

生物育种领域知识结构演化分析

郝心宁 孙巍 张学福

(中国农业科学院农业信息研究所, 北京 100081)

摘要: 生物育种技术经历了漫长的发展, 从最早的常规杂交育种方法发展成为以遗传学、细胞生物学、生物工程学等学科为基础理论的现代生物技术。生物育种领域包含了作物育种和植物育种研究方向, 对生物育种研究领域 2008-2012 年间知识结构演化进行分析, 对该年间研究主题的变化情况、著者合作情况以及国家合作情况进行了详细描述和展示, 并对生物育种研究领域的发展前景和研究方向进行了预测。

关键词: 生物育种 知识结构 知识演化 合作网络 主题演化

An Analysis of Knowledge Structure Evolution on Biological Breeding Field

Hao Xinning Sun Wei Zhang Xuefu

(Agricultural Information Institute of CAAS, Beijing 100081)

Abstract: Biological breeding technology has undergone a long development. From the earliest traditional cross breeding method develop to modern biological techniques, which consist of genetics, cell biology and bio-engineering basic theories. Biological breeding research field includes crop breeding and plant breeding research area. The evolution process of knowledge structure between 2008 and 2012 in biological breeding field was analyzed in this research. Described and displayed in details on the changes of research topic, co-author and country cooperation networks. Finally, development foreground and research directions were discussed.

Key words: Biological breeding Knowledge structure Knowledge evolution Cooperation network Topic evolution

19 世纪以来, 物理、化学、数学等基础科学的理论和技术的发展, 提供了许多新的技术和手段, 产生了许多交叉学科。生命科学技术便是其中之一。生命科学始于 20 世纪 50 年代, 英国物理学家克里克和美国生物学家沃森在《Nature》杂志发表了 DNA 分子双螺旋结构模型。随后分子生物学开始兴起并对农业、工业和医药领域的发展产生了巨大影响。进入 70 年代, 随着限制性内切酶的发展和 DNA 杂交技术的应用, 分子生物学得到了进一步发展, 进入到基因工程这一新领域, 生物技术通过对 DNA 链的精准剪切与有目的地重组, 使改良生物的性状与质量成为可能。随后由于电子计算机的飞速发展, 使人类有能力破译自身的遗传密码, 不仅包

括人类的基因组, 也包括动物和植物的基因组, 例如水稻、玉米、小麦等物种的基因组。当下, 人类已进入了后基因组以及蛋白质组学时代, 大规模地开展蛋白质等生物大分子的结构与功能研究。

生命科学技术在农业领域的应用甚广, 其中比较显著的领域有农作物育种、动物疫苗、生物饲料和生物农药等。而生物育种又是目前发展最快、应用最广的一个领域。生物育种是指利用遗传学、细胞生物学、现代生物工程技术等方法原理培育生物新品种的过程。可培育出具有优良性状的生物新品种, 提高农作物产量和品质。生物育种技术跟随生命科学的发展历程也经历了漫长的发展过程。常规育种方法包含杂交育种、杂种优势利用等方法, 随

收稿日期: 2013-06-14

基金项目: 十二五国家科技支撑计划课题 (2011BAH10B06)

作者简介: 郝心宁, 女, 博士研究生, 研究方向: 信息管理; E-mail: xinninghao@gmail.com

通讯作者: 张学福, 男, 博士生导师, E-mail: zhangxf@caas.net.cn

着分子生物学的发展和应用，细胞工程育种、基因工程育种等方法也相继发展起来。此类方法育种周期短、针对性强、适用范围广，因此迅速发展起来。其中转基因育种被认为是人类有史以来发展最快的技术之一，该技术于1985年首次用于研制转基因作物，在随后的几十年间，从以抗除草剂和抗虫性为主的第一代转基因作物正逐渐过渡到依靠自身特性进一步提高产量的第二代转基因作物^[1]。同时随着蛋白质组基因组学的发展，又产生了分子标记育种、分子设计育种、基因组重测序等方法。分子标记技术辅助育种缩短了育种年限，提高育种效率。而分子设计育种则是以生物信息学为平台，利用基因组学和蛋白组学，根据具体作物的育种目标和生长环境，先在计算机上设计最佳方案再进行试验的新型育种方法^[2]。

