的产物，反映了细胞内各种代谢途径的最终结果。它们是基因表达、蛋白质功能和生化反应的直接体现，能够提供有



A、C分别为盲肠的差异代谢物正负离子火山图，B、D分别为其正负离子聚类热图。A and C are the volcano plots of differential metabolites in the cecum for positive and negative ions, respectively, while B and D are the corresponding clustering heatmaps for positive and negative ions, respectively.

图3 盲肠中差异代谢物的火山图和聚类热图

Fig.3 Volcano plots and clustering heatmaps of differential metabolites in the cecum

关生物体当前生理状态的详细信息[12]。通过全面测量代谢物，研究人员可以确定基因与环境之间的相互作用。

GABA是回肠与盲肠的共同差异代谢物（$P<0.05$），其合成受到谷氨酸代谢通路的调控。它在生物体中起着重要的生理作用，尤其是在哺乳动物的中枢神经系统中，GABA是主要的抑制性神经递质，负责调节神经元的兴奋[13]。有证据表明，GABA可以抑制神经退化并改善记忆力以及大脑的认知功能，在压力情况下降低焦虑水平，增强机体免疫能力[14-16]。例如，富含GABA的发酵产物在大鼠强迫游泳实验中表现出抗抑郁作用[17]，并且有研究[18]表明摄入GABA能够增强人体的免疫功能并促进放松。除此之外，GABA作为一种抑制性神经递质，在大脑中参与食欲的调节[19]。有研究[20]表明，GABA的水平变化可能影响食欲和进食行为，低GABA水平可能与食欲增加和过度进食有关，通过饮食补充GABA有助于减轻体质量并减少食欲。在代谢组的试验结果中，GABA在LRS组的回肠和盲肠组织中都表现出一致的下降趋势，结果提示由于GABA的缺乏，处于低社会地位的猪面对长期的社会压力，无法正常排解，致使其处于长期焦虑和抑郁的状态，导致食欲增加，进而增大进食量以缓解压力。

