



邢瑜,魏霜,徐强,刘海军,李献峰,邵晨曦,宗世祥. 基于CiteSpace的昆虫肠道微生物研究现状与热点分析[J]. 中国农业大学学报, 2026,31(01):73-86.
XING Yu, WEI Shuang, XU Qiang, LIU Haijun, LI Xianfeng, SHAO Chenxi, ZONG Shixiang. Current status and hotspot analysis of insect gut microbiota research based on CiteSpace[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(01): 73-86.
DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.01.07

基于 CiteSpace 的昆虫肠道微生物研究现状与热点分析

邢瑜¹ 魏霜¹ 徐强¹ 刘海军¹ 李献峰¹ 邵晨曦¹ 宗世祥^{2*}

(1. 广州海关技术中心, 广州 510623;

2. 北京林业大学 林学院/林木有害生物防治北京市重点实验室, 北京 100083)

摘 要 为系统梳理昆虫肠道微生物研究的发展历程,明确其研究热点与未来趋势,基于中国知网(CNKI)和 Web of Science(WOS)数据库,使用CiteSpace软件对截至2024年12月31日收录的共计2 791篇昆虫肠道微生物相关文献从发文年度分布、载文期刊特征、关键词共现、作者及机构合作网络、国家科研影响力等维度进行可视化分析。结果表明:1)自2006年以来,昆虫肠道微生物研究领域发文量整体呈稳步增长趋势,发文量排名前3的国家分别是中国(660篇),美国(572篇)和德国(160篇);《环境昆虫学报》和*Frontiers in Microbiology*期刊的发文量分别居国内外之首。2)研究热点显示,CNKI数据库文献的研究方向已从基础鉴定和功能分析转向深入的机制探索和应用,WOS数据库文献的研究则更侧重生态和环境作用。3)微生物功能与宿主互作机制、多组学技术联合应用、微生物资源开发与应用等是未来研究的新趋势。综上,昆虫肠道微生物研究领域发展态势良好,不同数据库之间的研究各有侧重且热点不断演变,未来应聚焦新趋势开展深入研究,以推动该领域持续发展并取得更多突破性成果。

关键词 CiteSpace; 昆虫; 肠道微生物; 文献计量学; 研究热点

中图分类号 G353.1

文章编号 1007-4333(2026)01-0073-14

文献标志码 A

Current status and hotspot analysis of insect gut microbiota research based on CiteSpace

XING Yu¹, WEI Shuang¹, XU Qiang¹, LIU Haijun¹, LI Xianfeng¹,

SHAO Chenxi¹, ZONG Shixiang^{2*}

(1. Guangzhou Customs Technology Center, Guangzhou 510623, China;

2. College of Forestry/Beijing Key Laboratory of Forest Pest Control and Prevention, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract To systematically sort out the development history of insect gut microbiota research and clarify its research hotspots and future trends, based on the China National Knowledge Infrastructure (CNKI) and Web of Science (WOS) databases, CiteSpace software was used to conduct a visual analysis of a total of 2 791 relevant literatures retrieved as of December 31, 2024. The analysis covered multiple dimensions including annual publication distribution, characteristics of host journals, keywords co-occurrence, author and institutional collaboration networks, and national scientific research influence. The results showed that: 1) Since 2006, the number of publications in the field of insect gut microbiota research has shown an overall steady growth trend. The top three countries in terms of publication volume are China (660 papers), the United States (572 papers), and Germany (160 papers). *Journal of Environmental Entomology* and *Frontiers in Microbiology* rank first in terms

收稿日期: 2025-03-28;接受日期: 2025-06-20

基金项目: 国家重点研发计划(2023YFC2604804)

第一作者: 邢瑜(ORCID:0009-0006-9898-1995), 硕士, 主要从事植物检疫研究, E-mail: xingyu0714@163.com

通讯作者: 宗世祥(ORCID:0000-0002-4137-4514), 教授, 主要从事林木钻蛀性害虫监测预警与生态调控技术研究, E-mail: zongsx@126.com

of publication volume among domestic and foreign journals, respectively. 2) Research hotspots indicate that the research direction of literatures in the CNKI database has shifted from basic identification and functional analysis to in-depth mechanism exploration and application, while literatures in the WOS database focus more on ecological and environmental roles. 3) The interaction mechanism between microbial functions and hosts, the combined application of multi-omics technologies, and the development and application of microbial resources are new trends in future research. In summary, the field of insect gut microbiota research is developing well, studies from different databases have their own focuses and hotspots are constantly evolving. In the future, in-depth research should be carried out focusing on new trends to promote the sustainable development of this field and achieve more breakthrough results.

Keywords CiteSpace; insect; gut microbiota; bibliometrics; research hotspot

昆虫肠道内孕育着一个错综复杂的微生物生态系统,囊括了细菌、古菌、真菌及病毒等多种微生物类群。这些微生物在宿主的营养摄取、免疫系统构建及抵御外来病原体方面扮演着重要角色^[1-2],与宿主之间形成了既相互依赖又相互制约的微妙平衡。一方面,昆虫肠道微生物群通过产生抗菌化合物(如细菌素和脂肽)、代谢产物(如短链脂肪酸和维生素)以及降解塑料或诱导免疫反应等方式,为宿主提供营养并维持肠道微生物稳态^[3-6]。例如,黄粉虫(*Tenebrio molitor*)、蜡螟(*Galleria mellonella*)和大麦虫(*Zophobas atratus*)等肠道微生物能够降解聚苯乙烯等塑料^[7-9],这一过程不仅展现了它们在环境修复领域的巨大潜力,也在维护宿主肠道健康方面发挥重要作用。另一方面,宿主也为微生物提供生存场所和营养物质,其体内的生理环境(如酸碱度、氧气含量等)影响微生物的种类和数量分布。例如,在某些以木材为食的昆虫肠道中,偏碱性环境及相对低氧状态,更适合分解木质纤维素的厌氧微生物生存繁衍,从而促使这类微生物在肠道内大量富集^[10]。这种宿主与微生物之间动态的双向调控关系,共同维系着昆虫肠道微生态系统的稳定,也为揭示昆虫适应性进化机制及开发微生物应用技术提供了重要的理论基础。

回顾研究历程,传统的基于培养的方法曾被广泛用于鉴定昆虫肠道微生物多样性,但这种方法存在诸多局限,如许多肠道细菌难以通过培养获得,且无法系统地揭示昆虫肠道菌群的特征,这在较大程度上阻碍了对肠道微生物群的深入研究^[11]。近年来,随着宏基因组学和生物信息学等新技术的快速发展和广泛应用^[12],研究者对昆虫肠道微生物群的组成和种类有了更全面、更深入的理解。这些

技术不仅提高了对昆虫肠道微生物多样性的认识,还为昆虫微生态学和分子生态学理论提供了新的内容,为害虫可持续控制和抗性治理提供了新途径。

在文献计量学领域,科学知识图谱已成为揭示学科发展脉络、追踪研究热点动态的重要工具。CiteSpace软件以科学计量学理论为基础,通过时间切片与动态网络分析的深度整合,能够精准识别研究前沿热点、关键节点及其演化路径,同时,对中国知网(CNKI)和Web of Science(WOS)主流数据库数据具有良好的兼容性与处理效率^[13]。因此,本研究拟利用CiteSpace对CNKI数据库和WOS核心合集的昆虫肠道微生物相关文献进行可视化分析,涵盖发文年度、研究热点、主要作者、机构间合作关系和相关国家发文情况,旨在助力研究者更好地了解该领域的研究概况和前沿进展。

1 数据来源与统计方法

1.1 数据来源

中文文献来源于CNKI数据库,英文文献来自于WOS核心合集。文献时间跨度均为截至2024年12月31日各数据库收录的相关文献。CNKI数据库检索条件:主题=(“昆虫”)And(“肠道”)And(“微生物”OR“共生微生物”OR“微生物组”OR“菌群”OR“细菌”OR“真菌”OR“病毒”);WOS核心合集检索条件:Topic=(“insect”)And(“gut”OR“intestinal”)And(“microbiota”OR“microbiome”OR“microorganisma”OR“microbial diversity”OR“flora”OR“symbionts”OR“bacteri”OR“fungi”OR“virus”)And Language=(“English”)And Document Type=(“Article and Review”)。为使分析结果更符

