

文章编号: 1674-5566(2025)03-0510-09

DOI: 10.12024/jsou.20240704593

克氏原螯虾对稻田常见杂草种子的摄食量及其机体抗氧化性能和肠道菌群响应

袁 泉^{1,2}, 田志慧¹, 杨 航¹, 孙小淋¹, 金诗语³, 张家宏⁴, 周文宗^{1,2}

(1. 上海市农业科学院 生态环境保护研究所, 上海 201403; 2. 上海市农业科学院 农业农村部稻渔综合种养生态重点实验室, 上海 201403; 3. 淮阴工学院 生命科学与食品工程学院, 江苏 淮安 223001; 4. 江苏里下河地区农业科学研究所, 江苏 扬州 225007)

摘要: 为探明克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*)防控稻田杂草的可能性途径, 本研究在实验室条件下, 以人工饲料为对照组, 评估了克氏原螯虾对稻田5种常见杂草种子(稗.Ec; 千金子.Lc; 鳢肠.Ep; 丁香蓼.Lp; 水苋菜.Ab)的摄食能力及机体抗氧化性能和肠道菌群响应。结果显示, 克氏原螯虾对千金子、水苋菜、丁香蓼、稗和鳢肠种子摄食量和摄食率均存在显著性差异($P < 0.05$), 平均日摄食量分别为0.033、0.027、0.059、0.047和0.031 g/只, 其中, 克氏原螯虾对丁香蓼种子摄食量显著高于千金子、水苋菜和鳢肠($P < 0.05$), 对稗种子的摄食量显著高于水苋菜种子($P < 0.05$), 对杂草种子的平均日摄食量显著低于对照组(0.1 g/只)。各处理组克氏原螯虾肝脏GSH-Px酶活性无显著性差异($P > 0.05$), 稗组MDA含量显著高于其他处理组($P < 0.05$), 其他处理组间无显著性差异($P > 0.05$); 水苋菜组SOD酶活性显著高于千金子组、鳢肠组和对照组($P < 0.05$), CAT酶活性显著高于鳢肠组($P < 0.05$); 丁香蓼组SOD酶活性显著高于千金子组和对照组($P < 0.05$)。不同处理组克氏原螯虾肠道细菌群落 α 多样性指数均无显著性差异, 其肠道优势菌门主要是变形菌门(Proteobacteria)、软壁菌门(Tenericutes)、放线菌门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes), 这4类细菌的相对丰度在各处理组间占比均达到了99%以上, 其中丁香蓼和稗组放线菌门相对丰度分别为9.72%和5.74%, 显著高于其他处理组; 肠道优势菌属分别是不动杆菌属(*Acinetobacter*), 柠檬酸菌属(*Citrobacter*), 气单胞菌属(*Aeromonas*), 红细菌属(*Rhodobacter*), 希瓦氏菌属(*Shewanella*), 棒形杆菌属(*Clavibacter*), 假单胞菌属(*Pseudomonas*), 乳酸杆菌属(*Lactobacillus*), 节杆菌属(*Arthrobacter*)。综上所述, 克氏原螯虾可直接摄食稻田常见杂草种子, 倾向于摄食丁香蓼和稗种子, 但过量摄食稗种子易导致机体过氧化损伤, 其次是鳢肠种子, 对水苋菜和千金子种子摄食量较少。克氏原螯虾肠道微生物菌群具有较强的环境适应性, 能够处理多种复杂的植物性物质。

关键词: 克氏原螯虾; 稻田综合种养; 杂草种子; 抗氧化性能; 肠道微生物

中图分类号: S 966.12 **文献标志码:** A

克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*), 俗称小龙虾, 隶属于甲壳纲(Crustacea)十足目(Decapoda)螯虾科(Cambaridae)原螯虾属(*Procambarus*)。起源于北美地区, 1918年被引入日本, 随后于20世纪30年代传入中国, 在本土形成了庞大的自然种群。作为我国重要的淡水经济种类之一, 2022年全国克氏原螯虾产量已达289.07万t, 是中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*)产量的3倍之多, 位居

淡水甲壳类产量之首^[1]。克氏原螯虾主要养殖模式包含稻田养殖和池塘养殖, 其中稻虾种养面积156.67万hm², 占总养殖面积的83.93%; 稻虾种养克氏原螯虾产量240万t, 占养殖总产量的83.00%^[2]。随着稻渔综合种养行业标准《稻渔综合种养技术规范》的实施, 推动了稻渔综合种养模式的标准化发展。

在稻田生态系统中, 克氏原螯虾作为重要的

收稿日期: 2024-07-08 修回日期: 2024-12-17

基金项目: 上海市农业科学院卓越团队建设项目(沪农科卓[2022]023号); 国家农业环境奉贤观测实验站项目(NAES035AE03)

作者简介: 袁 泉(1990—), 女, 博士, 研究方向为生态养殖模式。E-mail: quanyuan2016@126.com

通信作者: 周文宗, E-mail: zhouwz001@126.com

版权所有 © 《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

<http://www.shhydx.com>

水生动物资源,早已在控制稻田草害中发挥了重要作用。研究^[4-6]表明,稻虾共作对主要杂草种类如丁香蓼(*Ludwigia prostrata*)、水苋菜(*Ammannia baccifera*)、千金子(*Leptochloa chinensis*)和稗(*Echinochloa crusgalli*)等有良好的控制效果。徐大兵等^[4]研究发现,在稻虾共作2~3年后,与稻单作模式相比,双子叶类和禾本科杂草的密度分别减少了73.53%和63.26%。尽管如此,对于克氏原螯虾控制杂草的生态学途径仍停留在调查研究及理论分析上,缺乏直接证据。YUAN等^[7]曾通过定量摄食实验和行为观察实验证实了克氏原螯虾可以直接摄食稻田中的常见杂草幼苗,且对不同杂草幼苗存在明显的摄食偏好性,本研究在前期研究基础上,通过直接投喂法,评估了克氏原螯虾摄食稻田常见杂草种子的能力及其对机体抗氧化酶活性和肠道微生物群落的影响。以期揭示克氏原螯虾对稻田杂草种子的利用潜力,为稻虾共作理论提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 实验动物和植物

