

## 1995-2012 年生物育种领域知识演化分析

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:**生物育种科学经过半个多世纪的飞速发展, 科技文献数量迅猛增加, 通过对学科领域知识的发展分析, 详细了解领域内各学科的发展状态, 探测研究热点, 发现知识间的扩散和融合, 从而为学科领域未来的发展趋势进行更好地预测。依据知识演化过程中产生的各种现象设计了知识演化方法模型, 该模型可以对不同时间窗聚类间的主题关系、关系性质、变化程度及其所代表的演变趋势进行自动分析。选取 1995-2012 年生物育种领域的文献, 结合共著网络和国家合作网络, 重点对知识演化现象进行了分析, 展示了不同时间窗聚类结果, 初步证实了时间窗划分用于探寻知识演化现象的可行性。

**关键词:**知识演化; 主题演化; 共词分析; 生物育种; 合作网络

doi: 10.13304/j.nykjdb.2013.281

中图分类号: Q819

文献标识码: A

文章编号: 1008-0864(2014)02-0174-08

## Analysis of Knowledge Evolution in Biological Breeding Field From 1995 to 2012

HAO Xin-ning, SUN Wei, ZHANG Xue-fu\*

(Agricultural Information Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

**Abstract:** Biological breeding science has experienced full speed development for over half a century, and the number of scientific and technical literature has increased rapidly. Through analyzing the knowledge development in subject areas, this paper provided the most up-to-date progress of varied disciplines, detected research hot spots, and discovered the internal connection between knowledge and their integration, so as to forecast the tendency for future development of various disciplines. A knowledge evolution model was constructed based on various phenomena in knowledge evolution process. This model can automatically analyze the relationships, properties, change degree and changing trends between different time windows. Biological breeding documents published between 1995-2012 were selected, combined with co-author in the network and country cooperation networks to analyze the knowledge evolution phenomena, displayed all results under different time windows, and preliminary confirmed the feasibility of time slice strategy on seeking knowledge evolution phenomenon.

**Key words:** knowledge evolution; topic evolution; co-word analysis; biological breeding; cooperation network

生命科学始于 20 世纪 50 年代, 随后分子生物学兴起并对农业、工业和医药领域的发展产生了巨大影响。生命科学技术在农业领域应用甚广, 其中生物育种是发展最快、应用最广的领域之一。经过半个多世纪的飞速发展, 生物育种类科技文献呈无序增长状态。随着科技信息向数字化、网络化的方向发展, 电子资源形式的期刊和图

书数量飞速增长, 仅通过传统的文献查询方法已经难以获得有效的信息。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会对其他领域也产生巨大的影响, 从而也会影响到生物育种领域大方向的转变。如何利用科学方法, 在海量信息筛选过滤的基础上, 经过一系列加工挖掘

收稿日期: 2013-05-31; 接受日期: 2013-09-27

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划项目(2011BAH10B06)资助。

作者简介: 郝心宁, 博士研究生, 研究方向为信息管理。E-mail: xinninghao@caas.cn。\* 通信作者: 张学福, 研究员, 博士生导师, 研究方向为信息管理与知识组织。E-mail: zhangxuefu@caas.cn

出信息中潜在的知识价值,为科研管理人员制定科研战略规划提供依据,这已成为目前被广泛关注的问题。通过对学科领域的发展分析,可以详细了解领域内各个学科的发展状态,探测研究热点领域,发现生物育种领域各学科之间的交叉和融合,为生物育种领域的发展趋势进行更好地预测。

本文所指的知识演化可被定义为以词语为表征的学科主题在时间维度上的发展变化过程,包含知识的扩散、融合、消逝、突发和激增等演化特征。本研究中的知识演化分析通过主题来表现,一个主题由一个或者多个意思相近的词或词组组成,主题网络指由多个主题构成的聚类集合,主题网络的演化情况可以反映出各主题的演化趋势。以往知识演化状况的分析多依赖于该领域专家的知识,但是科学的发展速度已呈倍速增长,研究人员对学科领域发展的分析缺乏全局性和系统性,很难对某个学科领域的知识结构和宏观发展状况进行全面客观的描述。

