

基于WOS和CiteSpace分析我国近10年柑橘研究热点与前沿

肖畅^{1,2}, 彭婷³, 刘继红^{4*}

(¹湖北广播电视大学导学中心, 武汉 430000; ²国家开放大学湖北分部, 武汉 430000; ³赣南师范大学生命科学学院, 江西赣州 341000; ⁴华中农业大学园艺林学学院, 武汉 430070)

摘要:分析我国柑橘研究领域近10 a(年)的热点与前沿主题, 便于相关研究者了解本领域的研究现状。以Web of Science数据库中2010—2019年我国柑橘研究相关学术论文为研究对象, 运用文献计量可视化软件CiteSpace对其进行作者、机构、主题词共现和文献共被引分析。检索范围内发表的我国柑橘研究论文共3 168篇, 发文数量整体呈现逐年增长的趋势, 受到多学科、多领域的广泛关注。研究机构以华中农业大学发文量最多, 其次是西南大学、浙江大学。已经形成了以邓秀新和吴强盛为核心的学术团队群。近10 a研究热点有组学研究、抗氧化、系统发育分析、黄龙病、丛枝菌根、柑橘精油、果实品质等。2016—2019年高突现主题词预示着当前研究热点指向柑橘有效成分及其药用价值研究。研究前沿主题涵盖柑橘黄龙病、柑橘系统发育分析、柑橘有效成分及其功能研究、丛枝菌根、柑橘果实品质研究等多个方面。其中与柑橘系统发育分析相关的文献影响力最强。近年来我国科研人员对柑橘从多学科、多领域开展了广泛、深入的研究。从研究内容来看, 基础理论研究较多, 与柑橘产业结合紧密的研究相对较少, 有待进一步加强基础研究成果向应用领域的延伸。

关键词:柑橘; 研究热点; 研究前沿; CiteSpace; 可视化

中图分类号: S666

文献标志码: A

文章编号: 1009-9980(2020)10-1573-11

Analysis on hotspots and frontiers of Chinese *Citrus* research based on WOS and CiteSpace in the past decade

XIAO Chang^{1,2}, PENG Ting³, LIU Jihong^{4*}

(¹Learning Center, Hubei Radio and TV University, Wuhan 430000, Hubei, China; ²Hubei Branch, The Open University in China, Wuhan 430000, Hubei, China; ³College of Life Sciences, Gannan Normal University, Ganzhou 341000, Jiangxi, China; ⁴College of Horticulture and Forestry Sciences, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, Hubei, China)

Abstract: Based on the 2010—2019 database from Web of Science, we analyzed the hotspots and frontiers of Citrus research in China, which could help relevant researchers to understand the current situation in this field. Using “citrus”, “trifoliate orange” or “kumquat” as topic, a preliminary search was done on Web of Science, which resulted in the records of literature data published in China between 2010 and 2019. By using the analysis and retrieval function of WOS and Excel, the literature data were analyzed in terms of annual and literature subject categories. Based on the bibliometric analysis software CiteSpace, author, institution, co-word and co-citation were analyzed, respectively, so as to obtain the statistical data and the visualized network of Citrus research. Accordingly, research hotspots, intellectual structure and frontier topics were analyzed. A total of 3 168 citrus-related articles were retrieved from WOS database. The number of articles related to Citrus research increased steadily, and the contents involved various subjects and fields. Plant science was the largest publishing subject category, accounting for 18.88% of the total published articles, followed by food science technology, biology, horti-

收稿日期: 2020-03-31 接受日期: 2020-06-21

基金项目: 国家自然科学基金(31760563)

作者简介: 肖畅, 女, 讲师, 硕士, 从事果树抗逆研究。Tel: 13407173717, E-mail: 240024023@qq.com

*通信作者 Author for correspondence. Tel: 027-87282399, E-mail: liujihong@mail.hzau.edu.cn

