

基于昆虫肠道纤维素降解菌领域的文献计量分析

刘琦¹, Vuong Thi Minh Dien², 王新茹¹, 王华玲^{1,3}, 曾健勇^{*1,4}, 李会平^{*1,3}

1 河北农业大学 林学院, 河北 保定 071000

2 河北农业大学实验实训中心, 河北 保定 071000

3 河北省城市森林健康技术创新中心, 河北 保定 071000

4 河北省林木种质资源与森林保护重点实验室, 河北 保定 071000

刘琦, Vuong Thi Minh Dien, 王新茹, 王华玲, 曾健勇, 李会平. 基于昆虫肠道纤维素降解菌领域的文献计量分析[J]. 微生物学通报, 2024, 51(11): 4754-4767.

LIU Qi, Vuong Thi Minh Dien, WANG Xinru, WANG Hualing, ZENG Jianyong, LI Huiping. Bibliometric analysis in the field of cellulose-degrading bacteria in insect gut[J]. Microbiology China, 2024, 51(11): 4754-4767.

摘要: 【背景】近年来, 昆虫肠道纤维素降解菌领域逐渐引起了学者们的关注。尽管相关科研著作逐年增加, 但目前仍然缺乏对现有文献的系统梳理和可视化分析。【目的】探究昆虫肠道纤维素降解菌领域的研究现状与发展方向, 为后续该领域的研究提供科学基础。【方法】以 1995–2023 年在 Web of Science (WOS) 核心合集集中的 193 篇论文信息, 对昆虫肠道纤维素降解菌研究领域的发文量、关键词、宿主昆虫、研究方法、纤维素降解菌等进行文献计量学分析。【结果】昆虫肠道纤维素降解菌年发文量总体呈现增长趋势。收录文献最多的期刊是 *Frontiers in Microbiology*, *Microbial Ecology* 总被引频次与篇均被引次数皆为最高。中国发文量位居第二, 但篇均被引频次远低于日本、英格兰及德国等 6 个国家(地区)。统计到 49 种宿主昆虫, 以农林害虫为主, 占比 77.97%, 其次白蚁等财产害虫, 占 11.86%, 其中鞘翅目受到多年持续关注。统计到昆虫肠道纤维素降解菌 135 种, 涉及芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、克雷伯菌属(*Klebsiella*)等 63 个细菌属, 枝孢菌属(*Cladosporium*)、胶头霉属(*Gliocladium*)、青霉菌属(*Penicillium*)等 14 个真菌属。羧甲基纤维素是最多的供试纤维素, 刚果红水解圈法是最常见的纤维素降解功能验证方法。传统分离培养技术在此领域一直发挥关键作用, 近年来也在不断引入 16S rRNA 基因测序等技术进行多样性和分子机制研究。【结论】本研究对昆虫肠道纤维素降解菌领域现有文献进行了计量分析, 有助于加深对本领域的整体认识, 为后续研究开展提供基础依据。

关键词: 昆虫肠道微生物; 纤维素降解; 文献计量学; CiteSpace; VOSviewer

资助项目: 国家自然科学基金(32171799); 河北省省属高等学校基本科研业务费研究项目(KY2022051); 河北农业大学引进人才科研专项(YJ2021027)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (32171799), the Fundamental Research Funds for Provincial Universities in Hebei Province (KY2022051), and the Special Project for Introduced Talents of Hebei Agricultural University (YJ2021027).

*Corresponding authors. E-mail: ZENG Jianyong, zengstudywork@163.com; LI Huiping, huipinglipaper@163.com

Received: 2024-03-25; Accepted: 2024-05-21; Published online: 2024-06-06

Bibliometric analysis in the field of cellulose-degrading bacteria in insect gut

LIU Qi¹, Vuong Thi Minh Dien², WANG Xinru¹, WANG Hualing^{1,3}, ZENG Jianyong^{*1,4}, LI Huiping^{*1,3}

1 College of Forestry, Hebei Agricultural University, Baoding 071000, Hebei, China

2 Experimental and Training Center, Hebei Agricultural University, Baoding 071000, Hebei, China

3 Hebei Urban Forest Health Technology Innovation Center, Baoding 071000, Hebei, China

4 Key Laboratory of Forest Germplasm Resources and Forest Protection in Hebei Province, Baoding 071000, Hebei, China

Abstract: **[Background]** Cellulose-degrading microbes in the insect gut have gradually garnered attention from scholars. Despite the increasing research papers, systematic reviews and visual analyses of these publications remain scarce. **[Objective]** To explore the research status and development direction and provide a basis for the subsequent research on cellulose-degrading microbes in the insect gut. **[Methods]** We conducted a bibliometric analysis of 193 papers about the cellulose-degrading microbes in the insect gut that were retrieved from the Web of Science Core Collection with the time interval of 1995 to 2023. The analysis encompassed various aspects, including publication counts, keywords, host insects, research methods, and microbial species. **[Results]** The annual publications of cellulose-degrading microbes in the insect gut generally showed an increasing trend. *Frontiers in Microbiology* had the largest publication count, and *Microbial Ecology* maintained the highest total cites and the highest average cited frequency per paper. China ranked second in the world in terms of publication count, whereas its average cited frequency per paper fell below that of six countries (regions), including Japan, the UK, and Germany. A total of 49 host insect species were counted, of which agricultural and forestry pests accounted for 77.97%, followed by property pests such as termites (11.86%), and *Coleoptera* had received increasing attention for many years. A total of 135 cellulose-degrading microbial species in the insect gut were involved, belonging to 63 bacterial genera (such as *Bacillus*, *Pseudomonas*, and *Klebsiella*) and 14 fungal genera (such as *Cladosporium*, *Gliocephalotrichum*, and *Penicillium*). Carboxymethyl cellulose was the most commonly used test cellulose, and the Congo red hydrolysis circle method was the most common method for verifying the function of cellulose degradation. The conventional isolation and culture method played a key role in this field, and 16S rRNA gene sequencing was increasingly introduced for the research on microbial diversity and molecular mechanism in recent years. **[Conclusion]** We conduct a bibliometric analysis of the publications about the cellulose-degrading microbes in the insect gut, which helps to deepen the understanding and provide a basis for subsequent research in this field.