知识传播的一个重要途径即为科研合作与交流,通常领域内的专家首先对某类知识产生兴趣,在同其他学者交流的过程中将该类知识传播至其他人,再随不同地域间的合作交流使得该类知识得到了推广,并与其他知识进行了融合,而学术论文则是知识发展过程中的一种表现形式。由词语构成的主题网络可展示该时间段内的研究热点、主要研究方向、主题间的区别和联系、领域内正在发展的潜在热点等,但不能对其起因和规律进行有效的说明,因此本文同时对作者和国家进行共现分析,用来辅助说明知识结构的变化情况,通过合作网络的分析揭示出知识流动的情况,可对知识的传播情况有更为清晰的认识。

### 1 数据和方法

选取科学引文索引数据库 (science citation index ,SCI) 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。考虑到不同类型的文献形成周期有所不同,本文仅对文献类型为 Article、语言为英文的科技论文进行了抽取,时间跨度为 1995 年 1 月 1 日至 2012 年 12 月 31 日,构建了知识演化方法模型(图 1)。由 WOS 最初文献资源集合 (U) 通过数据处理,得到著者集合 (A)、词语集合 (K) 以及国家集合 (C)。词语集合采用共词分析法将标题、关键词和摘要三部分的词语进行统计,随后将三个集合中的数据依据共现次数生成矩阵,将矩阵转化并采用 k-means 聚类法进行聚类。本研究采取固定时间窗与重叠渐进式时间窗划分相结合的策略,固定时间窗将 1995 - 2012 年以每 1 年作为时间区间划分,连续时间窗研究采用渐进重叠式方法,以每 6 年时间为一个时间窗。同时,根据目前 SCI 数据库中生命科学类期刊的审稿期、待发期等时间的统计<sup>[1-2]</sup>,以及基础实验到文章发表所需时间,本文将时间片以每两年作为一个单位不断向前移动。选取评价指标集合 (F) 中的相应指标对各网络进行分析,识别知识演化现象,并同时根据共著网络和国家合作网络分析各现象产生的原因。

知识演化的现象主要有知识扩散、知识融合、知识消逝、知识突发和知识激增五种现象,前两种变化需要较长时间才能显现,后三种演变的时间则比较短。知识融合现象是指在连续时间内,科学领域内多个主题逐渐演变成其他主题;知识扩

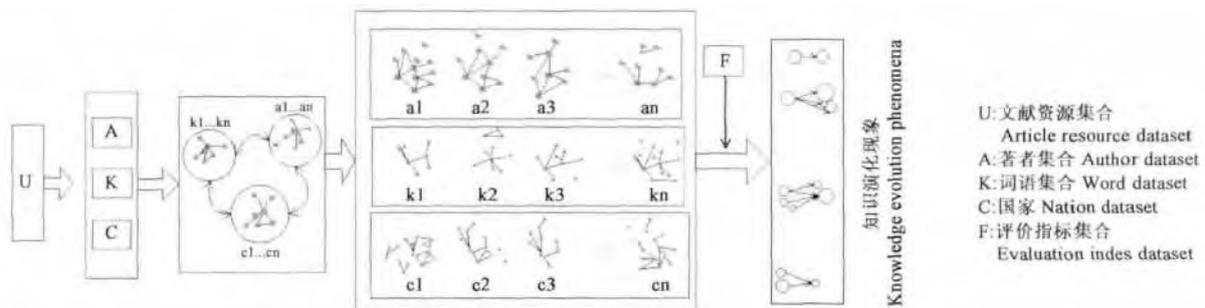


图 1 知识演化方法模型

Fig. 1 Model of knowledge evolution method.

散现象指在连续时间内,科学领域内某个主题分解成多个主题;知识消逝指科学领域内的某个主题在一定时间内全部主题消失或者部分主题消失;知识突发指科学领域内的某个时间点突然大量出现某个主题,且该主题并未找到前一时间窗内的相似主题;知识激增指科学领域内某些主题的数量在一定时间内大量增加或者类内成员与该主题建立联系突然增多的现象,但主题聚类中的成员数量和成员构成并未发生明显变化。

