

基于 VOSviewer 和 CiteSpace 的昆虫肠道微生物领域可视化分析

任睿, 高雯芳, 李敏, 潘丽娜*

天津师范大学 天津市动物多样性保护与利用重点实验室, 天津 300387

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 Rui, GAO Wenfang, LI Min, PAN Lina. Visual analysis of research on insect gut microbiota based on VOSviewer and CiteSpace[J]. Microbiology China, 2023, 50(11): 5219-5234.

摘要: 【背景】近年来, 昆虫肠道微生物领域受到科研工作者的广泛关注, 相应发表了大量的科研论文和著作。然而目前尚缺乏对昆虫肠道微生物全面、系统的文献计量分析。【目的】了解国内外昆虫肠道微生物领域的历史、研究热点和新兴趋势。【方法】以昆虫肠道微生物为搜索主题对中国知网(China National Knowledge Infrastructure, CNKI)数据库和 Web of Science (WOS)数据库进行检索, 利用文献计量工具 VOSviewer 和 CiteSpace 对关键词进行分析。【结果】1991–2022 年间该领域全球研究发文量整体呈现上升趋势, 国内外对昆虫肠道微生物领域的关注点和研究方向逐渐扩大。关键词聚类锚定了 3 个新兴研究领域: 昆虫饮食(insect meal)、次生代谢物(secondary metabolites)和生物降解(biodegradation)。【结论】基于文献计量学研究的发现提供了昆虫肠道微生物领域的现状和趋势, 可能有助于确定该领域的热点话题和探索新的方向。

关键词: 昆虫肠道微生物; 文献计量学; 昆虫饮食; 次生代谢物; 生物降解

Visual analysis of research on insect gut microbiota based on VOSviewer and CiteSpace

REN Rui, GAO Wenfang, LI Min, PAN Lina*

Tianjin Key Laboratory of Conservation and Utilization of Animal Diversity, Tianjin Normal University, Tianjin 300387, China

Abstract: [Background] In recent years, the gut microbiology of insects has received extensive

资助项目: 天津市教委科研计划(2022KJ013)

This work was supported by the Scientific Research Project of Tianjin Education Commission (2022KJ013).

*Corresponding author. E-mail: skypln@tjnu.edu.cn

Received: 2023-04-05; Accepted: 2023-05-12; Published online: 2023-06-25

attention from researchers, and a large number of research papers and works have been published. However, the systematic bibliometric analysis of insect gut microbiota remains to be carried out. **[Objective]** To understand the history, hotspots, and trends of the research on insect gut microbiota at home and abroad. **[Methods]** We searched the China National Knowledge Infrastructure (CNKI) and Web of Science (WOS) with insect gut microbiota as the topic, and analyzed the keywords using the bibliometric tools VOSviewer and CiteSpace. **[Results]** The global research publications in this field showed an increasing trend during 1991–2022, and the research focuses and directions gradually expanded. The keyword clustering anchored three emerging research areas: insect meal, secondary metabolites, and biodegradation. **[Conclusion]** Bibliometric studies provide a rapid and intuitive understanding of the foundations, frontiers, and trends of the research on insect gut microbiota.

Keywords: insect gut microbiota; bibliometrics; insect meal; secondary metabolites; biodegradation

昆虫是地球上分布最广、数量最多的动物群体。昆虫的微生物群，特别是肠道微生物群与昆虫的系统发育和生态一样复杂、丰富。昆虫肠道中微生物的组合受到多种进化和生态因素的影响，包括系统发育、饮食、生命阶段和宿主环境^[1-3]。肠道菌群一直是多种生物研究的重点，其在宿主营养代谢、昆虫生长、发育和生殖、有毒化合物解毒等过程中起着关键作用。昆虫肠道菌群的研究在医学和农业生产领域的经济开发中都具有重要意义。

文献计量分析是一种新的科学方法，用于评估一个研究领域的贡献，包括国家、机构、作者和期刊的信息。其可以通过信息可视化预测某个研究领域的热门话题和趋势^[4]。在中国知网(China National Knowledge Infrastructure, CNKI)、Web of Science (WOS)上搜索过去30年昆虫肠道微生物的相关文章,分别得到289、1 304条结果。通过阅读和分析数目如此庞大的文献,进而了解昆虫肠道微生物领域的历史并提取研究热点是一项烦琐的任务。此外,受限于主观的经验、记忆和现有文献的充分性,研究者不得不对科学领域发展的历史图景做出主观判断。因此,与传统的基于学术观点的综述

不同,基于学术成果文献计量学综述可以更客观、全面地描述一个领域的历史概况、研究热点和发展趋势。

本文利用 VOSviewer 软件和 CiteSpace 软件对 1991–2022 年发表在 CNKI 和 Web of Science (WOS)数据库中的昆虫肠道微生物文献进行了文献计量学分析,包括年度分布、国家地区、被引频次和研究方向,并进行关键词聚类与实现,剖析国内外有关昆虫肠道微生物研究的发展现状和研究趋势,以便相关研究者更全面、便捷地了解昆虫肠道微生物研究发展全貌。

1 材料与方法

用于分析的数据检索自中国知网(CNKI)数据库和 Web of Science 数据库,时间选定为 1991–2022 年。在 CNKI 数据库高级检索中,以主题=“昆虫肠道微生物” or 题名=“昆虫肠道微生物”检索,获得相关文献 289 篇;国际文献选取 WOS 数据库检索,以公式 $TS=(insects\ gut\ microbe\ OR\ gut\ microbiome\ OR\ insects\ gut\ microbiota\ OR\ insects\ intestinal\ microbiome\ OR\ insects\ intestinal\ microbiota^*)$ 为主题词进行检索,共获得相关文献 1 304 篇。

使用文献计量法进行年度分布、国家/地区、被引频次、研究方向等项目的分析;使用 VOSviewer 软件对 CNKI 数据库和 WOS 数据库进行合作网络分析、共被引分析及关键词网络分析。

2 结果与分析

2.1 年度分布

1991 年,我国学者杨长松于 *Insect Biochem* (《昆虫生化》)摘译了《植食性鳞翅昆虫——蓖麻蚕的纤维素水解活动:酶的来源》^[5],首次证明植食性鳞翅目昆虫具有纤维素酶活性而且有关酶由昆虫自身合成而非其肠道微生物。

WOS 检索结果显示,国际学者于 1998 年开始关注昆虫肠道微生物,由一篇发表在美国国家科学院院刊上名为“The *Arthromitus* stage of *Bacillus cereus*: intestinal symbionts of animals”^[6]的文章起始,该研究表明蜡样芽孢杆菌及其近缘物种容易从土壤中分离并在营养琼脂上生长,在健康节肢动物的肠道和类似生境中呈丝状生长。

国外对昆虫肠道微生物的研究于 2009 年开始稳步上升,而国内对此领域的研究较为平缓(图 1)。

2.2 国家/地区

Web of Science 数据库的结果显示,美国在昆虫肠道微生物领域的发文量为 264 篇,全球排名第一,约占总发文量的 44%;中国发文量 129 篇,排名第二,约占发文总量的 21.5%,中美两国发文量占比超过全球半数,为昆虫肠道微生物的研究大国。16 个国家关于昆虫肠道微生物的发文量超过 10 篇,利用 VOSviewer 软件对国家之间昆虫肠道微生物研究的合作网络进行分析,节点的大小和颜色深浅分别表示出版物的数量和节点所属的集群,连接的粗细代表协作的强度,线条越粗表示国家之间的合作越强^[7]。

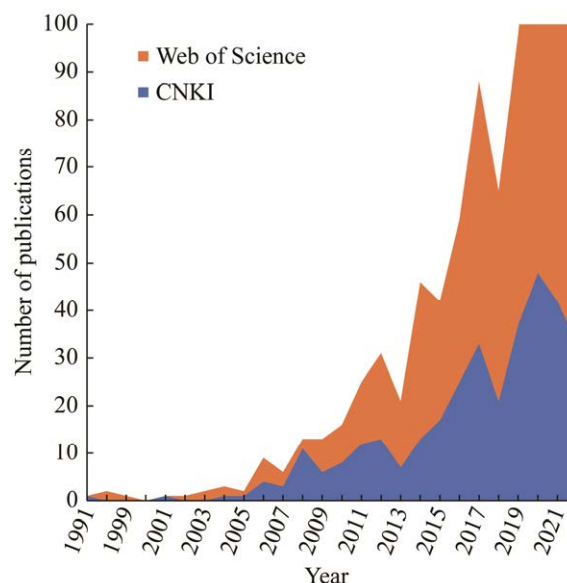


图 1 1991–2022 年昆虫肠道微生物领域年度出版物数量

Figure 1 Number of annual publications in the field of insect gut microbiota in 1991–2022.

