

孟 静,唐 研,徐淑良,等. 基于文献计量的国内外小麦遗传育种研究进展[J]. 江苏农业科学,2020,48(3):64-72.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2020.03.011

基于文献计量的国内外小麦遗传育种研究进展

孟 静,唐 研,徐淑良,孔庆富,孙家波,王 磊

(山东省农业科学院科技信息研究所,山东济南 250100)

摘要:小麦遗传育种是将已有的遗传和变异理论应用于实践,通过人工选择、杂交和定向培育等手段来创造新的小麦品种的过程。采用文献计量法和对比分析法,借助 Citespace 软件,对 Web of Science 和中国学术期刊全文数据库(CNKI)中小麦遗传育种的文献进行统计分析,绘制知识图谱。从时间和空间两大序列和发文量、国家、机构、关键词、主题词等 5 个方面,进行定量对比分析,以可视化的形式呈现研究进展、热点与前沿。结果显示,近年来我国小麦遗传育种研究发展迅速,发文量和研究水平正逐步赶超发达国家,主要研究内容为小麦遗传性状、品质改良、种质资源、抗病性及抗逆性等。

关键词:小麦;遗传育种;文献计量;研究进展

中图分类号: S512.103 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2020)03-0064-09

小麦是世界范围内种植面积最广、产量最多、贸易额最高的粮食作物,小麦是我国第二大粮食作物,播种面积占全国耕地面积的 20%~30%^[1]。小麦遗传育种始于 19 世纪中叶,早期的育种工作主要侧重于对自然变异的选择育种,经过几百年的发展,形成了以杂交育种为中心,以远缘杂交、诱变育种、倍性育种、优势利用等相结合的多种育种途径,选育出了许多高产、稳产的优质品种,对小麦产量的提高起到了重要的作用^[2]。

当前,国内外小麦遗传育种已取得了一定的研究成果。从国外研究来看,Hu 等通过近等基因系对特定位点扩增片段测序鉴定发现,位于 7A 染色体上的 TATGW-7A 对于提高小麦千粒质量有重要的作用^[3];Dakouri 等分析小麦种苗期和成株期叶锈病抗性特征,发现 *Lr34* 是小麦成株期最重要的抗叶锈病基因^[4];Allen 等对 5 种六倍体面包小麦群体进行单核苷酸多态性(SNP)位点筛选,发现了 225 001 个用于构建遗传图谱的 SNP 标记^[5]。国内研究方面,赵俊杰借助竞争性等位基因特异性 PCR

(KASP)分型检测技术,分析改良过程中基因组上留下的选择印迹,发现我国地方品种和育成品种的 11 个农艺性状在 3 个环境下的表型差异显著^[6];邹景伟等利用高通量的 KASP 标记技术对株高、抗叶锈病、抗条锈病、抗赤霉病、抗穗发芽和加工品质等性状相关的基因进行了检测^[7];宫文萍等利用寡聚核苷酸原位杂交(FISH)方法对 2 份双二倍体进行分析,建立了可用于鉴定山羊草细胞遗传标记辅助的回交群体^[8]。

本研究采用文献计量学方法,对国内外学术文献进行定量对比分析,并试图解答以下 4 个问题:(1)发文的年代分布特点;(2)发文国家、机构分布情况;(3)发文的关键词和主题词统计情况;(4)研究热点与前沿。

1 数据来源与研究方法

1.1 数据来源

1.1.1 国外数据 国外文献样本以 Web of Science 数据库作为数据源,设置检索条件:主题=(“wheat breeding” OR “wheat genetic breeding”),时间跨度为 2008—2018 年,文档类型(document type)为文章(article),检索日期为 2018 年 9 月 26 日,对结果数据进行清洗,得到 3 012 篇文献,以此作为国外文献研究的数据样本。