如图 2 所展示,每个时间窗(t1 - t3)内有若干主题聚类, t1 时间窗下主题聚类用 V1 - V5 表示, t2 时间窗下主题聚类由 F1 - F6 表示, t3 时间窗下主题聚类用 N1 - N5 表示,聚类团簇越大代表主题包含的成员越多。由演化路径可知, t2 时间窗内 F2 中一部分主题簇与 V1 相同,还有一部分与 V2 相同,该主题聚类 V1 与 V2 发生知识融合而来; F6 主题中包含与 V4 和 V5 相同的主题簇,是由二者融合而来; F3 由 V2 部分主题簇扩散而来, F4 与 V3 主题簇数量相当,并未发生知识演化;本时间窗内的 F1 与 F5 是孤立主题簇,未从 t1 时间段演化而来,是本时间窗内的新生知识,由知识突发演化而成。 t3 时间窗下 N1 为该时间段主要主题,包含了绝大多数 F2 主题簇,因此 F2 未发生知识演化现象,而 F1 与 F3 则通过融合进入 N1 主题; N4 与 N5 是本时间窗下中等水平主题聚类, N4 与 F6 和 F4 有部分相同主题簇,是由 F6 和 F4 发生知识融合而来; N5 仅包含部分 F6 相同主题簇,是由 F6 扩散而来; N2 包含小部分 F4 相

同主题簇,是由 F4 扩散而来, N3 则通过本时间段内的知识突发现象而来, t2 时间窗内的 F5 主题未产生新主题,已于 t3 时间段消失。从该示例可发现,知识演化过程中,各种知识演化现象多是同时进行,某些主题聚类既可能是从前一时间段内扩散而来也可能是由另一些主题聚类融合而至。而该主题聚类在下一阶段的演变过程中,可能同时扮演多个角色。

由此可见,知识演化过程中各种现象多是伴随发生,因此需要相应判定法则以确保自动分析过程中各种知识演化现象识别的准确率。本研究首先采用 Coulter 相似指数  $SI$  (similarity index) 公式<sup>[3]</sup>对不同时间窗下主题网络的相似程度进行计算。 $SI$  的数值为 0 ~ 1 之间,数值越大,两个主题的相似程度就越高。具体公式为:

$$SI(X_i, X_j) = 2 \times \frac{X_{ij}}{X_i + X_j} \quad (1)$$

此外,本研究还使用了转移率和继承率两个公式:

$$\text{转移率公式 } Vi = \frac{X_{ij}}{X_i} \quad (2)$$

$$\text{继承率公式 } Pj = \frac{X_{ij}}{X_j} \quad (3)$$

其中,  $i$  代表前一时间窗内聚类;  $j$  代表后一时间窗聚类;  $X_{ij}$  为两个主题聚类中相同词语的数量;  $X_i$  为聚类  $i$  中包含的词语总数量;  $X_j$  为聚类  $j$  中包含的词语总数量。

本研究仅对前后时间窗内发生了知识演化现象的主题网络进行了分析,其判定条件如下:

- ①  $SI_{min} \leq SI \leq SI_{max}$  ;
- ② 聚类中的成员数大于或者等于最小成员数  $Gm$  ;
- ③ 转移率大于或者等于最小转移率  $Sm$  。

其中,各取值依次为  $Gm = 5$ ;  $SI_{min} = 0.20$ ;  $SI_{max} = 0.80$ ;  $Sm = 0.10$ 。若  $Vi > Pj$  且  $Xi < Xj$ , 则发生了知识融合现象;若  $Vi < Pj$  且  $Xi > Xj$ , 则发生了知识扩散现象;若后一个时间窗无法找到主题聚类  $i$  的相似主题,则发生了知识消逝现象;若前一个时间窗无法找到  $j$  的相似主题或者可找到相似主题但  $j$  的类内有新成员出现且未从前一时间窗其他主题聚类演化而来,则发生了知识突发现象;若  $j$  的类内成员增长较快,则发生了知识激增现象。

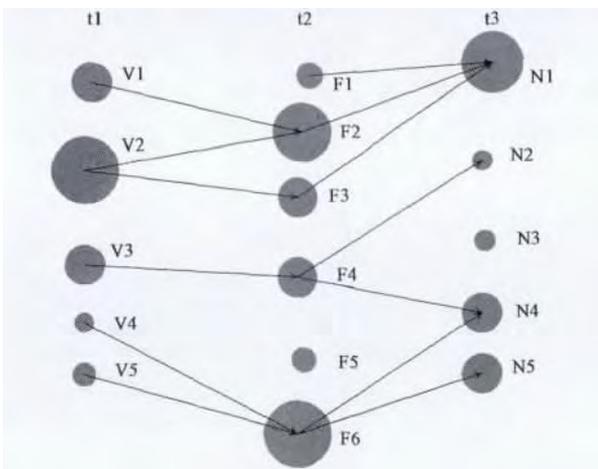


图 2 知识演化各现象在连续时间窗下的演化途径  
Fig.2 Evolutionary path of various knowledge evolution phenomina in continuous time window.