育种技术从最初常规育种方法到转基因育种时代再到近些年的分子标记、全基因组重测序等方法，现已形成多学科交叉、多种方法并存的格局。目前大部分作物生产还采用常规育种方法，但该方法需要时间较长，育种过程也比较复杂，通过改良品种可以提高作物产量但当作物单产量到达瓶颈阶段时若要进一步提高单产，对新品种就提出了更高的要求，这就需要在常规育种的基础上利用生物技术。因此在育种领域，不管何类作物都将不可避免的广泛的使用生物技术。科学技术的飞速发展使得生物育种领域研究面临的问题也日益复杂，各个学科交错互融，某个学科领域的发展也会对其他领域产生巨大的影响，从而影响到生物育种领域大方向的转变。生物育种科学经过半个多世纪的飞速发展，科技文献数量迅猛增加，本研究利用图1所示方法，从海量文献中，经过过滤和一系列加工步骤，对生物育种领域近些年的发展情况进行分析，详细展示领域内各个学科的发展状态与主要研究方向，发现生物育种领域各学科之间的交叉和融合，对生物育种领域未来的发展趋势进行了预测。

本研究选择SCI的网络版web of knowledge对研究主题为biological breeding (s)、crop breeding (s)、plant breeding (s)以及bio breeding (s)方向的文献进行检索，以图1所示，构建了生物育种领域知识结构分析流程，将2008–2012年间生物育种领域

知识构成的变化情况进行分析。本研究首先对标题、关键词和摘要3部分的词语进行统计，作为分析生物育种领域知识构成的主题词语集合，并将作者和国家一并进行统计，以辅助说明生物育种领域知识结构变化和流动的原因。在分析中采取共词分析方法，按共现次数生成矩阵并采用k-means聚类法，最终实现可视化图形。

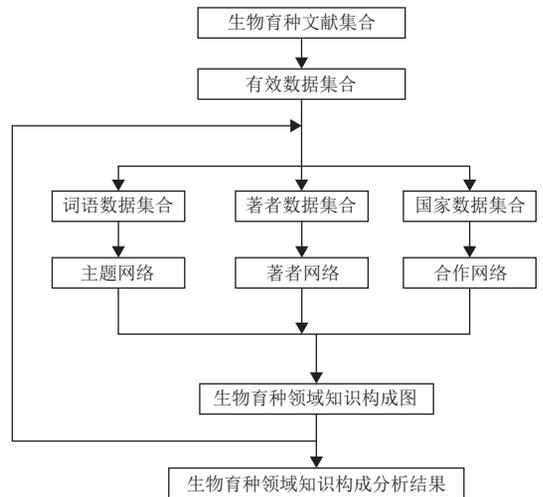


图1 生物育种领域知识结构分析流程

1 生物育种领域涉及的学科和研究方向

2008–2012年间生物育种领域共发表8 653篇文献，在每篇文章可属多个研究方向的前提下，2008–2012年间，所有文献涉及到农业、生物、环境、化学、食品等学科的63个研究方向，其中所占比例最大的为农业方向，总共有3 757篇文献，占全部文献量的43.4%，植物科学、遗传学和微生物工程学分别以34.1%、14.3%和10.0%位居第二至第四位，此外还有环境生态学、生物化学与分子生物学、动物科学、食品科学等研究方向，但所占比例均低于10%（图2）。由此可见，生物育种领域的理论和技术知识涉及到了多个学科的大部分研究方向，主要集中在农业、植物、遗传和环境等学科方向，是一个高度交叉的学科领域，要求研究者具有较丰富的研究背景和扎实的研究理论。