1.1.2 国内数据 国内文献样本以中国学术期刊全文数据库(CNKI)作为数据源,设置检索条件:主题=(“小麦育种”或者“小麦遗传育种”),时间跨

收稿日期:2018-11-14

基金项目:山东省农业科学院农业科技创新工程(编号: CXGC2016A12);山东省农业科学院青年科研基金(编号: 2015YQN47)。

作者简介:孟 静(1992—),女,山东邹城人,硕士,研究实习员,从事农业信息资源管理研究。E-mail:mjmjmj003@126.com。

通信作者:王 磊,研究员,主要从事农业信息技术研究。E-mail:nkywl@126.com。

度为 2008—2018 年,数据库来源类别为“学术期刊”跨库检索,对结果数据进行清洗,得到 1 204 篇文献,以此作为中文文献的研究样本。

1.2 研究方法

1.2.1 文献计量法 文献计量法是一种基于数理统计的定量分析方法,以科学文献的外部特征为对象,研究文献的分布结构、数量关系、变化规律和定量管理,探讨科学技术的某些结构、特征和规律^[9]。利用文献计量法分析国内外小麦遗传研究现状,揭示该领域的研究热点和前沿问题,以期为未来育种工作的开展提供科学依据。

1.2.2 对比分析法 对比分析法是把客观事物加以比较,从数量上展示和说明研究对象规模的大小、水平的高低、速度的快慢以及各种关系是否协

调,以达到认识事物本质和规律并作出正确评价的方法^[10]。利用该方法将国内外小麦遗传育种文献进行对比分析,发现国内外研究差异,为国内小麦遗传育种的发展提供有利的参考和借鉴。

2 国外文献统计分析

2.1 时间序列上的文献特点

在年代分布上,国外文献总量呈平稳增长态势(图 1),2017 年达发文量峰值,2013 年和 2016 年发文量有所回落。小麦遗传育种在国际上仍然是一个成长中的研究点,发展中虽存在波动,但近年来的研究成果仍保持在较高的状态。2018 年数据尚不完善,这里所讨论的文献为从 2008 年开始的近 10 年数据。

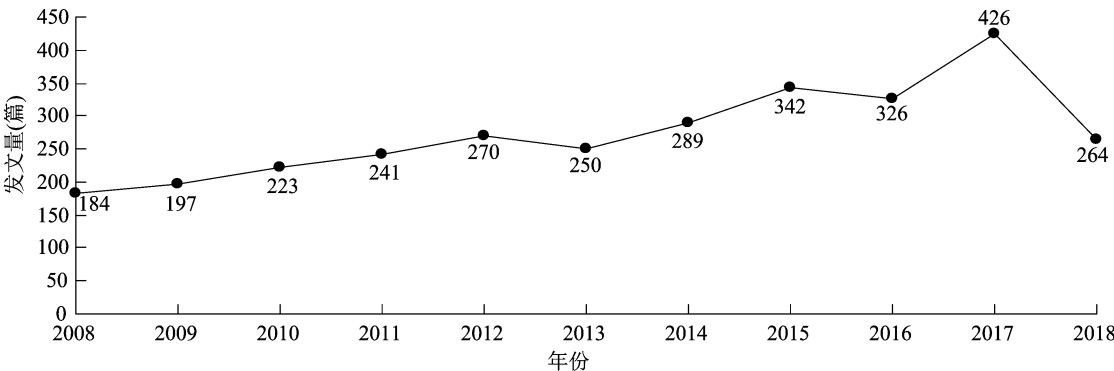


图1 Web of Science 中小麦遗传育种文献年代分布

2.2 空间序列上的文献特点

2.2.1 各国研究实力 国外文献共涉及 87 个国家(地区),发文量排名前 10 位的见表 1。中国发文量居首位,其他依次是美国、澳大利亚、德国、印度、墨西哥、巴基斯坦、英国、法国、加拿大等,我国小麦遗传育种的研究成果在世界范围内已名列前茅。用 Citespace 绘制国家分布知识图谱(图 2),合作网络中,各国之间的联系普遍较为紧密,印度、美国、德国、墨西哥、英国等国家的中心性较高,占有更高的国际合作比例,在国际合作中优势显著;中国发文量虽高,但中心性较低,仅为 0.01,反映出我国当前与其他国家的交流合作还有待进一步的加强。

2.2.2 主要研究机构 文献共涉及 2 518 个机构,发文量排名前 10 位的机构如表 2 所示。根据普赖斯定律, $N=0.749 \sqrt{\eta_{\max}}$, $\eta_{\max}=167$ (最高产研究机构的发文量),核心研究机构的发文量应在 10 篇以上,由此,该研究领域的核心研究机构共 59 个。发文量最高的机构为中国农业科学院,其次为美国农业部、堪萨斯州立大学、国际玉米小麦改良中心等。