美国与各国合作关系最为密切,包括中国、德国、英国、丹麦、法国、日本和加拿大等(图 2);中国虽为昆虫肠道微生物发表量第二大国,但在发文质量上还有一定的上升空间。因此,我国应把握肠道微生物的研究热点,及时更新科研动态,建立相关领域网络,提高国际合作,提升科研能力。

2.3 被引频次

被引频次是文献计量学中被用来测量学术论文社会显示度和学术影响力的重要指标。CNKI 数据库检索结果显示,被引频次最高的是相辉于 2008 年发表在《昆虫知识》上的“肠道微生物与昆虫的共生关系”^[8],主要介绍了肠道微生物区系,较为系统且全面地论述了肠道微生物对昆虫的作用,如参与代谢、提供营养物质、定殖抗力、参与多重营养关系和激发免疫反应等,该文奠定了昆虫肠道微生物的研究基础。WOS 数据库结果如表 1 所示,Yun 等^[9]于 2014 年

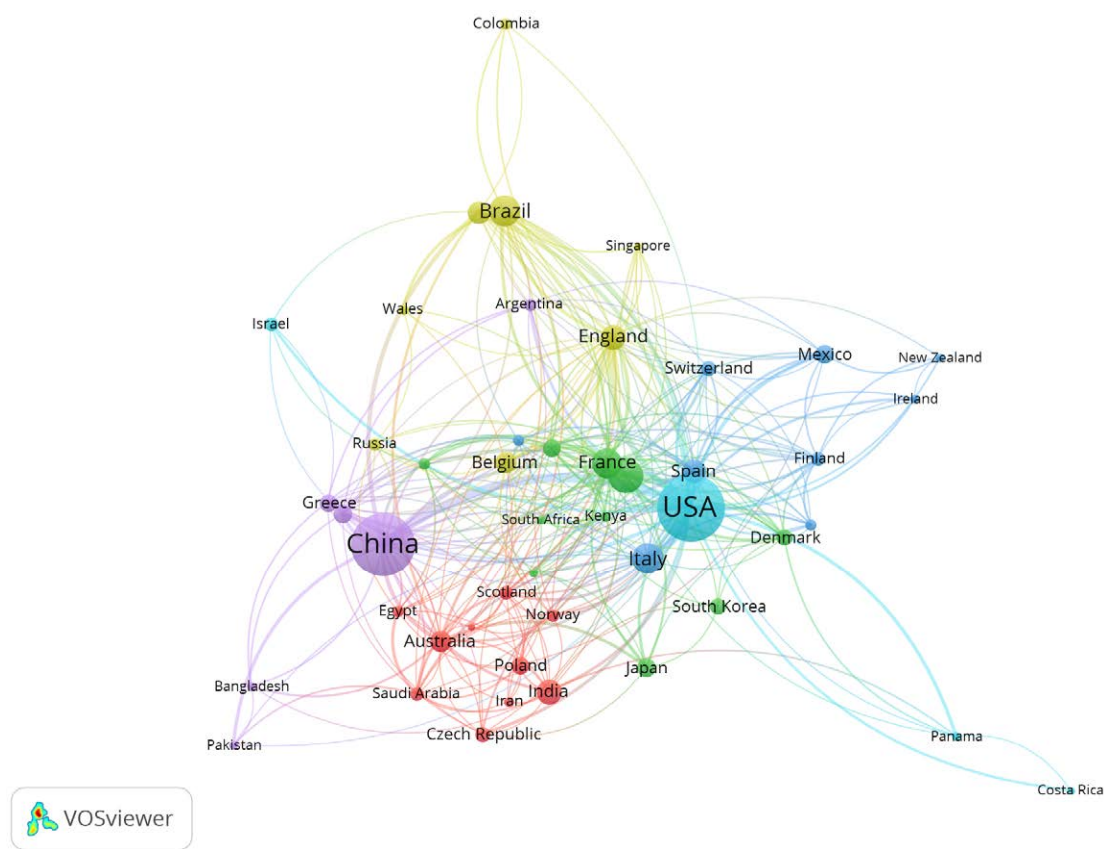


图 2 WOS 中昆虫肠道微生物研究领域国家之间研究合作网络图谱
Figure 2 Map of research cooperation network between countries in the field of insect gut microbes in WOS. Visualization: 1.05; Labels: 0.5; Lines: 0.5.

表 1 WOS 数据库昆虫肠道微生物领域被引频次前 3 的文献

Table 1 Top 3 literatures by citation frequency of insect gut microbes field based on WOS database					
Rank	Title	Author	Journal	Year	Frequency
1	Insect gut bacterial diversity determined by environmental habitat, diet, developmental stage, and phylogeny of host	Yun JH	<i>Applied and Environmental Microbiology</i>	2014	421
2	A simple and distinctive microbiota associated with honey bees and bumble bees	Martinson VG	<i>Molecular Ecology</i>	2011	354
3	Do diet and taxonomy influence insect gut bacterial communities?	Colman DR	<i>Molecular Ecology</i>	2012	339

发表的“Insect gut bacterial diversity determined by environmental habitat, diet, developmental stage, and phylogeny of host”被引频次最高，为 421，本文介绍了昆虫肠道的优势门为变形菌门 (*Proteobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)，其中，

微生物群和细菌丰富度可能受到宿主饮食、栖息地和发育阶段的影响,此研究提供了昆虫肠道微生物多样性以及微生物与其宿主之间关系的基本信息,这种对肠道菌群的跨序调查可能对无脊椎微生物学具有价值;Martinson 等^[10]于 2011 年

发表的“A simple and distinctive microbiota associated with honey bees and bumble bees”被引频次为 354, 位于第二, 该文介绍了蜜蜂(*Apis mellifera*)是一种常见的模式生物, 也是一种具有生态影响力和经济意义的昆虫, 其体内存在一个相对简单的微生物群。研究更多特异性的微生物群可能会对了解蜜蜂的基本生物学以及当前养蜂业和农业实践具有广泛意义; Colman 等^[2]于 2012 年发表的“Do diet and taxonomy influence insect gut bacterial communities?”被引

频次为 339, 位于第三, 该文介绍了饮食和宿主特异性在不同程度上塑造了昆虫的肠道群落, 这取决于饮食的性质以及在进化时间尺度上与宿主的联系。这几篇文章的共同点在于均关注昆虫肠道微生物的种类和丰度与其寄主生境之间的关联。

2.4 研究方向

对于昆虫肠道微生物, 国内主要针对其种类及功能进行研究(图 3); 国际的研究方向主要有昆虫学(图 4), 如环境栖息地、饮食和发育阶

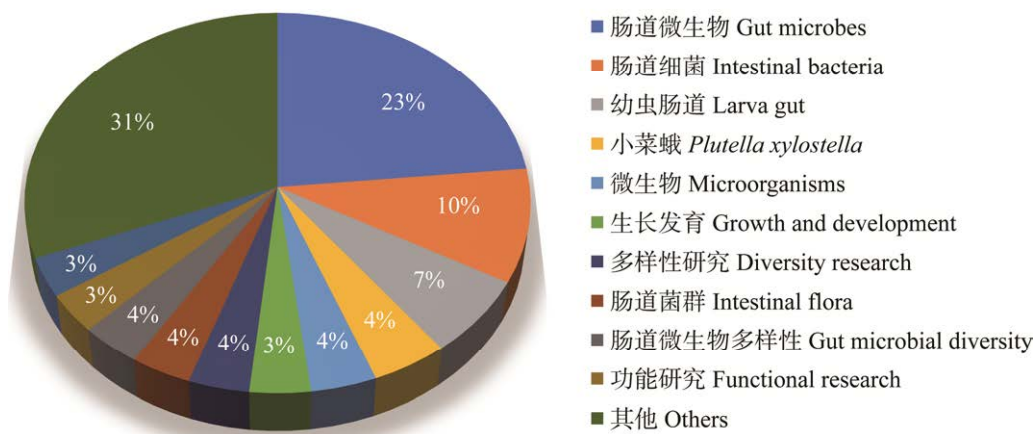


图 3 CNKI 数据库昆虫肠道微生物领域发文量前 10 涉及研究方向

Figure 3 Research direction of insect gut microbes field involved in top 10 published papers based on CNKI database.