culture, chemistry, microbiology, agriculture, pharmacology, entomology, nutriology and so on. The top 3 most productive institutes were Huazhong Agricultural University, Southwest University and Zhejiang University, which are located in Hubei, Chongqing and Zhejiang, respectively, in accordance with the distribution of citrus production, suggesting that the research institutes of citrus in China were closely related to the geographic distribution of citrus cultivation. Academic teams with Deng Xiuxin and Wu Qiangsheng as the core have formed. The co-word analysis showed that the hotspots of citrus research in the past decade included omics, antioxidant system, phylogenetic analysis, huanglongbing, arbuscular mycorrhiza, citrus essential oil, fruit quality, etc. In recent years, the omics studies have been widely used in various fields of citrus research. From 2010 to 2015, the high-burst terms, such as “mycorrhizal colonization”, “arbuscular mycorrhizal”, “host plants” and so on, indicated that the research focus of this stage was arbuscular mycorrhizal. From 2016 to 2019, the high-burst terms, such as “principal component analysis” “oxidative stress” “NF kappa B” and so on, indicated that the current hotspots of citrus research were active ingredient and medicinal value of citrus. The timeline of co-citation clusters in citrus researches showed that the hotspots and their duration varied with time. The co-citation analyses showed that the frontiers in research included huanglongbing, phylogenetic analysis, active ingredient extraction and functions analysis, arbuscular mycorrhiza, citrus fruit quality and so on. The above research topics have a strong sustainability. Among them, the literatures related to phylogenetic analysis of citrus possess the strongest influence. In the process of knowledge evolution of citrus research, “the draft genome of sweet orange (*Citrus sinensis*)” from Xu Qiang was the most important work in this field. The highly cited and central literatures in citrus research mainly focus on the basic research fields such as omics and molecular biology, and the applied research is less. In the past decade, Chinese scholars have carried out extensive and in-depth research on citrus from multidisciplinary fields. The main research forces were from universities, followed by research institutes. Most of the researches were theoretical studies and few were closely related to the citrus industry. In future, more efforts should be made to strengthen the conversion of basic research into practical application.

Key words: *Citrus*; Research hotspots; Research frontiers; CiteSpace; Visualization

柑橘(*Citrus* L.)属芸香科植物,广泛栽植于我国浙江、福建、湖南、四川、广西、湖北、江西、重庆等地。柑橘类水果和产品因其风味独特、口感怡人、经济实惠,受到越来越多消费者的喜爱。此外,它还包含各种促进健康的成分,如维生素C、膳食纤维、类黄酮、精油和类胡萝卜素等。据国家统计局统计,2018年我国年柑橘产量4 138.14万t,居世界首位。近年来,随着生物技术手段的进步和柑橘品种全基因组序列的建立,给柑橘研究带来了巨大变化。总结柑橘研究的阶段性成果,分析研究热点与前沿主题,对全面了解柑橘领域的研究具有重要意义。

CiteSpace是陈超美教授开发的一款用于分析科学文献中蕴含的潜在知识,并在科学计量学、数据和信息可视化背景下发展起来的引文可视化分析软件^[1]。利用CiteSpace进行共词分析和文献共被引分

析可用来研究一个特定领域的知识基础和研究前沿。共词分析是通过测量关键词或主题词的频次来探测特定领域中研究热点的变化^[2],文献共被引分析是对文献之间共被引关系的挖掘过程^[3],可以在海量的参考文献中高效便捷的找出研究领域的重要基础知识,也就是找出核心的经典文献,被广泛地应用于挖掘特定领域的研究前沿^[1]。CiteSpace在国内的应用主要集中在图书馆与档案管理、管理科学与工程以及教育学领域,自然科学领域对其应用较少^[4]。

基于此,笔者采用信息可视化分析工具CiteSpace,以Web of Science(WOS)核心合集(2010—2019年)为数据源,对我国柑橘研究领域近十年的文献进行数据挖掘和计量分析,主要采取共词分析和文献共被引分析的方法,最终以信息可视

化的方式直观、清晰地显示柑橘研究领域的热点和知识前沿,为柑橘研究者识别科学知识体系中的新趋势和创新性研究提供借鉴和启示。

1 数据来源与研究方法

1.1 数据来源

以WOS核心合集(2010—2019年)为文献检索平台,数据检索时间为2020年1月6日。以柑橘为主题搜索,因柑橘研究常常以枳(*Poncirus trifoliata*)和金柑(*Fortunella crassifolia*)等为实验材料,因此以“citrus”或“trifoliolate orange”或“kumquat”为“topic”进行主题检索,文献类型选择“Article”即论文,共获得近十年文献18 338条,其中我国发表文献3 168条。最终将获得的目标文献数据3 168条,以纯文本(plain text)格式保存“全记录与引用的参考文献信息”。

1.2 研究方法

利用WOS的分析检索功能结合Excel对所得的3 168条文献数据进行初步的年度、文献主题类别分析,形成对柑橘研究领域的初步认知。

借助CiteSpace v.5.5R2分析工具,时间设置为2010—2019年,以3 168条数据源为研究对象,对原始数据进行除重后获得3 139条文献信息,节点类型分别选择Author(作者)、Institution(机构)、Term(主题词)、Reference(被引文献)等进行图谱分析,得到柑橘研究领域的统计数据和共现图谱,分析其研究热点、知识基础和前沿主题。