表 1 Web of Science 中小麦遗传育种发文量排名前 10 的国家(地区)

序号	国家	发文量(篇)	占比(%)	中心性
1	中国(Peoples R. China)	665	22.08	0.01
2	美国(USA)	610	20.25	0.16
3	澳大利亚(Australia)	354	11.75	0.14
4	德国(Germany)	244	8.10	0.16
5	印度(India)	200	6.64	0.17
6	墨西哥(Mexico)	199	6.61	0.16
7	巴基斯坦(Pakistan)	146	4.85	0.01
8	英国(England)	144	4.78	0.16
9	法国(France)	139	4.62	0.06
10	加拿大(Canada)	125	4.15	0.03

利用 Citespace 绘制机构分布知识图谱(图 3),从整体上看,核心发文机构主要为农业科研院所和高校;从节点中心性上看,国际玉米小麦改良中心、中国农业科学院和华盛顿州立大学的中心性较高,研究合作较多。西北农林科技大学(未入前 10 名)、四川农业大学、中国农业大学(未入前 10 名)等的发文量较高,但中心性低,说明国内农业高校在世界

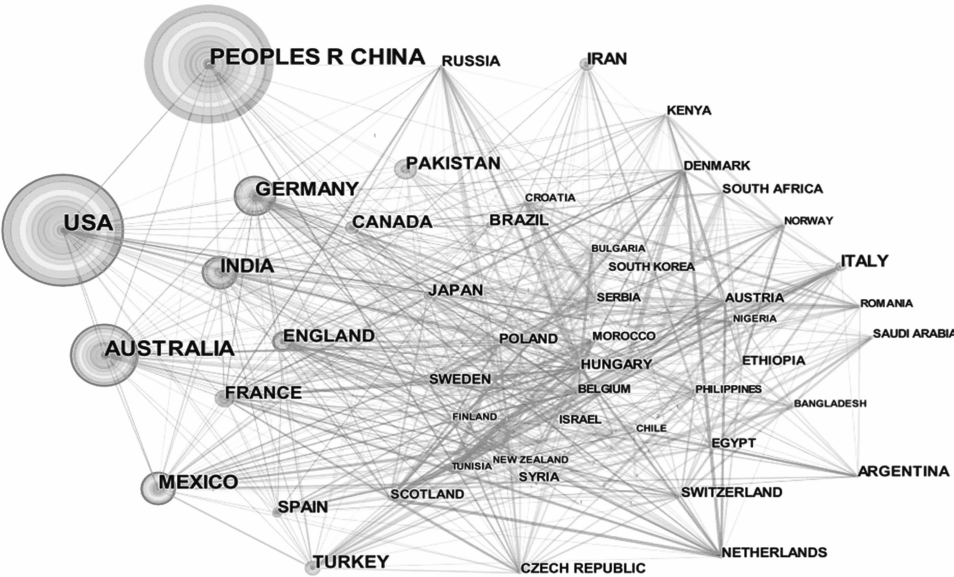


图2 Web of Science 中小麦遗传育种文献国家分布知识图谱

表 2 Web of Science 中小麦遗传育种发文量排名前 10 的机构

序号	机构	发文量 (篇)	中心性
1	中国农业科学院 (Chinese Academy of Agricultural Sciences)	167	0.16
2	美国农业部 (United States Department of Agriculture)	111	0.07
3	堪萨斯州立大学 (Kansas State University)	108	0.08
4	国际玉米小麦改良中心 (International Maize Wheat Improvement Center, CIMMYT)	98	0.18
5	中国科学院 (Chinese Academy of Sciences)	95	0.04
6	四川农业大学 (Sichuan Agricultural University)	75	0.03
7	明尼苏达大学 (University of Minnesota)	74	0.05
8	华盛顿州立大学 (Washington State University)	72	0.11
9	加拿大农业和农业食品部 (Agriculture Agri – Food Canada)	71	0.05
10	法国国家农业研究院 (National Institute for Agricultural Research)	67	0.10