合实际情况,通过阅读题目、摘要和关键词排除与昆虫肠道微生物无关的文献,同时排除科普和会议论文等文献,最终得到中文文献 598 篇(包括硕博毕业论文 417 篇),英文文献 2 193 篇。

1.2 统计方法

以最终得到的来自 CNKI 和 WOS 数据库的共 2 791 篇文献为数据源,利用 Citespace 6.3. R1 软件,绘制合作作者、合作机构、合作国家和关键词共现图谱,并结合网络密度、节点大小和中介中心性等要素,展示昆虫肠道微生物研究领域的发展动态和趋势。数据汇总分析在 Excel 软件中进行,年度发文量图和国家合作网络分析统计图使用 Origin 2024 软件绘制。

2 结果与分析

2.1 年度发文量

昆虫肠道微生物研究领域的中文和英文文献的发文趋势如图 1 所示,1958—2024 年总发文量整体呈增长趋势。CNKI 和 WOS 数据库中昆虫肠道微生物研究文章首次发表时间分别为 2001 和 1958 年。2001 年以前,英文文献已发表 64 篇,整体呈缓慢增长趋势,该阶段为昆虫肠道微生物研究的起始阶段。2006 年以来,中、英文文献发文数量开始逐步增加,CNKI 和 WOS 数据库年均发文量分别为 31 篇和 110 篇,表明英文文献的相关研究更为活跃且影响力较大,中文文献的发表虽然起步较晚但发展迅速,这一趋势反映了学术界对该领域研究的关注度持续上升。

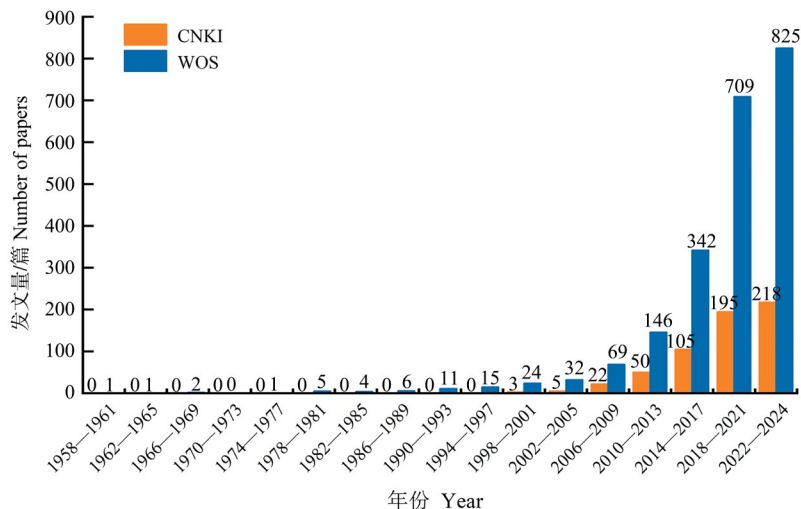


图 1 CNKI 和 WOS 数据库昆虫肠道微生物领域发文量

Fig. 1 Number of published papers on insect gut microbiota in CNKI and WOS databases

2.2 载文期刊

通过对期刊发文量数据进行统计,发现 598 篇(此处只计算除学位论文以外的 181 篇文献)昆虫肠道微生物研究的中文文献发表在 76 种期刊上,平均每个期刊载文量约为 2.4 篇,载文量 ≥ 2 篇的有 28 种期刊。2 193 篇英文文献分布于 395 种期刊上,平均每个期刊载文量约为 5.6 篇,载文量 ≥ 2 篇的有 206 种期刊。载量排名前 10 的中文和英文期刊分别见表 1 和表 2。中文发文量排名前 10 位的期刊总刊载量占发文总量的 52.49%,刊载量 > 5 篇的期刊有 6 种,其中,《环境昆虫学报》是该领域发文量最多的期刊。英文发文量排名前 10 的期刊总刊载量占发文总量的 29.87%,排名第 1 的期刊为 *Frontiers in*

Microbiology, 发文量为 171 篇,该期刊作为微生物学综合期刊,覆盖微生物组学等多领域,与昆虫肠道微生物的组学结构、功能及宿主互作研究高度相关,凸显了昆虫肠道微生物作为学科交叉热点的价值及相关期刊在推动研究转化中的作用。

2.3 研究热点

2.3.1 关键词共现

对 CNKI 和 WOS 数据库中文献的关键词进行可视化共现分析,绘制的关键词共现知识图谱见图 2。CNKI 数据库得到的节点数为 286,连线数为 541,密度为 0.013 3;WOS 数据库得到节点数为 284,连线数为 1 011,密度为 0.025 2。

依据关键词共现分析结果筛选出高频关键词

表1 CNKI数据库昆虫肠道微生物相关研究刊载量排名前10的中文期刊

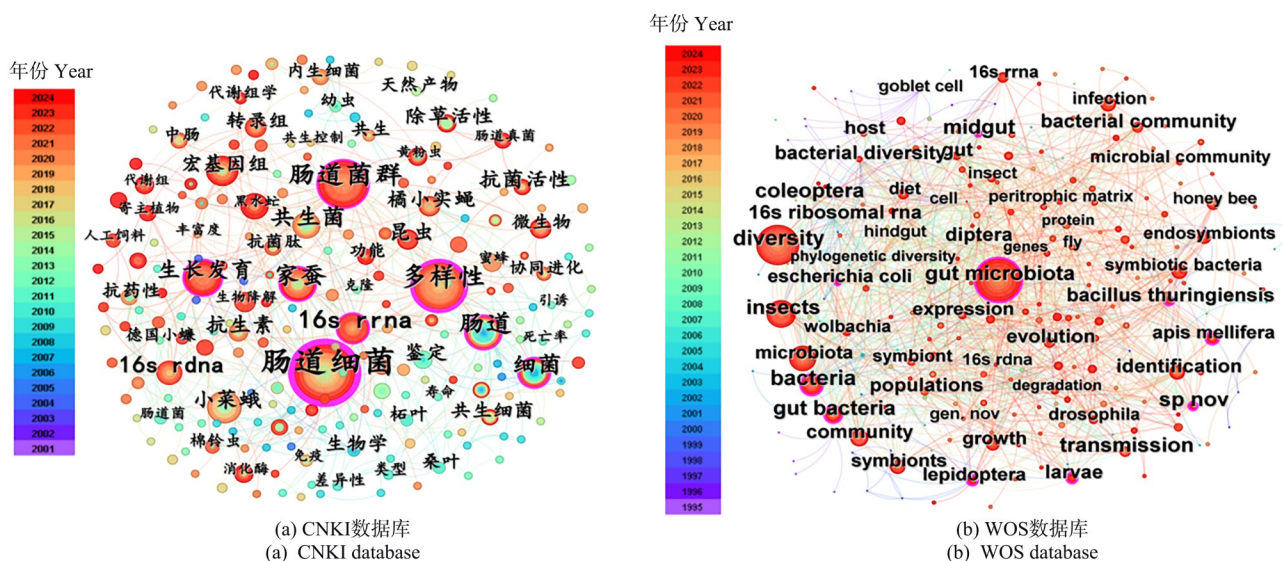
Table 1 Top 10 Chinese journals by publication volume in the study of insect gut microbiota in the CNKI database

排名 Ranking	期刊 Journal	发文量/篇 Number of published papers	占比% Percentage	影响因子(2024年) Impact factor (2024)
1	《环境昆虫学报》	18	9.94	1.699
2	《昆虫学报》	16	8.84	1.416
3	《微生物学报》	15	8.29	1.729
4	《应用昆虫学报》	14	7.73	1.230
5	《中国微生态学杂志》	10	5.52	1.623
6	《微生物学通报》	7	3.87	2.304
7	《中国生物防治学报》	5	2.76	2.534
8	《生物资源》	4	2.21	1.250
9	《微生物学杂志》	3	1.66	1.411
10	《植物保护学报》	3	1.66	2.359