Keywords: insect gut microbiota; cellulose-degradation; bibliometrics; CiteSpace; VOSviewer

昆虫种类丰富,是世界上数量最大、分布最广的一个动物类群^[1]。昆虫肠道内栖息着数量巨大的微生物,经过长期的协同进化,这些昆虫肠道微生物对宿主营养消化、生长发育、病原体抗性、解毒等具有重要作用^[2]。纤维素是植物细胞壁的主要组成成分,是地球上储量丰富的可再生资源,但其结构复杂,不易降解^[3-4]。目前生物酶降解是利用纤维素的一种较为理想的方式^[5],因此昆虫肠道微生物的纤维素降解功能也备受关注。

文献计量学是将数学、文献学和统计学等相关理论进行融合,通过分析发文国家(地区)、机构、作者、期刊以及关键词等客观地揭示某研究领域的研究现状、发展趋势和研究贡献的交叉学科^[6]。目前,文献计量学被广泛应用于农业、医学、生物学及环境科学^[7-9]等各个领域,已有学者利用文献计量学的方法分析了昆虫肠道微生物领域的研究热点和趋势^[10],但关于昆虫肠道纤维素降解菌相关文献计量学研究的分析尚鲜有报道。

本文基于 Web of Science (WOS)核心合集数据库数据,利用 CiteSpace 和 VOSviewer 软件,结合传统人工统计的方法,对昆虫肠道纤维素降解菌相关研究进行系统的梳理和深入的挖掘,期望研究结果能揭示学术热点与发展趋势,为后续探索奠定文献基础并提供新的视野。

1 材料与方 法

研究数据来源于 Web of Science 核心合集数据库,索引版本为 SCI-EXPANDED。检索式为 TS=((insect OR arthropod* OR larva*) AND (gut OR intestin* OR enteric) AND (micro* OR bacteri* OR flora OR fung*) AND (fiber OR cellulose)),检索时间跨度为 1995 年 1 月至 2023 年 12 月,检索文献类型为 articles 和 review articles,

检索文献语言为 English。共检索得到期刊论文 312 篇。剔除不符合检索需求的文献,以全记录文本格式导出检索信息,导入 CiteSpace 软件确定无重复文献信息记录。最终共筛选出 193 篇相关文献用于后续研究报道。这些文献时间分布为 1997–2023 年,由 43 个国家(地区) 304 个机构 946 名作者发表,涉及学术期刊 121 个,涵盖学科 49 个。通过 Excel 2019 整理、计算不同年份发表相关主题的论文总篇数与被引频次。依据普莱斯定律计算文献关键词出现最少频次和核心作者最小发文量,根据布拉德福分散定律划分核心期刊^[9,11]。本文利用 CiteSpace v6.1.6、VOSviewer v1.6.18 软件对检索到的文献进行可视化分析^[12]。

2 结果与分析

2.1 发文量年度分布

如图 1 所示,昆虫肠道纤维素降解菌相关研究的发文量在 1997–2023 年呈一定的波动,但整体呈现上升趋势,发文量最多为 2023 年。昆虫肠道纤维素降解菌相关研究根据发文量可大致划分为 3 个阶段:1997–2009 年为初步萌芽阶段(I),平均年发文量仅 2 篇;2010–2019 年处于孕育发展阶段(II),平均年发文量为 8 篇;2020–2023 年处于快速发展阶段(III),年平均发文量 21 篇,达到现阶段顶峰,并具有持续发展的趋势,这说明昆虫肠道纤维素降解菌关注度在持续增高。

2.2 各国家(地区)发文情况

发文国家(地区)共计 43 个,主要集中于欧洲和美洲,在亚洲、非洲等地区也有分散存在。如表 1 所示发文量最高的国家(地区)为美国(USA) 50 篇,其次为中国(China) 42 篇,再次为德国(Germany) 25 篇;日本(Japan)、英格兰(England)、墨西哥(Mexico)发文量较少,合计发文量仅有

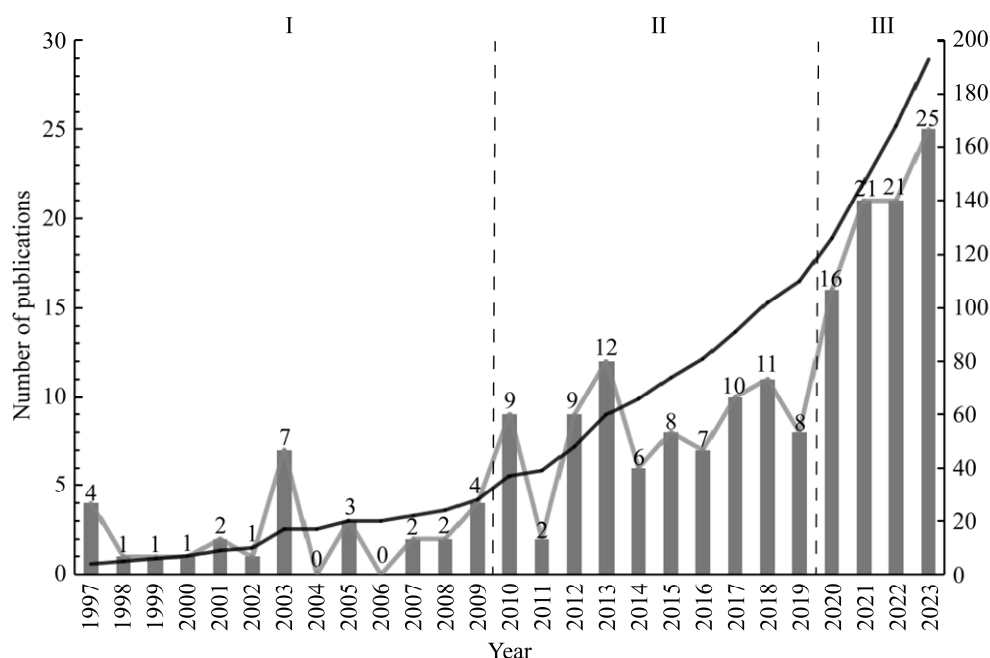


图 1 1997–2023 年昆虫肠道纤维素降解菌相关文献的年度分布情况

Figure 1 Number of annual publications in the field of insect gut cellulose-degrading microbiota in 1997–2023.