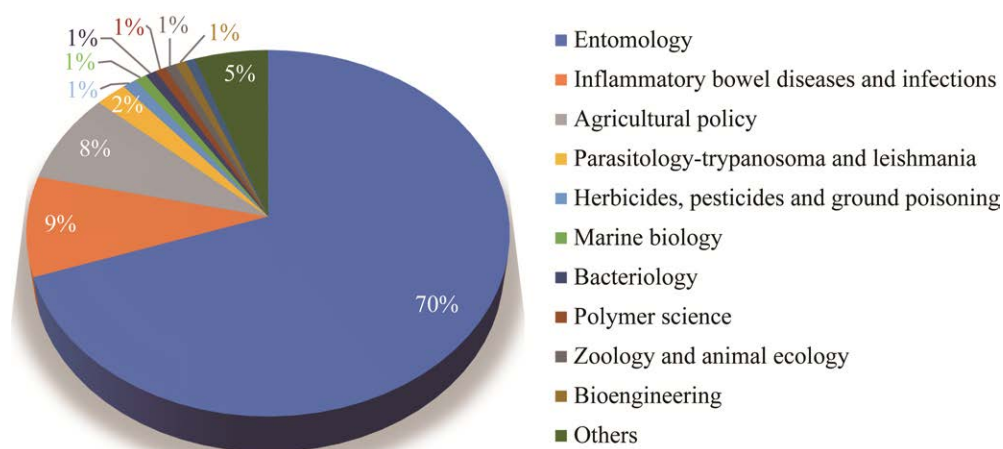


图 4 WOS 数据库昆虫肠道微生物领域发文量前 10 涉及研究方向

Figure 4 Research direction of insect gut microbes field involved in top 10 published papers based on WOS database.

段等因素对昆虫肠道微生物的影响^[9], 肠道共生体与昆虫间的相互作用^[11-12], 炎症性肠病和感染方向如肠道微生物对宿主昆虫的影响包括营养分配、免疫功能、发育和嗅觉功能等^[13-15], 农业政策方向如研究具有经济效益的昆虫(黑水虻、黄粉虫和蟋蟀等)肠道微生物群以提高其产量^[16-18]。

2.5 关键词分析

2.5.1 关键词聚类分析

聚类分析是利用聚类统计学的方法, 把联系紧密的关键词聚类成类团^[19]。国内昆虫肠道微生物研究领域分为 7 个聚类(表 2)。聚类#0 包括肠道细菌、共生菌、黄粉虫、幼虫等 38 个关键词(图 5); 聚类#1 包括多样性、16S rDNA 等 36 个关键词(图 6); 聚类#2 包括 16S rRNA、消化酶、微生物、橘小实蝇和棉铃虫等 31 个关键词(图 7); 聚类#3 包括家蚕、昆虫、蜜蜂和中肠等 30 个关键词(图 8); 聚类#4 包括小菜蛾、宏基因组和抗生素等 27 个关键词(图 9); 聚类#5 包括肠道菌群等 24 个关键词(图 10); 聚类#6 包括生长发育等 22 个关键词(图 11)。

基于引文时间跨度的时间轴可视化可以显示相对过时的主题和经典主题, 也可以预测未来的热点主题。如图 12 所示, 国内昆虫肠道微生物研究的时间轴图中, 聚类#2 16S rRNA、聚类#5 肠道菌群是经典话题, 而聚类#4 抗药性是相对陈旧的话题。

表 2 CNKI 数据库的关键词聚类

Table 2 Keywords clustering in CNKI database

聚类编号 Cluster No.	关键词 Keywords
#0	生物学 Biology
#1	多样性 Diversity
#2	16S rRNA
#3	肠道 Intestinal tract
#4	抗药性 Drug resistance
#5	肠道菌群 Intestinal flora
#6	肠道菌 Intestinal bacteria

全球昆虫肠道微生物领域的关键词聚类分析分成 2 个时间段进行(图 13)。1998–2010 年分为 12 个聚类, 其中, 聚类#0 gut bacteria、聚类#4 gut microbiota、聚类#6 bacterial community 和聚类#8 localization 是经典话题; 聚类#1 bacterial diversity、聚类#2 midgut bacteria、聚类#3 symbiotic control、聚类#5 rarefaction analysis、聚类#7 midgut microbiota、聚类#9 legumes、聚类#10 gut 和聚类#11 Asian long-horned beetle 是相对陈旧的话题。2011–2022 年分为 10 个聚类, 其中, 聚类#0 *Trypanosoma cruzi*、聚类#1 insect meal、聚类#2 *Apis mellifera*、聚类#3 polystyrene、聚类#5 aphids、聚类#6 high-throughput sequencing、聚类#8 sterile insect technique 和聚类#9 invasive insect 为经典话题。聚类#4 hindgut、聚类#7 bacterial diversity 为相对陈旧的话题。

本文绘制了 2022 年前 3 个聚类的所有关键词(图 14)。聚类#0 命名为 insect meal, 共收集 25 个关键词, 如 black soldier fly、*Escherichia coli* 等。聚类#1 命名为 secondary metabolites, 共收集 22 个关键词, 如 beetle、microbial ecology 和 colonization 等。聚类#2 命名为 biodegradation, 共收集 20 个关键词, 如 growth、larvae 等。这些关键词主题很可能是未来几年昆虫肠道微生物领域的新兴趋势。

2.5.2 关键词突现分析

在更精细的层面上, 利用 WOS 数据库检测关键词暴发模式以揭示昆虫肠道微生物话题在 2011–2022 时间跨度中的活动内容。45 个关键词在不同时间点暴发, 暴发强度如表 3 所示, 选取前 25 个关键词进行分析。2011–2015 年, species nova、phylogenetic diversity、gut、H₂ plus CO₂、*Treponema primitia*、*Pachnoda ephippiata*、*Acyrtosiphon pisum*、identification 和 *Wolbachia*