实验用克氏原螯虾来自上海市农业科学院庄行试验站自繁养群体,体长为(63.25±8.27)mm,体质量为(9.52±2.59)g。实验虾于3月下旬运回实验室,暂养在塑料箱中(长×宽×高=46.4 cm×34.7 cm×22 cm)驯化2周,塑料箱提前放置曝气自来水,水位15 cm,暂养期间持续使用增氧泵增氧。驯化第1周,每天饱食投喂商业颗粒饲料(粗蛋白38%)1次;驯化第2周,每2天过量投喂杂草种子,每次投喂之前清理残饵和粪便。塑料箱内放置仿真水草,pvc管作为实验虾的隐蔽场所。实验方案遵守中国科学技术部制定的《实验动物伦理待遇指南》。

实验所用杂草的成熟种子收集于上海市农业科学院庄行试验站。收集后,种子通过空气分离和净化,净化后的种子存放在上海市农业科学院生态环境保护研究所的杂草实验室的4℃冰箱中。

1.2 实验设计

将克氏原螯虾饲养于塑料箱内(38.0 cm×26.0 cm×12.8 cm),每个塑料箱放养2只小龙虾,投喂稻田常见杂草:稗(Ec)、千金子(Lc)、鳢肠(*Eclipta prostrata*, Ep)、丁香蓼(Lp)、水苋菜(Ab),并设对照组(投喂小龙虾饲料,Cg)。实验共计6个处理,每个处理设置3个重复。为了减

少隐蔽物对杂草种子计数的影响,正式实验不放置隐蔽物,养殖水位为3 cm,便于克氏原螯虾充分运用附肢摄食杂草种子。

1.3 实验过程

克氏原螯虾饥饿48~56 h后开始实验。第1天15:00~16:00饱食投喂杂草种子,投喂前用电子天平称量杂草种子。每天视其摄食情况确定是否增投杂草种子,确保塑料箱中杂草种子处于过量状态,每3天定时(9:00~12:00)收集残饵,为1个投喂周期。残饵收集时,杂草种子漂浮在水面的用密网(直径7 cm)捞取,沉在水底的使用100目滤网过滤,将收集的剩余杂草种子放置于培养皿中,人工统计种子剩余数量(N_r)。另外,每种杂草种子称取0.1 g,人工统计0.1 g杂草种子数量($N_{0.1}$),用于换算小龙虾的实际杂草种子摄入量。实验周期为27 d。实验期间每3天统计完剩余残饵后,全部更换养殖用水,水体pH为7.46±0.23;溶解氧为(5.01±0.79)mg/L;余氯<0.05 mg/L;水温为(18.80±0.78)℃。实验期间光照周期为12 L:12 D(8:30~20:30),水面光照强度为108~254 lx(光度计LM-332)。

1.4 样本采集与处理

实验结束后,将克氏原螯虾称重,并在冰盘上解剖,取肝胰腺和肠道内容物,经液氮速冻后,放入-80℃冰箱中储存待测。

肝胰腺样品送至南京建成生物工程研究所检测超氧化物歧化酶(SOD)、谷胱甘肽过氧化物酶(GSH-Px)、过氧化氢酶(CAT)活性和丙二醛(MDA)含量。肠道内容物样品寄送至上海派森诺生物科技有限公司检测肠道细菌微生物群落结构。

1.5 数据计算与分析

使用Excel整理数据,统计分析采用SPSS 22.0,绘图采用Origin 2022。对不同处理日摄食量和摄食量占比使用单因素方差分析(One-way ANOVA),若差异显著,则进行Tukey's多重比较检验。所有数据以平均值±标准差(Mean±SD)表示,差异显著水平为 $P<0.05$ 。

$$W_{FC} = \left(W_i - \frac{0.1 \times N_r}{N_{0.1}} \right) / (n \times t) \quad (1)$$

$$I_{FC} = W_{FC} / W_0 \times 100\% \quad (2)$$

式中: W_{FC} 为日摄食量, g/ind.; W_i 为杂草种子投喂量, g; N_r 为剩余杂草种子数量; $N_{0.1}$ 是0.1 g杂草种

子总颗粒数量; n 为克氏原螯虾总数; t 为喂食间隔天数, d ; I_{PFC} 为日摄食量占比,%; W_0 为克氏原螯虾初始体质量,g。

2 结果

2.1 克氏原螯虾对不同杂草种子的摄食量

克氏原螯虾对不同杂草种子日摄食量和摄食量占比均存在显著性差异($P<0.05$,图1和图2)。克氏原螯虾对千金子、水苋菜、丁香蓼、稗和

鳢肠种子的平均日摄食量分别是0.033、0.027、0.059、0.047和0.031 g/只。丁香蓼种子摄食量和摄食占比显著高于千金子、水苋菜和鳢肠种子($P<0.05$),稗种子摄食量显著高于水苋菜种子($P<0.05$),但小龙虾对杂草种子的摄食量和摄食占比显著低于对照组($P<0.05$)。