表2 WOS数据库昆虫肠道微生物相关研究刊载量排名前10的英文期刊

Table 2 Top 10 English journals by publication volume in the study of insect gut microbiota in the WOS database

排名 Ranking	期刊 Journal	发文章/篇 Number of published papers	占比 % Percentage	影响因子 (2024 年) Impact facto (2024)
1	<i>Frontiers in Microbiology</i>	171	7.80	6.064
2	<i>Insects</i>	91	4.15	2.700
3	<i>Applied and Environmental Microbiology</i>	69	3.15	5.005
4	<i>Plos One</i>	57	2.60	3.752
5	<i>Microbial Ecology</i>	55	2.51	4.192
6	<i>Scientific Reports</i>	55	2.51	4.380
7	<i>BMC Microbiology</i>	40	1.82	4.000
8	<i>Microorganisms</i>	40	1.82	4.500
9	<i>Journal of insect physiology</i>	39	1.78	2.862
10	<i>Molecular Ecology</i>	38	1.73	6.622



圆圈大小代表关键词出现的频率高低;紫色外圈代表中介中心性;节点间的连线代表两者共现。下同。
Size of the circle represents keyword occurrence frequency, purple outer circle denotes intermediary centrality, line between nodes indicates keywords co-occurrence. The same below.

图2 昆虫肠道微生物相关研究关键词共现图

Fig. 2 Keywords co-occurrence map of studies related to insect gut microbiota

见表 3。在 CNKI 数据库中,共现频次较高的关键词是“肠道细菌”“多样性”和“肠道菌群”。针对共现频次和中心性均最高的关键词“肠道细菌”进行单独分析得到相关的高被引文献表明,昆虫肠道细菌研究主要通过微生物分离培养和高通量测序等技术,聚焦东亚飞蝗、稻纵卷叶螟和小菜蛾等昆虫,探究其肠道细菌的多样性、性别间菌群数量差异和个体间群落结构差异等^[14-16]。这些研究为深入理解昆虫与肠道微生物的互作机制、昆虫生理生态适应策略及害虫防治提供了理论依据,也为挖掘昆虫肠道微生物资源(如功能菌株)奠定了基础。在 WOS 数据库中,频次较高的关键词是“Diversity”(多样性)、“Gut microbiota”(肠道菌群)和“Insects”(昆虫)。针对频

次最高的关键词“Diversity”(多样性)进行高被引文献分析,结果表明昆虫肠道微生物多样性是宿主系统发育、生态适应与微生物功能协同进化的结果,其结构与功能多样性直接影响宿主的生存、繁殖及生态角色,如鳞翅目幼虫的碱性中肠环境筛选出特定的耐碱菌群,而直翅目昆虫的肠道微生物群落组成与其食性密切相关。此外,群居昆虫如蚂蚁和蜜蜂等通过群居互动实现肠道微生物的垂直传递与水平扩散,形成了独特且一致的肠道群落,具有特殊功能^[17-20]。这些研究系统揭示了昆虫肠道微生物多样性的形成机制与功能价值,为深入理解昆虫-微生物共生体系的演化逻辑及开发基于菌群多样性的生态调控策略提供了重要理论依据。

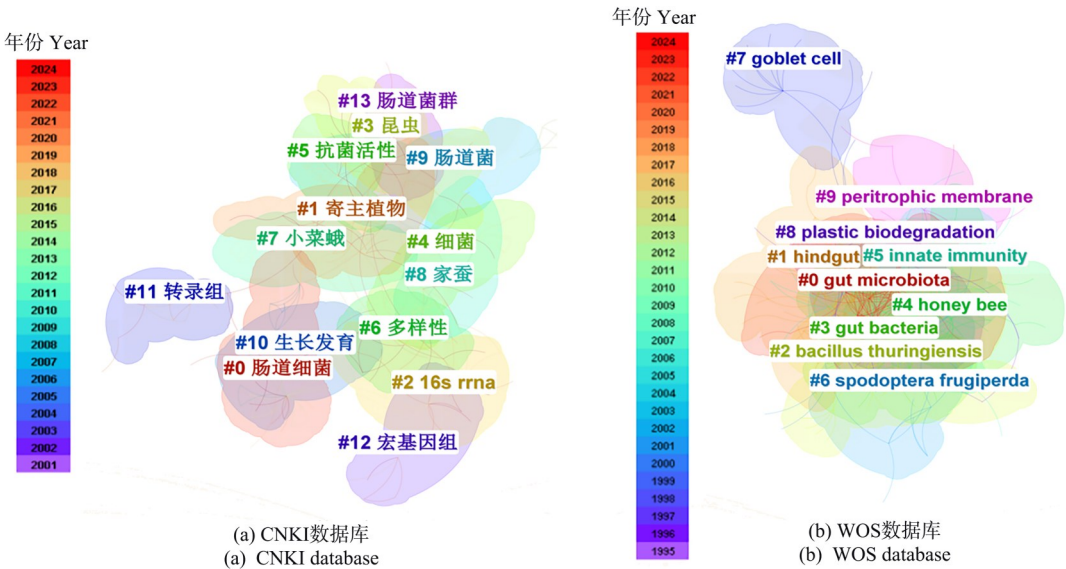
表 3 昆虫肠道微生物相关研究排名前 10 的关键词
Table 3 Top 10 keywords in studies related to insect gut microbiota

排名 Ranking	CNKI 数据库 CNKI database			WOS 数据库 WOS database		
	关键词 keyword	频次/次 Frequency	中心性 Centrality	关键词 keyword	频次/次 Frequency	中心性 Centrality
1	肠道细菌	84	0.40	Diversity	666	0.09
2	多样性	54	0.25	Gut microbiota	641	0.13
3	肠道菌群	46	0.17	Insects	375	0.08
4	16s rna	29	0.18	Bacteria	346	0.16
5	生长发育	27	0.12	Microbiota	269	0.03
6	家蚕	27	0.15	Community	206	0.05
7	16s rdna	24	0.09	Identification	180	0.08
8	昆虫	17	0.06	Evolution	169	0.05
9	小菜蛾	16	0.05	Gut bacteria	164	0.12
10	肠道	16	0.16	Symbionts	156	0.03

2.3.2 关键词聚类

关键词聚类结果见图 3。由图 3(a)可知,CNKI 数据库关键词共聚为 14 类,分别是“肠道细菌”“寄主植物”“16s rna”“昆虫”“细菌”“抗菌活性”“多样性”“小菜蛾”“家蚕”“肠道菌”“生长发育”“转录组”“宏基因组”和“肠道菌群”。由图 3(b)可知,WOS 数据库关键词共聚为 10 类,包括“Gut microbiota”(肠道菌群)、“Hindgut”(后肠)、“*Bacillus thuringiensis*”(苏云金芽孢杆菌)、“Gut bacteria”(肠道细菌)、“Honey bee”(蜜蜂)、“Innate immunity”(先天免疫)、“*Spodoptera frugiperda*”(草地贪夜蛾)、“Goblet cell”(杯状细胞)、“Plastic biodegradation”(塑料生物降解)和“Peritrophic membrane”(围食膜)。

通过对以上聚类结果分析可知,中、英文文献的昆虫肠道微生物研究既存在差异,又有着紧密的关联性。在基础研究层面,均重视肠道微生物多样性与组成研究,如中文文献针对小菜蛾和家蚕的研究利用 16S rRNA 测序技术解析菌群结构,为其防治和养殖提供依据^[21-22];英文文献注重对蜜蜂和草地贪夜蛾等肠道菌群的研究,同样借助宏基因组学等手段挖掘微生物组成特征^[23-24]。在应用与功能研究方面,二者展现出协同趋势,中文文献关注“抗菌活性”,挖掘肠道菌群代谢产物的抑菌潜力,英文文献聚焦苏云金芽孢杆菌对昆虫免疫的影响^[25],二者均致力于探索肠道微生物在害虫防治中的应用,为开发高效、绿色的微生物调控策略提供了多元思路



图中聚类数字大小和包含关键词多少成反比;连线表示聚类间的关系。
Size of clusters is inversely proportional to number of keywords included, connecting lines indicate relationship between clusters.