2 发文数量的时间分析

图1为2010—2019年我国柑橘研究发文数量的分布情况。从图1可以看出,自2010年开始,除了2016年有微小的下降外,我国柑橘研究的发文数量整体呈现逐年增长的趋势。特别是2018—2019年发文量增长了26.82%,说明柑橘研究热度和受重视

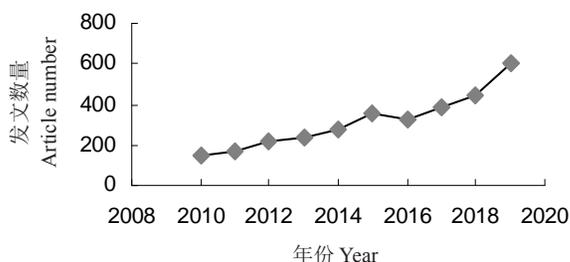


图1 我国柑橘研究发文数量年度分布(2010—2019)

Fig. 1 Number of citrus-related articles published in China during 2010 to 2019

程度在不断上升。

3 发文主题类别分析

表1列出了2010—2019年我国柑橘研究部分主题类别,植物科学是最大的刊出类别,占总刊出文章的18.88%,其次是食品科学,还涉及到生物学、园艺、化学、微生物学、农学、药理学、昆虫学和营养学等,可知柑橘研究受到多学科、多领域的广泛关注。整体来看,柑橘研究的跨学科交叉程度较高,跨学科交叉研究可能会是学者们日后研究的重要内容与主要突破点。

表1 2010—2019年我国柑橘研究文献的主要类别

Table 1 The main subject categories of citrus-related articles published in China during 2010 to 2019

主题类别 Subject categories	数量 Number	占比 Ratio/%
植物科学 Plant sciences	598	18.88
食品科学 Food Science technology	529	16.70
生物化学分子生物学 Biochemistry molecular biology	344	10.86
园艺 Horticulture	301	9.50
应用化学 Chemistry applied	250	7.89
农业多学科 Agriculture multidisciplinary	215	6.79
生物技术应用微生物学 Biotechnology applied microbiology	211	6.66
农学 Agronomy	210	6.63

4 合作网络分析

一般来说,一篇论文中同时出现不同的作者或者机构,就被认为其存在合作关系^[1]。合作图谱的绘制以可视化的方式用于评价科研人员、研究机构的学术影响力,并且可以发现其相互之间的合作关系^[4]。以下从机构和作者两个层面,对合作网络图谱进行绘制和分析。

4.1 发文机构及合作分析

分析研究机构的分布可以了解我国柑橘研究的主要机构及其合作情况。在CiteSpace中,时间切片选择1,节点类型Institution,选择每一时间切片发文量排名前50的机构,生成机构共现图谱(图2),每个节点代表一个机构,节点越大则发文频次越高。每2个节点之间的连线代表2个机构的合作关系,合作关系越多,连线越粗。生成的图谱中共有233个节点,表明参与柑橘研究的机构分布较为广泛。图中密集的连线可知研究机构之间合作也较多。总体来看,柑橘研究发文量以高校为主,其次是科研院所。



图2 2010—2019年我国柑橘研究机构合作共现图谱

Fig. 2 The network of cooperation among Citrus-related institutes during 2010 to 2019

其中,研究力量最强的是华中农业大学,发文491篇,占总文献量的15.64%,其次为西南大学、浙江大学、中国农业科学院等。

4.2 文献作者群体分析

通过对作者的合作网络进行分析,可以展现该领域内的核心作者群及其合作关系。时间切片为1,节点类型选择Author,选择每一时间切片发文量排名前50的作者,生成作者合作共现图谱(图3),节点越大表示作者发表论文章数越多,之间的连线

反应作者之间合作关系的强度。具有较高中介中心性的作者通常是连接两个不同学术团队群的关键枢纽^[1],在图谱中通过紫色外圈来显示。图3在作者后面分别列出了其发文频次及中心性大小。发表论文最多的作者分别为邓秀新和吴强盛,达到了144和102次。其中介中心性前三的作者分别为邓秀新(0.34)、吴强盛(0.21)和刘继红(0.19)。由图3可知,我国柑橘研究分别形成了以华中农业大学邓秀新(144)、长江大学吴强盛(102)、西南大学周志钦