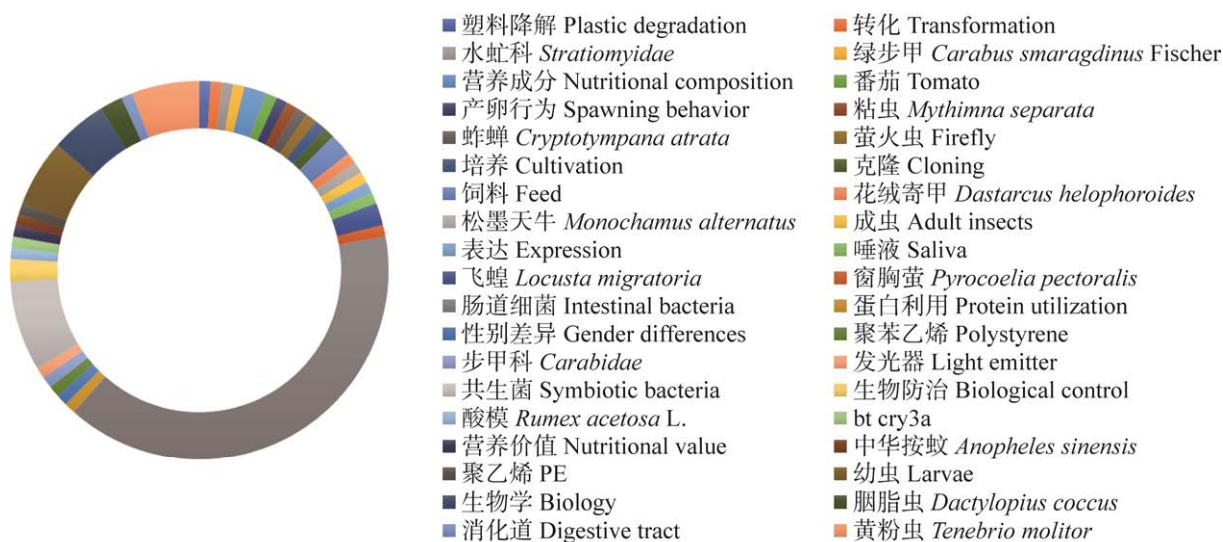


图 5 CNKI 中“生物学”关键词聚类(#0)

Figure 5 Keywords clustering of biology (#0) in CNKI.

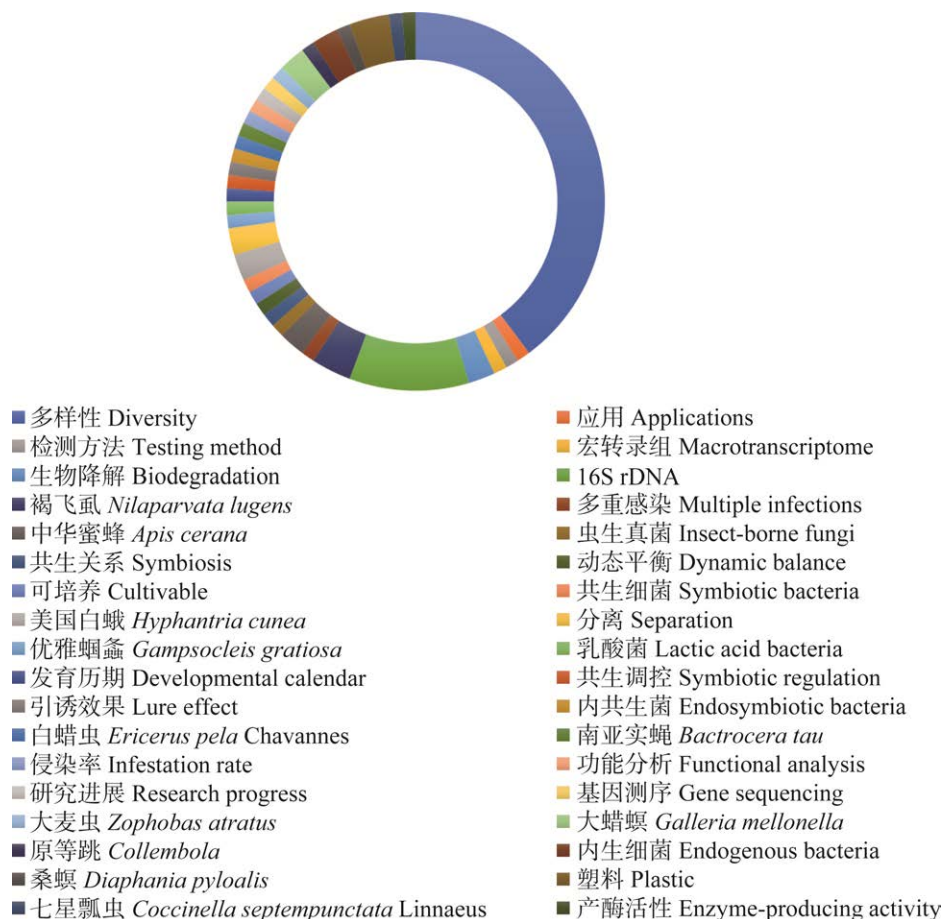


图 6 CNKI 中“多样性”关键词聚类(#1)

Figure 6 Keywords clustering of diversity (#1) in CNKI.



图7 CNKI中“16S rRNA”关键词聚类(#2)

Figure 7 Keywords clustering of 16S rRNA (#2) in CNKI.



图8 CNKI中“肠道”关键词聚类(#3)

Figure 8 Keywords clustering of intestinal tract (#3) in CNKI.



图9 CNKI中“抗药性”关键词聚类(#4)

Figure 9 Keywords clustering of drug resistance (#4) in CNKI.

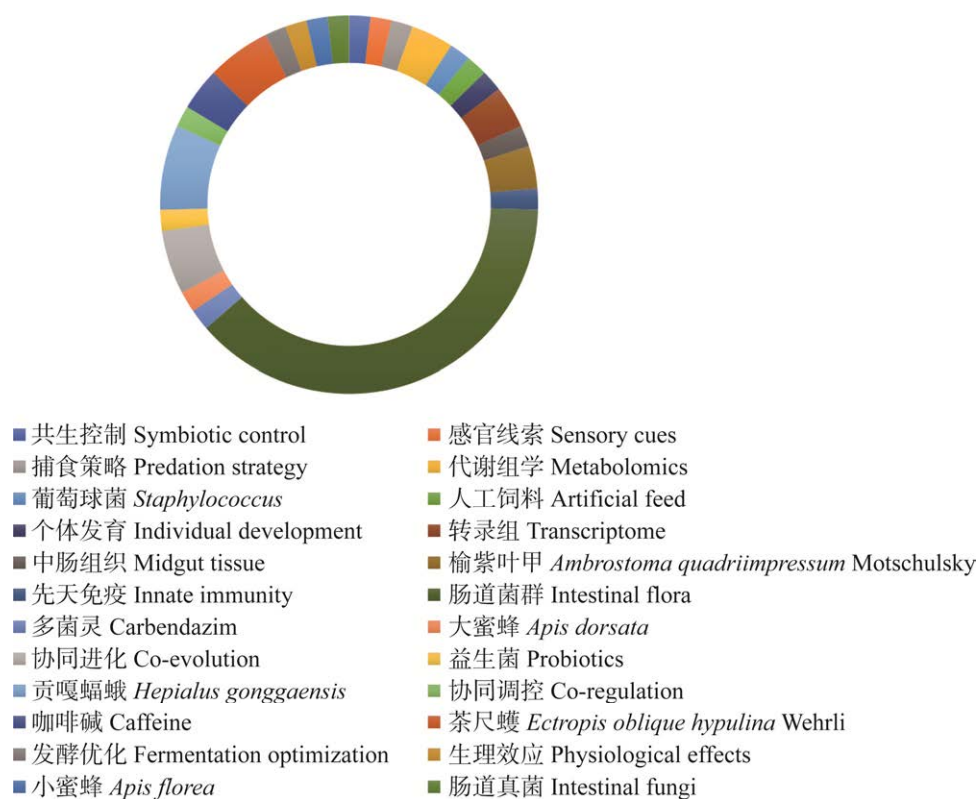


图 10 CNKI 中“肠道菌群”关键词聚类(#5)

Figure 10 Keywords clustering (#5) of intestinal flora in CNKI.