实验所用杂草种子的形状大小如表1所示。稗杂草种子颗粒最大,其次是鳢肠和丁香蓼种子,千金子和水苋菜种子较小。

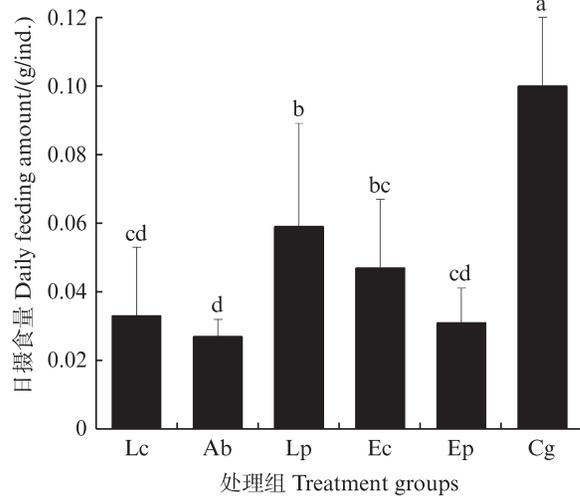


图1 克氏原螯虾对不同杂草种子的日摄食量
Fig. 1 Daily feeding amount of *Procambarus clarkii* on different weed seeds

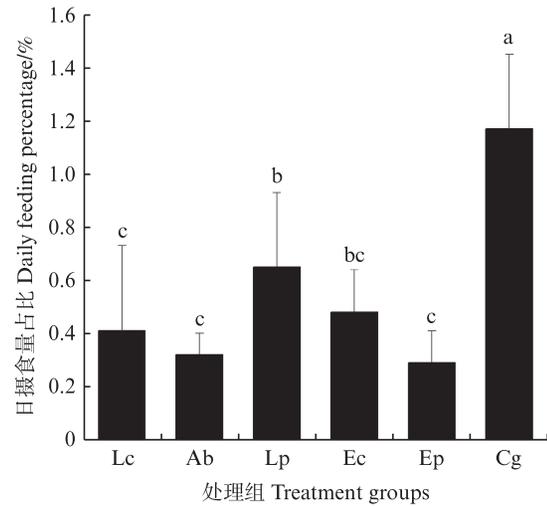


图2 克氏原螯虾对不同杂草种子的日摄食量占体质量的百分比
Fig. 2 Feeding percentage of *Procambarus clarkii* on different weed seeds

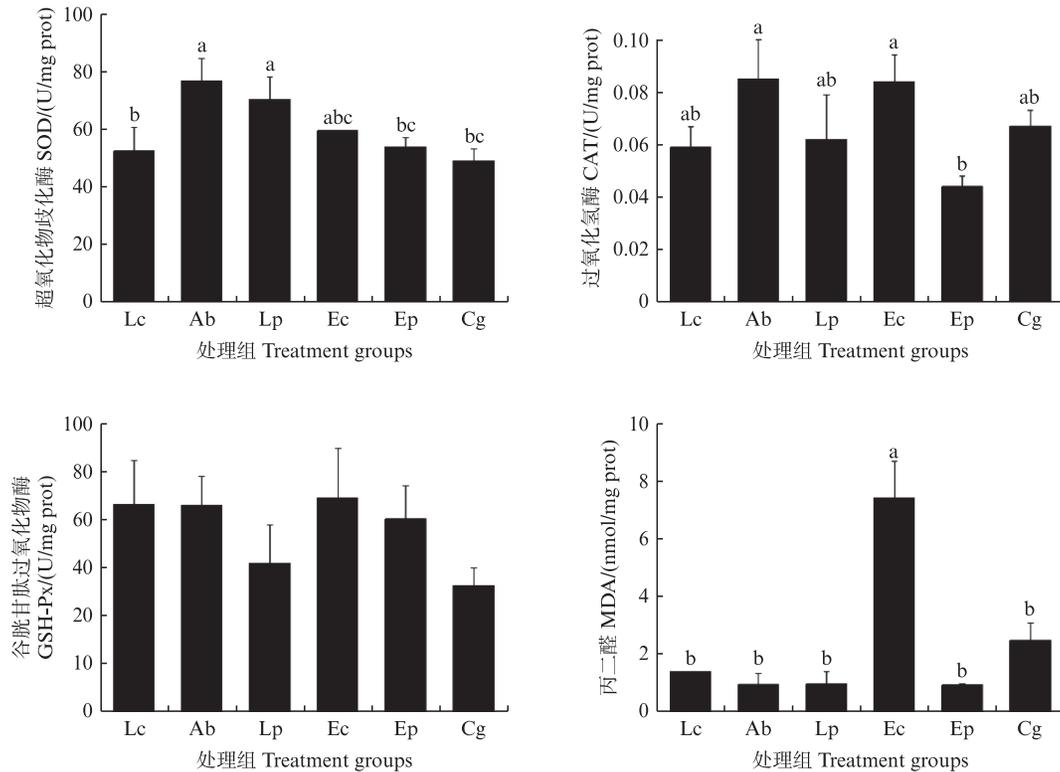
表1 试验杂草种子的性状特征
Tab. 1 Size and shape of weed seeds

种类 Species	质量 Mass/g	数量 Number/n	规格(长×宽) Size (length×width)	形状 Shape
千金子 <i>Leptochloa chinensis</i>	0.101	1 505	1.3 mm×0.5 mm	椭圆形
水苋菜 <i>Ammannia baccifera</i>	0.102	6 507	直径0.4 mm	圆形
丁香蓼 <i>Ludwigia prostrata</i>	0.102	1 154	1.0 mm×0.7 mm	椭圆形
稗 <i>Echinochloa crusgalli</i>	0.101	46	3.9 mm×1.5 mm	椭圆形
鳢肠 <i>Eclipta prostrata</i>	0.103	323	2.6 mm×1.1 mm	梯形

