

**Effects of early intervention with maternal fecal microbiota and antibiotics on the gut  
microbiota and metabolite profiles of piglets**

Chunhui Lin, Jiajia Wan, Yong Su, Weiyun Zhu

College of Animal Science and Technology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095,  
Jiangsu, China

National Center for International Research on Animal Gut Nutrition, Nanjing Agricultural  
University, Nanjing 210095, China

Corresponding author: Prof. Yong Su

Tel: 00 86 25 84395523; Fax: 00 86 25 84395314

E-mail: [yong.su@njau.edu.cn](mailto:yong.su@njau.edu.cn)

**Table S1** Relative abundance (percentage) of microbial operational taxonomic units (OTUs) in the stomach of piglets in the microbiota transplantation (MFMT), amoxicillin treatment (AM), and control (CO) groups.

OTU ID	7d			21d			Annotation
	CO	AM	MFMT	CO	AM	MFMT	
OTU2	17.45±5.88 <sup>a</sup>	3.36±1.84 <sup>b</sup>	22.31±2.85 <sup>a</sup>	18.09±1.14	18.89±1.5	13.74±3.05	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU3	22.47±8.65	38.53±8.82	21.81±9.93	1.71±0.71	0.39±0.20	2.19±1.01	<i>s__Lactobacillus delbrueckii subsp. Sunkii</i>
OTU1	13.69±9.25	0.49±0.22	21.09±9.22	34.87±3.53	40.47±8.55	28.84±7.30	<i>s__Lactobacillus gallinarum</i>
OTU5	8.56±3.49 <sup>b</sup>	23.91±5.30 <sup>a</sup>	8.10±1.76 <sup>b</sup>	0.15±0.06	0.13±0.05	0.08±0.05	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU7	2.04±0.78	0.42±0.24 <sup>b</sup>	2.62±0.40 <sup>a</sup>	1.67±0.20	1.83±0.24	1.14±0.35	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU4	4.64±3.01	4.93±3.03	2.61±1.18	23.26±7.10	22.91±7.82	25.55±5.11	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU6	3.28±0.92 <sup>b</sup>	14.54±2.91 <sup>a</sup>	2.14±0.77 <sup>b</sup>	0.15±0.05	0.15±0.06	0.21±0.11	<i>s__Lactobacillus mucosae</i>
OTU14	0.91±0.15	0.76±0.29	1.12±0.20	0.23±0.07	0.23±0.06	0.19±0.08	<i>g__Rothia</i>
OTU17	1.14±0.60	0.61±0.23	1.07±0.24	0.31±0.11	0.21±0.04	0.28±0.09	<i>g__Porphyromonas</i>