2 生物育种领域的研究主题情况

生物育种研究领域包括作物育种和植物育种两个子领域，产量增长是现代农业育种中的主要目标。

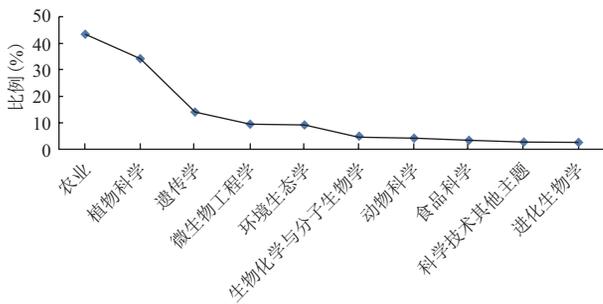


图2 2008-2012年生物育种领域发表文献所属研究方向 (数据来自SCI数据库)

图3所示2008–2012年间,生物育种领域的研究以分子标记辅助育种、基因组学、安全评价、种质资源选择以及抗逆品种选择等相关研究方向为主;从品种上看,主要以水稻、大豆、番茄等为主;而在技术方面则以转基因、分子标记、基因组学相关技术为核心。

2008–2012年间,生物育种领域的核心研究主题比较固定,均为分子标记辅助育种、基因组测序以及种植资源选择3个方面。作物质量的形状则由单基因控制^[3],而其他重要性状,如产量、品质和抗性数量性状由多个基因控制,表现形式为连续变异,且受环境影响较大。从生物学角度看,多基因控制的性状的遗传基础更为复杂,需要靠分子标记技术来辅助育种^[4]。这也是为什么主题网络中与分子育种相关的主题每年同样也会处于网络核心位置的原因,该主题类是当下生物育种领域最受关注的研究方向。分子标记是一种遗传标记,由最早的形态标记、细胞学标记、生化标记3个阶段发展而来。分子标记技术是一种以遗传标记,分子多态性为基础技术,反映了物种表现型的遗传多态性分布。20世纪后期,分子标记技术得到了迅猛的发展,广义分子标记定义指通过检测DNA序列或蛋白质得到的可遗传的物质,狭义分子标记定义仅指DNA分子标记。该技术即可以检测物种内的遗传多样性,也可以在不同物种间进行比较。目前广泛应用的DNA分子标记有限制性片段长度多态性(RFLP)、随机扩增多态性DNA(RAPD)、扩增酶切片段长度多态性(AFLP)、简单序列重复长度多态性(SSR)和单核苷酸多态性(SNP)等^[5]。从主题网络看,最近几年QTL定位方法相关的主题聚类,一直处于网络

核心位置,SSR相关技术于2008–2010年一直在核心主题内出现。

在一般研究主题中,2008年为抗旱耐盐抗逆品种选育、生态安全、转基因技术减少镰刀霉病菌、授粉繁殖等。2009年的一般研究主题为生态安全评价、芸苔属蔬菜抗病、抗逆品种选育、转基因技术与镰刀霉、授粉繁殖等方面,其中SNP技术首次出现于主题网络内,RAPD和PCR相关主题消失,表明从该年起,SNP相关研究主题开始大量涌现。2010年一般研究主题为拟南芥遗传转基因研究、自交授粉、栽培稻耐盐抗旱抗逆品种选育、生态环境评价等方向,其中拟南芥相关研究主题首次出现在网络内,RAPD相关主题消失两年后重新出现在网络内。2011年的一般研究主题为气候变化对生物量的影响、体外繁殖与克隆再生技术、水稻小麦玉米的抗逆品种选育、拟南芥转基因研究、生态评价,其中PCR相关主题重新出现在主题网络,于棉花以及栽培稻抗病研究中应用,SSR分子标记技术类主题消失。2012年一般研究主题为拟南芥遗传调控研究代谢途径研究、回交转育、抗逆品种选育、转基因检测技术、授粉繁殖和外来物种入侵与生态多样性保护等研究主题。