2.2 克氏原螯虾摄食不同杂草种子的机体抗氧化酶活性变化

各处理组克氏原螯虾肝脏 GSH-Px 酶活性无显著性差异($P>0.05$)。稗组 MDA 含量(7.41 nmol/mg prot)显著高于其他处理组($P<0.05$),其他处理

组间无显著性差异($P>0.05$)。水苋菜组 SOD 酶活性显著高于千金子组、鳢肠组和对照组($P<0.05$),CAT 酶活性显著高于鳢肠组($P<0.05$)。丁香蓼组 SOD 酶活性显著高于千金子组和对照组。稗组 CAT 酶活性显著高于鳢肠组。见图3。



Lc. 千金子; Ab. 水苋菜; Lp. 丁香蓼; Ec. 稗; Ep. 鳢肠; Cg. 对照组。不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。

Lc. *Leptochloa chinensis*; Ab. *Ammannia baccifera*; Lp. *Ludwigia prostrata*; Ec. *Echinochloa crusgalli*; Ep. *Eclipta prostrata*; Cg. Control group. Different letters mean significant difference ($P < 0.05$).

图3 不同杂草种子处理组克氏原螯虾抗氧化酶活性变化

Fig. 3 Variations in antioxidant enzyme activity of *Procambarus clarkii* in different treatment groups

2.3 克氏原螯虾摄食不同杂草种子的肠道微生物群落结构特征

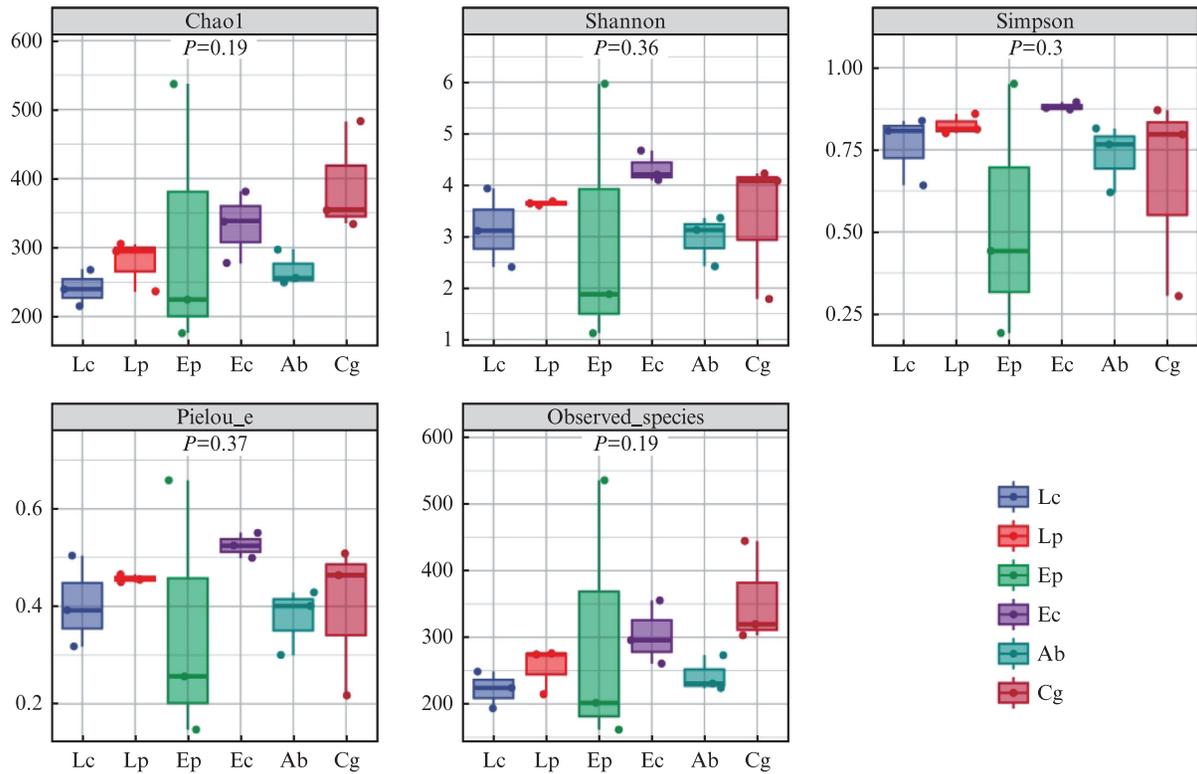
不同杂草种子处理组克氏原螯虾肠道微生物群落 α 多样性指数均无显著性差异(图4, $P > 0.05$)。从韦恩图中可以看出,鳢肠组ASV数量最多,为538个,其次是对照组、稗组、丁香蓼组、水苋菜组,千金子组ASV数量最少。6个处理组共有ASV数量为39个(图5)。

如图6所示,克氏原螯虾肠道微生物优势菌门主要是变形菌门(Proteobacteria)、软壁菌门(Tenericutes)、放线菌门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes),这4类细菌的相对丰度在各处理组间占比均达到了99%以上,其中,丁香蓼组和稗组放线菌门相对丰度分别为9.72%和5.74%,显著高于其他处理组。克氏原螯虾肠道微生物菌群相对丰度超过1%的排名前十的优势菌属分别是不动杆菌属(*Acinetobacter*)、柠檬酸菌属(*Citrobacter*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)、红细菌属(*Rhodobacter*)、希瓦氏菌属(*Shewanella*)、棒形杆菌属(*Clavibacter*)、假单胞菌属