图3 昆虫肠道微生物相关研究关键词聚类图

Fig. 3 Keywords cluster map of studies related to insect gut microbiota

与技术储备。

2.3.3 关键词突现

CNKI数据库昆虫肠道微生物研究领域排名前15

的突现词如表4所示。突现强度最高的关键词是“肠道菌群”,强度为5.67,对其进一步分析得到相关高被引文献。其中,白竞^[26]结合微生物多样性分析与菌株

表4 CNKI数据库昆虫肠道微生物相关研究领域排名前15的突现词
Table 4 Top 15 prominent words in the field of insect gut microbiome-related research in the CNKI database

关键词 Keyword	年份 Year	强度 Strength	开始年份 Beginning year	结束年份 Ending year	2001—2024年
肠道 Intestinal	2006	5.47	2006	2010	
细菌 Bacteria	2006	4.34	2006	2011	
鉴定 Identification	2007	3.72	2007	2012	
肠道细菌 Gut bacteria	2005	2.13	2011	2012	
纤维素酶 Cellulase	2012	3.01	2012	2014	
共生细菌 Symbiotic bacteria	2012	1.97	2012	2016	
小菜蛾 <i>Plutella xylostella</i>	2013	3.23	2013	2014	
共生菌 Symbiotics	2004	2.22	2013	2018	
抗生素 Antibiotic	2013	2.09	2013	2016	
除草活性 Herbicidal activity	2014	2.28	2014	2015	
16S rDNA	2012	2.74	2016	2018	
多样性 Diversity	2008	4.52	2019	2021	
肠道菌群 Gut microbiota	2001	5.67	2020	2022	
生长发育 Growth and development	2014	4.39	2021	2022	
寄主植物 Host plant	2022	1.97	2022	2024	

注:红色部分表示该关键词在该时间段受到研究人员的高度重视;深蓝色部分揭示某个时间该领域研究关注度较低;浅蓝色部分表示该节点还未出现。下同。
Note: The red section indicates that the keywords was highly valued by researchers at that time, the dark blue section reveals that there was less research attention in the field at a given time, and the light blue section indicates that the node has not yet emerged. The same below.

分离鉴定,探究 5 种蝗虫肠道菌群的组成及差异,筛选出高效纤维素分解菌株,揭示该菌群对蝗虫消化纤维素的支撑作用,为蝗虫资源化利用与绿色防控提供了新思路。王兴红^[27]通过分子生物学等相关技术,阐明 RfPGRP-S1 对红棕象甲肠道微生态稳态及机体健康的关键作用,为基于肠道免疫调控的红棕象甲绿色防控提供新靶点与新思路。“寄主植物”是 2022 年突现的关键词,反映出当下昆虫与微生物和植物互作关系研究的前沿趋势。如桫欏叶蜂(*Rhopetroceros cyathea*)取食不同植物时,其肠道细菌和真菌的相对丰度存在显著差异,且某些核心微生物群在昆虫与寄主植物之间存在交换,表明寄主植物与昆虫肠道微生物之间存在密切的互作关系,这种互作关系对于昆虫的生态适应和进化具有重要意义^[28]。

WOS 数据库昆虫肠道微生物领域排名前 15 的突现词如表 5 所示。突现强度最高的关键词是“Hindgut”(后肠)、“Biodegradation”(生物降解)、“Polystyrene”(聚苯乙烯)、“Mineralization”(矿化作

用)、“*Spodoptera Frugiperda*”(草地贪夜蛾)等是 2022 年突现的关键词,反映了当前该领域的核心研究议题。通过分析相关高被引文献可知,聚苯乙烯在农业领域广泛应用,如农药缓释载体和地膜等,但其难以降解,导致农业生态系统中微塑料及纳米塑料浓度增加^[29],而微生物在塑料降解中发挥着重要作用,包括体外的环境微生物和昆虫肠道内的微生物。近年来的研究发现,某些昆虫可能依赖于肠道微生物或动物消化系统中的协同生物反应从而加速特定塑料的降解,其降解速率可达小时级别^[30]。例如,草地贪夜蛾幼虫取食聚苯乙烯后,其排泄物的热稳定性变差,含氧官能团增多,残留聚合物分子量显著降低,这表明幼虫的消化系统对聚苯乙烯进行了“加工”,使聚苯乙烯的结构和性质发生改变,促使聚苯乙烯发生生物降解。这种降解机制的发现,为开发塑料降解系统、挖掘昆虫肠道微生物资源提供了理论依据,也为解决聚苯乙烯等塑料的环境污染问题提供了新的思路和方法。

表 5 WOS 数据库昆虫肠道微生物相关研究领域排名前 15 的突现词

Table 5 Top15 prominent words in the field of insect gut microbiome-related research in the WOS database

关键词 Keyword	年份 Year	强度 Strength	开始年份 Beginning year	结束年份 Ending year	1995—2024 年
16s ribosomal	2000	8.34	2000	2014	
Transmission	2004	9.00	2004	2015	
Phylogenetic diversity	2004	8.53	2004	2015	
Midgut	2005	11.03	2005	2012	
Species novum	2005	8.49	2005	2015	
Hindgut	2007	17.33	2007	2017	
Gut	1998	9.66	2008	2013	
Evolution	2011	7.18	2011	2014	
Identification	2011	7.33	2012	2017	
Populations	2012	7.17	2017	2019	
Protein	2017	7.25	2020	2022	
Biodegradation	2022	7.98	2022	2024	
Polystyrene	2022	7.41	2022	2024	
Mineralization	2022	7.24	2022	2024	
<i>Spodoptera Frugiperda</i>	2022	7.12	2022	2024	

2.4 发文作者

图 4(a)为中文文献作者合作共现图。从发文

量角度分析,刘玉升的发文量最多,为 12 篇,是该领域的代表性作者;发文量≥5 篇的作者共有 5 位,共

培养方法,研究昆虫的营养生理活动,探讨昆虫肠道菌群的构成,为昆虫的资源开发及生物防治提供理论依据^[15]。熊智和熊忠平、李选文等来自同一团队,他们重点关注思茅松毛虫等昆虫幼虫肠道中的

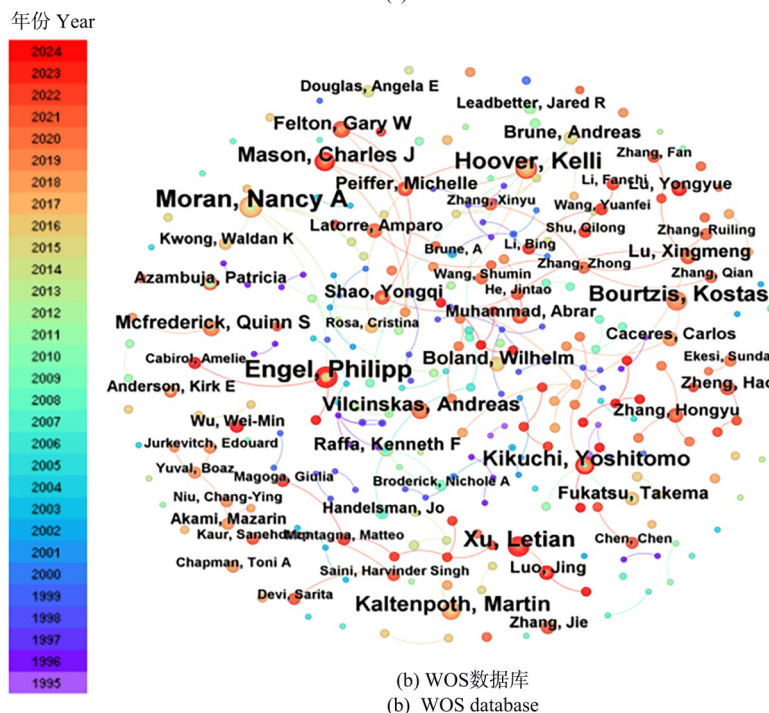


Fig. 4 Collaborative co-occurrence plot of the authors of the insect gut microbiome study