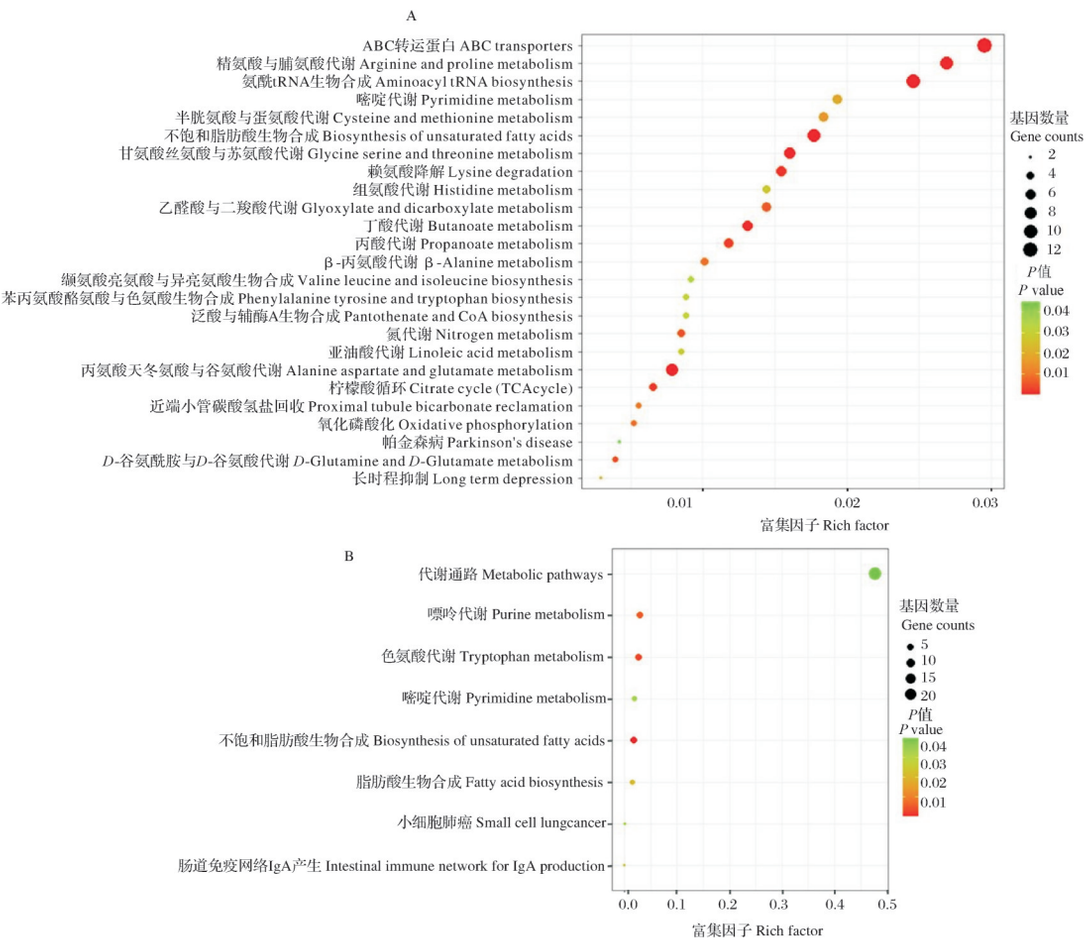
表 1　回肠、盲肠共同存在的显著差异代谢物集合

Table 1　Both ileum and cecum have significantly different metabolite collections

名称 Name	组织 Tissue	离子模式 ESI	*P* 值 *P* value	差异对数 $\log_2$FC	重要值 VIP
4-羟基-2-喹啉羧酸 4-Hydroxy-2-quinolinecarboxylic acid	回肠 Ileum	正离子 POS	＜0.01	－1.03	1.82
	盲肠 Cecum	正离子 POS	0.02	6.85	1.46
5β-鲨胆醇 5β-Scymnol	回肠 Ileum	正离子 POS	0.01	1.35	1.37
	盲肠 Cecum	正离子 POS	＜0.01	－2.39	2.17
5-甲氧基吲哚乙酸 5-Methoxyindoleacetic acid	回肠 Ileum	正离子 POS	＜0.01	2.08	1.76
	盲肠 Cecum	正离子 POS	＜0.01	－1.45	1.73
D-(－)-果糖 *D*-(－)-Fructose	回肠 Ileum	负离子 NEG	＜0.01	－1.82	1.43
	盲肠 Cecum	负离子 NEG	0.04	1.04	1.26
缩水甘油油酸酯 Glycidyl oleate	回肠 Ileum	正离子 POS	0.03	－2.67	1.31
	盲肠 Cecum	正离子 POS	0.02	1.80	1.53
亚油酸 Linoleic acid	回肠 Ileum	负离子 NEG	＜0.01	－3.60	1.49
	盲肠 Cecum	负离子 NEG	0.03	1.85	1.31
甲羟孕酮 17-醋酸酯 Medroxyprogesterone 17-acetate	回肠 Ileum	正离子 POS	0.05	－1.12	1.14
	盲肠 Cecum	正离子 POS	0.03	－1.14	1.42
N-乙酰-*L*-谷氨酸 N-Acetyl-*L*-glutamate	回肠 Ileum	负离子 NEG	＜0.01	13.18	1.53
	回肠 Ileum	正离子 POS	＜0.01	－2.23	1.71
	盲肠 Cecum	负离子 NEG	＜0.01	1.53	1.96
	盲肠 Cecum	正离子 POS	＜0.01	1.26	1.73
N-乙酰胞壁酸 N-Acetylmuramic acid	回肠 Ileum	正离子 POS	＜0.01	－3.52	1.22
	盲肠 Cecum	正离子 POS	0.04	1.67	1.35
N端B型利钠肽原 NT-proBNP	回肠 Ileum	正离子 POS	＜0.01	2.90	1.76
	盲肠 Cecum	正离子 POS	0.02	－1.27	1.46
磷酸 Phosphoric acid	回肠 Ileum	负离子 NEG	0.01	13.51	1.31
	盲肠 Cecum	负离子 NEG	0.04	－1.60	1.27
α-亚麻酸 α-Linolenic acid	回肠 Ileum	正离子 POS	＜0.01	－14.10	1.52
	盲肠 Cecum	正离子 POS	0.02	1.80	1.47
γ-氨基丁酸 γ-Aminobutyric acid	回肠 Ileum	负离子 NEG	0.04	13.33	2.06
	盲肠 Cecum	负离子 NEG	0.01	4.70	1.56