表 1 发文量前 10 的国家(地区)及其基本信息

Table 1 Top 10 countries (regions) and basic information

Country	Count	Average citation	Citation	Average publication year
USA	50	34.04	1 702	2014
China	42	21.14	888	2019
Germany	25	47.00	1 175	2012
India	17	12.18	207	2020
Brazil	12	20.33	244	2015
France	11	22.09	243	2016
Japan	10	111.00	1 110	2013
Mexico	8	55.88	447	2016
England	7	103.43	724	2016
Italy	6	12.83	77	2020

25 篇,但单篇平均被引频次却分别高达 111.00、103.43、55.88 次。我国发文量虽名列第二,但单篇平均被引频次却仅有 21.14 次,低于日本与英格兰等 6 个国家(地区),说明我国相关研究的质量和影响力尚有待提高。此外,根据平均发表年份则可知,在发文量前 10 的国家(地区)中,

我国平均发表年份为 2019 年,仅早于印度(India)和意大利(Italy)。因此,我国应积极开展昆虫肠道纤维素降解功能菌相关研究,并应注重研究论文质量,以提高相关领域的国际影响力。

2.3 发表期刊情况

参与分析的 193 篇文献共来自 121 个期刊,

发文量 ≥ 2 篇期刊共 34 个, 其余 87 种期刊的发文量仅为 1 篇。发文量前 10 名的期刊及其基本信息见表 2, 其中载文量 ≥ 5 篇的期刊仅有 4 个, *Frontiers in Microbiology* 以 14 篇的发文量排名第一, 其次则为发文量均为 5 篇的 *Insect Science*、*Insects* 和 *Microbial Ecology*。最初发表时间超过 10 年的期刊达到 38 个, 说明昆虫降解纤维素功能肠道菌相关研究现已经形成较为稳定的期刊群^[13]。根据布拉德福提出的文献分散定律计算可知^[9,11], 核心期刊数量为 6, 占期刊总数的 4.96%, 共发表研究论文 37 篇, 占论文总数的 19.17%。从被引频次来看, *Microbial Ecology* 期刊总被引频次与篇均被引次数皆为最高, 分别为 348 次和 69.60 次, 属于具有较高影响力的核心期刊。

2.4 文献学科分布

参与分析的 193 篇文献共涉及 Microbiology、Entomology、Biotechnology & Applied Microbiology、Biochemistry & Molecular Biology 等 49 个学科领域。其中共有 17 个归属生物学一级学科研究领域, 涉及论文有 138 篇, 占文献总数的 71.50%。发文量超过 10 篇的学科有 8 个。结合表 3 可见, 其中 Microbiology 领域发文量最高,

为 50 篇, 占总文献量的 25.91%; Entomology 其次之, 发文量为 47 篇, 占总文献量的 24.35%; Biotechnology & Applied Microbiology 领域发文量排第三, 共 30 篇, 占总文献量的 15.54%。此外, 当前文献中仅有 83 篇(43.01%)同属于两个及以上学科。由此可知, 昆虫肠道纤维素降解菌领域的研究, 当前多限于生物学一级学科领域下的单学科方向, 后续研究可考虑跨学科开展相关领域研究。

2.5 关键词分析

利用 VOSviewer 软件合并同义词、去除重复的和无意义的词汇后, 共得到 1 291 个关键词。出现频次最高的关键词为 insects (47 次), 其次为 diversity (38 次)、gut (38 次)、bacteria (37 次)、cellulose (35 次)等。关键词 termites 是排名第一出现的具体昆虫种类, 出现频次为 31 次, 其次为 Coleoptera 23 次。表明白蚁是昆虫肠道纤维素降解菌领域的一个主要宿主昆虫, 这应该与白蚁超强的植食能力有关。此外, diversity 和 gut microbiota 平均出现年份为 2020 年, 是出现频次 ≥ 20 次的关键词中平均出现年份最晚的关键词(表 4), 说明肠道微生物群落结构和多样性是相关领域近些年关注较多的研究内容。

表 2 发文量前 10 的期刊及其基本信息

Table 2 Top 10 journals and basic information

Journal	Count	Average citation	Citations	Impact factor (2022)	Average publication year
<i>Frontiers in Microbiology</i>	14	16.57	232	5.2	2020
<i>Insect Science</i>	5	27.40	137	4.0	2014
<i>Insects</i>	5	6.20	31	3.0	2022
<i>Microbial Ecology</i>	5	69.60	348	3.6	2012
<i>Archives of Insect Biochemistry and Physiology</i>	4	2.45	52	2.2	2019
<i>Insect Molecular Biology</i>	4	2.82	115	2.6	2016
<i>Journal of Insect Science</i>	4	3.84	54	2.2	2018
<i>PLoS One</i>	4	3.81	164	3.7	2016
<i>Symbiosis</i>	4	2.33	46	2.5	2009
<i>BMC Genomics</i>	3	2.29	35	4.4	2018

表 3 排名前 8 学科分布情况

Table 3 Top 8 category and distribution situation

WOS category	Count
Microbiology	50
Entomology	47
Biotechnology & Applied Microbiology	30
Biochemistry & Molecular Biology	27
Ecology	17
Multidisciplinary Sciences	16
Environmental Sciences	15
Zoology	12

表中仅展示出现次数 ≥ 10 篇的学科(当一篇文章属于两种以及两种以上学科时, 按照两种学科进行整理)

The table only shows category with a number of occurrences ≥ 10 (when an article belongs to two or more categories, it should be sorted according to the two categories).

表 4 出现频次 ≥ 20 次的关键词信息Table 4 Keyword information with a frequency of ≥ 20 occurrences

Keyword	Count	Average publication year
Insects	47	2017
Diversity	38	2020
Gut	38	2013
Bacteria	37	2016
Cellulose	35	2015
Termites	31	2011
Gut Microbiota	30	2020
Cellulase	30	2017
Digestion	27	2014
Identification	27	2017
<i>Coleoptera</i>	23	2016
Microbiota	23	2017
Lignocellulose	22	2018
Hindgut	20	2014

采用 CiteSpace 对 WOS 核心合集数据库进行关键词聚类分析如图 2 所示, 聚类模块值(Q)为 0.787 9 (>0.4), 平均轮廓值(S)为 0.901 9 (>0.5), 表明聚类结构显著且有效, 聚类之间网络同质性较高^[14]。图 2 中绘制了排名前 12 的聚类, 聚类#0 feeding ecology 包括 community、expression、

cellulose digestion、cellulolytic enzyme、genes 等 26 个关键词; 聚类#1 bacterial microbiota 包括 16S rRNA gene、sequence、*Bacillus pumilus*、*Bacillus velezensis* 等 24 个关键词; 聚类#2 degrading enzyme 包括 Bacteria、digestion、cellulose、cellulase gene、hindgut 等 21 个关键词。对聚类的时间跨度及关联程度进行分析可知聚类序号为#0、#2、#9 的时间跨度最长, 说明纤维素降解、纤维素酶及消化系统相关的研究持续受到关注。同时聚类#1、#2、#3、#9 的研究热度正盛, 说明近几年对细菌微生物群、降解酶、黑水虻的研究热度开始上升。