微生物,通过研究思茅松毛虫关键龄期幼虫肠道细菌的多样性特征,可系统厘清这类幼虫的肠道细菌资源储备与物种多样性分布规律^[31-32]。

图4(b)为英文文献作者合作共现图。从发文量来看,发文最多的作者为 Moran Nancy A(18篇),且该作者 H 指数高达 116,表明其研究成果在学术界获得广泛认可,对该领域发展影响深远。发文量 ≥ 5 篇的作者共有 34 位,共计发文 276 篇,34 位作者中有 9 位来自中国,表明中国学者在昆虫肠道微生物领域的研究中具有一定的影响力。从合作角度来看, Moran Nancy A 团队包括 Engel Philipp 和 Kwong Waldan K 等作者,该团队指出昆虫肠道为微生物的定殖提供了独特环境,且昆虫对肠道微生物的依赖程度与作用方式多样,这些肠道细菌能够通过营养代谢等多种机制,为宿主提供多种潜在益处^[33]。

2.5 研究机构及国家

2.5.1 研究机构

图5(a)为中文文献昆虫肠道微生物研究机构合作共现图。发文量位于前3的机构分别是华中农业大学(34篇)、福建农林大学(26篇)和西北农林科技大学(22篇),这些国内高校和科研机构在中文研究成果产出上表现突出。英文文献昆虫肠道微生物研究机构合作共现图见图5(b)。Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS)、United States Department of Agriculture (USDA) 发文量并列领先,均为 80 篇, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS) 以 67 篇位列第 3,体现了国际知名科研机构及我国农业科研领域机构的强大科研实力。进一步挖掘各机构间的合作紧密度与潜在合作关系,结果表明 WOS 数据库机构合作共现图中连线更为繁多且密集,这一差异反映出,在昆虫肠道微生物研究领域,国际机构之间的合作相较于国内机构更为紧密。目前,我国研究机构在该领域的合作交流程度仍有待提升,后续可进一步加强互动与协作,促进资源共享与优势互补,以推动相关研究迈向新高度。

2.5.2 国家合作网络分析

由昆虫肠道微生物研究的国家合作共现图(图6和图7)可知,该领域的研究力量主要集中在中国、美国和德国等国家。中国发文量为 660 篇,占总发文量的 30.10%,是主要研究国之一,彰显了强大的科研产出能力;在中心性指标上,美国以

0.33 领先中国,意味着美国学者在该领域的影响力处于全球领先地位,对研究方向的引领和资源整合能力更强,中国与德国紧随其后,在领域内也具备较高影响力。后续,我国可进一步加强国际合作,提升在国际科研合作网络中的核心地位,深化研究深度与广度,推动昆虫肠道微生物研究迈向新高度。

3 结论与展望

3.1 结论

本研究利用 CiteSpace 可视化分析软件,对 CNKI 和 WOS 数据库中截至 2024 年 12 月 31 日的昆虫肠道微生物研究相关文献进行分析,主要结论如下:

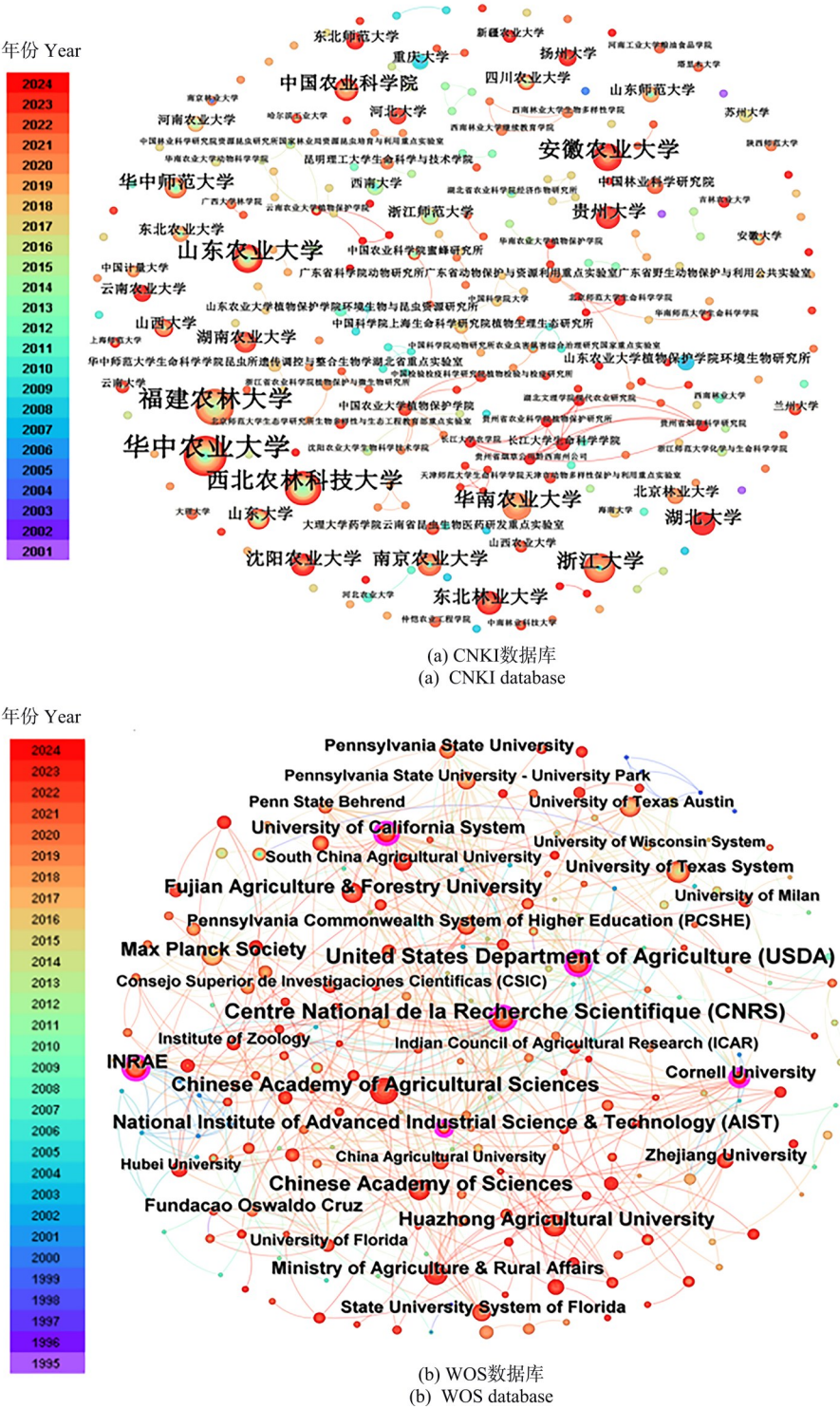
1)在发文量方面,昆虫肠道微生物研究领域的中、英文文献共计发表 2 791 篇。2006 年以来,中、英文文献发文数量均呈现稳步增长趋势,英文文献发文较早且研究参与度更高,发文量显著高于 CNKI 数据库,CNKI 数据库自 2010 年起发文量持续增加,逐渐缩小与 WOS 数据库间的差距。

2)在研究团队和合作情况方面,昆虫肠道微生物领域的研究者分布于全球多个国家,且各研究团队间已构建起一定的合作网络。核心研究力量集中于专业科研机构与高校,国内外具有代表性的机构为华中农业大学和 CNRS,这些机构的团队多以昆虫学和微生物学为核心研究方向,是领域内成果产出的主力。从合作网络来看,当前团队合作虽已初步形成,但整体合作密度仍有提升空间,尤其是国内团队在协作方面,与美国等研究影响力较强的国家相比,还存在进一步拓展的潜力。

3)在研究热点与前沿进展方面,中文文献的研究逐渐从基础的微生物鉴定和功能分析向更深入的机制探索和应用研究转变。英文文献研究则更加注重昆虫肠道微生物在生态和环境中的作用。相关研究不仅有助于深入理解昆虫与微生物之间的互作关系,还为昆虫微生物生态学的理论发展和应用提供了新的方向和思路。

3.2 展望

昆虫肠道微生物的研究领域较为广泛,目前已积累了丰富的研究成果,为未来昆虫肠道微生物的深入研究奠定了坚实的基础。根据当前的研究趋势和实际需求,对昆虫肠道微生物领域的未来研究



图中节点大小与机构发文量成正比;节点之间连线的数量与机构之间合作的紧密程度成正比。
Node size in diagram is proportional to institution's publication volume, number of connecting lines between nodes correlates with collaboration intensity between institutions.