注：N-乙酰-*L*-谷氨酸在回肠或盲肠中于正、负离子模式下均被检测为显著差异代谢物，因此表中列出多行数据。Note: N-acetyl-*L*-glutamate was detected as a significantly differential metabolite in both positive and negative ion modes in either the ileum or cecum, therefore multiple rows of data are presented in the table.

色氨酸代谢通路在HRS组中显著富集，该通路对血清素的调控具有重要作用。通过色氨酸羟化酶的作用，色氨酸首先转化为5-羟色氨酸，随后在肠嗜铬细胞中，由5-羟色氨酸脱羧酶进一步转化为血清素。血清素对摄食行为的影响一直是广泛研究的主题[21]，研究发现血清素通过放大饱腹感信号并延长其持续时间来抑制摄食行为[22]。由于血脑屏障的存在，外周血清素在理论上不能直接影响大脑，但外周血清素或许通过将刺激以化学和机械形式传递至传入神经末梢，从而引发胃肠反射，并对内脏感知进行调节[23]。有证据表明，对大鼠外周注射血清素可加速其产生饱腹感，这一过程具有行为特异性，且需要胃肠道机制共同参与才能实现[24-25]。另外，5-羟基吲哚-3-乙酸（5-hydroxyindole-3-acetic acid，5-HIAA）是血清素的衰变产物。在对人类的研究中发现，暴力罪犯和纵火犯的脑脊液中5-HIAA含量明显低于健康志愿者，表明它与攻击性有着密切的相关性[26]。具有高社会遗传效应的个体会减



A：回肠组织样品显著差异代谢通路；B：盲肠组织样品显著差异代谢通路。A: Significantly altered metabolic pathways in ileum tissue samples; B: Significantly altered metabolic pathways in cecum tissue samples.

图4 差异代谢物KEGG富集分析图

Fig.4 KEGG enrichment map of differential metabolites

少有害行为，包括攻击行为，并增加有益行为，例如合作[27]。该衰变产物也在HRS组中高度表达。因此可以合理推测HRS组的高色氨酸代谢水平可能导致体内血清素水平升高，个体在血清素以及5-HIAA的调控下，相较于LRS组表现出更合群的社会特质，同时进食过程中饥饿感能够通过血清素调控网络及时反馈抑制，从而减少饲料消耗，提高饲料效率。

综上所述，高社会遗传效应（SGE）个体可能通过谷氨酸代谢和色氨酸代谢等关键代谢途径，以及在γ-氨基丁酸（GABA）、色氨酸和血清素等代谢物的高表达等代谢因素的协同作用下显著降低了自身的压力水平，同时调控个体的食欲反馈机制，并促进其拥有更积极的社会行为表现。最终，这些神经与社会层面上的优势相互作用，影响个体的饲料消耗水平，使其展现出低剩余采食量（RFI）的表型特征。这种社会特质帮助个体在群体环境中建立更稳定的社会等级与和谐的同伴关系，从而减少由社会应激导致的代谢消耗与异常摄食行为，最终从群体水平上优化了整体的饲料利用效率。

尽管本研究通过代谢组学分析揭示了GABA、色氨酸代谢等关键代谢物和通路在调控猪只社会行为与采食效率中的重要作用，但目前对肠道代谢物与中枢神经系统之间的具体作用机制仍不明确，尤其是外周代谢信号如何通过“肠-脑轴”影响行为与食欲调控，尚需深入探索。未来应结合多组学数据，建立更全面的代谢网络模型，并在实际生产条件下验证相关代谢标记物的稳定性与适用性。

参考文献 References

[1] WISHART D S. Emerging applications of metabolomics in drug discovery and precision medicine [J]. Nature reviews

drug discovery,2016,15(7):473-484.

[2] GILBERT H,BILLON Y,BROSSARD L,et al.Review:divergent selection for residual feed intake in the growing pig[J].Animal,2017,11(9):1427-1439.