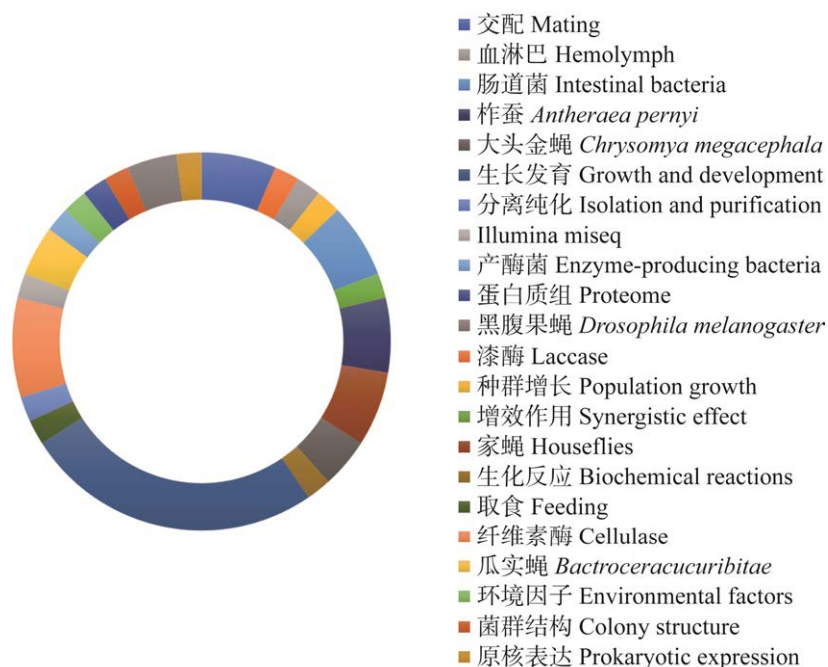


图 11 CNKI 中“肠道菌”关键词聚类(#6)

Figure 11 Keywords clustering of intestinal bacteria (#6) in CNKI.

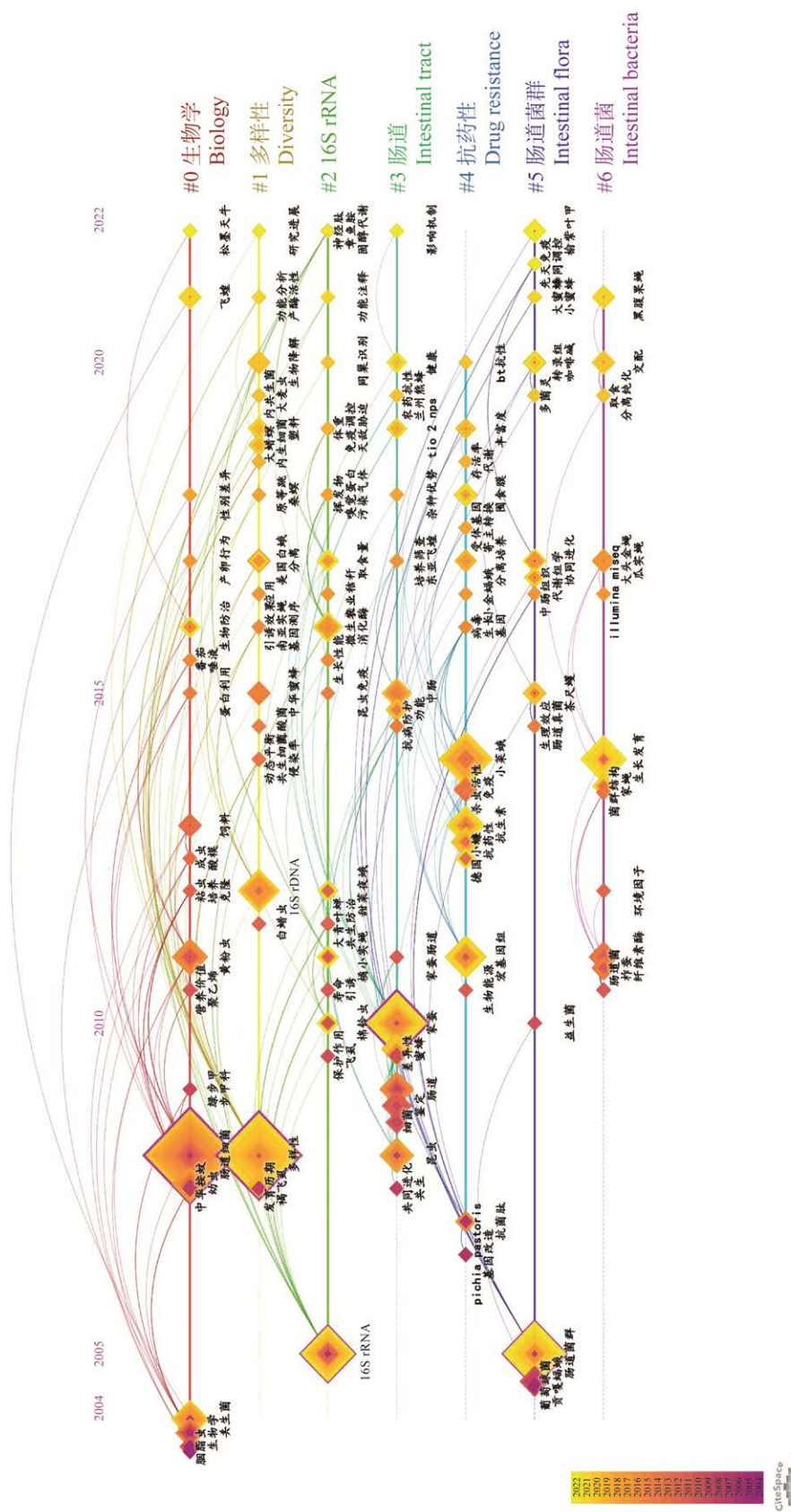
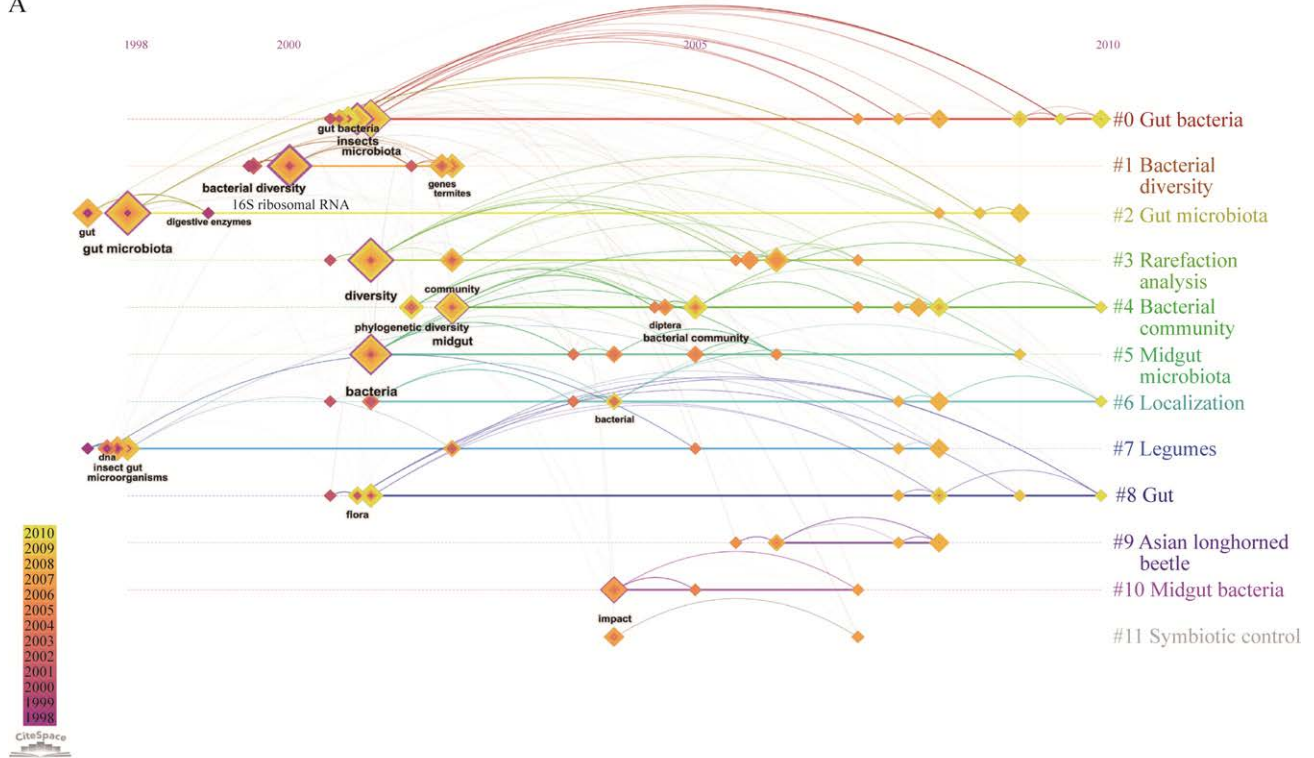


图 12 CNKI 关键词时间线图

Figure 12 Timeline diagram of CNKI keywords.