图5 昆虫肠道微生物研究机构合作共现图

Fig. 5 Collaborative image of insect gut microbiota research institutions

提出如下展望：

昆虫肠道微生物与宿主之间的互作关系是昆虫生态适应和进化的重要基础^[34-35]。未来研究应更加注重

1)微生物功能与宿主互作机制的深入研究。

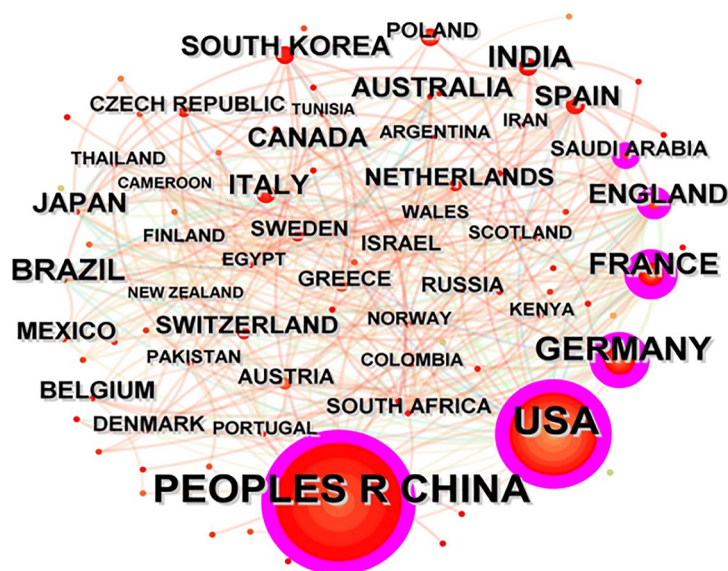


图 6 昆虫肠道微生物研究国家合作共现图

Fig. 6 Cooccurring map of national cooperation in insect gut microbiota research

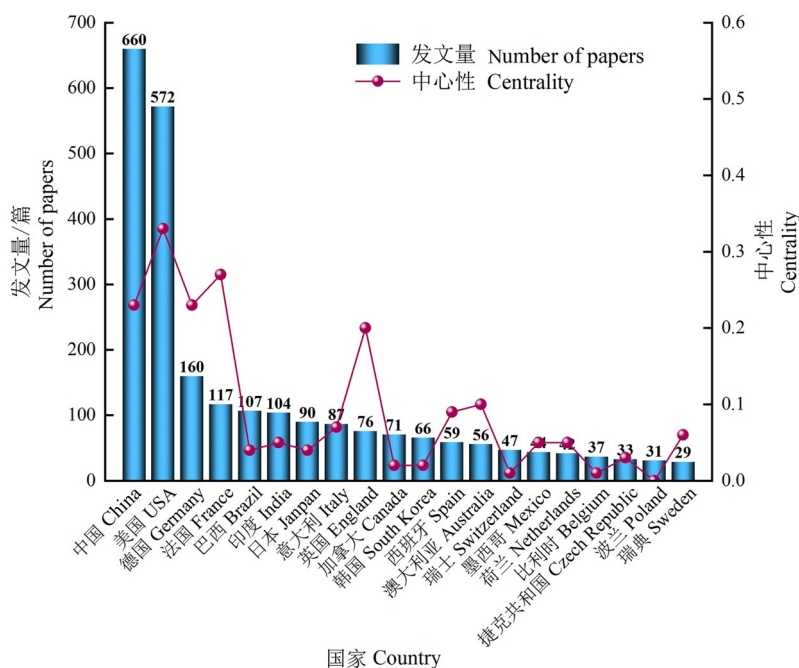


图 7 昆虫肠道微生物研究发文章量排名前 20 的国家

Fig. 7 Top 20 countries with the highest number of publications on insect gut microbiota research

重微生物在昆虫生长发育、营养代谢、免疫防御和行为调控中的具体作用机制。例如,研究肠道微生物如何通过分泌代谢产物影响昆虫的生理过程^[36],以及昆虫如何通过免疫系统调控肠道微生物群落的组成和功能^[37]。尽管在研究中,存在环境因素干扰等技术挑战,但可借助无菌昆虫模型和多因素野外试验解析因果关联与环境影响,同时整合微生物

组学、表观组学等技术深入理解昆虫与微生物之间的协同作用,为昆虫生态学和进化生物学研究开辟新方向^[38]。

2)多组学技术的联合应用。近年来,随着昆虫微生态研究的不断深入,昆虫肠道微生物的组学研究逐渐成为学术热点^[39]。其中,宏基因组学、蛋白质组学和代谢组学等前沿技术的广泛应用^[40],为深

入理解昆虫肠道微生物的功能机制提供了强有力的支撑。未来,多组学技术的联合应用将成为昆虫微生态研究的重要趋势。通过整合多种组学手段,能够全面解析昆虫肠道微生物的基因组成、蛋白质表达以及代谢产物之间的复杂关系,进而构建微生物、代谢物与宿主表型之间的逻辑关联^[41]。然而,多组学技术在数据类型、检测灵敏度和时空分辨率上差异显著,传统分析方法难以处理海量异构数据,且不同组学技术的实验流程、质控标准和定量方式缺乏统一规范。为此,可通过开发跨组学数据整合算法和标准化分析流程,利用机器学习构建数据关联模型,制定多组学联合实验技术规范等,以实现技术突破,推动昆虫肠道微生物研究深入发展。

3)微生物资源的开发与应用。昆虫肠道微生物具有丰富的生物多样性,其中许多微生物具有独特的代谢功能和潜在的应用价值^[42-43]。未来研究将更加重视从昆虫肠道微生物中筛选和开发具有特殊功能的菌株,如具有高效降解纤维素、木质素或其他难降解有机物的微生物,用于生物能源和生物材料的生产^[44-45];具有抗菌、抗病毒或抗寄生虫活性的微生物,用于开发新型生物农药或兽药^[46];能够促进植物生长或提高植物抗逆性的微生物,用于农业可持续发展^[41]。然而,这一过程也面临一定的技术难题,即昆虫肠道中大量微生物难以通过传统方法分离培养,且缺乏高效筛选特殊功能菌株的手段,导致潜在功能菌株难以获取^[21]。对此,可通过宏基因组挖掘结合微流控高通量筛选技术,突破不可培养微生物的分离瓶颈,快速锁定目标菌株;利用基因编辑技术优化菌株代谢途径,增强功能稳定性,从而推动昆虫肠道微生物资源从基础研究向实际应用的高效转化^[47-48]。