OTU13	1.40±0.66	0.72±0.43	1.04±0.25	0.26±0.08	0.19±0.04	0.20±0.08	<i>g__Moraxella</i>
OTU15	1.37±0.68	0.76±0.43	0.98±0.22	0.26±0.06	0.17±0.04	0.21±0.07	<i>g__Moraxella</i>
OTU18	0.79±0.22	0.63±0.24	0.81±0.14	0.56±0.28	0.23±0.04	0.24±0.08	<i>s__Streptococcus suis</i>
OTU8	4.01±2.12	0.19±0.10	0.79±0.37	0.24±0.04	0.49±0.21	0.63±0.29	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU23	1.09±0.58	0.56±0.29	0.76±0.18	0.19±0.05	0.12±0.04	0.14±0.06	<i>g__Moraxella</i>
OTU16	0.87±0.43	0.41±0.14	0.71±0.25	0.59±0.36	0.41±0.12	0.39±0.11	<i>s__Actinobacillus porcinius</i>
OTU25	0.60±0.16	0.42±0.14	0.65±0.18	0.44±0.21	0.17±0.03	0.17±0.05	<i>s__Streptococcus suis</i>
OTU9	0.62±0.27	0.22±0.07	0.57±0.16	1.77±1.45	0.91±0.37	0.91±0.67	<i>g__Terrisporobacter</i>
OTU31	0.66±0.39	0.36±0.16	0.55±0.10	0.12±0.03	0.14±0.01	0.11±0.04	<i>s__Actinobacillus minor</i>
OTU27	0.72±0.55	0.20±0.13	0.51±0.10	0.44±0.16	0.31±0.04	0.28±0.10	<i>s__[Haemophilus] parasuis</i>
OTU11	0.32±0.18	0.10±0.05	0.44±0.18	1.01±0.11	1.09±0.09	0.98±0.09	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU24	0.73±0.61	0.25±0.05	0.44±0.08	0.39±0.13	0.46±0.11	0.28±0.08	<i>g__Alloprevotella</i>
OTU19	2.13±2.04	0.68±0.15	0.35±0.19	0.07±0.01	0.14±0.05	0.39±0.31	<i>g__Veillonella</i>
OTU32	0.57±0.32	0.20±0.08	0.35±0.05	0.33±0.10	0.20±0.03	0.22±0.08	<i>s__[Haemophilus] parasuis</i>
OTU37	0.49±0.34	0.15±0.05	0.35±0.09	0.19±0.06	0.21±0.05	0.17±0.05	<i>g__Fusobacterium</i>
OTU38	0.64±0.38	0.20±0.12	0.30±0.06	0.04±0.01	0.05±0.01	0.05±0.02	<i>g__Leptotrichia</i>
OTU20	0.23±0.08	1.25±0.73	0.29±0.12	0.25±0.12	0.58±0.51	0.36±0.20	<i>g__Halomonas</i>
OTU44	0.26±0.14	0.09±0.03	0.29±0.05	0.10±0.04	0.10±0.02	0.13±0.07	<i>g__Helcococcus</i>
OTU22	0.29±0.10	0.09±0.02	0.27±0.08	0.92±0.76	0.52±0.21	0.42±0.30	<i>g__Clostridium sensu stricto 1</i>
OTU12	0.23±0.10	0.08±0.03	0.26±0.08	1.50±1.29	0.83±0.39	0.58±0.44	<i>g__Intestinibacter</i>
OTU43	0.36±0.31	0.22±0.17	0.25±0.07	0.07±0.03	0.07±0.03	0.12±0.06	<i>g__Streptobacillus</i>