## 2 生物育种领域知识演化分析

本研究从 SCI 数据库获得 1995 - 2012 年的有效文献共计 19 054 篇,共有 47 389 名作者来自 162 个国家和地区的 8 796 个研究机构。具体分析如下:

### 2.1 国家合作网络与著者合作网络

SCI 数据库中文献作者所属国家信息从 2008 年开始进行详细录入,本文仅对 2008 - 2012 年时间窗内的数据进行了分析。图 3 所示为生物育种领域不同国家的合作联系紧密程度,可分为 6 个聚类,其中,红色聚类为合作网络中的重要国家,大部分都为传统的科学技术强国,例如美国、德国、英国、日本、法国和俄罗斯等,也有近些年新崛起第三世界国家,例如中国、南非和印度等。处在聚类 2 中的国家掌握着生物育种领域的关键技术,对未来发展起着决定性作用。这个聚类内,美国和中国处于整个合作网络的核心位置,不仅发文量最多而且同其他国家的合作数量也最多,尤其是美国,与本聚类内的大部分国家都有合作。处于聚类 1 中的国家为东欧国家,这些国家大部分通过与聚类 2 中欧洲区域内的国家进行合作交流,以获得生物育种领域最新的技术和理论。聚类 6 中的国家绝大部分属于非洲国家,而聚类 5 中的国家分布比较分散,既有亚洲的菲律宾、泰国,也有非洲和南美一些国家。聚类 1、5 和 6 中的国家与聚类 2 中的国家交流频繁,但是各自同本聚类内其他国家的交流则较少,可能是通过一些资金援助项目,去一些发达国家进行访问和学习,以获得生物育种领域的最新知识。聚类 3 中绝大部分也属于非洲国家,聚类 4 中既有亚洲也有南美的国家。这两个聚类中的国家除了与聚类 2 的国家交流频繁,本区域间小范围的合作也比较多。结合 2008 - 2012 年固定时间窗下的国家网络分析比较可知,美国长期以来一直处于核心地位,多数国家都与美国建立联系,而其他合作交流比较多的为英国、德国和法国,德国和法国在欧洲区域内比较活跃,与欧洲其他国家交流比较多,与大部分论文高产的欧洲国家都建立了联系。中国虽然在发文量上逐渐升至第二,但在网络中与其他国家的交流没有显著增长,大部分属于本国内部的合作交流。

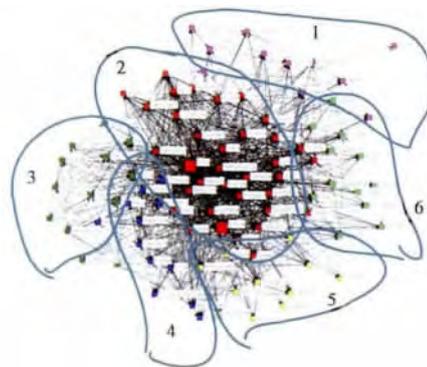


图 3 2008 - 2012 年国家合作网络

Fig. 3 Country cooperation from 2008 to 2012.

图 4 显示了连续时间窗内的共著网络,实线圈所标识的区域为该时间段内交流最广泛的涉及著者最多的合作团体。生物育种领域的发展,越来越取决于领域内核心研究人员及其研究团队的发展,随着领域内知识的不断发展,核心作者之间的合作交流越来越多,逐渐形成了大的合作团体。从 2001 年开始,合作网络中的大部分著者相互间都有联系,并且有越来越多的作者加入,而另几个合作人员较少但是发文量较大的合作团体中,一

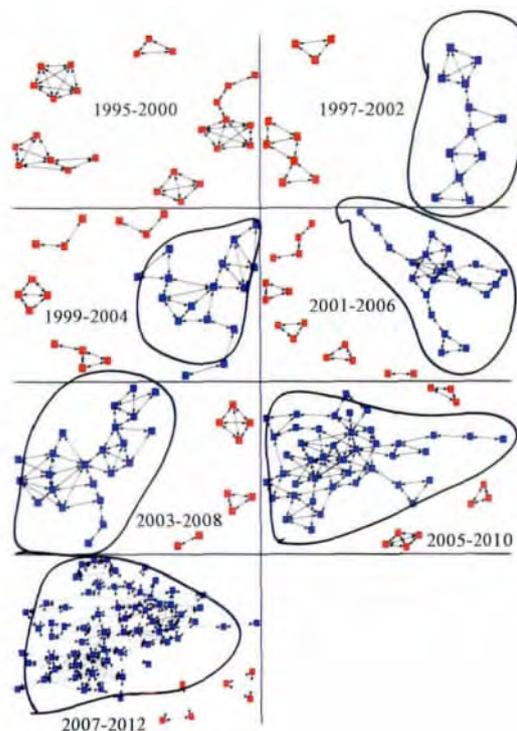


图 4 1995 - 2012 年连续时间窗共著网络

Fig. 4 Co-author network of continuous time window from 1995 to 2012.