(*Pseudomonas*)、乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)和*Chitinibacter*菌属。对照组排名前十的菌群相对丰度(属水平)总和为16.83%,鳢肠组排名前十的菌群相对丰度总和占比90.78%,其次分别是丁香蓼组、稗组、千金子组和水苋菜组(图7)。

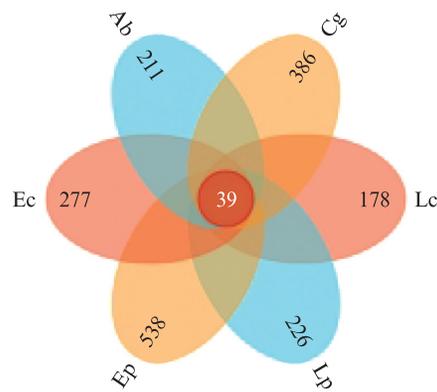
3 讨论

克氏原螯虾是全球发现的最重要的入侵物种之一,因其多营养性取食行为而具有较高的生态可塑性^[8],使其能够在不同类型的环境中生存。国内外学者研究表明,克氏原螯虾能够根据其生活环境中的食物来源建立适合其生长需求的食物链^[9]。克氏原螯虾能够在稻田中减少杂草生物量的事实是否与这种生态特性相关呢? 本研究发现,在无其他饵料供应的情况下,克氏原螯虾能够摄食各种杂草种子,且对不同杂草种子存在明显的摄食偏好性,其对丁香蓼种子的摄食量最高,其次是稗和鳢肠种子,对水苋菜和千金子种子摄食量较少。



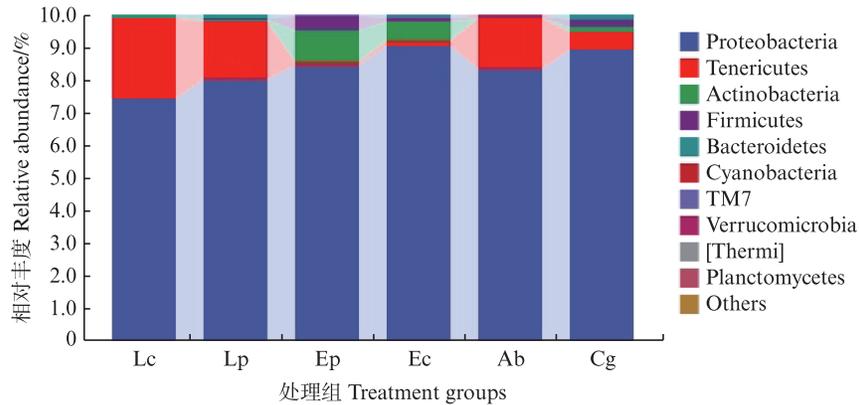
Lc. 千金子; Ab. 水菟菜; Lp. 丁香蓼; Ec. 稗; Ep. 鳢肠; Cg. 对照组。
 Lc. *Leptochloa chinensis*; Ab. *Ammannia baccifera*; Lp. *Ludwigia prostrata*; Ec. *Echinochloa crusgalli*; Ep. *Eclipta prostrata*; Cg. Control group.

图4 不同处理组克氏原螯虾肠道微生物 α多样性指数
 Fig. 4 Alpha diversity index of gut microbiota across different treatment groups



Lc. 千金子; Ab. 水菟菜; Lp. 丁香蓼; Ec. 稗; Ep. 鳢肠; Cg. 对照组。
 Lc. *Leptochloa chinensis*; Ab. *Ammannia baccifera*; Lp. *Ludwigia prostrata*; Ec. *Echinochloa crusgalli*; Ep. *Eclipta prostrata*; Cg. Control group.

图5 不同处理组 ASV 韦恩图
 Fig. 5 Venn diagram of ASVs across different treatment groups

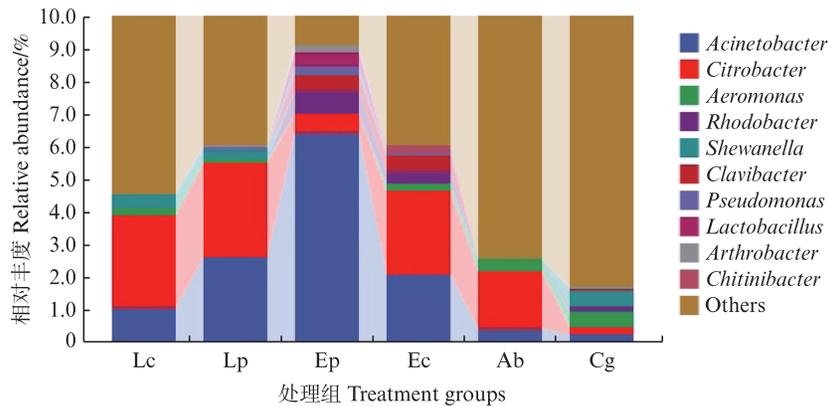


Lc. 千金子; Ab. 水苋菜; Lp. 丁香蓼; Ec. 稗; Ep. 鳢肠; Cg. 对照组。

Lc. *Leptochloa chinensis*; Ab. *Ammannia baccifera*; Lp. *Ludwigia prostrata*; Ec. *Echinochloa crusgalli*; Ep. *Eclipta prostrata*; Cg. Control group.