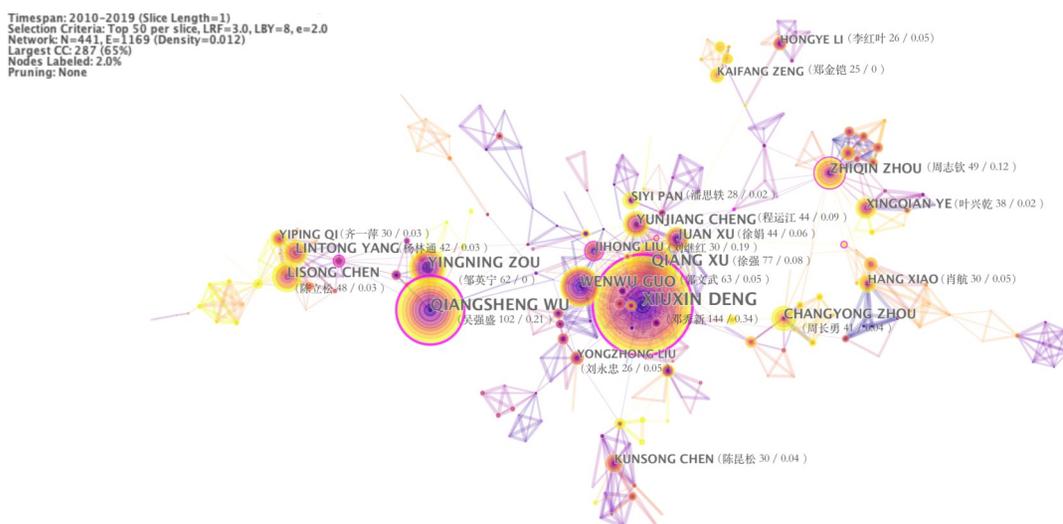


图3 2010—2019年我国柑橘研究者合作共现图谱

Fig. 3 The network of author cooperation in citrus researches during 2010 to 2019

(49)、福建农林大学陈立松(48)、浙江大学陈昆松(48)等为核心的学术团队群。从作者网络来看,发文作者之间合作较多,联系较紧密。

5 柑橘研究热点分析

研究热点是在某个研究领域中学者共同关注的

一个或者多个话题,具有较强的时间特征^[1]。在本研究中,将名词性术语和主题词作为热点词汇来源,利用 CiteSpace 软件,通过确定高频主题词和突现词来表述柑橘研究的热点和发展动向。

5.1 主题词共现分析

节点类型选择 Term,从数据集的标题、作者关键词、系统补充关键词以及摘要中提取名词性术语,每个时间切片选择 Top50,即选择每一年中频次出现排名前 50 的主题词,生成共词网络时区图(图

4)。时区图是将同一年份首次出现的主题词集合在相同的时区里,从而更清晰地展示知识领域在时间维度上的演进过程,图 4 标出了高频主题词及其出现频次。具体分析如下:表达水平(expression level)、分子机制(molecular mechanism)、基因表达(gene expression)、表达模式(expression pattern)、转录水平(transcript level)、转录组分析(transcriptome analysis)等界定了研究方法,系统发育分析(phylogenetic analysis)、柑橘黄龙病(citrus huanglong-