A



B

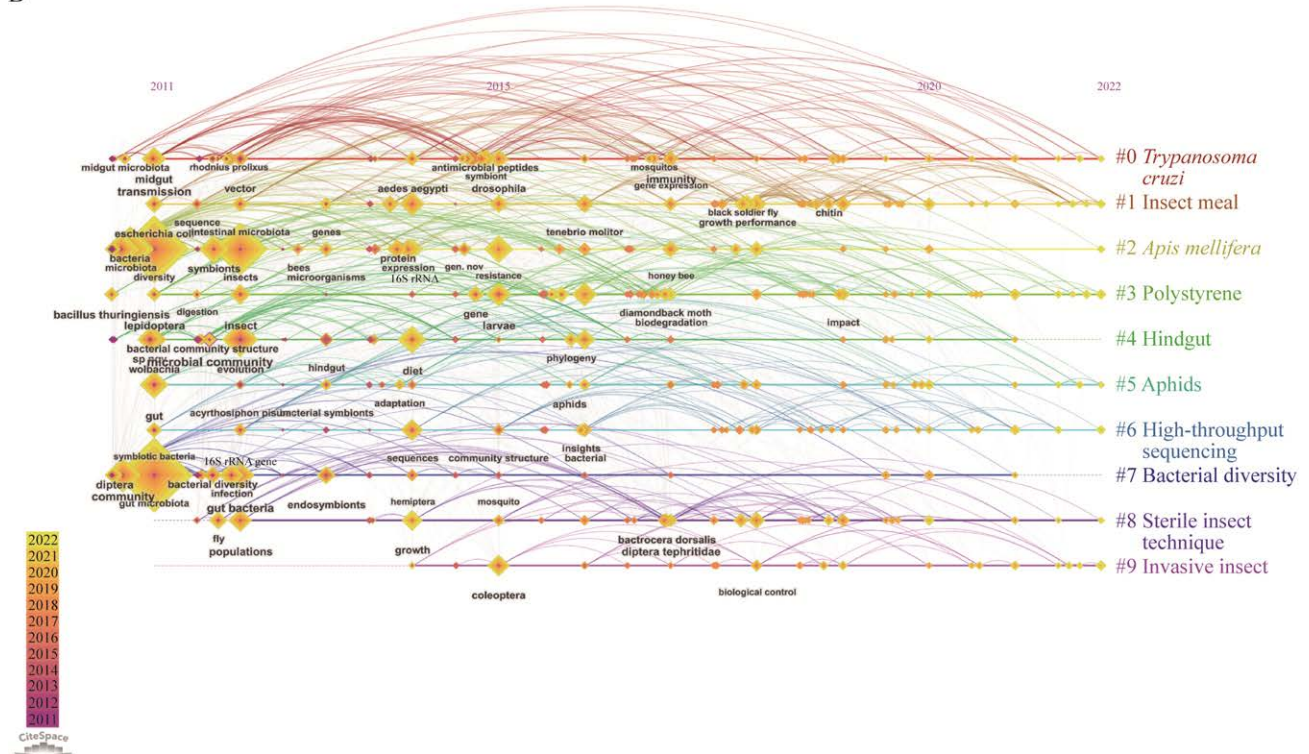


图 13 WOS 数据库时间线图的 2 个时间段快照

Figure 13 Two time-period snapshots of the WOS database timeline. A: 1998–2010. B: 2011–2022.

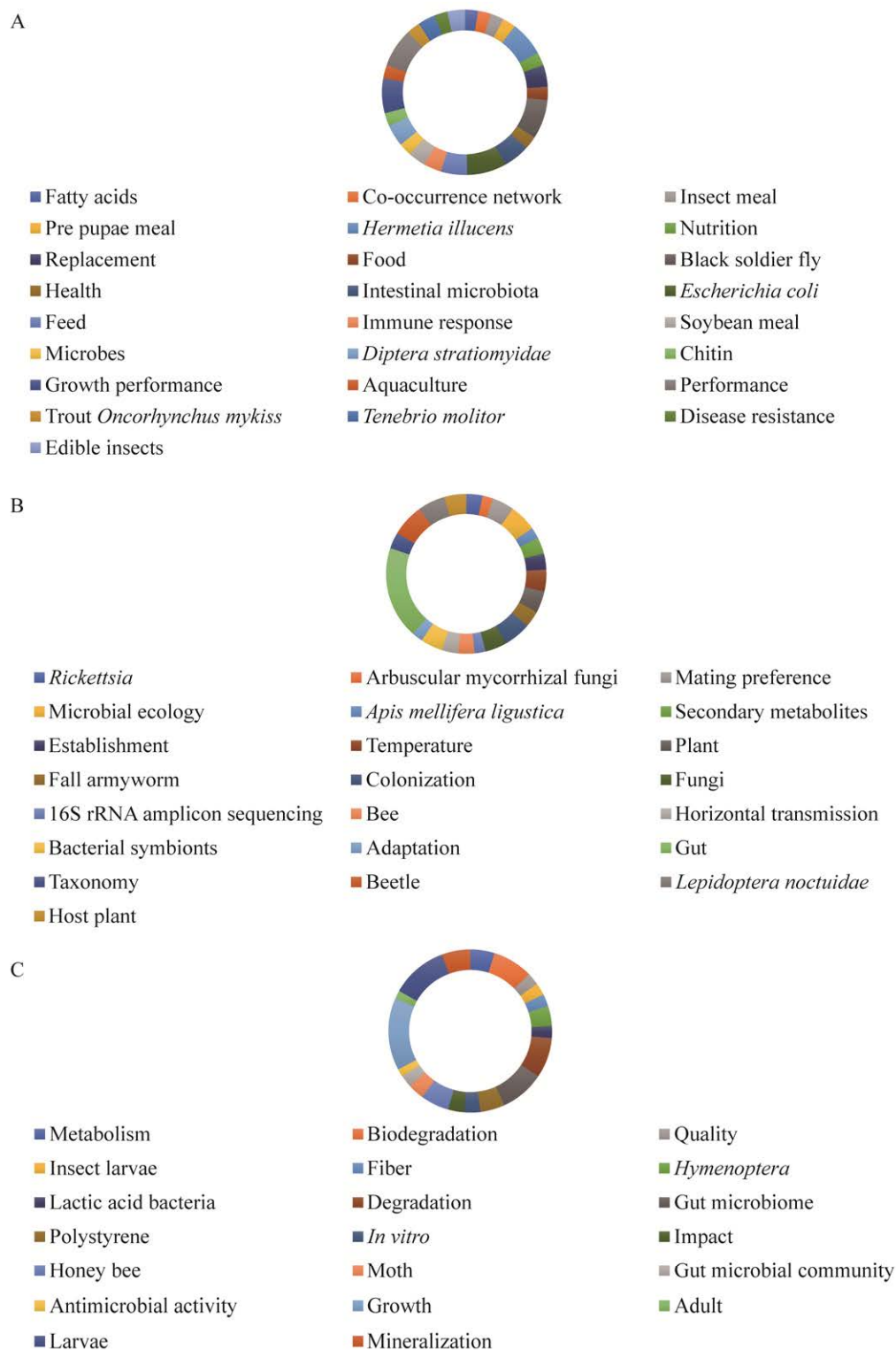


图 14 WOS 数据库 2022 年前 3 关键词

Figure 14 Top 3 keywords in 2022 on WOS database. A: #0 insect meal. B: #1 secondary metabolites. C: #2 biodegradation.