综合图3各主题网络可知,近些年随着新一代高通量测序技术应用的越来越多,黄瓜、白菜、棉花、水稻、大豆和烟菜的基因组测序都已完成,这就为重新设计遗传图谱和基因组分析中的基因分型提供了机会,借助生物信息学的分析工具和分析方法,更好地为生物育种领域所用,因此与基因组学相关的研究主题例如QTL定位构建连锁图谱等研究主题,一直处于生物育种领域的核心位置^[6,7]。

从品种上分析,本领域研究比较度比较深入的品种为水稻方面的主题。水稻相关主题研究在网络中出现的次数也比较多。水稻作为亚洲人的主要食品,继2002年水稻全基因组和四号染色体测序完成之后,中国在植物基因组研究方面继续取得重大进展^[8],与水稻相关的文献增长迅速。众多国内外研究学者在水稻产量决定的遗传机制和作物基因组研究方面获得了一系列突破,研究涉及水稻株型功能基因组、水稻开花控制和种子发育、生殖隔离机制以、水稻农艺性状的遗传调控等方面都有突破^[9,10]。此

外还围绕基因与基因进化，水稻基因组学分析，并且由基因组学进入了蛋白质组学领域^[11]。2000年以来，中国学者在生物育种领域的论文被SCI收录的数量逐年上升，按发表学者的国家统计，中国现已升至第二位，因此也带动了与水稻相关研究主题的发展。其他作物植物，如大豆、玉米、番茄和马铃薯也是生物育种领域这些年研究比较多的品种。

拟南芥作为一种模式植物，近些年围绕其相关的研究逐渐增多，特别是拟南芥转基因研究非常热

门，此种模式植物基因组简单、生命周期短，特别适合进行遗传分析、基因克隆和功能研究，可对农作物抗逆和环境保护等研究领域起重要作用^[12]。

由于环境污染导致土壤酸化对农业生产造成严重威胁。主题网络显示，土壤生态学研究方向一直是生物育种领域的固定研究主题。干旱影响植物生长和农业产量，而非生物胁迫的适应激励，对干旱氧化、盐以及冷胁迫都需要更好的突破。同时在二代转基因研究中，重点的关注方向已由早期的抗除