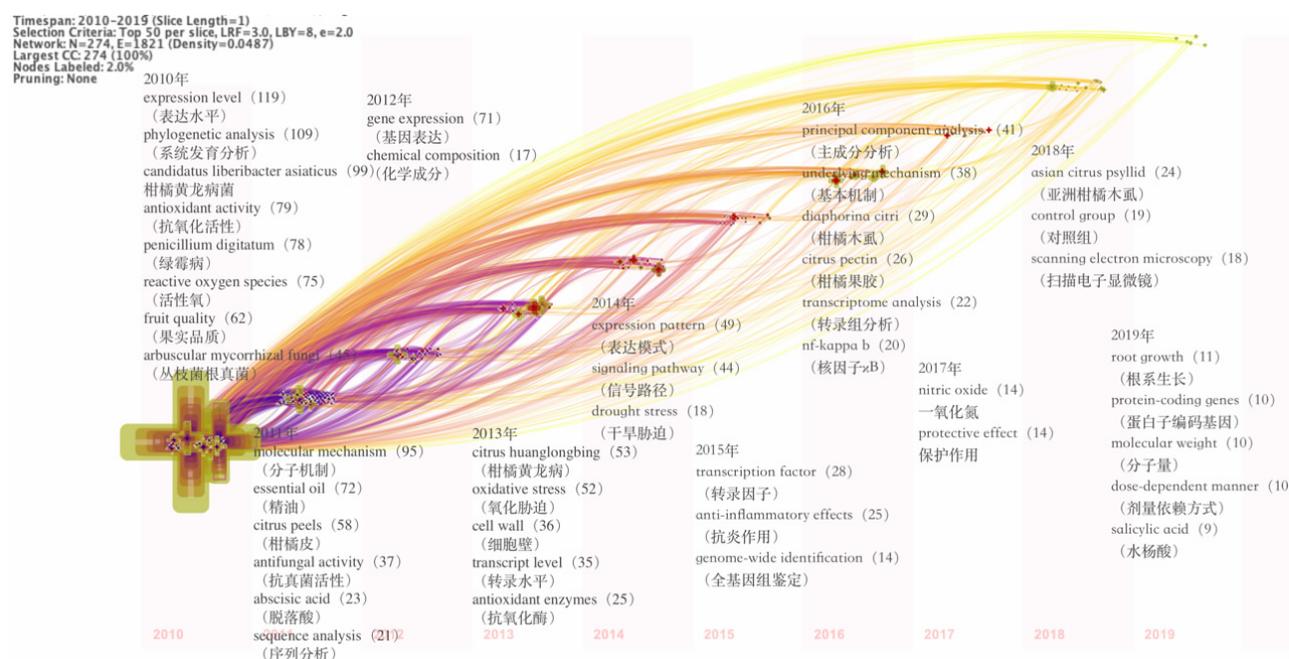


图 4 2010—2019 年我国柑橘研究主题词共现时区图及年度高频主题词

Fig. 4 The timezone view of co-terms in Citrus researches during 2010 to 2019 and high-frequency terms

bing)、绿霉菌(penicillium digitatum)、柑橘精油(essential oil)、果实品质(fruit quality)、氧化胁迫(oxidative stress)、丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi)、菌根定植(mycorrhizal colonization)、柑橘木虱(diaphorina citri)、柑橘果胶(citrus pectin)等可认为是近十年柑橘研究的热点内容。

5.2 主题词突现分析

突现性较高的主题词是某个时期内频次变化率高的词,能够挖掘研究热点,反映研究趋势^[5]。在图 4 中,具有突现性的节点为红色。表 2 列出了近十年的主题词突现术语。遗传多样性(genetic diversity)、实时定量荧光 PCR(real-time pcr)、序列标签(sequence tags)、转基因植物(transgenic plants)、靶基因(target genes)、转录水平(transcript level)、表达

模式(expression pattern)、转录因子(transcription factor)等主题词的突现表明近年组学研究方法在柑橘研究中应用较多。

2010—2015 年主题突现词:菌根定植(mycorrhizal colonization)、丛枝菌根(arbuscular mycorrhizal)、宿主植物(host plants)等表明这一阶段以丛枝菌根为研究热点。另外,研究表明炎症和氧化应激(oxidative stress)是各种威胁生命疾病的两个主要原因,NF-kappa B 在细胞炎症反应、免疫应答过程中具有关键作用,柑橘中黄酮类化合物如橙皮苷等被证实具有减少 NF-kappa B 等炎症靶点的作用^[6]。2016—2019 年主题突现词:主成分分析(principal component analysis)、氧化应激(oxidative stress)、NF-kappa B(核因子κB),表明近几年柑橘研究以柑

表 2 柑橘研究突现主题词

Table 2 Terms with the strongest citation bursts in citrus researches

主题词 Term	强度 Strength	开始 Begin	结束 End	2010—2019年 In 2010—2019
遗传多样性 Genetic diversity	5.499 1	2010	2013	████████████████████
实时定量PCR Real-time pcr	6.220 5	2010	2012	████████████████████
序列标签 Sequence tags	4.301 9	2010	2012	████████████████████
菌根定植 Mycorrhizal colonization	4.230 5	2010	2014	████████████████████
丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi	2.728 6	2011	2014	████████████████████
丛枝菌根 Arbuscular mycorrhizal	2.951 2	2011	2014	████████████████████
宿主植物 Host plants	4.766 2	2011	2013	████████████████████
转基因植物 Transgenic plants	5.490 5	2011	2013	████████████████████
序列分析 Sequence analysis	5.560 4	2011	2015	████████████████████
脱落酸 Abscisic acid	7.199 1	2014	2016	████████████████████
靶基因 Target genes	3.082 7	2014	2016	████████████████████
转录水平 Transcript level	2.987 7	2014	2016	████████████████████
表达模式 Expression pattern	7.990 3	2014	2016	████████████████████
转录因子 Transcription factor	6.526 8	2015	2019	████████████████████
主成分分析 Principal component analysis	7.701 7	2016	2019	████████████████████
基本机制 Underlying mechanism	7.132 9	2016	2019	████████████████████
氧化胁迫 Oxidative stress	6.278 8	2016	2019	████████████████████
核因子kB Nf-kappa b	6.759 7	2016	2019	████████████████████
信号途径 Signaling pathway	4.061 9	2016	2019	████████████████████