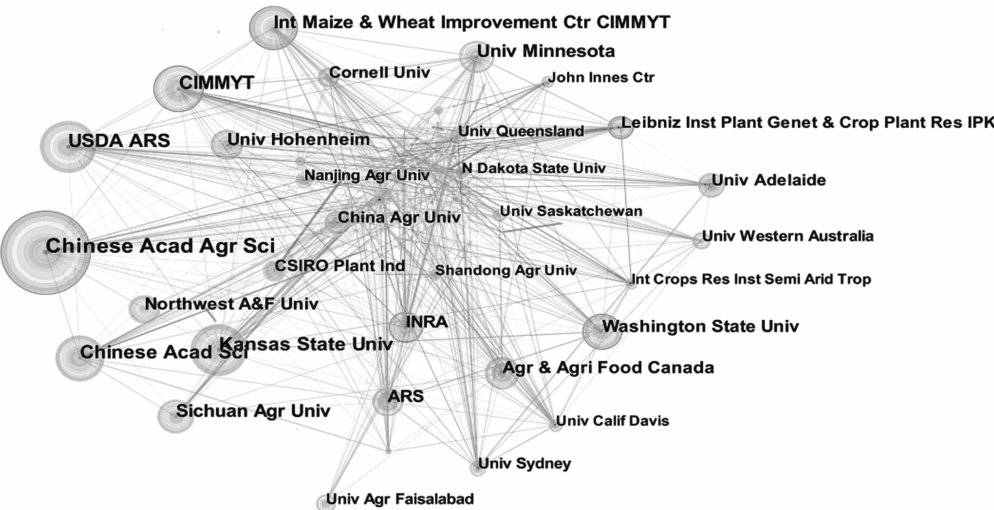


图3 Web of Science 中小麦遗传育种文献机构分布知识图谱

的影响力不足,应加强科研走出去与团队合作,推进协同创新。

2.3 研究热点分析

关键词是查找文献的重要检索点,是文献主旨

的提炼,高频关键词常被视为一个领域的研究热点^[11]。通过筛选、合并、剔除同义词等数据清洗方式,建立高频关键词表(表 3),利用 Citespace 绘制关键词共现知识图谱(图 4)。除 wheat、bread wheat 和 *Triticum aestivum* L. 等与小麦定义直接相关的关键词外,高频关键词还有 cultivar、genetic diversity、winter wheat、identification、yield、durum wheat 等。

表 3 Web of Science 中小麦遗传育种文献高频关键词

序号	关键词	频次	中心性
1	wheat	957	0.12
2	bread wheat	524	0.09
3	<i>Triticum aestivum</i> L.	460	0.16
4	cultivar	361	0.08
5	genetic diversity	338	0.06
6	grain yield	324	0.10
7	winter wheat	320	0.05
8	identification	292	0.06
9	yield	291	0.06
10	durum wheat	285	0.04
11	quantitative trait loci	282	0.09
12	<i>Triticum aestivum</i>	272	0.04
13	spring wheat	249	0.10
14	resistance	220	0.03
15	barley	212	0.10
16	hexaploid wheat	211	0.04
17	common wheat	200	0.07
18	molecular marker	194	0.06
19	population	192	0.06
20	marker	185	0.02

以出现频次最高的小麦为中心点,通过网络连线寻找其他高频关联词,有品种栽培、粮食产量、分子标记、微卫星标记、抗逆等。聚类分析后归纳出 5 个研究热点:(1)小麦品种,包括大麦(barley)、硬质小麦(durum wheat)、春小麦(spring wheat)、冬小麦(winter wheat)、六倍体小麦(hexaploid wheat)等;(2)小麦遗传性状,包括基因(gene)、基因组(genome)、数量性状基因位点(quantitative trait loci)、分子标记(molecular marker)等;(3)小麦种质资源,包括种质(germplasm)、产量(yield)、质量(quality)、蛋白质(protein)、多样性(diversity)等;(4)小麦抗病性,包括条锈病(stripe rust)、叶锈病(leaf rust)、赤霉病(scab resistance)、白粉病(powdery mildew)、纹枯病(sheath blight)、全蚀病(full rot)等;(5)小麦抗逆性,包括抗性(resistance)、抗病性(disease resistance)、耐性(tolerance)、耐干旱性(drought tolerance)、耐热性(heat tolerance)等。

2.4 研究前沿分析

对 Web of Science 中小麦遗传育种文献的主题词按出现时间排序,利用时间序列寻找该领域的研究前沿,近 5 年出现的主题词如表 4 所示。借助 Citespace 的突显词检测(Brust Detection)功能,绘制主题词共现图谱(图 5)和时间序列(Time Zone)图