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了一定认可,处于生物育种领域内不可或缺的位置,所以未有其他学者融入,同时该团体发文量较大因此未从著者合作网络中消失。在 2001 - 2006 年之前的 3 个时间段中,都呈分散分布的小合作团体,在知识演化的进程中,若合作团体聚集形成了越来越大的团簇,那么该时间段内就有可能发生知识融合的现象,若该时间段内小合作团体较多,便容易产生知识扩散现象。知识在不同团体中的不断传播带动了领域知识不断前进,并在前进过程中产生了各种知识演化现象。

## 2.2 知识演化现象识别

1995 - 2012 年间,生物育种领域仍然以转基因育种和分子标记辅助育种两大主题为核心(表 1),同时与基因组相关研究方向结合,类内成员比较固定,变化不大。转基因育种方向一直围绕在性状改良,例如抗旱、耐盐碱方向。其中,涉及知识融合过程的主题主要为水稻、大豆和小麦等作物与不同类型的育种技术在下一时间窗发生融合,例如玉米培育与分子标记技术、转基因技术等都相关联,在发展过程中产生了知识融合现象。此外,还有不同育种技术间的融合,例如 1995 年后的几年间, RAPD 分子标记使用的相对较多,随后 QTL 定位方法相关主题与该类分子标记技术

的研究主题发生了融合,出现在核心主题中;拟南芥最早研究主题为转基因相关方向,随后与蛋白质组代谢相关研究主题发生融合,转变为拟南芥的遗传调控研究。知识消逝、知识突发和知识激增现象则多发生于各类技术相关的研究主题,例如分子标记技术 AFLP 于 2010 年消逝, RAPD 和 PCR 相关主题在 2009 年一并消失。 RAPD 和 FISH 技术分别于 1996 年和 2010 年出现与网络中; 2010 年芸苔属蔬菜抗病研究主题消逝, SSR 分子标记技术 2011 年消逝; SNP 研究主题于 2009 年后大量涌现。

**2.2.1 知识融合现象实例分析** 2003 - 2008 年时间窗下“分子标记”和“QTL 定位、基因组测序、分子标记辅助育种”两个主题聚类,发展至 2005 - 2010 年时间窗融合成为大的主题聚类“QTL 定位、基因组测序、分子标记辅助育种”(表 2)。2003 - 2008 年是水稻基因组完成测序<sup>[4]</sup>,众多研究集中于水稻基因组以及全基因组测序后进行 QTL 定位的研究阶段,大量论文探讨于此,使得 QTL 与 Genome 和 Rice 关系紧密。但随着研究不断的深入,并依据水稻基因组逐渐完成了水稻数量性状点分析的研究,分子育种技术结合 QTL 技术,开始了以分子标记进行 QTL 定位构建分子遗传图谱的研究方向<sup>[5]</sup>。

表 1 1995 年 - 2012 年间连续时间窗下主要主题分类

Table 1 The main topic network of continuous time window between 1995 and 2012.

时间窗 Time window	主题总数 Total number of topic	主要主题 Main topic
1995 - 2000	6	QTL 定位构建连锁图谱、马铃薯分子育种 QTL mapping and linkage map construction, potato molecular breeding 分子标记辅助育种 Molecular marker assistance breeding
1997 - 2002	10	小麦育种 Wheat breeding
1999 - 2004	10	谷物杂交 Grain hybrids QTL 定位构建连锁图谱 QTL mapping and linkage map construction
2001 - 2006	10	QTL 定位构建连锁图谱、基因组测序 QTL mapping and linkage map construction, genome sequencing 谷物品质改良 Grain quality improvement
2003 - 2008	6	分子标记 Molecular marker
2005 - 2010	11	QTL 定位、基因组测序、分子标记辅助育种 QTL mapping, genome sequencing, molecular marker assistance breeding
2007 - 2012	9	分子标记与 QTL 定位、基因组测序 Molecular marker assistance breeding and QTL mapping, genome sequencing

表 2 知识融合现象实例数据展示

Table 2 Example detail of knowledge fusionphenomenon.