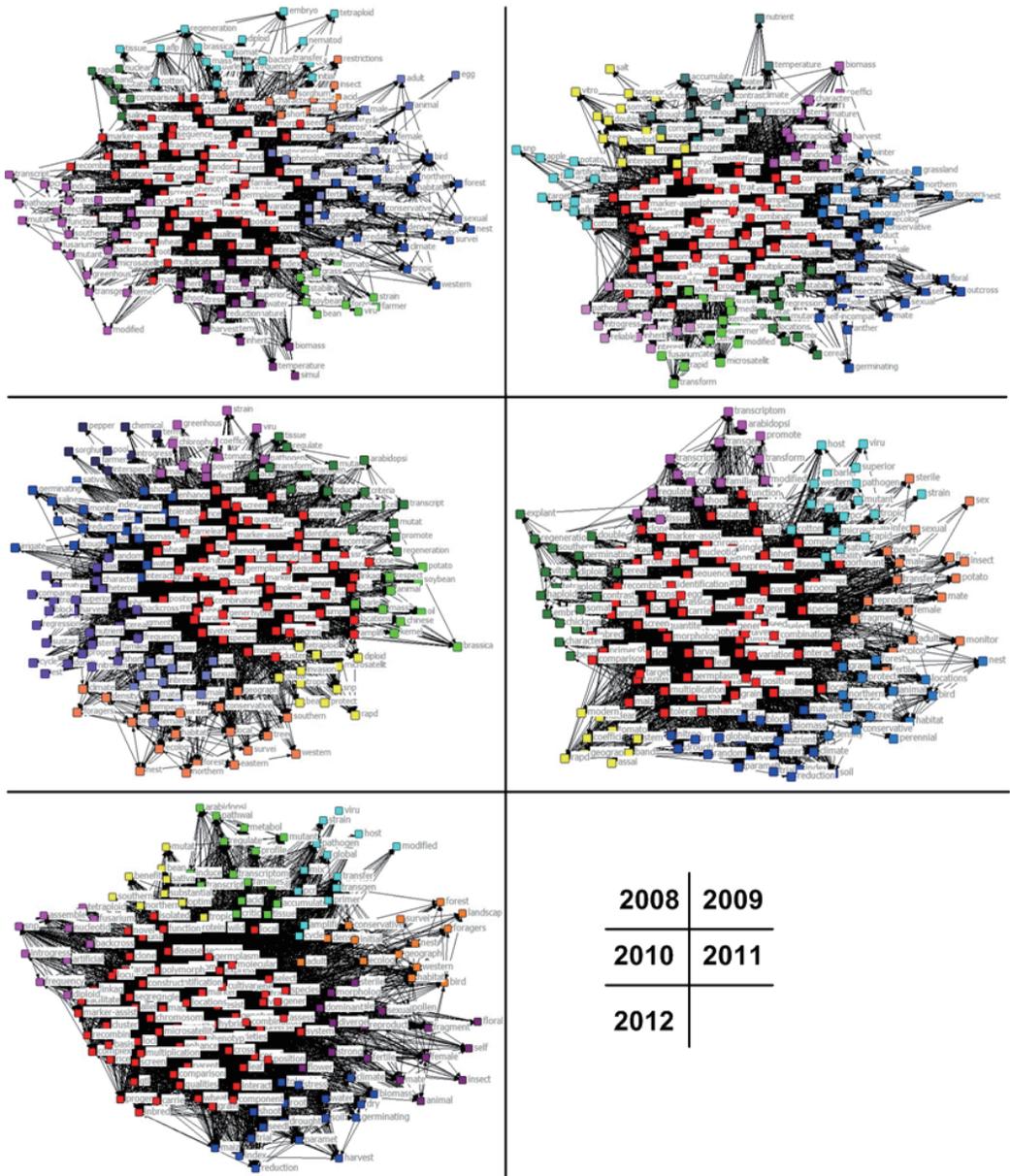


图3 2008–2012年生物育种领域的主题网络

草剂发展到适应环境、抗旱耐盐碱、改良品质方向。

3 生物育种领域的作者合作情况

科研合作可在同领域或不同领域的学者相互配合，是将小范围的资源和知识传播出去的有效途径，核心作者处于整个合著网络的中心位置，在合著网络中起关键作用，对于提高整体科研实力等方面发挥着重要作用。生物育种领域作者合作的情况在2000年以前都是以小范围间合作发表论文的方式为主，合作小团体中的成员数也比较少，各个团体之间相互不联系，随后合作的方式开始发生变化合著量开始增长，学术团体明显增多，并且有些学术团体数量比较多，小团体间联系也逐渐增多，2008年，

各学术团体联系较少，但随着著者间的协作趋势继续向团体化、团体之间网络化协作靠近。到2010年，著者网络发生了明显变化，团体之间的协作愈加密切，绝大部分著者形成了以某个著者为中心向外扩散，最终形成了一个大的协作网络，包含了网络内大部分的著者（图4）。由此可以看出，在发展后期，学者间的学术交流范围不断扩大，大部分高产作家都是通过与他人合作共同完成文献发表的。随着生物育种领域的发展，合作团体正逐渐朝着集中化发展，领域内的重要学者间都有不同程度的合作，研究方向一致，而另几个合作人员较少但是发文量较大的合作团体中，一直保持未有变化，可能是该合作团体关注特定的研究方向，且研究较深入并获得