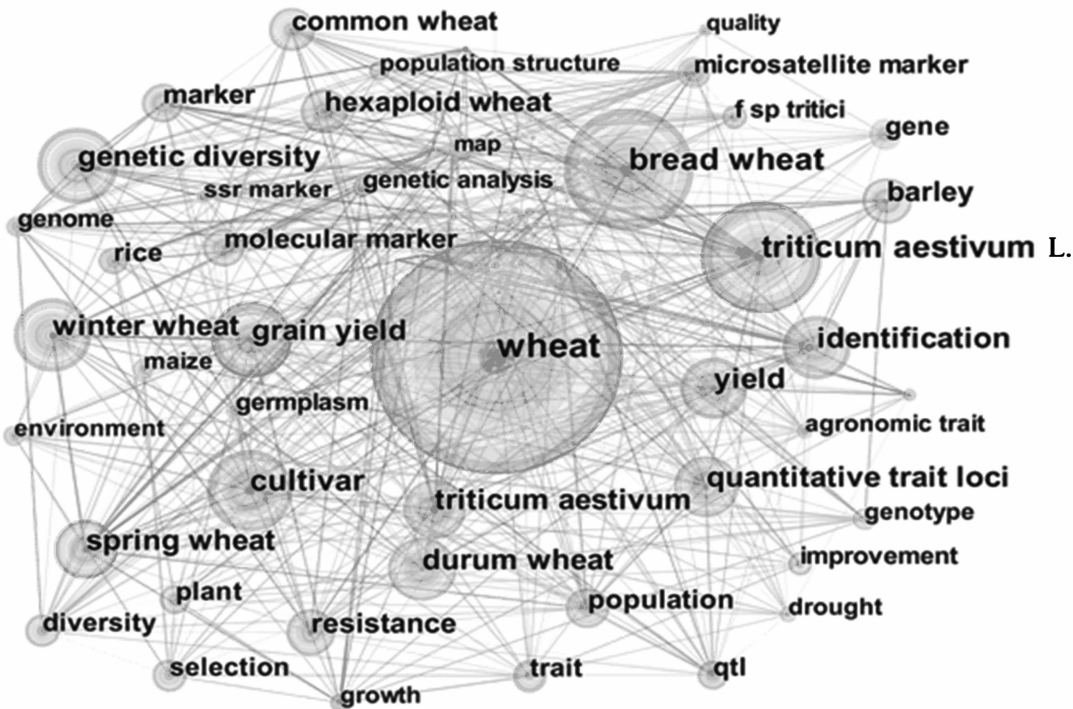


图4 Web of Science 中小麦遗传育种文献关键词共现知识图谱

表 4 Web of Science 中小麦遗传育种文献主题词

序号	年份	主题词	频次	序号	年份	主题词	频次
1	2018	total variation	10	19	2014	genomic selection	78
2	2018	recombinant inbred line	9	20	2014	population structure	47
3	2018	candidate genes	8	21	2014	situ hybridization	32
4	2018	genetic linkage map	8	22	2014	degrees c	9
5	2018	genome – wide association study	8	23	2014	heading date	8
6	2018	environment interaction	8	24	2014	short arm	8
7	2017	genome – wide association mapping	19	25	2014	test weight	8
8	2017	leaf rust	14	26	2014	linkage disequilibrium	8
9	2017	marker – trait association	13	27	2013	genetic architecture	42
10	2016	future breeding program	10	28	2013	spring wheat	21
11	2016	flowering time	10	29	2013	stripe rust	18
12	2016	quality traits	9	30	2013	field condition	17
13	2015	snp markers	43	31	2013	molecular mapping	9
14	2015	single nucleotide polymorphism	42	32	2013	linkage map	8
15	2015	physiological traits	19	33	2013	wild relatives	7
16	2015	long arm	13	34	2013	wheat improvement	7
17	2015	qtl mapping	10	35	2013	environment interactions	6
18	2015	powdery mildew	10				