主题 Topic	2003 - 2008		2005 - 2010	
	分子标记 Molecular marker	QTL 定位、基因组测序、分子标记辅助育种 QTL mapping , genome sequencing , molecular marker assistance breeding	QTL 定位、基因组测序、分子标记辅助育种 QTL mapping , genome sequencing , molecular marker assistance breeding	QTL 定位、基因组测序、分子标记辅助育种 QTL mapping , genome sequencing , molecular marker assistance breeding
类内成员 Group member	26	10		28
相同成员个数 Same member	15	7		22
<i>SI</i>	0.55	0.37		-
<i>V</i>	0.58	0.70		-
<i>P</i>	-	-	0.54	0.25

2.2.2 知识扩散现象实例分析 1999 - 2004 年时间窗下主题聚类“谷物杂交”经过两年的发展, 从一个大的主题发展成 2001 - 2006 年时间窗下两个独立的主题聚类, 分别关注“谷物品质改良”和“分子标记应用”两个方向(表 3)。

表 3 知识扩散现象实例数据展示

Table 3 Example detail of knowledge diffusionphenomenon.

主题 Topic	1999 - 2004		2001 - 2006	
	谷物杂交 Grain hybrids	谷物品 质改良 Grain quality improvement	分子标记 的应用 Application of molecular markers	
类内成员 Group member	36	20	20	
相同成员个数 Same member	29	16	13	
<i>SI</i>	0.57	0.46	-	-
<i>V</i>	0.44	0.36	-	-
<i>P</i>	-	0.80	0.65	

2.2.3 知识突发现象实例分析 1996 年的重点主题聚类与 1995 年相似, 同为“QTL 定位与分子标记技术”, 其中部分成员为首次出现在主题网络中(表 4)。1996 年的核心主题有 5 个新曾成员, 分别为 Phenotype、RAPD、Clone、Carrie 和 Restriction。该新增成员是首次出现在主题网络中, RAPD (random amplified polymorphic DNA) 技术最早由 90 年代初发明。RAPD 是建立在 PCR (polymerase chain reaction) 基础之上的, PCR 是一种分子生物技术, 运用该技术可以放大特定的 DNA 片段。而 RAPD 则是一种可对整个序列基

因组进行多态性分析的技术, 通过 RAPD 扩增的产物可反映基因组的多态性, 因此该技术可被应用于生物的品种鉴定、系谱分析及进化关系的研究上<sup>[6]</sup>。克隆 (clone) 技术在转基因分子技术例如 PCR 中大量应用, 克隆的基因可以进行测序分析。表现型 (phenotype) 指具有某些特定基因型的个体在一定环境条件下, 基因的产物所表现出来的性状特征的总和, 基因型相同的个体表现型可能相同也可能不相同。克隆技术完成后通常要对基因的表现型和基因型进行判断, 以挑选为所需物质进行后继步骤的实验。而 Restriction 在这里指代限制性内切酶 (restriction enzyme 或者 restriction endonuclease) 限制性内切酶能识别并分裂外源 DNA 分子上的特定部位并将其切断, 从而限制外源 DNA 的侵入并使之失去活力, 但对细胞自身的遗传却无损害作用。这样可以保护细胞

表 4 知识突发现象实例数据展示

Table 4 Example detail of knowledge burst phenomenon.

主题序号 Group number	1995	1996
	QTL 定位与分 子标记技术 QTL mapping and molecular markers	QTL 定位与分 子标记技术 QTL mapping and molecular markers
类内成员 Group member	32	38
新增成员个数 New member	-	5
新增成员名称 New member name	-	Phenotype RAPD Clone Carrie Restriction

的遗传信息开始克隆并表达限制性内切酶,克隆技术引导限制性内切酶在进行表达时分离原有环境,从而避免了原细胞中其他内切酶的失误判断<sup>[7-9]</sup>。

由这些分析可知本主题网络内新增的词语间关系紧密,共同代表一类主题,均与转基因相关研究方向有关。1995 年以后,正是分子育种领域进入二代转基因作物的时期,由最初第一代转基因作物以抗除草剂、抗虫、抗病的目标转为关注作物品质改良和抗旱耐盐碱方向<sup>[9]</sup>。