橘有效成分及其药用价值为研究热点。

6 柑橘研究知识基础和前沿主题分析

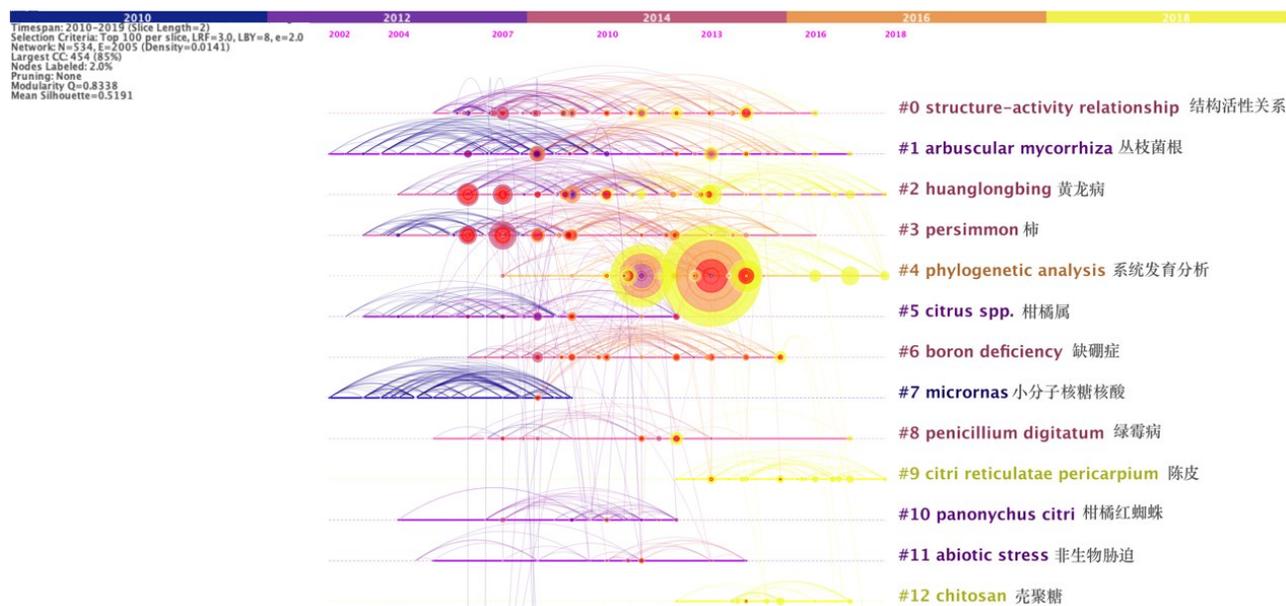
节点类型选择 Reference, 时间切片设置为 2, 提取每时间切片中被引次数前 100 的引文, 构建共被引网络。然后, 从关键词中提取名词性术语对聚类进行命名, 采用对数似然率算法 (LLR) 进行聚类标签的提取, 合成后的网络采取时间线视图展示 (图 5)。聚类的时间线图谱, 可以清晰地反映研究领域的时间特征, 节点的颜色从蓝色到黄色的变化代表研究的时间由远及近。受篇幅所限, 文中选择前 12 个聚类予以呈现, 模块值 $Q=0.8338$, 平均轮廓值 $S=0.5191$ 。CiteSpace 根据网络结构和聚类的清晰度, 提供了模块值 (Q 值) 和平均轮廓值 (S 值) 两个指标, 作为衡量图谱聚类效果的一个依据^[4], $Q>0.3$ 就意味着聚类结构是显著的。当 $S>0.7$ 时, 聚类是高度令人信服的, 0.5 以上聚类一般认为是合理的。因此, 本次图谱的聚类是合理的, 聚类结构是显著的。

图 5 显示各个聚类的持续时间均不相同, 有的研究持续时间较长, 且目前仍是活跃聚类, 如 #2 和 #4。有些研究主题持续时间相对较短, 如 #7。并且各个聚类之间的连线较多, 呈现较强的关联度, 说明各个聚类之间联系较为紧密。目前仍在活跃的大型