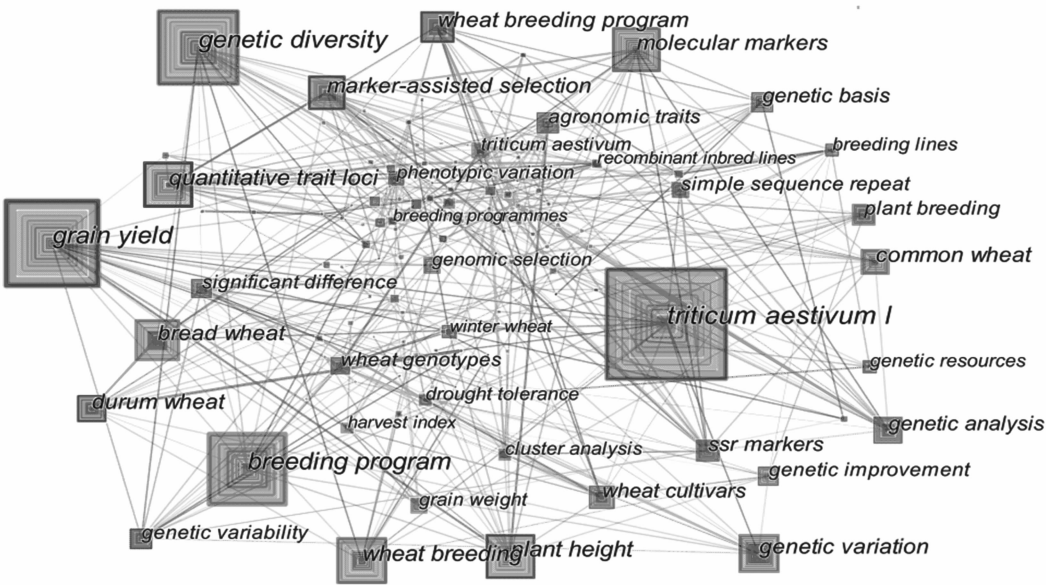


图5 Web of Science 中小麦遗传育种文献主题词共现知识图谱

谱(图 6)。按由近及远的时间顺序(含 2018 年),凸显的主题词依次为全变异(total variation)、重组自交系(recombinant inbred line)、候选基因(candidate genes)、连锁基因图谱(genetic linkage map)、全基因组关联研究(genome – wide association study)、环境互作(environment interaction)、全基因组关联映射(genome – wide association mapping)、叶锈病(leaf rust)、性状标记关联(marker – trait association)、未来育种项目(future breeding program)、花期

(flowering time)、品质性状(quality traits)等。

国外小麦遗传育种的研究前沿主线十分鲜明,与研究热点存在交叉,主要体现在 3 个方面:(1)基础研究,包括基因、基因图谱、基因组选择、遗传结构、单核苷酸多态性、数量性状基因位点等;(2)试验技术与方法研究,包括全基因组关联与映射、性状标记关联、SNP 标记、原位杂交、分子标记连锁图谱等;(3)应用研究,包括环境互作、品质改良、生理性状等。

产机构和区域内机构之间存在合作,学术交流与合作有待进一步加强。例如,以西北农林科技大学农学院、山西省农业科学院小麦研究所、中国农业科学院作物科学研究所和山东省农业科学院作物研