利用 CiteSpace 进行关键词突现分析如图 3 所示, 结果表明突现强度最高的关键词是“diversity (多样性)” (strength=4.72), 代表昆虫肠道微生物多样性是短时间内出现频次最高的关键词。热度持续时间最长的关键词是“termites (白蚁)” (begin=1997, end=2013), 持续时间长达 17 年。近年来, “lignocellulose (木质纤维素)” “*Isoptera* (等翅目)” 和 “bioma (生物质)” 等关键词的研究热度逐渐上升。此外, 根据突现关键词可将相关研究大致分为 2012 年以前、2012–2018 年、2019 年至今 3 个阶段。2012 年以前突现词出现年份较为零散, 并且有 8 年空缺突现词, 表明相关研究还处于起始和探索阶段。此阶段关键词“gut” “termites” “cellulose digestion (纤维素消化)” 出现频率较高, 表明这一阶段宿主昆虫以白蚁为主。关键词“expression (表达)” 的出现则表明基因表达也开始逐渐进入相关研究领域。这些研究成果证实了昆虫肠道微生物的纤维素功能, 也为之后多样性的研究奠定了基础。从 2012–2018 年集中涌现的关键词可以看出, 宿主昆虫逐渐变成以“*Coleoptera* (鞘翅目)” “*Hermetia illucens* 1 (黑水虻)” 等为主, 研究焦点逐渐变为研究纤维素降解菌的功能及

发现新的菌种。2019 年至今突现的关键词表明近年来的研究热点转换为“*Isoptera* (等翅目)”和“bioma (生物质)”, 说明宿主昆虫更新的同时, 昆虫肠道细菌研究也开始涉及生物质能源领域。

2.6 宿主昆虫

通过深入阅读, 从检索到的 193 篇有效论文中, 精选 46 篇与昆虫肠道纤维素降解菌密切相关的文献进行宿主昆虫、肠道纤维素降解菌研究方法和肠道纤维素降解菌分析。参与分析的 46 篇文献中共统计到小蔗螟 (*Diatraea saccharalis*)、暗黑鳃金龟 (*Holotrichia parallela*)、红棕象甲 (*Rhynchophorus ferrugineus*)、棉铃虫 (*Helicoverpa armigera*) 等 49 种昆虫 (表 5)。这些昆虫归属于鞘翅目 (*Coleoptera*, 27)、鳞翅目 (*Lepidoptera*, 14)、蜚蠊目 (*Blattodea*, 8)、直翅目 (*Orthoptera*, 6)、毛翅目 (*Trichoptera*, 2)、双翅目 (*Diptera*, 2) 6 个昆虫目, 大小蠹属 (*Dendroctonus*, 5)、鳃金龟属 (*Holotrichia*, 5)、棕榈象属 (*Rhynchophorus*, 3)、秆草螟属 (*Diatraea*, 3) 等 42 个属。鞘翅目昆虫在 1997 年首次作为肠道纤维素降解菌宿主昆虫报道, 也是近 3 年研究最多的宿主昆虫, 说明鞘翅目昆虫在肠道纤维素降解菌领域受到研究学者的持续

关注。象甲科 (*Curculionidae*) 与金龟子科 (*Scarabaeidae*) 是鞘翅目研究种类最多的昆虫科, 大小蠹属与鳃金龟属则是研究数量最多的 2 个属。鳞翅目与蜚蠊目的研究, 则从 2015 年开始延续至今, 其中草螟蛾科 (*Crambidae*)、夜蛾科 (*Noctuidae*)、白蚁科 (*Termitidae*)、鼻白蚁科 (*Rhinotermitidae*) 和大蚕蛾科 (*Saturniidae*) 等科的昆虫研究报道较多。除鞘翅目外, 鳞翅目和直翅目是近 3 年研究较多的宿主昆虫。其中直翅目相关研究平均发表年份为 2021 年, 由此可知直翅目有可能会成为新兴的核心宿主昆虫。涉及的宿主昆虫分别从椴树 (*Tilia cordata*)、松树 (*Pinus arizonica*; *P. resinosa*; *P. taeda*)、花曲柳 (*Fraxinus chinensis* subs *F. rhynchophyla*)、玉米 (*Zea mays*)、甘蔗、马铃薯、豌豆、香蕉等植物中采集, 其中小蔗螟、暗黑鳃金龟、红棕象甲等农林害虫占 77.97%, 白蚁科等财产害虫占 11.86%, 卫生害虫等其他昆虫也有涉及。由此可知, 农林害虫是本研究领域所聚焦的宿主昆虫。

2.7 肠道纤维素降解菌研究方法

在 46 篇文献中, 38 篇文献运用了传统分离培养的方法筛选昆虫肠道纤维素降解菌; 5 篇文献通过 16S rRNA 基因测序方法使用试剂盒

表 5 宿主昆虫分类层级

Table 5 Host insect classification hierarchy

Order	Family	Genus	Species
<i>Diptera</i> (2)	<i>Chironomidae</i> (2)	<i>Stenochironomus</i> (2)	<i>Stenochironomus</i> Kieffer (1)
<i>Trichoptera</i> (2)	<i>Leptoceridae</i> (1)	<i>Triplectides</i> (1)	<i>Triplectides</i> Kolenati (1)
	<i>Calamoceratidae</i> (1)	<i>Phylloicus</i> (1)	<i>Phylloicus</i> Müller (1)
<i>Orthoptera</i> (6)	<i>Gryllotalpidae</i> (1)	<i>Gryllotalpa</i> (1)	<i>Gryllotalpa</i> africana (1)
	<i>Acrididae</i> (5)	<i>Acrida</i> (1)	<i>Acrida</i> cinerea (1)
		<i>Trilophidia</i> (1)	<i>Trilophidia</i> annulata (1)
		<i>Atractomorpha</i> (1)	<i>Atractomorpha</i> sinensis (1)
		<i>Sphingonotus</i> (1)	<i>Sphingonotus</i> mongolicus (1)
	<i>Eyprepocnemis</i> (1)	<i>Eyprepocnemis</i> alacris alacris (1)	