<sup>a, b</sup> Mean values within a line with different superscript letters on each day differ significantly ( $P < 0.05$ ).

**Table S2** Relative abundance (percentage) of microbial operational taxonomic units (OTUs) in the ileum of piglets in the microbiota transplantatio (MFMT), amoxicillin treatment (AM), and control (CO) groups.

OTU ID	7d			21d			
	CO	AM	MFMT	CO	AM	MFMT	
OTU3	18.85±7.35	7.92±4.34	20.54±4.57	11.36±3.38	17.86±4.12	12.06±6.10	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU1	13.20±8.15	1.17±0.84	19.19±7.86	36.27±6.84	33.72±7.23	20.10±7.13	<i>s__Lactobacillus gallinarum</i>
OTU6	10.35±6.18	18.09±3.33	15.34±8.60	0.60±0.18	0.15±0.11	1.74±1.08	<i>s__Lactobacillus delbrueckii subsp. sunkii</i>
OTU4	13.42±5.73	2.40±1.54	14.74±3.82	3.23±0.20	5.93±1.70 <sup>a</sup>	2.18±0.92 <sup>b</sup>	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU5	9.52±4.11	22.12±5.77	10.93±3.17	0.02±0.01	0.02±0.01	0.06±0.04	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU2	4.36±2.90	12.62±10.87	2.96±1.50	29.58±6.39	25.42±9.77	32.83±10.02	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU10	1.36±0.81	2.92±0.34	2.73±1.56	0.14±0.05	0.04±0.04	0.28±0.17	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU7	3.14±1.07 <sup>b</sup>	11.75±3.59 <sup>a</sup>	2.10±0.61 <sup>b</sup>	0.22±0.05	0.20±0.04	0.79±0.57	<i>s__Lactobacillus mucosae</i>
OTU20	0.79±0.47	1.47±0.29	1.18±0.67	0.05±0.01	0.02±0.01	0.13±0.08	<i>s__Lactobacillus delbrueckii subsp. sunkii</i>
OTU16	0.88±0.34	0.28±0.14 <sup>b</sup>	1.05±0.13 <sup>a</sup>	0.51±0.12	0.80±0.16	0.48±0.21	<i>s__Lactobacillus vaginalis</i>
OTU9	4.77±3.66	0.62±0.27	0.99±0.43	0.45±0.27	1.02±0.59	1.33±0.74	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU12	0.56±0.34	0.06±0.05	0.96±0.39	1.71±0.31	1.73±0.37	1.15±0.47	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU25	0.67±0.40	0.84±0.13	0.63±0.31	0.06±0.02	0.03±0.01 <sup>b</sup>	0.12±0.05 <sup>a</sup>	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU28	0.48±0.14	0.15±0.12	0.45±0.04	0.14±0.04	0.46±0.18	0.19±0.08	<i>s__Lactobacillus vaginalis</i>
OTU15	1.44±1.21	0.94±0.69	0.40±0.18	0.72±0.35	1.49±1.31	0.15±0.07	<i>g__Intestinibacter</i>
OTU39	0.24±0.13	0.41±0.07	0.38±0.24	0.01±0.00	0.01±0.00	0.06±0.04	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU24	0.35±0.22	0.00±0.00	0.37±0.15	0.47±0.10	0.68±0.19	0.33±0.13	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU18	0.62±0.50	1.59±1.35	0.35±0.11	0.69±0.29	0.89±0.78	0.13±0.04	<i>g__Terrisporobacter</i>
OTU22	1.09±0.81	0.90±0.34	0.32±0.13	0.34±0.05	0.16±0.04	0.17±0.08	<i>s__Streptococcus suis</i>
OTU11	0.78±0.50	3.49±1.55 <sup>a</sup>	0.28±0.16 <sup>b</sup>	1.02±0.44	0.52±0.32	0.53±0.18	<i>g__Veillonella</i>
OTU19	0.21±0.09	0.20±0.17	0.27±0.11	1.01±0.04	0.90±0.08	0.84±0.13	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU31	0.25±0.07 <sup>a</sup>	0.08±0.05 <sup>b</sup>	0.26±0.02 <sup>a</sup>	0.08±0.02 <sup>b</sup>	0.37±0.14 <sup>a</sup>	0.15±0.07	<i>s__Lactobacillus vaginalis</i>
OTU23	3.20±3.09	0.01±0.01	0.18±0.18	0.02±0.01	0.01±0.00	0.07±0.04	<i>s__Streptococcus macedonicus ACA-DC 198</i>
OTU8	0.17±0.07	0.03±0.01	0.15±0.04	5.40±2.53	3.49±1.49	5.53±3.10	<i>s__Lactobacillus panis</i>
OTU58	0.06±0.05	0.03±0.02	0.13±0.11	0.06±0.03	0.03±0.01	0.10±0.08	<i>g__Corynebacterium 1</i>
OTU47	0.17±0.11	0.15±0.04	0.13±0.07	0.05±0.01	0.03±0.02	0.07±0.03	<i>g__Peptostreptococcus</i>
OTU26	0.30±0.27	0.42±0.20	0.12±0.05	0.55±0.11	0.19±0.13	0.45±0.13	<i>g__Halomonas</i>
OTU30	2.08±2.00	0.05±0.03	0.11±0.10	0.07±0.04	0.01±0.01	0.05±0.02	<i>g__Streptococcus</i>
OTU37	0.49±0.40	0.34±0.08	0.09±0.06	0.08±0.04	0.02±0.01	0.13±0.08	<i>g__Fusobacterium</i>
OTU42	0.05±0.02	0.05±0.05	0.06±0.03	0.26±0.03 <sup>a</sup>	0.15±0.03 <sup>b</sup>	0.22±0.03	<i>g__Lactobacillus</i>

<sup>a, b</sup> Mean values within a line with different superscript letters on each day differ significantly ( $P < 0.05$ ).

**Table S3** Relative abundance (percentage) of microbial operational taxonomic units (OTUs) in the colon of piglets in the microbiota transplantation (MFMT), amoxicillin treatment (AM), and control (CO) groups.