**2.2.4 知识激增现象实例分析** 2006 年主题聚类中的核心主题与 2005 年的相似,但 2006 年聚类中“水稻”主题增长率较大,网络密度明显增加(图 5)。查阅相关资料可知,水稻基因组测序采用了第一代测序方法于 2002 年完成了籼稻和粳稻两个亚种全基因组的测序,测序完成后,学者们从各研究方向围绕水稻基因组进行分析。亚洲和非洲国家多以水稻为主食,水稻在很大程度上解决了世界的粮食问题,但是一些品种特别是一些

粳型品种在发育的后期衰老的特别快,从而限制了更多物质的积累,造成结实率和千粒重等产量相关性状提高的瓶颈问题<sup>[4]</sup>。水稻基因组测序的完成有效地帮助研究人员对水稻基因功能进行高效研究,也可为进入更复杂的禾谷类基因组研究领域打下基础。2005 年开始,中国学者的发文量增加,有关水稻的研究主题在主题网络中处于中心位置。水稻基因组研究在 2002 年后不断深入,育种领域的文献越来越多,使得与水稻相关的研究主题于 2006 年呈现大幅增长。

**2.2.5 知识消逝现象实例分析** 图 6 中的虚线框为该年度的核心主题聚类,2011 年核心主题聚类与 2010 年相比,其中与 SSR 相关的词语主题不再显现,该类主题发生了知识消逝现象。SSR (simple sequence repeat) 也称为微卫星 DNA (microsatellite DNA),SSR 标记技术在作物数量性状基因座定位中的分析方法,已被广泛应用于生物遗传多样性、遗传图谱构建、基因定位和分子标记辅助育种等研究中,成为生物资源利用、开发

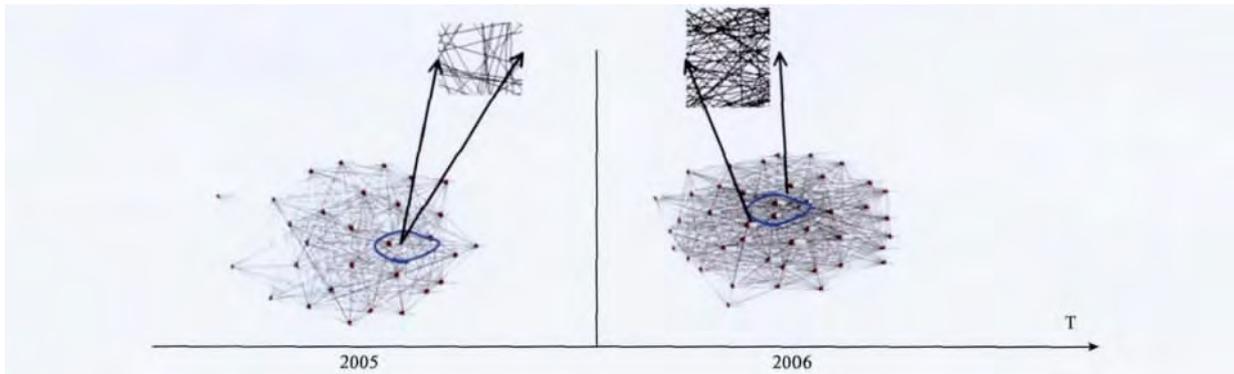


图 5 知识激增现象实例展示  
Fig. 5 Example of knowledge proliferation phenomenon.

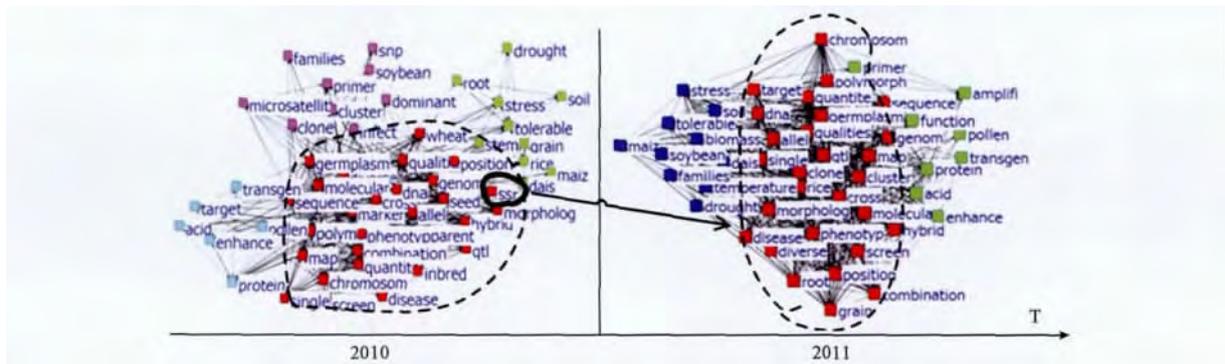


图 6 知识消逝现象实例数据展示  
Fig. 6 Example of knowledge disappearance phenomenon.