[3] WILSON A J,MORRISSEY M B,ADAMS M J,et al.Indirect genetics effects and evolutionary constraint:an analysis of social dominance in red deer,*Cervus elaphus*[J].Journal of evolutionary biology,2011,24(4):772-783.

[4] 王中波,刘爽,贺丽霞,等.固原黄牛不同部位肌肉组织代谢组学分析[J].畜牧兽医学报,2024,55(4):1565-1578.WANG Z B,LIU S,HE L X,et al.Metabolomics analysis on different muscle tissues of Guyuan cattle[J].Acta veterinaria et zootechnica sinica,2024,55(4):1565-1578(in Chinese with English abstract).

[5] 丁鸿祥,庞丽燕,王净,等.空怀绵羊粪便微生物和血液代谢组特征分析[J].动物营养学报,2022,34(5):3107-3121.DING H X,PANG L Y,WANG J,et al.Analysis of fecal microbiome and blood metabolome characteristics in non-pregnant sheep[J].Chinese journal of animal nutrition,2022,34(5):3107-3121(in Chinese with English abstract).

[6] 高岩浩,王婷婷,白卫卫,等.脂质组与转录组联合揭示南阳牛不同肌肉组织脂质特征的差异表达模式[J].中国农业科学,2025,58(6):1239-1258.GAO Y H,WANG T T,BAI W W,et al.The combination of lipidome and transcriptome revealed the differential expression patterns of lipid characteristics in different muscle tissues of Nanyang cattle[J].Scientia agricultura sinica,2025,58(6):1239-1258(in Chinese with English abstract).

[7] GILBERT H,BILLON Y,BROSSARD L,et al.Review:divergent selection for residual feed intake in the growing pig[J].Animal,2017,11(9):1427-1439.

[8] WU P X,WANG K,ZHOU J,et al.A combined GWAS approach reveals key loci for socially-affected traits in Yorkshire pigs[J/OL].Communications biology,2021,4:891[2025-04-27].https://www.nature.com/articles/s42003-021-02416-3.

[9] XIA J G,PSYCHOGIOS N,YOUNG N,et al.MetaboAnalyst:a web server for metabolomic data analysis and interpretation[J].Nucleic acids research,2009,37:W652-W660.

[10] EDGAR R C.Updating the 97% identity threshold for 16S ribosomal RNA OTUs[J].Bioinformatics,2018,34(14):2371-2375.

[11] MAGOČ T,SALZBERG S L.FLASH:fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J].Bioinformatics,2011,27(21):2957-2963.

[12] XIA J G,SINELNIKOV I V,HAN B,et al.MetaboAnalyst 3.0:making metabolomics more meaningful[J].Nucleic acids research,2015,43(W1):251-257.

[13] DOUGLAS G M,MAFFEI V J,ZANEVELD J R,et al.PICRUSt2 for prediction of metagenome functions[J].Nature biotechnology,2020,38(6):685-688.

[14] WISHART D S.Emerging applications of metabolomics in drug discovery and precision medicine[J].Nature reviews drug discovery,2016,15(7):473-484.

[15] KAPUR J.GABA in the nervous system:the view at 50 years[J].Annals of neurology,2001,49(6):820-821.

[16] OKADA T,SUGISHITA T,MURAKAMI T,et al.Effect of the defatted rice germ enriched with GABA for sleeplessness,depression,autonomic disorder by oral administration[J].Nippon shokuhin kagaku kogaku Kaishi,2000,47(8):596-603.

[17] CHUANG C Y,SHI Y C,YOU H P,et al.Antidepressant effect of GABA-rich *Monascus*-fermented product on forced swimming rat model[J].Journal of agricultural and food chemistry,2011,59(7):3027-3034.

[18] ABDOU A M,HIGASHIGUCHI S,HORIE K,et al.Relaxation and immunity enhancement effects of γ-aminobutyric acid (GABA) administration in humans[J].BioFactors,2006,26(3):201-208.

[19] BALDWIN B A,EBENEZER I S,RIVA C D L.Effects of intracerebroventricular injection of muscimol or GABA on operant feeding in pigs[J].Physiology & behavior,1990,48(3):417-421.