究所为核心的高产机构之间的合作,以及山西大学生物工程学院、山西省农业科学院生物技术研究中心和山西省农业科学院作物科学研究所之间的区域内机构合作。

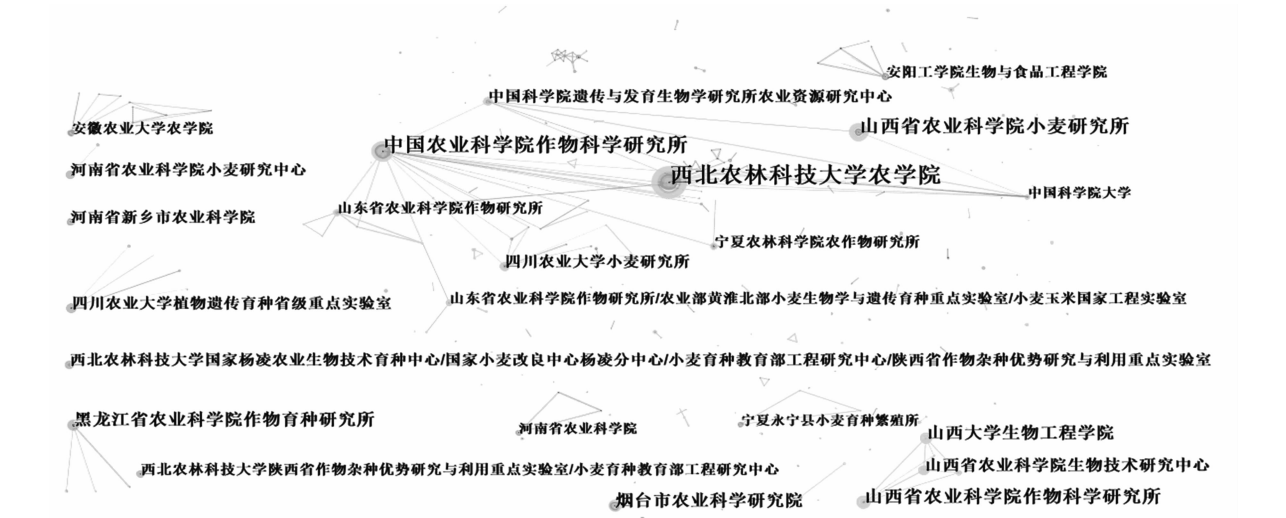


图8 中国学术期刊全文数据库中小麦遗传育种文献机构分布知识图谱

3.3 研究热点分析

提取文献高频关键词作为研究热点分析样本,高频关键词(表 6)有 9 个与 Web of Science 中的高频关键词重合,说明国内研究已逐步接轨国际。利用 Citespace 绘制关键词共现知识图谱(图 9),中心性较高的关键词有小麦育种、小麦品种、小麦新品种、麦类作物、冬小麦、分子标记等。以高频关键词为结点,向四周发散的连线呈复杂网络状,说明该领域的研究方向和热点众多,各个研究方向与热点之间存在交叉关系,证实了小麦遗传育种的多学科交叉属性。

对高频关键词进行聚类分析,得到 4 个研究热点:(1)高品质新品种的培育,包括小麦育种、小麦新品种及农艺性状等;(2)区域小麦,包括冬小麦、春小麦、河南省及黄淮麦区等;(3)小麦育种技术,包括分子标记、分子育种及远缘杂交等;(4)小麦抗病性,包括白粉病、矮败小麦及条锈病等。

3.4 研究前沿分析

将文献主题词进行清洗,按时间排序,近 5 年出现的主题词如表 7 所示,用 Citespace 绘制主题词共现图谱(图 10)和时间序列(Time Zone)图谱(图 11)。在研究前沿分析中(包含 2018 年数据),按由近及远的时间顺序,凸显的主题词为超氧化物歧化酶(superoxide dismutase)、特异性聚合酶链反应

表 6 中国学术期刊全文数据库中小麦遗传育种文献高频关键词

序号	关键词	频次	中心性
1	小麦育种	226	0.41
2	小麦品种	103	0.21
3	小麦新品种	83	0.15
4	麦类作物	63	0.11
5	冬小麦	48	0.06
6	分子标记	38	0.12
7	河南省	35	0.09
8	小麦遗传育种	31	0.05
9	农艺性状	31	0.06
10	杂交小麦	31	0.04
11	白粉病	27	0.07
12	矮败小麦	24	0.03
13	遗传育种	23	0.05
14	遗传多样性	19	0.03
15	远缘杂交	18	0.01
16	黄淮麦区	17	0.00
17	育种技术	16	0.01
18	条锈病	16	0.02
19	分子育种	15	0.03
20	春小麦	14	0.02

(specific polymerase chain reaction)、人工合成六倍体小麦(synthetic hexaploid wheat)、自然通讯(nature communications)、成株期抗性(adult - plant resistance)、小麦叶锈病(puccinia tritricina)、山羊草(aegilops longissima)、多酚氧化酶(polyphenol oxidase)等。