参考文献 References

- [1] Krams I A, Kecko S, Jöers P, Trakimas G, Elferts D, Krams R, Luoto S, Rantala M J, Inashkina I, Gudrū D, Fridmanis D, Contreras-Garduño J, Grantija-Ievija L, Krama T. Microbiome symbionts and diet diversity incur costs on the immune system of insect larvae[J]. *The Journal of Experimental Biology*, 2017, 220(Pt 22): 4204-4212
- [2] Zhang X C, Zhang F, Lu X M. Diversity and functional roles of the gut microbiota in lepidopteran insects[J]. *Microorganisms*, 2022, 10(6): 1234
- [3] Jang S, Kikuchi Y. Impact of the insect gut microbiota on ecology, evolution, and industry[J]. *Current Opinion in Insect Science*, 2020, 41: 33-39
- [4] Settanni L, Guarcello R, Gaglio R, Francesca N, Aleo A, Felis G E, Moschetti G. Production, stability, gene sequencing and in situ anti-*Listeria* activity of mundticin KS expressed by three *Enterococcus mundtii* strains[J]. *Food Control*, 2014, 35(1): 311-322
- [5] Jing T Z, Qi F H, Wang Z Y. Most dominant roles of insect gut bacteria: Digestion, detoxification, or essential nutrient provision[J]. *Microbiome*, 2020, 8(1): 38
- [6] Xiao X P, Yang L J, Pang X J, Zhang R D, Zhu Y B, Wang P H, Gao G J, Cheng G. A Mesh-Duox pathway regulates homeostasis in the insect gut[J]. *Nature Microbiology*, 2017, 2: 17020
- [7] Yang Y, Yang J, Wu W M, Zhao J, Song Y L, Gao L C, Yang R F, Jiang L. Biodegradation and mineralization of polystyrene by plastic-eating mealworms: Part I. chemical and physical characterization and isotopic tests [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49(20): 12080-12086
- [8] Lou Y, Ekaterina P, Yang S S, Lu B Y, Liu B F, Ren N Q, Corvini P F, Xing D F. Biodegradation of polyethylene and polystyrene by greater wax moth larvae (*Galleria mellonella* L) and the effect of co-diet supplementation on the core gut microbiome[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(5): 2821-2831
- [9] Yang Y, Wang J L, Xia M L. Biodegradation and mineralization of polystyrene by plastic-eating superworms *Zophobas atratus*[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 708: 135233
- [10] 董晨晨. 食木锯白蚁(*Microcerotermes* sp)肠道共生细菌多样性及其降解木质纤维素的功能特征[D]. 镇江: 江苏大学, 2023
- [11] Dong C C. The diversity of bacterial symbionts in *Microcerotermes* sp. guts and their potential functions toward lignocellulose biodegradation [D]. Zhenjiang: Jiangsu University, 2023 (in Chinese)
- [11] Pace N R. A molecular view of microbial diversity and the biosphere[J]. *Science*, 1997, 276(5313): 734-740
- [12] Li G N, Wu M H, Xiao Y, Tong Y J, Li S, Qian H Y, Zhao T F. Multi-omics reveals the ecological and biological functions of *Enterococcus mundtii* in the intestine of lepidopteran insects[J]. *Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics*, 2024, 52: 101309
- [13] 陈悦, 陈超美, 刘则渊, 胡志刚, 王贤文. CiteSpace 知识图谱的方法论功能[J]. 科学学研究, 2015, 33(2): 242-253
- [13] Chen Y, Chen C M, Liu Z Y, Hu Z G, Wang X W. The methodology function of CiteSpace mapping knowledge domains[J]. *Studies in Science of Science*, 2015, 33(2): 242-253 (in Chinese)
- [14] 刘玉升, 李明立, 刘俊展, 郑继法. 东亚飞蝗肠道细菌的研究[J]. 中国微生物生态学杂志, 2007, 19(1): 34-36, 39
- [14] Liu Y S, Li M L, Liu J Z, Zheng J F. Study on the intestinal bacteria in *L. migratoria manilensis*[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2007, 19(1): 34-36, 39 (in Chinese)
- [15] 刘小改, 杨亚军, 廖秋菊, 徐红星, 刘映红, 吕仲贤. 稻纵卷叶螟肠道细菌群落结构与多样性分析[J]. 昆虫学报, 2016, 59(9): 965-976
- [15] Liu X G, Yang Y J, Liao Q J, Xu H X, Liu Y H, Lu Z X. Analysis of the bacterial community structure and diversity in the intestine of *Cnaphalocrocis medinalis*(Lepidoptera: Pyralidae)[J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2016, 59(9): 965-976 (in Chinese)
- [16] 吴晓露, 夏晓峰, 陈俊晖, Geoff M. GURR, 尤民生. 取食不同食物对小菜蛾幼虫肠道细菌多样性的影响[J]. 昆虫学报, 2019, 62(10): 1172-1185
- [16] Wu X L, Xia X F, Chen J H, Gurr G, You M S. Effects of different diets on the diversity of larval gut bacteria of the diamondback moth, *Plutella xylostella* (Lepidoptera: Plutellidae)[J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2019, 62(10): 1172-1185 (in Chinese)
- [17] Dow J. pH gradients in lepidopteran midgut[J]. *The Journal of Experimental Biology*, 1992, 172(Pt 1): 355-375