Table 3 WOS database keyword explosion in 2011–2022

Keywords	Year	Strength	Begin time	End time	2011–2022
Species nova	2011	4.33	2011	2014	████████████████████
Phylogenetic diversity	2011	3.96	2011	2015	████████████████████
16S rRNA	2011	3.95	2011	2016	████████████████████
Gut	2011	3.92	2011	2013	████████████████████
Soil	2011	3.43	2011	2016	███████████
H ₂ plus CO ₂	2011	3.31	2011	2012	██
<i>Treponema primitia</i>	2011	2.83	2011	2015	████████████████████
Evolution	2012	6.08	2012	2016	████████████████████
Sequence	2012	3.36	2012	2018	████████████████████
<i>Pachnoda ephippiata</i>	2012	3.12	2012	2015	████████
<i>Rhodnius prolixus</i>	2012	3.09	2012	2016	████████████████████
Gut bacteria	2012	3.08	2012	2017	████████████████████
Vector	2012	2.96	2012	2016	████████████████████
<i>Acyrtosiphon pisum</i>	2012	2.89	2012	2014	██████
Hindgut	2013	9.33	2013	2016	████████████████████
Endosymbionts	2013	3.37	2013	2017	████████████████████
Identification	2011	3.19	2013	2014	██████
Honey bees	2014	3.58	2014	2018	████████████████████
<i>Wolbachia</i>	2011	2.60	2014	2015	████████
Innate immunity	2015	6.20	2015	2019	████████████████████
Bumble bees	2015	3.04	2015	2018	████████████████████
Mosquito	2015	3.01	2015	2016	██████████
Community structure	2015	2.98	2015	2017	████████████████████
Chagas disease	2015	2.88	2015	2016	██████████
Genus nova	2015	2.81	2015	2018	████████████████████
Gene	2015	2.66	2015	2017	██████████
Larvae	2015	2.65	2015	2016	██████████
<i>Manduca sexta</i>	2016	3.46	2016	2017	██████████
Lactic acid bacteria	2017	3.72	2017	2018	██████████
Genome sequence	2014	2.86	2017	2018	██████████
Antibiotics	2017	2.83	2017	2018	██████████
Environment	2018	3.76	2018	2019	██████████
High-throughput sequencing	2018	3.56	2018	2019	██████████
Populations	2012	3.04	2018	2019	██████████
Health	2018	2.99	2018	2019	██████████
Nitrogen fixation	2015	2.89	2018	2019	██████████

(待续)

(续表 3)

Keywords	Year	Strength	Begin time	End time	2011–2022
Chain fatty acids	2018	2.84	2018	2020	████████████████████
<i>Hemiptera</i>	2014	2.67	2018	2019	██████████████████
Fitness	2019	4.01	2019	2022	██████████████████
Genome	2016	3.85	2019	2020	██████████████████
Intestinal tract	2016	3.58	2019	2020	██████████████████
Larval midgut	2017	3.16	2019	2020	██████████████████
<i>Ceratitis capitata</i>	2018	2.70	2019	2020	██████████████████
Insect meal	2019	2.63	2019	2022	██████████████████
System	2019	2.59	2019	2022	██████████████████

暴发,其中 species nova 暴发强度最高,为 4.33。2015–2017 年,16S rRNA、soil、evolution、*Rhodnius prolixus*、gut bacteria、vector、hindgut endosymbionts、mosquito、community structure、chagas disease、gene、larvae 和 *Manduca sexta* 暴发,其中, hindgut 暴发强度最高,为 9.33;其次是 evolution,暴发强度为 6.08。2017–2019 年,sequence、honey bees、innate immunity、bumble bees、genus nova、lactic acid bacteria、genome sequence、antibiotics、environment、high-throughput sequencing、populations、health、nitrogen fixation 和 *Hemiptera* 暴发,其中 innate immunity 暴发强度最高,为 6.20。2019–2022 年,chain fatty acids、fitness、genome、intestinal tract、larval midgut、*Ceratitis capitata*、insect meal 和 system 暴发,其中 fitness 暴发强度最高,为 4.01。

3 结论

3.1 历史沿革

本文基于 CNKI 和 WOS 数据库回顾了 1991–2022 年昆虫肠道微生物领域相关文章的结构和时间特征。数据显示,昆虫肠道微生物领域仍然处于一个热门阶段:国内外论文数量急剧增加,各国研究团队间进行广泛而密切地科学合

作。关键词时间线图可视化结果表明,国内研究进展、个性、应对方式、神经肽、固醇代谢、感官线索、捕食策略、榆紫叶甲、先天免疫、协同调控成为新兴主题;全球 *Trypanosoma cruzi* (克氏锥虫)、insect meal (昆虫饮食)、*Apis mellifera* (蜜蜂)、polystyrene (聚苯乙烯)、aphids (蚜虫)、high-throughput sequencing (高通量测序)、sterile insect technique (昆虫不育技术)、invasive insect (入侵昆虫)成为新型主题。

虽然全球范围内昆虫肠道微生物领域的活跃话题随着时间的推移而变化,但最近被引爆的关键词,如 fitness (健康)、insect meal (昆虫饮食)、system (体系)、chain fatty acids (链式脂肪酸)、genome (基因组)、intestinal tract (肠道)、larval midgut (中肠幼虫)、*Ceratitis capitata* (地中海实蝇)都有可能成为未来的研究热点。

3.2 新兴主题的探索

主题一：Insect meal。肠道细菌参与昆虫体内氨基酸的生物合成、芳香族化合物的降解、碳固定、甲烷代谢，以及其他辅助因子和维生素的代谢^[20]。不同的饲养习惯和环境因素可能对塑造肠道细菌结构产生很大影响，如动物来源成分的饮食可能影响昆虫肠道环境的物理化学特性，从而抑制或促进肠道微生物群^[21]。研

究食物对昆虫体质和肠道微生物群落的影响, 可为今后研究昆虫肠道微生物学和改进其人工饲养方法提供参考。

主题二: Secondary metabolites。由于共同进化, 草食性昆虫寄生于植物中, 并依靠植物叶片、茎等作为食物来获取营养。虽然植物已经进化出减少食草昆虫损害的特性, 但自然选择能够克服植物防御的昆虫物种^[22]。这种进化竞赛导致植物抵抗力和昆虫克服植物防御的复杂机制^[23]。食草昆虫与植物的相互作用体现在从昆虫的代谢转化到次级代谢产物的变化对食草昆虫抗性的影响。植物的化学成分和不均匀性影响幼虫的消化系统、昆虫的适应性和体内的微生物群^[24]。虽然人们很清楚共同进化导致了一系列的植物化学防御机制以对抗食草昆虫, 但植物化学多样性和昆虫相关的微生物群落对植物抗性的重要性的证据仍然很少, 未来需要大量深入研究以探求其机理。

主题三: Biodegradation。全球塑料垃圾污染是一个严重的问题, 这些合成材料以有害的方式持续存在于自然生态系统中。研究发现某些微生物群落可在塑料表面形成生物膜, 加速其生物降解, 但分离细菌种群进行塑料生物降解的过程可能需要数年时间^[25-27]。此外, 黄粉虫^[28]、印度谷螟^[29]、小蜡螟^[30]和大蜡螟^[16]等昆虫是生物降解的极佳候选者。寻找高效生物进行生物降解, 目前仍亟待解决。