(待续)

(续表 5)

Order	Family	Genus	Species
Blattodea (8)	<i>Blattidae</i> (1)	<i>Periplaneta</i> (1)	<i>Periplaneta americana</i> (1)
	<i>Rhinotermitidae</i> (2)	<i>Coptotermes</i> (1)	<i>Coptotermes formosanus</i> (1)
		<i>Tsaitermes</i> (1)	<i>Tsaitermes ampliceps</i> (1)
		<i>Termitidae</i> (4)	<i>Odontotermes</i> (1)
		<i>Ancistrotermes</i> (1)	<i>Ancistrotermes pakistanicus</i> (1)
		<i>Mironasutitermes</i> (1)	<i>Mironasutitermes shangchengensis</i> (1)
		<i>Microcerotermes</i> (1)	<i>Microcerotermes diversus</i> (1)
Lepidoptera (14)	<i>Bombycidae</i> (1)	<i>Bombyx</i> (1)	<i>Bombyx mori</i> (1)
	<i>Cossidae</i> (2)	<i>Zeuzera</i> (1)	<i>Zeuzera pyrina</i> (1)
		<i>Streltzoviella</i> (1)	<i>Streltzoviella insularis</i> (1)
	<i>Saturniidae</i> (2)	<i>Samia</i> (1)	<i>Samia ricini</i> (1)
		<i>Antheraea</i> (1)	<i>Antheraea assamensis</i> (1)
	<i>Crambidae</i> (4)	<i>Ostrinia</i> (1)	<i>Ostrinia nubilalis</i> (1)
		<i>Diatraea</i> (3)	<i>Diatraea saccharalis</i> (3)
	<i>Noctuidae</i> (5)	<i>Helicoverpa</i> (2)	<i>Helicoverpa armigera</i> (2)
		<i>Spodoptera</i> (3)	<i>Spodoptera frugiperda</i> (2)
			<i>Spodoptera litura</i> (1)
Coleoptera (27)	<i>Tenebrionidae</i> (1)	<i>Tribolium</i> (1)	<i>Tribolium castaneum</i> (1)
	<i>Chrysomelidae</i> (1)	<i>Plagioderia</i> (1)	<i>Plagioderia versicolora</i> (1)
	<i>Bostrichidae</i> (1)	<i>Prostephanus</i> (1)	<i>Prostephanus truncatus</i> (1)
	<i>Cerambycidae</i> (3)	<i>Saperda</i> (1)	<i>Saperda vestita</i> (1)
		<i>Osphranteria</i> (1)	<i>Osphranteria coerulescens</i> (1)
		<i>Cerambyx</i> (1)	<i>Cerambyx welensii</i> (1)
	<i>Curculionidae</i> (11)	<i>Ips</i> (1)	<i>Ips pini</i> (1)
		<i>Odoiporus</i> (1)	<i>Odoiporus longicollis</i> (1)
		<i>Sphenophorus</i> (1)	<i>Sphenophorus levis</i> (1)
		<i>Rhynchophorus</i> (3)	<i>Rhynchophorus ferrugineus</i> (2)
			<i>Rhynchophorus palmarum</i> (1)
			<i>Dendroctonus</i> (5)
			<i>Dendroctonus valens</i> (1)
			<i>Dendroctonus adjunctus</i> (1)
			<i>Dendroctonus rhizophagus</i> (2)
		<i>Scarabaeidae</i> (10)	<i>Anomala</i> (1)
	<i>Brahmina</i> (1)		<i>Brahmina coriacea</i> (1)
<i>Lepidiota</i> (1)	<i>Lepidiota mansueta</i> (1)		
<i>Melolontha</i> (1)	<i>Melolontha hippocastani</i> (1)		
<i>Pachnoda</i> (1)	<i>Pachnoda marginata</i> (1)		
<i>Holotrichia</i> (5)	<i>Holotrichia longipennis</i> (1)		
	<i>Holotrichia setticollis</i> (1)		
	<i>Holotrichia parallela</i> (3)		

括号中的数字代表统计到的数量

The numbers in parentheses represent the quantities counted.

提取总 DNA 与传统分离培养相结合进行探究; 其余文献分别是使用试剂盒提取总 DNA、同位素标记法以及测定消化率。通过统计表明, 在验证降解功能时各位研究学者通常购买成品纤维素进行实验, 有 42 篇文章是通过公司购买的羧甲基纤维素(carboxymethyl cellulose, CMC), 其余的还包括滤纸(filter paper)、小麦苗(wheat seedlings)、微晶纤维素(Avicel)及同位素标记的纤维素。鉴定微生物是否存在纤维素降解功能的方法主要分为纤维素刚果红水解圈法、革兰氏碘液染色法和计算降解率(消化率), 其中纤维素刚果红水解圈法是普遍使用的筛选方法。通过阅读并统计发现, 各位研究学者在饲养昆虫时多用纤维素含量较高的饲料, 例如滤纸、秸秆、玉米和甘蔗。综上所述, 传统分离培养法及纤维素刚果红水解圈法在研究方法中仍占据主导地位。同时结合 16S rRNA 基因测序技术逐渐受到研究者的青睐, 为深入探索这一领域提供了新的视角。

2.8 肠道纤维素降解菌种类

参照国际原核生物系统学委员会(International Committee on Systematics of Prokaryotes)规范的原核生物分类系统^[15]以及《菌物字典》第 10 版^[16], 对统计到的 135 种(213 株)肠道微生物进行分类。已知昆虫纤维素降解菌包含细菌 120 种、真菌 15 种。213 株肠道纤维素降解菌中有 152 株鉴定到种, 56 株鉴定到属, 3 株鉴定到科, 2 株鉴定到门。

所统计到的微生物分别隶属于假单胞菌门(*Pseudomonadota*), 占总细菌总数的 49.49%, 以及芽孢杆菌门(*Bacillota*, 38.85%)、放线菌门(*Actinomycetota*, 10.61%)、拟杆菌门(*Bacteroidota*, 4.55%)、螺旋体门(*Spirochaetota*, 0.51%) 5 个门; 芽孢杆菌目(*Bacillales*, 34.46%)、肠杆菌目(*Enterobacterales*, 24.86%)、假单胞菌目