OTU ID	7d			21d			Annotation
	CO	AM	MFMT	CO	AM	MFMT	
OTU1	5.62±1.70	0.87±0.55 <sup>b</sup>	13.56±5.92 <sup>a</sup>	2.84±1.58	6.63±2.79	5.72±3.80	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU3	6.91±2.05	5.55±1.82	10.13±6.20	1.64±0.75	0.93±0.48	0.98±0.47	<i>g__Subdoligranulum</i>
OTU5	0.71±0.63 <sup>b</sup>	0.12±0.11 <sup>b</sup>	6.14±1.31 <sup>a</sup>	0.93±0.39 <sup>b</sup>	2.77±0.84	4.51±1.29 <sup>a</sup>	<i>f__Bacteroidales S24-7 group</i>
OTU8	4.10±1.46	2.43±0.93	2.55±0.92	1.01±0.55	0.31±0.16	0.95±0.34	<i>g__Ruminococcus 2</i>
OTU10	0.63±0.45	1.76±0.73	2.43±1.90	0.87±0.42	2.90±1.59	1.41±0.47	<i>g__Collinsella</i>
OTU11	1.32±0.75	1.54±0.97	2.19±1.57	1.62±1.45	2.23±1.60	0.68±0.37	<i>g__Prevotella 2</i>
OTU17	0.99±0.46	0.26±0.20	1.98±1.35	3.03±2.61	1.08±0.42	0.42±0.26	<i>g__Prevotellaceae NK3B31 group</i>
OTU62	0.03±0.01	0.04±0.04	1.92±1.80	0.04±0.03	0.07±0.03	0.08±0.01	<i>g__Cloacibacillus</i>
OTU2	0.42±0.41	2.09±2.08	1.81±1.62	5.08±3.76	4.64±1.76	14.12±6.53	<i>g__Lactobacillus</i>
OTU40	0.00±0.00	1.51±1.27	1.26±1.26	0.12±0.08	0.62±0.39	0.05±0.04	<i>g__Alloprevotella</i>
OTU13	5.43±3.14	2.55±2.08	1.20±1.20	0.09±0.06	0.05±0.01	0.17±0.08	<i>g__Bacteroides</i>
OTU41	0.10±0.08 <sup>b</sup>	0.62±0.31	1.13±0.45 <sup>a</sup>	0.29±0.14	0.94±0.47	0.73±0.34	<i>g__Blautia</i>
OTU22	0.24±0.23	0.00±0.00	1.12±1.08	1.50±1.01	1.91±1.01	2.37±1.01	<i>s__Lactobacillus gallinarum</i>
OTU45	1.28±0.74	0.91±0.52	1.11±0.47	0.06±0.04	0.05±0.02	0.09±0.01	<i>s__Lactobacillus delbrueckii subsp. sunkii</i>
OTU19	0.03±0.02	0.90±0.77	1.08±0.74	1.74±0.61	1.62±0.49	1.84±0.63	<i>g__[Ruminococcus] gauvreauii group</i>
OTU46	0.18±0.12	0.46±0.12	1.04±1.01	0.31±0.20	0.34±0.20	0.83±0.32	<i>g__Escherichia-Shigella</i>
OTU30	3.85±3.70	0.18±0.15	0.93±0.78	0.25±0.20	0.35±0.20	0.53±0.28	<i>g__Fusobacterium</i>
OTU34	1.28±0.27	2.19±0.55 <sup>a</sup>	0.86±0.25 <sup>b</sup>	0.08±0.05	0.37±0.21	0.08±0.03	<i>g__Lachnoclostridium</i>
OTU27	0.01±0.00	2.82±2.57	0.77±0.48	0.65±0.34	1.23±0.82	0.57±0.21	<i>g__[Eubacterium] coprostanoligenes group</i>
OTU87	0.06±0.02	0.09±0.03	0.75±0.39	0.11±0.06	0.18±0.08	0.40±0.27	<i>g__Blautia</i>
OTU20	0.46±0.30	0.25±0.20	0.64±0.32	1.28±0.40	3.14±1.39	1.12±0.54	<i>g__Anaerotruncus</i>
OTU49	0.01±0.01	1.80±1.74	0.59±0.49	0.29±0.12	0.33±0.09	0.36±0.19	<i>g__Holdemanella</i>
OTU44	0.36±0.32	2.13±1.29	0.52±0.50	0.31±0.10	0.09±0.03	0.20±0.11	<i>g__Prevotellaceae UCG-004</i>
OTU26	0.11±0.06	0.03±0.01 <sup>b</sup>	0.48±0.21 <sup>a</sup>	1.86±0.83	2.74±0.59	1.00±0.35	<i>s__gut metagenome</i>
OTU23	1.35±1.03	1.58±1.02	0.48±0.23	1.19±1.10	0.76±0.50	1.03±0.79	<i>g__Methanobrevibacter</i>
OTU69	0.22±0.13	0.42±0.20	0.47±0.26	0.27±0.13	0.42±0.13	0.27±0.21	<i>g__Ruminococcaceae NK4A214 group</i>
OTU54	0.55±0.10	0.57±0.39	0.45±0.20	0.51±0.31	0.48±0.28	0.13±0.10	<i>g__Tyzzerella</i>
OTU56	0.10±0.03	0.34±0.27	0.44±0.21	0.70±0.31	0.37±0.16	0.76±0.25	<i>g__Lachnospiraceae FCS020 group</i>
OTU81	0.34±0.14	0.24±0.14	0.40±0.29	0.24±0.06	0.10±0.04 <sup>b</sup>	0.44±0.16 <sup>a</sup>	<i>g__Desulfovibrio</i>
OTU77	0.13±0.06	0.01±0.00 <sup>b</sup>	0.39±0.16 <sup>a</sup>	0.35±0.22	0.27±0.12	0.63±0.33	<i>s__Lactobacillus panis</i>

<sup>a, b</sup> Mean values within a line with different superscript letters on each day differ significantly ( $P < 0.05$ ).