综上所述, 本研究揭示了昆虫肠道微生物领域研究的发展趋势, 为进一步研究提供了新的方向。

REFERENCES

- [1] ENGEL P, MORAN NA. The gut microbiota of insects—diversity in structure and function[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2013, 37(5): 699-735.
- [2] COLMAN DR, TOOLSON EC, TAKACS-VESBACH CD. Do diet and taxonomy influence insect gut bacterial communities?[J]. Molecular Ecology, 2012, 21(20): 5124-5137.
- [3] MIKAELIAN A, DIETRICH C, KÖHLER T, POULSEN M, SILLAM-DUSSE D, BRUNE A. Diet is the primary determinant of bacterial community structure in the guts of higher termites[J]. Molecular Ecology, 2015, 24(20): 5284-5295.
- [4] LIN JY, LI GY, ZHONG PL, ZENG Q, LIU L, CHEN L. Bibliometric analysis of human monkeypox research from 1975 to 2022 and novel prevention and control strategies[J]. Frontiers in Public Health, 2022, 10: 995965.
- [5] PANT R, RAMANA D. Cellulolytic activity in a phytophagous lepidopteran insect *Philosamia ricini*: the origin of the enzymes[J]. Insect Biochemistry, 1989, 19(3): 269-276.
- [6] MARGULIS L, JORGENSEN JZ, DOLAN S, KOLCHINSKY R, RAINEY FA, LO SC. The *Arthromitus* stage of *Bacillus cereus*: intestinal symbionts of animals[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1998, 95(3): 1236-1241.
- [7] 王彦蕊, 潘立超, 任玉龔, 郭晓鹏, 任海伟, 范文广, 李志忠. 基于 Web of Science 和 CNKI 的羊肚菌研究文献计量分析[J]. 中国食用菌, 2022, 41(7): 1-12.
WANG YR, PAN LC, REN YY, GUO XP, REN HW, FAN WG, LI ZZ. Bibliometric analysis of research literature on *Morchella* spp. based on web of science and CNKI[J]. Edible Fungi of China, 2022, 41(7): 1-12 (in Chinese).
- [8] 相辉, 黄勇平. 肠道微生物与昆虫的共生关系[J]. 昆虫知识, 2008, 45(5): 687-693.
XIANG H, HUANG YP. Symbiosis between gut microbiota and insects[J]. Chinese Bulletin of Entomology, 2008, 45(5): 687-693 (in Chinese).
- [9] YUN JH, ROH SW, WHON TW, JUNG MJ, KIM MS, PARK DS, YOON C, NAM YD, KIM YJ, CHOI JH, KIM JY, SHIN NR, KIM SH, LEE WJ, BAE JW. Insect gut bacterial diversity determined by environmental habitat, diet, developmental stage, and phylogeny of host[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2014, 80(17): 5254-5264.
- [10] MARTINSON VG, DANFORTH BN, MINCKLEY RL, RUEPPELL O, TINGEK S, MORAN NA. A simple and distinctive microbiota associated with honey bees and bumble bees[J]. Molecular Ecology, 2011, 20(3): 619-628.
- [11] RUSSELL JA, MOREAU CS, GOLDMAN-HUERTAS

- B, FUJIWARA M, LOHMAN DJ, PIERCE NE. Bacterial gut symbionts are tightly linked with the evolution of herbivory in ants[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2009, 106(50): 21236-21241.
- [12] CHENG DF, GUO ZJ, RIEGLER M, XI ZY, LIANG GW, XU YJ. Gut symbiont enhances insecticide resistance in a significant pest, the oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis* (Hendel)[J]. Microbiome, 2017, 5(1): 1-12.
- [13] NEWELL PD, DOUGLAS AE. Interspecies interactions determine the impact of the gut microbiota on nutrient allocation in *Drosophila melanogaster*[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2014, 80(2): 788-796.
- [14] OVEREND G, LUO Y, HENDERSON L, DOUGLAS AE, DAVIES SA, DOW JAT. Molecular mechanism and functional significance of acid generation in the *Drosophila* midgut[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 27242.
- [15] QIAO HL, KEESEY IW, HANSSON BS, KNADEN M. Gut microbiota affects development and olfactory behavior in *Drosophila melanogaster*[J]. Journal of Experimental Biology, 2019, 222(5): jeb192500.
- [16] BOMBELLI P, HOWE CJ, BERTOCCHINI F. Polyethylene bio-degradation by caterpillars of the wax moth *Galleria mellonella*[J]. Current Biology, 2017, 27(8): R292-R293.
- [17] GRAU T, VILCINSKAS A, JOOP G. Sustainable farming of the mealworm *Tenebrio molitor* for the production of food and feed[J]. Zeitschrift für Naturforschung C, 2017, 72(9/10): 337-349.
- [18] VANDEWEYER D, WYNANTS E, CRAUWELS S, VERRETH C, VIAENE N, CLAES J, LIEVENS B, van CAMPENHOUT L. Microbial dynamics during industrial rearing, processing, and storage of tropical house crickets (*Gryllobates sigillatus*) for human consumption[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2018, 84(12): e00255-18.
- [19] 言宗骋, 高红杰, 郭旭晶, 王思宇, 于会彬, 信欣. 蘑菇湖沉积物间隙水溶解性有机质紫外可见光谱研究[J]. 环境工程技术学报, 2019, 9(6): 685-691.
- YAN ZC, GAO HJ, GUO XJ, WANG SY, YU HB, XIN X. Study on UV-vis spectra of dissolved organic matter from sediment interstitial water in Moguhu Lake[J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2019, 9(6): 685-691 (in Chinese).
- [20] KUMAR V, TYAGI I, PATIDAR A, SINGHA D, TYAGI K. Gut bacterial diversity on the basis of feeding behaviour in different species of thrips (*Thysanoptera*)[J]. Journal of Taibah University for Science, 2022, 16(1): 863-873.
- [21] DILLON RJ, DILLON VM. The gut bacteria of insects: nonpathogenic interactions[J]. Annual Review of Entomology, 2004, 49: 71-92.
- [22] MOPPER S. Adaptive genetic structure in phytophagous insect populations[J]. Trends in Ecology & Evolution, 1996, 11(6): 235-238.
- [23] GATEHOUSE JA. Plant resistance towards insect herbivores: a dynamic interaction[J]. New Phytologist, 2002, 156(2): 145-169.
- [24] BERTIĆ M, ORGEL F, GSCHWENDTNER S, SCHLOTTER M, MORITZ F, SCHMITT-KOPPLIN P, ZIMMER I, FLADUNG M, SCHNITZLER JP, SCHROEDER H, GHIRARDO A. European oak metabolites shape digestion and fitness of the herbivore *Tortrix viridana*[J]. Functional Ecology, 2023, 37(5): 1476-1491.
- [25] KOUTNY M, LEMAIRE J, DELORT AM. Biodegradation of polyethylene films with prooxidant additives[J]. Chemosphere, 2006, 64(8): 1243-1252.
- [26] GHATGE S, YANG YR, AHN JH, HUR HG. Biodegradation of polyethylene: a brief review[J]. Applied Biological Chemistry, 2020, 63(1): 1-14.
- [27] OBERBECKMANN S, OSBORN AM, DUHAIME MB. Microbes on a bottle: substrate, season and geography influence community composition of microbes colonizing marine plastic debris[J]. PLoS One, 2016, 11(8): e0159289.
- [28] BRANDON AM, GAO SH, TIAN RM, NING DL, YANG SS, ZHOU JZ, WU WM, CRIDDLE CS. Biodegradation of polyethylene and plastic mixtures in mealworms (larvae of *Tenebrio molitor*) and effects on the gut microbiome[J]. Environmental Science and Technology, 2018, 52(11): 6526-6533.
- [29] YANG J, YANG Y, WU WM, ZHAO J, JIANG L. Evidence of polyethylene biodegradation by bacterial strains from the guts of plastic-eating waxworms[J]. Environmental Science & Technology, 2014, 48(23): 13776-13784.
- [30] KUNDUNGAL H, GANGARAPU M, SARANGAPANI S, PATCHAIYAPPAN A, DEVIPRIYA SP. Efficient biodegradation of polyethylene (HDPE) waste by the plastic-eating lesser waxworm (*Achroia grisella*)[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2019, 26(18): 18509-18519.