(*Pseudomonadales*, 11.30%)、微球菌目(*Micrococcales*, 8.59%)等 23 个细菌目; 芽孢杆菌属(*Bacillus*, 27.12%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 11.30%)、克雷伯菌属(*Klebsiella*, 6.21%)、肠杆菌属(*Enterobacter*, 5.65%)等 63 个细菌属(表 6)。子囊菌门(*Ascomycota*)占真菌总数的 80%, 以及担子菌门(*Basidiomycota*, 13.33%)、毛霉菌门(*Mucoromycota*, 6.67%) 3 个门; 包括枝孢菌属(*Cladosporium*)、胶头霉属(*Gliocephalotrichum*)、青霉菌属(*Penicillium*)、拟盘多毛孢属(*Pestalotiopsis*)、篮状菌属(*Talaromyces*)、木霉属(*Trichoderma*)、伞枝泡囊霉属(*Umbelopsis*)、曲霉属(*Aspergillus*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、链格孢属(*Alternaria*)、光黑壳属(*Preussia*)、小鬼伞属(*Coprinellus*)、*Papiliotrema*、*Meyerozyma* 这 14 个真菌属(表 7)。

3 讨论与结论

本研究以 Web of Science 核心合集数据库中心 1995 至 2023 年发表的 193 篇相关文献信息为基础, 运用 CiteSpace、VOSviewer、Excel 等软件, 统计分析了昆虫肠道纤维素降解菌领域的研究发文量、发文期刊、学科分布、关键词、宿主昆虫、微生物种类等信息, 旨在整理本领域现有研究成果, 揭示当前研究热点和发展趋势。研究结果表明: 本领域论文发表量整体而言逐年增加, 表明研究人员对本领域的关注度呈现上升状态。我国在本领域的发文量排名第二, 仅次于美国, 但单篇平均被引频次却低于日本、英格兰、墨西哥等 6 个国家(地区), 说明我国应注意提升相关研究的研究质量和本领域的国际影响力。本领域发文量最高的四大期刊分别为 *Frontiers in Microbiology*、*Insect Science*、*Insects* 和 *Microbial Ecology*, 其中 *Frontiers in Microbiology* 发文量最大, *Microbial Ecology* 总被引频次与篇均被引

表 6 肠道纤维素降解细菌分类层级

Table 6 Classification hierarchy of gut cellulose-degrading bacteria

Phylum	Class	Order	Family	Genus	
<i>Spirochaetota</i> (1)	–	–	–	–	
<i>Pseudomonadota</i> (98)	<i>Alphaproteobacteria</i> (15)	<i>Caulobacterales</i> (1)	<i>Caulobacteraceae</i> (1)	<i>Caulobacter</i> (1)	
		<i>Rhodospirillales</i> (1)	<i>Azospirillaceae</i> (1)	<i>Azospirillum</i> (1)	
		<i>Sphingomonadales</i> (2)	<i>Sphingomonadaceae</i> (2)	<i>Sphingobium</i> (2)	
		<i>Rhodobacteriales</i> (2)	<i>Roseobacteraceae</i> (1)	<i>Ponticoccus</i> (1)	
			<i>Rhodobacteraceae</i> (1)	<i>Paracoccus</i> (1)	
		<i>Hyphomicrobiales</i> (9)	<i>Devosiaceae</i> (1)	<i>Devosia</i> (1)	
			<i>Kaistiaceae</i> (1)	<i>Kaistia</i> (1)	
			<i>Xanthobacteraceae</i> (1)	<i>Labrys</i> (1)	
			<i>Brucellaceae</i> (3)	<i>Ochrobactrum</i> (3)	
			<i>Rhizobiaceae</i> (3)	<i>Ensifer</i> (1) <i>Rhizobium</i> (1) <i>Shinella</i> (1)	
		<i>Betaproteobacteria</i> (9)	<i>Neisseriales</i> (1)	<i>Chromobacteriaceae</i> (1)	<i>Chromobacterium</i> (1)
			<i>Burkholderiales</i> (8)	<i>Comamonadaceae</i> (2)	<i>Variovorax</i> (2)
				<i>Alcaligenaceae</i> (6)	<i>Alcaligenes</i> (3) <i>Achromobacter</i> (3)
		<i>Gammaproteobacteria</i> (74)	<i>Pseudomonadales</i> (20)	<i>Pseudomonadaceae</i> (20)	<i>Pseudomonas</i> (20)
			<i>Cellvibrionales</i> (1)	<i>Cellvibrionaceae</i> (1)	<i>Cellvibrio</i> (1)
	<i>Moraxellales</i> (3)		<i>Moraxellaceae</i> (3)	<i>Acinetobacter</i> (3)	
	<i>Xanthomonadales</i> (6)		<i>Xanthomonadaceae</i> (6)	<i>Stenotrophomonas</i> (6)	
	<i>Enterobacteriales</i> (44)		<i>Morganellaceae</i> (1)	<i>Providencia</i> (1)	
			<i>Erwiniaceae</i> (3)	<i>Pantoea</i> (2)	
				<i>Erwinia</i> (1)	
			<i>Yersiniaceae</i> (4)	<i>Rahnella</i> (1) <i>Serratia</i> (3)	
			<i>Enterobacteriaceae</i> (36)	<i>Cronobacter</i> (1) <i>Trabulsiella</i> (1) <i>Leclercia</i> (1) <i>Escherichia</i> (2) <i>Kluyvera</i> (3) <i>Citrobacter</i> (6) <i>Enterobacter</i> (10) <i>Klebsiella</i> (11)	
	<i>Actinomycetota</i> (21)		<i>Actinomycetes</i> (21)	<i>Streptosporangiales</i> (1)	<i>Streptosporangiaceae</i> (1)
<i>Mycobacteriales</i> (1)		<i>Nocardiaceae</i> (1)		<i>Rhodococcus</i> (1)	
<i>Streptomycetales</i> (2)		<i>Streptomycetaceae</i> (2)		<i>Streptomyces</i> (2)	
<i>Micrococcales</i> (17)		<i>Brevibacteriaceae</i> (1)		<i>Brevibacterium</i> (1)	
		<i>Cellulomonadaceae</i> (1)		<i>Cellulomonas</i> (1)	
		<i>Intrasporangiaceae</i> (1)		<i>Janibacter</i> (1)	
		<i>Micrococcaceae</i> (2)		<i>Kocuria</i> (1) <i>Arthrobacter</i> (1)	
				<i>Promicromonosporaceae</i> (3)	<i>Promicromonospora</i> (1)