图9 中国学术期刊全文数据库中小麦遗传育种文献关键词共现知识图谱

表 7 中国学术期刊全文数据库中小麦遗传育种文献主题词

序号	年份	主题词	频次	序号	年份	主题词	频次
1	2018	superoxide dismutase	1	16	2015	nuclear antigen	1
2	2017	specific polymerase chain reaction	1	17	2014	Zea mays	2
3	2017	synthetic hexaploid wheat	1	18	2014	Aegilops kotschyi	1
4	2017	oligop sc119	1	19	2014	Triticum spelta	1
5	2017	nature communications	1	20	2014	situ hybridization	1
6	2016	adult - plant resistance	1	21	2014	multicolor fluorescent	1
7	2016	Puccinia triticina	1	22	2014	fragment length polymorphism	1
8	2015	Aegilops longissima	1	23	2013	Aegilops tauschii	3
9	2015	oligo - p sc119	2	24	2013	Agropyron cristatum	3
10	2015	polyphenol oxidase	2	25	2013	Thinopyrum ponticum	2
11	2015	Triticum urartu	2	26	2013	3 - enoyl - coa reductase	1
12	2015	proliferating cell	1	27	2013	Sorghum bicolor	1
13	2015	secale cereale	1	28	2013	Brachypodium distachyon	1
14	2015	Triticum turgidum L.	1	29	2013	primary secondary amine	1
15	2015	Thinopyrum elongatum	1	30	2013	solvent retention capacity	1

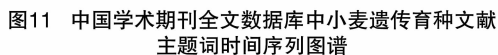
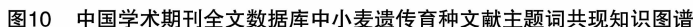
国内小麦遗传育种的研究前沿与国际基本相似,特殊之处在于凸显主题词包含长穗偃麦草、粘果山羊草、二穗短柄草、黑麦等大量小麦的野生近种,在一定程度上说明国内育种更重视远缘杂交,通过探索外源种属的种质资源,扩大遗传基础、寻求基因改良途径,跟我国地大物博,植物种类繁多、变异多样、遗传基础丰富,能够为小麦的基因改良提供宝贵的遗传资源是息息相关的。

4 结论

培育高产、稳定、优质的小麦新品种是改善民生、保障国家粮食安全的重大举措,提高小麦遗传

育种工作的创新能力和育种水平,使小麦遗传育种朝着高水平、多元化的方向发展,是国内外农业科研工作者的一个重要研究课题。本研究采用文献计量和对比分析的方法,利用 Citespace 软件绘制国内外小麦遗传育种文献的可视化知识图谱,对研究现状、研究热点和研究前沿进行对比分析发现,国内该领域的研究不仅文献产出量世界领先,研究前沿也逐步接轨国际先进水平。

展望未来,小麦遗传育种的研究还面临许多挑战,主要包括基因组学、健康、赤霉病、芯片技术、国际协作网等^[12]。就国内而言,发掘并利用小麦耐胁迫基因、建立精准且高通量表型系统、充分利用生



参考文献:

- seq - BSA [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7: 1902.
- [4] Dakouri A, Mccallum B D, Radovanovic N, et al. Molecular and phenotypic characterization of seedling and adult plant leaf rust resistance in a world wheat collection [J]. *Molecular Breeding: New Strategies in Plant Improvement*, 2013, 32 (3): 663 - 677.
- [5] Allen A M, Winfield M O, Burrige A J, et al. Characterisation of a wheat breeders' array suitable for high throughput SNP genotyping of global accessions of hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2017, 15 (3): 390.
- [6] 赵俊杰. 小麦 52 个产量、品质、抗性和适应性基因的育种选择研究 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2018.
- [7] 邹景伟, 贾万利, 李立鑫, 等. 120 份小麦品种 (系) 重要性状功能基因的 KASP 标记检测 [J]. *分子植物育种*, 2019, 17 (12): 3945 - 3959.
- [8] 官文萍, 韩 冉, 宋健民, 等. 顶芒和无芒山羊草育种价值及细胞学标记 [J]. *核农学报*, 2017, 31 (10): 1889 - 1895.
- [9] 张 影, 巩 杰, 马学成, 等. 基于文献计量的近 20 多年来土地利用对土壤有机碳影响研究进展与热点 [J]. *土壤通报*, 2016, 47 (2): 480 - 488.
- [10] 姜慧敏. 基于对比分析法的中美移动通信产业专利情报分析 [J]. *情报科学*, 2010, 28 (12): 1837 - 1840.
- [11] 侯元元, 黄裕荣, 张 红, 等. 基于文献计量的我国大数据研究进展分析 [J]. *图书情报工作*, 2014, 58 (增刊 2): 204 - 208.
- [12] 王雯玥, 肖永贵, 杨建仓, 等. 主要作物遗传育种综述——中国农业科学院作物学博士后论坛 [J]. *中国种业*, 2017 (4): 9 - 12.