图6 不同处理组克氏原螯虾肠道微生物菌群多样性(门水平, $n=3$)

Fig. 6 Diversity of gut microbiota bacterial communities across different treatment groups (phylum level, $n=3$)



Lc. 千金子; Ab. 水苋菜; Lp. 丁香蓼; Ec. 稗; Ep. 鳢肠; Cg. 对照组。

Lc. *Leptochloa chinensis*; Ab. *Ammannia baccifera*; Lp. *Ludwigia prostrata*; Ec. *Echinochloa crusgalli*; Ep. *Eclipta prostrata*; Cg. Control group.

图7 不同处理组克氏原螯虾肠道微生物菌群多样性(属水平, $n=3$)

Fig. 7 Diversity of gut microbiota bacterial communities across different treatment groups (genus level, $n=3$)

田间调查研究^[4,6]表明,千金子和稗草的生物量首先减少(<4a),然后随着稻虾共作时间的增加而增加(图7),而且这两种杂草的密度在稻虾共作系统中低于稻单作系统,这表明克氏原螯虾可以控制种养系统千金子和稗的生物量,且其喜食千金子幼苗,几乎不摄食稗幼苗^[7]。本研究发现,克氏原螯虾对稗种子摄食量高于千金子种子,说明其可能是通过摄食千金子幼苗来降低稻田中千金子的生物量,而通过摄食稗种子来降低稻田中稗的生物量。关于稻田杂草群落多样性的研究^[4-6]结果表明,与水稻单作相比,稻-虾共作系统中丁香蓼和鳢肠的密度显著降低,而这两种杂草的生物量随着稻-虾共作时间的增加而持续减少。本研究发现,克氏原螯虾对丁香蓼和鳢肠种子具有一定的摄食能力,结合前期研究结果^[7],克氏原螯虾

对稻田中以上两种杂草的控制途径可能通过直接摄食杂草幼苗和种子来实现。研究^[7]表明,克氏原螯虾更喜摄食千金子幼苗而不是其他3种杂草幼苗,但田间调查结果显示千金子的生物量明显高于丁香蓼和鳢肠^[4,6],结合本研究结果,克氏原螯虾更喜食丁香蓼和鳢肠种子,其可能更多的是通过摄食丁香蓼和鳢肠种子来增加对这两种杂草的控制。克氏原螯虾具有强大的颚足和颚板,可以有效地抓取和撕裂食物,其对不同杂草种子的摄食能力可能与种子的形状有关系,稗种子颗粒最大,易被捕捉,而水苋菜和千金子种子较小,不易被捕捉,这可能是造成水苋菜和千金子种子摄食量较低的直接原因。研究发现,杂草种子中含有相当数量的蛋白质、丰富的碳水化合物(如淀粉和纤维素)和一定量的脂肪,这是提供能量的另一种

重要来源^[10]。淡水克氏原螯虾至少需要30%~35%的蛋白质以实现最佳生长^[11]。本研究中对饲料组克氏原螯虾的摄食量及摄食率占比均显著高于杂草组,说明商业饲料为其提供了较全面的营养,克氏原螯虾更喜摄食。

有氧代谢具有产生活性氧化物质(自由基)的潜力,其水平升高可以诱导氧化损伤,导致氧化应激^[12]。SOD、CAT、GSH-Px和MDA作为抗氧化活性的关键标志物。SOD和CAT通过清除自由基,减轻氧化应激导致的肠黏膜损伤,从而在肠道防御和修复中发挥关键作用^[13]。GSH-Px反映了生物体中和自由基的能力,防止脂质过氧化引起的损害^[14]。MDA含量表示脂质过氧化的程度,并间接反映了细胞损伤的严重程度^[15]。本研究中水菟菜组和丁香蓼组SOD酶活性显著高于对照组,说明克氏原螯虾摄食这两种杂草种子有益于提升机体SOD酶活性。稗组MDA含量显著高于其他处理组,说明长时间摄食稗种子后,克氏原螯虾细胞膜受到损伤。饵料中高脂肪含量会增加克氏原螯虾体内脂质的积累,为自由基攻击提供更多的靶点,促进脂质过氧化物的发生^[16]。克氏原螯虾对稗种子的摄食量显著低于对照饲料组,但摄食稗种子后机体MDA含量显著高于对照组,说明稗种子可能含有较高的脂肪比例,导致机体过氧化损伤。

本研究中克氏原螯虾肠道微生物优势菌门主要包括变形菌门(Proteobacteria)、软壁菌门(Tenericutes)、放线菌门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)。变形菌门是小龙虾肠道中最常见的菌门之一^[17-20]。这一门的细菌多样性极高,包括许多对宿主有益的细菌。软壁菌门细菌通常没有细胞壁,这使它们能够在宿主肠道中发挥特定的生物功能,如共生关系、防御作用等。许多放线菌门细菌能够产生抗菌物质,这些物质可以抑制肠道内病原菌的生长,从而保护宿主健康;放线菌门中的一些菌种能够合成多种维生素(如维生素B群),这对于克氏原螯虾的发育和生长是非常重要的^[21]。

研究^[22]发现,植物种子通常富含纤维素等难以消化的纤维物质,摄食植物种子后,动物肠道可能会增加纤维分解菌的数量和多样性,以帮助分解和消化纤维素,释放出其中的营养物质。本研究中,克氏原螯虾肠道优势菌属包含有降解植

物成分的菌属,如不动杆菌属、希瓦氏菌属和棒形杆菌属,能够有效分解杂草种子中的复杂有机物。在配合饲料中,由于富含可发酵的碳水化合物,乳酸菌属通常占据优势^[23]。肠杆菌属(*Enterobacter*)、梭菌属(*Clostridium*)常见于摄食高蛋白饲料的小龙虾肠道中,肠杆菌属能够分解蛋白质,产生氨基酸和其他代谢产物。本研究结果表明,克氏原螯虾肠道微生物菌群具有较强的环境适应性,能够处理多种复杂的植物性物质,这可能是其能够根据食物源改变食谱进而适应环境的机制之一。