(待续)

(续表 6)

Phylum	Class	Order	Family	Genus
				<i>Cellulosimicrobium</i> (2)
			<i>Microbacteriaceae</i> (9)	<i>Agromyces</i> (1)
				<i>Leifsonia</i> (1)
				<i>Microbacterium</i> (7)
<i>Bacillota</i> (69)	<i>Clostridia</i> (1)	<i>Eubacteriales</i> (1)	<i>Lachnospiraceae</i> (1)	–
	<i>Bacilli</i> (68)	<i>Lactobacillales</i> (7)	<i>Enterococcaceae</i> (5)	<i>Enterococcus</i> (4)
			<i>Streptococcaceae</i> (2)	<i>Streptococcus</i> (1)
				<i>Lactococcus</i> (1)
		<i>Bacillales</i> (61)	<i>Staphylococcaceae</i> (2)	<i>Staphylococcus</i> (2)
			<i>Exiguobacteriaceae</i> (1)	<i>Exiguobacterium</i> (1)
			<i>Paenibacillaceae</i> (9)	<i>Cohnella</i> (1)
				<i>Brevibacillus</i> (1)
				<i>Paenibacillus</i> (7)
			<i>Bacillaceae</i> (49)	<i>Lysinibacillus</i> (1)
				<i>Bacillus</i> (48)
<i>Bacteroidota</i> (9)	<i>Sphingobacteriia</i> (1)	<i>Sphingobacteriales</i> (1)	<i>Sphingobacteriaceae</i> (1)	<i>Sphingobacterium</i> (1)
	<i>Bacteroidia</i> (2)	<i>Bacteroidales</i> (2)	<i>Bacteroidaceae</i> (1)	<i>Bacteroides</i> (1)
			<i>Porphyromonadaceae</i> (1)	<i>Dysgonomonas</i> (1)
	<i>Cytophagia</i> (2)	<i>Cytophagales</i> (2)	<i>Spirosomataceae</i> (1)	<i>Dyadobacter</i> (1)
			<i>Cytophagaceae</i> (1)	<i>Siphonobacter</i> (1)
	<i>Flavobacteriia</i> (3)	<i>Flavobacteriales</i> (3)	<i>Weeksellaceae</i> (3)	<i>Chryseobacterium</i> (2)
				<i>Elizabethkingia</i> (1)

括号中的数字代表统计到的数量

The numbers in parentheses represent the counted quantities.

表 7 肠道纤维素降解真菌分类层级

Table 7 Classification hierarchy of gut cellulose-degrading fungi

Phylum	Class	Order	Family	Genus
<i>Mucoromycota</i> (1)	<i>Umbelopsidomycetes</i> (1)	<i>Umbelopsidales</i> (1)	<i>Umbelopsidaceae</i> (1)	<i>Umbelopsis</i> (1)
<i>Basidiomycota</i> (2)	<i>Agaricomycetes</i> (1)	<i>Agaricales</i> (1)	<i>Psathyrellaceae</i> (1)	<i>Coprinellus</i> (1)
	<i>Tremellomycetes</i> (1)	<i>Tremellales</i> (1)	<i>Rhynchogastremaceae</i> (1)	<i>Papiliotrema</i> (1)
<i>Ascomycota</i> (12)	<i>Saccharomycetes</i> (2)	<i>Saccharomycetales</i> (2)	<i>Debaryomycetaceae</i> (2)	<i>Candida</i> (1)
				<i>Meyerozyma</i> (1)
	<i>Sordariomycetes</i> (3)	<i>Xylariales</i> (1)	<i>Sporocadaceae</i> (1)	<i>Pestalotiopsis</i> (1)
		<i>Hypocreales</i> (2)	<i>Hypocreales</i> (1)	<i>Trichoderma</i> (1)
			<i>Nectriaceae</i> (1)	<i>Gliocephalotrichum</i> (1)
	<i>Eurotiomycetes</i> (4)	<i>Eurotiales</i> (4)	<i>Trichocomaceae</i> (1)	<i>Talaromyces</i> (1)
			<i>Aspergillaceae</i> (3)	<i>Penicillium</i> (2)
				<i>Aspergillus</i> (1)
	<i>Dothideomycetes</i> (3)	<i>Cladosporiales</i> (1)	<i>Cladosporiaceae</i> (1)	<i>Cladosporium</i> (1)
		<i>Pleosporales</i> (2)	<i>Pleosporaceae</i> (1)	<i>Alternaria</i> (1)
			<i>Sporormiaceae</i> (1)	<i>Preussia</i> (1)

括号中的数字代表统计到的数量

The numbers in parentheses represent the counted quantities.

次数皆为最高。现有研究涉及鞘翅目、鳞翅目、蜚蠊目、直翅目、毛翅目、双翅目的 49 种宿主昆虫。鞘翅目是本领域多年以来持续受到关注的一个昆虫目，也是近 3 年研究最多的宿主昆虫，研究较多的昆虫属有大小蠹属、鳃金龟属、棕榈象属、杆草螟属等。宿主昆虫主要以农林害虫为主，占比 77.97%，其次为白蚁等财产害虫占 11.86%。已知具有纤维素降解功能的昆虫肠道菌有 135 种，包含细菌 120 种、真菌 15 种，涉及芽孢杆菌属、假单胞菌属、克雷伯菌属、肠杆菌属等 63 个细菌属，枝孢菌属、胶头霉属、青霉菌属等 14 个真菌属。其中，芽孢杆菌属是相关研究报道最多的菌属。羧甲基纤维素是报道最多的供试纤维素，刚果红水解圈法是最常见的纤维素降解功能筛选和验证方法。传统分离培养技术在昆虫肠道纤维素降解菌领域研究一直发挥着关键作用。近年来本领域也在不断地引入 16S rRNA 基因测序等分子技术层面进行多样性和分子机制等方面研究。总而言之，本研究数据基于 Web of Science 核心合集数据库，对昆虫肠道纤维素降解菌领域研究进行了文献计量学分析，结果有助于加深对本领域现有研究的整体认识，为后续研究开展提供了基础依据。