图4 2008-2012年生物育种领域的作者合作网络

了一定认可，处于生物育种领域内不可或缺的地位，所以既未有其他学者融入同时该团体发文量较大，因此未从著者合作网络中消失。

4 生物育种领域的国家合作情况

生物育种领域文献发表量排名靠前的国家以欧洲和北美国家为主，长期以来，美国一直居于首位，日本、印度等亚洲国家可进入 TOP10 名单，但处于排名相对偏后的位置。中国自 20 世纪 90 年代起，与其他国家的交流逐渐增多，随着研究实力的提高，自 2003 年开始，发文量稳步提高，至 2006 年成为了仅次于美国排名第二的国家。总体说来，本领域内技术雄厚的仍然以欧洲和北美国家为主。

美国长期以来一直处于生物育种领域的核心地位，大部分国家与美国有学术上的合作关系。而中

国虽然在发文量上逐渐增多并升至第二位，但在合作网络中与其他国家的交流并无显著增长，大部分属于本国内部的合作交流。图 5 展示了生物育种领域内各国家间的合作情况，越是处于网络中心位置的国家，在领域内越占有重要的地位。2008 年的网络中，美国、中国、荷兰和德国等国家属于一个聚类，英国、比利时等欧洲国家同属一个聚类，同一聚类内的国家合作较为频繁。在 2008–2011 年间，生物育种领域中，合作最广、合作次数最多的国家为美国，但是 2012 年中国超过美国成为了合作次数最多的国家，合作范围也从之前以欧洲、亚洲国家以及美国为主的状况扩大至非洲和南美的国家中。英国、德国和法国作为传统的科研实力雄厚的国家，与其他国家的交流也比较多，2008–2010 年间，该美国