- [18] Liu Y T, Zhao L N, Qiu Z Y, Yuan H. The gut microbiota diversity of five Orthoptera (Insecta, Polyneoptera) insects determined by DNA metabarcoding[J]. *Biodiversity Data Journal*, 2023, 11: e98162
- [19] Suenami S, Koto A, Miyazaki R. Basic structures of gut bacterial communities in eusocial insects[J]. *Insects*, 2023, 14(5): 444
- [20] Engel P, Moran N A. The gut microbiota of insects-diversity in structure and function[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2013, 37(5): 699-735
- [21] 夏晓峰, 郑丹丹, 林海兰, 尤民生. 小菜蛾幼虫中肠细菌的分离鉴定[J]. 应用昆虫学报, 2013, 50(3): 770-776
- Xia X F, Zheng D D, Lin H L, You M S. Isolation and identification of bacteria from the larval midgut of the diamondback moth, *Plutella xylostella* [J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2013, 50(3): 770-776 (in Chinese)
- [22] 刘桂伽, 陈永静, 孙庆业, 张明珠. 桑叶叶际和家蚕肠道细菌群落结构及功能分析[J]. 安徽农业大学学报, 2022, 49(4): 603-610
- Liu G J, Chen Y J, Sun Q Y, Zhang M Z. Analysis of bacterial community structure and function of phyllosphere in mulberry leaf and *Bombyx mori* intestine[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2022, 49(4): 603-610 (in Chinese)
- [23] Zhang Z J, Mu X H, Cao Q N, Shi Y, Hu X S, Zheng H. Honeybee gut *Lactobacillus* modulates host learning and memory behaviors via regulating tryptophan metabolism[J]. *Nature Communications*, 2022, 13: 2037
- [24] Chen J, Ma Y J, Huang S X, Li J B, Zhang Y H, Wang H Z, Qi G J, Shi Q X, Zhang Z F, Yang M Y, Chen H X, Pang R. The dynamics of the microbial community in fall armyworm Spodoptera frugiperda during a life cycle[J]. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 2023, 171(7): 502-513
- [25] Polenogova O V, Klementeva T N, Kabilov M R, Alikina T Y, Krivopalov A V, Kruykova N A, Glupov V V. A diet with amikacin changes the bacteriobiome and the physiological state of *Galleria mellonella* and causes its resistance to *Bacillus thuringiensis*[J]. *Insects*, 2023, 14(11): 889
- [26] 白竞. 5种蝗虫肠道微生物多样性分析及纤维素分解菌的分离鉴定[D]. 保定: 河北大学, 2021
- Bai J. Analysis of intestinal microbial diversity of five species of grasshoppers and isolation and identification of cellulose degrading bacteria [D]. Baoding: Hebei University, 2021 (in Chinese)
- [27] 王兴红. 肽聚糖识别蛋白RfGRP-S1在红棕象甲肠道菌群稳态维持过程中的作用机理[D]. 福州: 福建农林大学, 2018
- Wang X H. PGRE-S1 downregulates the intestinal immunity to maintain the homeostasis of gut microbiota in *Rhynchophorus ferrugineus* Olivier [D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2018 (in Chinese)
- [28] Zhang B C, Yang W C, He Q Q, Chen H D, Che B J, Bai X J. Analysis of differential effects of host plants on the gut microbes of *Rhoproceros cyathae* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1392586
- [29] Jiang M, Wang B Q, Ye R, Yu N, Xie Z M, Hua Y J, Zhou R H, Tian B, Dai S. Evidence and impacts of nanoplastic accumulation on crop grains[J]. *Advanced Science*, 2022, 9(33): 2202336
- [30] Yang X G, Wen P P, Yang Y F, Jia P P, Li W G, Pei D S. Plastic biodegradation by *in vitro* environmental microorganisms and *in vivo* gut microorganisms of insects[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 1001750
- [31] 包书军, 熊智, 李雕益, 李选文, 熊忠平, 罗曼. 思茅松毛虫2龄幼虫肠道可培养细菌的多样性[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(1): 97-102
- Bao S J, Xiong Z, Li D Y, Li X W, Xiong Z P, Luo M. Diversity of intestinal cultivable bacteria from 2nd instar larvae of *Dendrolimus kikuchii* [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2022, 50(1): 97-102 (in Chinese)
- [32] 罗曼, 熊忠平, 熊智, 李选文, 李雕益, 包书军. 思茅松毛虫3龄幼虫肠道可培养细菌的多样性[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(21): 128-133
- Luo M, Xiong Z P, Xiong Z, Li X W, Li D Y, Bao S J. Diversity of culturable bacteria in intestines of the 3rd instar larvae of *Dendrolimus kikuchii* [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(21): 128-133 (in Chinese)
- [33] 燕晓翠, 杨春蕾, 姚大为, 马毅, 胡香玉, 白忠良, 郑成江, 范寰. 抗菌肽的国内外研究进展[J]. 天津农业科学, 2017, 23(5): 35-41
- Yan X C, Yang C L, Yao D W, Ma Y, Hu X Y, Bai Z L, Zheng C J, Fan H. Research progress on domestic and abroad of antibacterial peptides[J]. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2017, 23(5): 35-41 (in Chinese)
- [34] Suen G, Scott J J, Aylward F O, Adams S M, Tringe S G, Pinto-Tomás A A, Foster C E, Pauly M, Weimer P J, Barry K W, Goodwin L A, Bouffard P, Li L, Osterberger J, Harkins T T, Slater S C, Donohue T J, Currie C R. An insect herbivore microbiome with high plant biomass-degrading capacity[J]. *PLoS Genetics*, 2010, 6(9): e1001129
- [35] Salem H, Florez L, Gerardo N, Kaltenpoth M. An out-of-body experience: The extracellular dimension for the transmission of mutualistic bacteria in insects[J]. *Proceedings Biological Sciences*, 2015, 282(1804): 20142957
- [36] 付俊瑞, 冯启理, 邓惠敏. 肠道菌群影响昆虫生殖的研究进展[J]. 应用昆虫学报, 2024, 61(2): 237-245
- Fu J R, Feng Q L, Deng H M. Advances in understanding the effects of gut microbiota on insect reproduction [J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2024, 61(2): 237-245 (in Chinese)
- [37] Shamjana U, Vasu D A, Hembrom P S, Nayak K, Grace T. The role of insect gut microbiota in host fitness, detoxification and nutrient supplementation[J]. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2024, 117(1): 71
- [38] Wu J H, Wang Q Q, Wang D D, Wong A C N, Wang G H. Axenic and gnotobiotic insect technologies in research on host-microbiota interactions[J]. *Trends in Microbiology*, 2023, 31(8): 858-871
- [39] 胡紫媛, 夏婧. 昆虫肠道菌群组学研究及功能和应用进展[J]. 生物技术通报, 2021, 37(1): 102-112
- Hu Z Y, Xia Q. Advances in the histology study, function and application of insect intestinal flora[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2021, 37(1): 102-112 (in Chinese)
- [40] 方琦, 姚洪渭, 叶恭银. 蛋白质组学在昆虫学研究中应用进展[J]. 浙江农业学报, 2006, 18(6): 466-470
- Fang Q, Yao H W, Ye G Y. Advance in application of proteomics in entomological researches[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2006, 18(6): 466-470 (in Chinese)
- [41] 崔艺琳, 俞晓平, 李丹婷. 水稻害虫代谢组学研究概况与展望[J]. 应用昆虫学报, 2022, 59(5): 950-959
- Cui Y L, Yu X P, Li D T. Current progress and prospects for future research on the rice pest metabolomes[J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2022, 59(5): 950-959 (in Chinese)
- [42] 周帆, 庞志倡, 余小强, 汪肖云. 昆虫肠道微生物的研究进展和应用前景[J]. 应用昆虫学报, 2020, 57(3): 600-607
- Zhou F, Pang Z C, Yu X Q, Wang X Y. Insect gut microbiota research: Progress and applications[J]. *Chinese Journal of Applied Entomology*, 2020, 57(3): 600-607 (in Chinese)
- [43] 马玲, 曹靖瑜, 白建洋, 徐喆, 李璐, 张月, 闵梦茹. 昆虫肠道微生物及其功能研究方法进展[J]. 昆虫学报, 2023, 66(10): 1415-1424
- Ma L, Cao J Y, Bai J Y, Xu Z, Li L, Zhang Y, Min M R. Research progress in insect gut microbes and the methods for studying their functions[J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2023, 66(10): 1415-1424 (in Chinese)
- [44] 羊桂英, 朱娅宁, 谢晓俊, 周琪欢, 莫建初. 白蚁-共生微生物系统降解木质纤维素研究进展[J]. 微生物学报, 2020, 60(12): 2621-2634
- Yang G Y, Zhu Y N, Xie X J, Zhou Q H, Mo J C. Advances in termite-symbiotic microbe system in degradation of lignocelluloses [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, 60(12): 2621-2634 (in Chinese)

- [45] 刘松. 竹虫(*Omphisa fuscidentalis*)肠道微生物多样性及纤维素酶学特性研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2017
- Liu S. Study on the microbial diversity and enzymatic activity of *Omphisa fuscidentalis* hampton [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2017 (in Chinese)
- [46] Chemla Y, Sweeney C J, Wozniak C A, Voigt C A. Design and regulation of engineered bacteria for environmental release[J]. *Nature Microbiology*, 2025, 10(2): 281-300
- [47] Cheng X W, Wang C, Yang J Z, Liu D, Liao Y T, Wang B, Han S Y, Zhang X, Zheng H, Lu Y. Nanotransducer-enabled wireless spatiotemporal tuning of engineered bacteria in bumblebee[J]. *Small*, 2023, 19(36): e2301064
- [48] Hu W Q, Gao H, Cui C L, Wang L H, Wang Y G, Li Y F, Li F, Zheng Y T, Xia T Y, Wang S B. Harnessing engineered symbionts to combat concurrent malaria and arboviruses transmission[J]. *Nature Communications*, 2025, 16: 2104

责任编辑: 申青苗



第一作者简介: 邢瑜, 农学硕士。2024年毕业于北京林业大学, 现从事植物检疫相关工作。以第一作者发表论文3篇, 其中SCI论文1篇; 以第一完成人发布团体标准1项。曾获北京林业大学优秀研究生、优秀毕业生等荣誉称号。



通讯作者简介: 宗世祥, 博士, 北京林业大学林学院森林保护学科教授、博士生导师。主要从事林木钻蛀性害虫监测预警与生态调控技术研究。兼任中国林学会森林昆虫分会副主任委员、中国昆虫学会林业昆虫专业委员会副主任、林木有害生物防控北京市重点实验室主任、国家林草局“林业有害生物防控创新团队”负责人、《应用昆虫学报》《植物保护》期刊编委。主持“十三五”国家重点研发课题和自然科学基金等多个项目。获国家科学技术进步奖二等奖和梁希林业科学技术奖一等奖。以第一作者或通讯作者在国内外发表学术论文120余篇, 其中SCI论文67篇; 以第一完成人发布林业行业标准3项; 以第一发明人获授权国家发明专利5项, 实用新型专利2项。