作者声明本文无利益冲突。

参考文献:

- [1] 农业农村部渔业渔政管理局,全国水产技术推广总站,中国水产学会. 中国渔业统计年鉴[M]. 北京:中国农业出版社,2023.
The China Society of Fisheries, National Fisheries Technology Extension Center, China Society of Fisheries. China Fishery Statistical Yearbook [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2023.
- [2] 于秀娟,郝向举,杨霖坤,等. 中国小龙虾产业发展报告(2023)[J]. 中国水产,2023(7):26-31.
YU X J, HAO X J, YANG L K, et al. Development report on China's red swamp crayfish (2023) [J]. Fisheries of China, 2023(7):26-31.
- [3] 陈松文,曹凑贵,郝向举,等. 中国稻虾产业:产业现状与绿色高质量发展对策[J]. 农业现代化研究,2023,44(4):575-587.
CHEN S W, CAO C G, HAO X J, et al. China's rice-crayfish industry: current situation and strategies for green high-quality development [J]. Agricultural Modernization Research, 2023, 44(4):575-587.
- [4] 徐大兵,贾平安,彭成林,等. 稻虾共作模式下稻田杂草生长和群落多样性的调查[J]. 湖北农业科学,2015,54(22):5599-5602.
XU D B, JIA P A, PENG C L, et al. Investigation of weed growth and community diversity in the rice-crayfish symbiosis farming [J]. Hubei Agricultural Sciences, 2015, 54(22):5599-5602.
- [5] 刘全科,周普国,朱文达,等. 稻虾共作模式对稻田杂草的控制效果及其经济效益[J]. 湖北农业科学,2017,56(10):1859-1862.
LIU Q K, ZHOU P G, ZHU W D, et al. Weed control efficacy and economic benefits of rice-lobster farming in paddy rice fields[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2017, 56(10):1859-1862.
- [6] 郭瑶,肖求清,曹凑贵,等. 稻虾共作对稻田杂草群落

- 组成及物种多样性的影响[J]. 华中农业大学学报, 2020, 39 (2): 17-24.
- GUO Y, XIAO Q Q, CAO C G, et al. Effects of rice-crayfish ecosystems on weed community composition and species diversity in paddy fields [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2020, 39 (2): 17-24.
- [7] YUAN Q, TIAN Z H, LYU W W, et al. Effects of common rice field weeds on the survival, feeding rate and feeding behaviour of the crayfish *Procambarus clarkii* [J]. Scientific Reports, 2021, 11: 19327.
- [8] ALCORLO P, GEIGER W, OTERO M. Feeding preferences and food selection of the red swamp crayfish, *Procambarus clarkii*, in habitats differing in food item diversity [J]. Crustaceana, 2004, 77: 435-453.
- [9] CORREIA A M. Niche breadth and trophic diversity: feeding behavior of the red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*) towards environmental availability of aquatic macroinvertebrates in a rice field (Portugal) [J]. Acta Oecologica, 2002, 23: 421-429.
- [10] 陈欣, 唐建军, 赵惠明, 等. 农业生态系统中杂草资源的可持续利用 [J]. 自然资源学报, 2003, 18 (5): 340-346.
- CHEN X, TANG J J, ZHAO H M, et al. Sustainable utilization of weed diversity resources in agroecosystem [J]. Journal of Natural Resources, 2003, 18 (5): 340-346.
- [11] D'ABRAMO L R, ROBINSON E H. Nutrition of crayfish [J]. Aquatic Sciences, 1989, 1: 711-728.
- [12] KAKADE A, SALAMA E S, PENGYA F, et al. Long-term exposure of high concentration heavy metals induced toxicity, fatality, and gut microbial dysbiosis in common carp, *Cyprinus carpio* [J]. Environmental Pollution, 2020, 266, 115293.
- [13] ZHENG Q, CUI L, LIAO H, et al. Combined exposure to polystyrene nanoplastics and bisphenol A induces hepato-and intestinal-toxicity and disturbs gut microbiota in channel catfish (*Ictalurus punctatus*) [J]. Science of the Total Environment, 2023, 891:164319.
- [14] WANG C, YUAN Z, LI J, et al. Acute effects of antimony exposure on adult zebrafish (*Danio rerio*): from an oxidative stress and intestinal microbiota perspective [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2022, 123: 1-9.
- [15] CHANG X, WANG X, FENG J, et al. Impact of chronic exposure to trichlorfon on intestinal barrier, oxidative stress, inflammatory response and intestinal microbiome in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. Environment Pollution, 2020, 259:113846.
- [16] 李静, 李晓丽, 王玲, 等. 低鱼粉饲料中添加羟基蛋氨酸硒对凡纳滨对虾生长性能、抗氧化能力和抗亚硝酸盐胁迫的影响[J]. 水产学报, 2022, 46 (10): 1848-1859.
- LI J, LI X L, WANG L, et al. Effects of hydroxyl methionine selenium supplementation in low-fishmeal diet on growth, antioxidant ability and nitrite tolerance of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) [J]. Journal of Fisheries of China, 2022, 46 (10): 1848-1859.
- [17] SHUI Y, GUAN Z B, LIU G F, et al. Gut microbiota of red swamp crayfish *Procambarus clarkii* in integrated crayfish-rice cultivation model [J]. AMB Express, 2020, 10, 5-5.
- [18] ZHANG Z, LIU J, JIN X, et al. Developmental, Dietary, and Geographical Impacts on Gut Microbiota of Red Swamp Crayfish (*Procambarus clarkii*) [J]. Microorganisms, 2020, 8: 1376.
- [19] 贾丽娟, 王广军, 厦耘, 等. 不同地区稻虾综合种养系统的微生物群落结构分析[J]. 水产学报, 2023, 47 (6): 069107.
- JIA L J, WANG G J, XIA Y, et al. Analysis of microbial community structure in rice-shrimp integrated culture system of three different areas [J]. Journal of Fisheries of China, 2023, 47 (6): 069107.
- [20] 张立强, 李媛, 邓平, 等. 健康和患病克氏原螯虾肠道微生物群落结构和多样性分析[J]. 水产科技情报, 2020, 47 (1): 37-40.
- ZHANG L Q, LI Y, DENG P, et al. Analysis of intestinal microbiota structure and diversity in healthy and diseased *Procambarus clarkii* [J]. Fisheries Science & Technology Information, 2020, 47 (1): 37-40.
- [21] BINDA C, LOPETUSO L R, RIZZATTI G, et al. Actinobacteria: a relevant minority for the maintenance of gut homeostasis [J]. Digestive and Liver Disease, 2018, 50: 421-428.
- [22] CRONIN G, LODGE D M, HAY M E, et al. Crayfish feeding preferences for freshwater macrophytes: The influence of plant structure and chemistry [J]. Journal of Crustacean Biology, 2002, 22: 708-718.
- [23] WAN J, XI Q, TANG J, et al. Effects of pelleted and extruded feed on growth performance, intestinal histology and microbiota of juvenile red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*) [J]. Animals, 2022, 12 (17): 2252.