和保护常用的方法和技术。SSR 可利用 PCR 技术进行扩增, 然后进行凝胶电泳分析。近些年来, SSR 分子标记已经陆续被应用在玉米、小麦、大豆和水稻等作物物种遗传多样性的研究中并取得很好效果<sup>[10, 11]</sup>, 也可以为构建遗传连锁图谱提供有力帮助, 近年来, SSR 分子标记方法已逐渐被第三代遗传标记方法 SNP 所取代。

### 3 讨论

近些年生物育种领域的研究以分子标记辅助育种、基因组测序、种质资源选择相关研究主题为主, 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主题虽然属于中等规模主题, 但一直稳定的存在于主题网络中; 本领域的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合作, 中国近些年在本领域的地位逐渐上升, 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。当下生物育种领域的专家学者间的交流与合作愈发增多, 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, 未来生物育种领域会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, 从而更好的带动生物育种领域的发展。

#### 参 考 文 献

- [1] 王伟, 吴信岚. SCI 收录的生物技术源期刊的统计分析和投稿策略[J]. 农业图书情报学刊, 2010, 22(11): 244-246.  
Wang W, Wu X L. Statistical analysis and manuscript submission strategy of periodicals of biotechnology collected by SCI JCR Web [J]. J. Libr. Inform. Sci. Agric., 2010, 22(11): 244-246.
- [2] 刘晓燕, 张成峨, 徐晓芹, 等. 国内外土壤与植物营养学领域科技期刊论文发表时滞的统计分析[A]. 见: 第七届全国核心期刊与期刊国际化网络化研讨会论文集[C]. 昆明: 第七届全国核心期刊与期刊国际化网络化研讨会, 2009, 122-128.
- [3] Coulter N. Software engineering as seen through its research literature: a study in co-word analysis [J]. J. Am. Soc. Inform. Sci., 1998, 49(13): 1206-1223.
- [4] 郭龙彪, 程式华, 钱前. 水稻基因组测序和分析的研究进展[J]. 中国水稻科学, 2004, 18(6): 557-562.  
Guo L B, Cheng S H, Qian Q. Highlights in sequencing and analysis of rice genome [J]. Chin. Rice Sci., 2004, 18(6): 557-562.
- [5] 黎裕, 王健康, 邱丽娟, 等. 中国作物分子育种现状与发展前景[J]. 作物学报, 2010, 36(9): 1425-1430.  
Li Y, Wang J K, Qiu L J, et al.. Crop molecular breeding in China: current status and perspectives [J]. Acta Agron. Sin., 2010, 36(9): 1425-1430.
- [6] 郝炯, 渠云芳. DNA 分子标记在作物育种中的应用[J]. 山西农业科学, 2009, 37(3): 81-85.  
Hao J, Qu Y F. Application of DNA molecular marker in the crop breeding [J]. J. Shanxi Agric. Sci., 2009, 37(3): 81-85.
- [7] 李恋. 生物技术在植物育种上的新应用[J]. 内蒙古农业科技, 2009, 3: 52-54.
- [8] 杨景成, 于元杰, 齐延芳. 外源 DNA 导入植物技术的发展及其在作物育种中的应用[J]. 核农学报, 2002, 17(1): 79-84.  
Yang J C, Yu Y J, Qi Y F. Advances of exogenous DNA injection to plant and its applications in crop breeding [J]. Acta Agric. Nucl. Sin., 2002, 17(1): 79-84.
- [9] 刘治先, 乔峰, 张铭堂, 等. 世界转基因农作物的应用现状和发展趋势[J]. 山东农业科学, 2008, 7: 113-115.
- [10] 李德全, 赵立庆. SSR 分子标记在玉米育种中的应用[J]. 农业科技通讯, 2012, 3: 98-99.
- [11] 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.  
Huang G Q, Guo J Y. Application of SSR marker in rice genetics and breeding [J]. Acta Agric. Jiangxi, 2007, 19(4): 20-22.