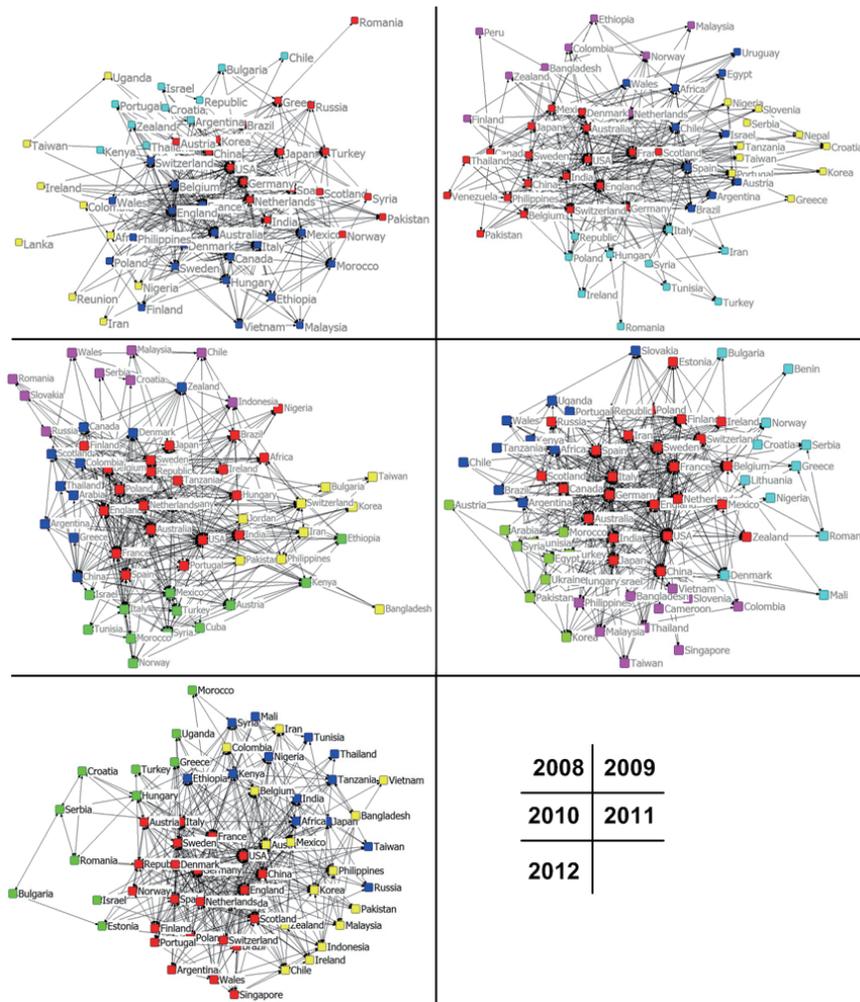


图 5 2008–2012 年生物育种领域的国家合作网络

家与区域内其他国家的交流比较多,与大部分论文产量比较大的欧洲国家都建立起联系,2011年起,逐渐也与南美、非洲、大洋洲的国家建立了合作关系。

5 结语

近些年,生物育种领域的研究以分子标记辅助育种、基因组学、种质资源选择相关研究方向为主,外来物种入侵与生态多样性保护、抗逆品种选育、抗旱改良以及转基因改良育种等几个研究方向虽然属于中等规模主题,但几年间一直稳定存在;从品种上看,主要以水稻、大豆、番茄等为主;而在技术方面则以转基因、分子标记、基因组学相关技术为核心。欧美等技术强国在生物育种领域的研究中一直处于领先地位,美国是本领域技术的核心国家,与世界大部分国家有学术上的合作关系,中国近些年在本领域逐渐地位逐渐上升,与其他国家交流频繁,并于2012年首次超过美国成为合作发表文献最多的国家,本领域的专家学者间的交流与合作也逐渐增多,近年已形成大的合作团体。

随着基因组学、代谢组学理论的发展,以及高通量测序和重测序技术的日渐成熟,未来生物育种领域,将继续以分子标记辅助育种、全基因组重测序技术以及抗逆耐盐抗旱品种选育3个研究方向为主。各个国家间的交流也将越来越频繁,从而更好地带动生物育种领域的发展。

参考文献

- [1] 侯文邦,朱文文,马占强.植物基因工程在作物育种中的应用于展望[J].中国农学通报,2005 21(1):128-132.
- [2] 李恋.生物技术在植物育种上的新应用[J].内蒙古农业科技,2006(3):52-54.
- [3] 黄国庆,郭加元.SSR标记在水稻遗传育种中的应用[J].江西农业学报,2007,19(4):20-22.
- [4] Moose SP, Mumm RH. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement [J]. *Plant Physiology*, 2008, 147: 969-977
- [5] 陈云凤.分子标记在作物育种中的应用[J].宜春学院学报,2009,31(4):107-109.
- [6] 刘立峰,李自超,穆平.基于作物QTL的分子育种研究进展[J].分子植物育种,2004,2(1):77-83.
- [7] 汤华,严建兵,黄益勤,等.玉米5个农艺性状的QTL定位[J].遗传学报,2005,32(2):2-5.
- [8] 种康,杨继才,王台,等.2004年中国植物科学若干领域研究进展[J].植物学通报,2005,22(4):385-395.
- [9] Ren ZH, Gan JP, Li LG. A rice quantitative trait locus for salt tolerance encodes a sodium transporter [J]. *Nature Genetics*, 2005, 37: 1141-1146.
- [10] Wang YH, Xue YB, Li JY. Towards molecular breeding and improvement of rice in China [J]. *Trends Plant Sci*, 2005, 10: 610-614
- [11] Takahashi Y, Shomura A, Sasaki T, Yeno M. Hd6, a rice quantitative trait locus involved in photoperiod sensitivity, encodes the alpha subunit of protein kinase CK2 [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2001, 98(14):7922-7927.
- [12] Jones AM, Chory J, Dangl JL, et al. The impact of *Arabidopsis* on human health: diversifying our portfolio [J]. *Cell*, 2008, 133: 939-943.

(责任编辑 马鑫)