聚类代表着研究领域的前沿方向或者尚未解决的科学主题, 蕴含着研究的新兴趋势^[7]。表 3 按照聚类成员的大小列出了 5 个主要聚类和 1 个新兴聚类, 其 S 值均大于 0.7, 说明聚类高度同质。

网络中节点的中介中心性用于衡量其在网络中位置的重要性。表 4 列出了合成网络中中心性大于 0.1 的 10 篇文献和被引频次前 10 的文献。具有高中介中心性的文献通常是连接两个不同领域的关键枢纽^[1], 在柑橘研究知识演进中具有重要作用, 是该领域最重要的知识基础。被引频次反映了相应文献的学术贡献, 是另外一个衡量文献重要性的重要指标。结合被引频次和中心性, 以下重点介绍六个主要聚类的研究主题:

#0 聚类平均引用时间为 2009 年。该聚类研究柑橘类果实中有效物质的提取、测定、结构、功能特征及作用机制等。柑橘果实因富含类黄酮和酚酸等酚类化合物, 具有很强的抗炎和抗氧化活性, 在抵抗 2 型糖尿病、心脏病和各种癌症等慢性疾病中具有重要作用^[8-9]。Qiu 等^[10]探讨了存在于柑橘中的 5-羟甲基聚甲氧基黄酮对结肠癌细胞的抑制作用及其作用机制。Xi 等^[11]测定了中国柚的黄酮类成分, 并评价其抗氧化活性。该聚类中被引用次数最多的文献来自 Lee 等, 介绍柑橘中的一种聚甲氧基黄酮——



节点代表参考文献,节点越大,则被引次数越多,学术贡献越大。节点间的连线表示它们被同一篇论文引用的频率,连线越粗其关系性越强。连线的颜色代表两篇文献第一次共引的相应年份。

Nodes represent references. The larger the nodes are, the more times they are cited, and the greater their academic contribution. The connection between nodes indicates the frequency they are quoted by the same paper. The thicker the connection, the stronger the relationship. The color of the line represents the corresponding year of the first citation.

图 5 2010—2019 年我国柑橘研究的文献共被引时间线图

Fig. 5 The timeline view of co-citation clusters in citrus researches during 2010 to 2019

表 3 共引文献的主要聚类

Table 3 Major clusters of co-cited references

聚类号 ID	文献量 Size	平均轮廓值 Silhouette	LLR 对数似然率标签词 Label	平均年份 Mean (Year)
0	66	0.821	结构活性关系 Structure-activity relationship	2009
1	63	0.985	丛枝菌根 Arbuscular mycorrhiza	2009
2	56	0.907	黄龙病 Huanglongbing	2011
3	48	0.839	柿 Persimmon	2009
4	30	0.703	系统发育分析 Phylogenetic analysis	2012
9	18	0.973	陈皮 Citri reticulatae pericarpium	2015

川皮苷对葡萄糖代谢和胰岛素敏感性的影响,并分析了其在肥胖糖尿病中的作用机制^[8]。其次是来自 Tripoli 等^[12]关于柑橘类黄酮的分子结构、生物活性和营养特性的综述文章,该文章的中心性也较高,为 0.25(表 4)。

#1 聚类平均引用时间为 2009 年。该聚类主要开展关于柑橘丛枝菌根的研究。丛枝菌根真菌可与柑橘根系形成丛枝菌根共生,扩大根系与土壤的接触面积,被认为是一种潜在的土壤生物肥料,促进柑橘的营养^[13]。该聚类的研究内容主要有二:一是丛枝菌根对柑橘生长的影响,如丛枝菌根促进柑橘对营养的吸收、增强柑橘对胁迫的抗性。Wu 等^[14]研究

了丛枝菌根在干旱胁迫下改变积蔗糖和脯氨酸代谢,调节渗透胁迫。二是针对柑橘菌根功能影响因子的研究,如 Wu 等^[15]研究了多胺对柑橘菌根和根系发育的影响。该聚类中引用次数前 5 的文献中有 4 篇来自长江大学的吴强盛,表明其研究在该领域的重要价值,他主要研究植物菌根生物技术,该聚类被引次数最多的文献是其于 2008 年发表的干旱胁迫下 3 种丛枝菌根真菌对土壤结构和柑橘生长的影响^[16]。

#2 聚类平均引用时间为 2011 年。该聚类集中探讨黄龙病病原对柑橘的影响、致病机制、诊断及防治等。柑橘黄龙病是世界范围内危害最大的柑橘病

表4 中心性前10和被引频次前10的被引文献

Table 4 Top10 cited references with the highest betweenness centrality or highly cited