[20] DELGADO T C.Glutamate and GABA in appetite regulation[J/OL].Frontiers in endocrinology,2013,4:103[2025-04-27].https://doi.org/10.3389/fendo.2013.00103.

[21] VOIGT J P,FINK H.Serotonin controlling feeding and satiety[J].Behavioural brain research,2015,277:14-31.

[22] STRAUSS J,DIRCKSEN H.Circadian clocks in crustaceans:identified neuronal and cellular systems[J].Frontiers in bioscience,2010,15(3):1040-1074.

[23] BERTRAND P P,BERTRAND R L.Serotonin release and uptake in the gastrointestinal tract[J].Autonomic neuroscience,2010,153(1/2):47-57.

[24] EDWARDS S,STEVENS R.Peripherally administered 5-hydroxytryptamine elicits the full behavioural sequence of satiety[J].Physiology & behavior,1991,50(5):1075-1077.

[25] SIMANSKY K J,JAKUBOW J,SISK F C,et al.Peripheral serotonin is an incomplete signal for eliciting satiety in sham-feeding rats[J].Pharmacology biochemistry and behavior,1992,43(3):847-854.

[26] LINNOILA V M,VIRKKUNEN M.Aggression,suicidality,and serotonin[J].The journal of clinical psychiatry,1992,53(S):46-51.

[27] TURNER S P.Breeding against harmful social behaviours in pigs and chickens:state of the art and the way forward[J].Applied animal behaviour science,2011,134(1/2):1-9.

Key pathways underlying social genetic effects of residual feed intake in Duroc pigs based on gut metabolomics

ZHOU Wenxuan, ZHAO Zhenjian, CHEN Dong, CUI Shengdi, WANG Junge, CHEN Ziyang, YU Shixin, CHEN Jiamiao, ZHOU Yaoxi, HUANG Runjie, TANG Guoqing

College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University/State Key Laboratory of Swine and Poultry Breeding Industry/ Ministry of Agriculture and Rural Affair Key Laboratory of Livestock and Poultry Multi-omics/Sichuan Province Key Laboratory of Livestock and Poultry Genetic Resources Exploration and Innovation, Chengdu 611130, China

Abstract The social genetic effects-residual feed intake (SGE-RFI) value of 209 Duroc pigs was estimated to study the key metabolites and metabolic pathways associated with the SGE-RFI in Duroc pigs at the level of intestinal metabolome and provide an explanation for the SGE of pig feed reward at the level of molecule. 10 individuals with extreme value at each end were divided into a high social genetic effect group (HRS) and a low social genetic effect group (LRS). The ultra-high-performance liquid chromatography coupled with high-resolution mass spectrometry (UPLC-MS) was used to analyze the content of metabolites from ileal and cecal in 20 Duroc pigs. The Partial least squares-discriminant analysis (PLS-DA) was used to identify significantly different metabolites in the ileum and cecum of Duroc pigs between HRS and LRS groups. The kyoto encyclopedia of genes and genomes (KEGG) enrichment analysis was performed to elucidate the major functional pathways involving these metabolites. The results showed that the 1 111 and 590 significantly different metabolites in the ileum and cecum were identified, with 13 different metabolites including GABA shared between the ileum and cecum. The different metabolites in the ileum were primarily enriched in 26 pathways including alanine, aspartate, and glutamate metabolism, ABC transporters, and aminoacyl-tRNA biosynthesis. The different metabolites in the cecum were mainly associated with 8 pathways including tryptophan metabolism, biosynthesis of unsaturated fatty acids, and purine metabolism. It is indicated that social genetic effects-residual feed intake (SGE-RFI) in Duroc pigs are significantly correlated with different metabolites including GABA in the ileum and cecum and key metabolic pathways including the metabolism of amino acid and tryptophan. It will provide insights into the metabolic mechanisms underlying the social genetic effects of feed efficiency in farming pig.

Keywords Duroc pig; social genetic effects (SGE); metabolomics; residual feed intake (RFI); γ-aminobutyric acid (GABA); metabolism of amino acid

(责任编辑:赵琳琳)