REFERENCES

- [1] 翟卿, 张静, 李伟, 董石飞, 杨应明, 薛国喜, 孙浩. 中国动物地理区划研究现状及展望[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2017, 30(4): 676-681.
ZHAI Q, ZHANG J, LI W, DONG SF, YANG YM, XUE GX, SUN H. Current situation and prospect of the research on zoogeographical divisions of China[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2017, 30(4): 676-681 (in Chinese).
- [2] JING TZ, QI FH, WANG ZY. Most dominant roles of insect gut bacteria: digestion, detoxification, or essential nutrient provision?[J]. Microbiome, 2020, 8(1): 38.
- [3] KHAN R, JOLLY R, FATIMA T, SHAKIR M. Extraction processes for deriving cellulose: a comprehensive review on green approaches[J]. Polymers for Advanced Technologies, 2022, 33(7): 2069-2090.
- [4] WANG MY, LIU K, DAI L, ZHANG J, FANG X. The structural and biochemical basis for cellulose biodegradation[J]. Journal of Chemical Technology & Biotechnology, 2013, 88(4): 491-500.
- [5] FONTES-PEREZ H, OLVERA-GARCÍA M, CHÁVEZ-MARTÍNEZ A, RODRIGUEZ-ALMEIDA FA, ARZOLA-ALVAREZ CA, SANCHEZ-FLORES A, CORRAL-LUNA A. Genome sequence of *Citrobacter* sp. CtB7.12, isolated from the gut of the desert subterranean termite *Heterotermes aureus*[J]. Genome Announcements, 2015, 3(6): e01290-15.
- [6] 刘中庆, 李梦莎, 杨立宾, 张荣涛, 韩士杰, 隋心, 高丹. 基于 Web of Science 的土壤真菌发展研究[J]. 环境科学与技术, 2019, 42(S1): 57-64.
LIU ZQ, LI MS, YANG LB, ZHANG RT, HAN SJ, SUI X, GAO D. Study on the development of soil fungi based on web of science[J]. Environmental Science & Technology, 2019, 42(S1): 57-64 (in Chinese).
- [7] HERNÁNDEZ-ROSAS F, FIGUEROA-RODRÍGUEZ KA, GARCÍA-PACHECO LA, VELASCO-VELASCO J, SANGERMAN-JARQUÍN DM. Microorganisms and biological pest control: an analysis based on a bibliometric review[J]. Agronomy, 2020, 10(11): 1808.
- [8] 徐晓荷, 沈淞涛, 窦润涛, 肖书虎, 颜秉斐, 袁雅坤. 污泥基碳材料研究现状及热点趋势: 基于文献计量学的共现图谱分析[J]. 环境科学学报, 2023, 43(11): 411-421.
XU XH, SHEN ST, DOU RT, XIAO SH, YAN BF, YUAN YK. Research status and hot trend of sludge based carbon materials: based on the analysis of co-occurrence spectrum of literature metrology[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2023, 43(11): 411-421 (in Chinese).
- [9] 吴松, 周甜, 杨立宾, 江云兵, 潘虹, 刘永志, 杜君. 基于 VOSviewer 的叶际微生物研究现状可视化分析[J]. 中国农学通报, 2023, 39(1): 142-150.
WU S, ZHOU T, YANG LB, JIANG YB, PAN H, LIU YZ, DU J. VOSviewer-based visual analysis on research status of phyllosphere microorganisms[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2023, 39(1): 142-150 (in Chinese).
- [10] 任睿, 高雯芳, 李敏, 潘丽娜. 基于 VOSviewer 和 CiteSpace 的昆虫肠道微生物领域可视化分析[J]. 微生物学通报, 2023, 50(11): 5219-5234.
REN R, GAO WF, LI M, PAN LN. Visual analysis of research on insect gut microbiota based on VOSviewer

- and CiteSpace[J]. *Microbiology China*, 2023, 50(11): 5219-5234 (in Chinese).
- [11] 房华, 徐正会. 中国蚁科昆虫研究文献的计量学分析[J]. *西南林业大学学报(社会科学)*, 2021, 5(5): 105-110.
FANG H, XU ZH. Bibliometric study on Formicidae in China[J]. *Journal of Southwest Forestry University (Social Sciences)*, 2021, 5(5): 105-110 (in Chinese).
- [12] WANG JY, DONG P, ZHENG SQ, MAI YY, DING JN, PAN PF, TANG LG, WAN YT, LIANG H. Advances in gut microbiome in metabonomics perspective: based on bibliometrics methods and visualization analysis[J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2023, 13: 1196967.
- [13] 叶威, 赖锦涛, 曾坚, 郭靖. 植物抗病基因研究的 CiteSpace 可视化知识图谱分析[J]. *中国农学通报*, 2023, 39(12): 154-164.
YE W, LAI JT, ZENG J, GUO J. Visual analysis of CiteSpace knowledge map in the research on plant disease resistance genes[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2023, 39(12): 154-164 (in Chinese).
- [14] 和映玉, 邓清月, 李仙仙, 宋若兰, 单东杰, 钟祥健, 吕芳, 郑媛, 任雪阳, 黎明霞, 付雪艳, 折改梅. 基于 VOSviewer 和 CiteSpace 的菟丝子知识图谱可视化分析[J]. *中草药*, 2023, 54(15): 4958-4972.
HE YY, DENG QY, LI XX, SONG RL, SHAN DJ, ZHONG XJ, LYU F, ZHENG Y, REN XY, LI MX, FU XY, SHE GM. Visual analysis of knowledge mapping of *Semen cuscutae* based on VOSviewer and CiteSpace[J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2023, 54(15): 4958-4972 (in Chinese).
- [15] 李文均, 冯楚莹, 曹理想, 吕志堂, 董雷. “微生物学”教学内容须与时俱进: 对放线菌的认知演变及研究进展[J]. *微生物学通报*, 2023, 50(8): 3703-3712.
LI WJ, FENG CY, CAO LX, LV ZT, DONG L. The teaching contents of Microbiology must keep pace with the times: from the knowledge and taxonomic evolution of actinomycetes[J]. *Microbiology China*, 2023, 50(8): 3703-3712 (in Chinese).
- [16] 白慧, 姜海燕, 丛林, 史东明, 林任杰, 狄佳麟. 高格斯台罕乌拉自然保护区不同阔叶林中大型真菌多样性[J]. *浙江农林大学学报*, 2022, 39(4): 765-774.
BAI H, JIANG HY, CONG L, SHI DM, LIN RJ, DI JL. Diversity of macrofungi in different broad-leaved forests in Gaogestai Hanwula Nature Reserve[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2022, 39(4): 765-774 (in Chinese).