Effects of common weed seeds found in rice-crayfish co-culture system on feeding, antioxidant function and intestinal microbiota of *Procambarus clarkii*

YUAN Quan^{1,2}, TIAN Zhihui¹, YANG Hang¹, SUN Xiaolin¹, JIN Shiyu³, ZHANG Jiahong⁴, ZHOU Wenzong^{1,2}

(1. Eco-environmental Protection Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China; 2. Key Laboratory of Integrated Rice-Fish Farming Ecosystem, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China; 3. Institute of Life Science and Food Engineering, Huaiyin Institute of Technology, Huai'an 223001, Jiangsu, China; 4. Jiangsu Lixiahe District Institute of Agricultural Sciences, Yangzhou 225007, Jiangsu, China)

Abstract: To explore potential strategies for red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*) in controlling weeds in rice fields, it was hypothesized that *P. clarkii* could directly consume weed seeds. Quantitative feeding experiments were conducted using feed as the control group (Cg) to assess the feeding capacity of *P. clarkii* on seeds of five common rice field weeds (*Ludwigia prostrata*, Lp; *Leptochloa chinensis*, Lc; *Echinochloa crusgalli*, Ec; *Eclipta prostrata*, Ep and *Ammannia baccifera*, Ab), along with its antioxidant performance and gut microbiota response. Results indicated significant differences in daily consumption and consumption rates of different weed seeds fed by *P. clarkii* ($P < 0.05$). The mean daily consumption of Lc, Ab, Lp, Ec and Ep seeds was 0.033, 0.027, 0.059, 0.047 and 0.031 g/ind., respectively. *P. clarkii* showed significantly higher consumption of Lp seeds compared to Lc, Ab, and Ep ($P < 0.05$), and higher consumption of Ec seeds compared to Ab seeds ($P < 0.05$). However, consumption of weed seeds by *P. clarkii* was significantly lower than that of the control group (0.1 g/ind.). The GSH-Px enzyme activity in the hepatopancreas of *P. clarkii* did not show significant differences among treatment groups ($P > 0.05$). The MDA content in Ec group was significantly higher than in the other treatment groups ($P < 0.05$), measuring 7.41 nmol/mgprot; there were no significant differences among the other treatment groups ($P > 0.05$). The SOD enzyme activity in the Ab group was significantly higher compared to the Lc, Ep, and Cg groups ($P < 0.05$). The CAT enzyme activity was significantly higher in the Ab group compared to the Ep group ($P < 0.05$). In the Lp group, the SOD enzyme activity was significantly higher compared to the Lc and Cg groups ($P < 0.05$). There were no significant differences in α -diversity indices of gut microbiota among different treatment groups. The dominant phyla in the gut microbiota of *P. clarkii* were Proteobacteria, Tenericutes, Actinobacteria, and Firmicutes, collectively comprising over 99% relative abundance across all treatment groups. Specifically, the relative abundance of Actinobacteria was significantly higher in the Lp and Ec groups, at 9.72% and 5.74%, respectively, compared to other groups. Dominant genera included *Acinetobacter*, *Citrobacter*, *Aeromonas*, *Rhodobacter*, *Shewanella*, *Clavibacter*, *Pseudomonas*, *Lactobacillus*, and *Arthrobacter*. In conclusion, *P. clarkii* can directly consume seeds of common weeds in rice fields, showing a preference for seeds of Lp and Ec seeds. However, excessive consumption of Ec seeds can lead to oxidative damage in the organism, while seeds of Ab and Lc are consumed in smaller quantities. The gut microbiota of *Procambarus clarkii* exhibits strong environmental adaptability and can process a variety of complex plant materials. These findings provide valuable insights into understanding the changes in weed biodiversity in rice-crayfish co-culture systems.

Key words: *Procambarus clarkii*; integrated rice-fish farming; weed seeds; antioxidant capacity; intestinal microbiota