中心性 Centrality	作者 Author	年 Year	来源期刊 Journal	聚类 Cluster#	频次 Counts	作者 Author	年 Year	来源期刊 Journal	聚类 Cluster#
0.35	Xu Q	2013	Nature Genetics	4	164	Xu Q	2013	Nature Genetics	4
0.30	Yan J W	2012	Molecular Biology Reports	2	107	Tamura K	2011	Molecular Biology & Evolution	4
0.25	Tripoli E	2007	Food Chemistry	0	57	Wu G A	2014	Nature Biotechnology	4
0.24	Yun Z	2013	BMC Plant Biology	4	51	Liu Q	2007	Journal of Experimental Botany	3
0.23	Gutjahr C	2009	New Phytologist	1	41	Bové J M	2006	Journal of Plant Pathology	2
0.19	Liu Q	2009	Journal of Experimental Botany	3	41	Tamura K	2007	Molecular Biology and Evolution	4
0.18	Zhang M X	2011	Food Chemistry	0	40	Grafton-cardwell E E	2013	Annual Review of Entomology	2
0.18	Wu G A	2018	Nature	4	38	Duan Y P	2009	Molecular Plant-Microbe Interactions	2
0.17	Meyers B C	2008	Plant Cell	7	37	Liu Y Z	2006	Journal of Huazhong Agricultural University (Natural Science Edition)	3
0.12	Fu X Z	2011	BMC Plant Biology	11	35	Wang N	2013	Phytopathology	2

害,主要通过柑橘木虱和带病苗木传播。Fan等^[17]开展了耐粗柠檬和感病甜橙对柑橘黄龙病病菌(亚洲种)感染的比较转录和解剖分析。从聚类持续的时间可以看到黄龙病是柑橘研究领域始终关注的话题。该聚类被引次数最多的文献来自Bové^[18],它详细介绍了黄龙病的历史、病原学、生物学、流行病学、检测、地理分布和防治情况等,成为柑橘黄龙病研究最具影响力的论文。其次是Grafton-Cardwell等^[19]提出对柑橘黄龙病进行综合和生物学相关的管理策略。被引次数第三的是Duan等^[20],通过宏基因组学方法获得了柑橘黄龙病病原菌亚洲种的全基因组序列,并且通过系统发育分析证实其是根瘤菌科的早期分支和高度分化的成员,为后期细菌生物学和种群多样性研究提供了基础。

#3聚类平均引用时间为2009年,主要开展柑橘果实发育生理、代谢途径和重要性状关键基因的鉴定、调控机制等影响柑橘果实品质的研究。可溶性固形物、有机酸、柚皮苷、柠檬苦素、类胡萝卜素等植物化学物质含量是柑橘品质的影响因素^[21]。Lu等^[22]采用比较转录组分析揭示了调控甜橙柠檬酸盐积累的分子过程;Pan等^[23]采用转录组和蛋白质组综合分析甜橙类胡萝卜素的生物合成和调控。该聚类被引次数排名前5的文献中,有两篇来自同一作者刘强,其中被引次数最多的一篇文章报道了一个甜橙突变体——“红暗柳”,突变导致类胡萝卜(主要是番茄红素)的积累、高糖和低酸,第一次比较研究了野生型和突变型柑橘果实中类胡萝卜素生物合成酶基因表达谱的信息^[24]。为了鉴定引起番茄红素积累、低酸、高糖的差异表达基因,Liu等^[25]进一步报道了对该突

变体的转录组分析,为了解柑橘芽变提供新的线索。该聚类文献被引次数第二的是Liu^[26]提出的一种适合于成熟脐橙果皮和果肉的RNA提取方法,运用该方法提取的RNA可以有效用于RT-PCR、cDNA-AFLP和RNA杂交,是后期诸多研究者提取RNA的参考方法。

#4聚类平均引用时间为2012年。该聚类主要涉及柑橘系统发育研究,特别是针对柑橘的进化和驯化机制。栽培柑橘的遗传多样性非常狭窄,通过基因组分析了解柑橘的系统发育,可以明确分类学关系,并促进序列导向的遗传改良,有助于改善柑橘黄龙病和其他病害的抗性^[27]。Huang等^[28]阐明了Ruby2-Ruby1基因簇在柑橘中的调控机制和进化历史。Liu等^[29]通过对枳和克里曼丁橘进行了基因组重新测序,从而鉴定二者之间的遗传变异。该聚类文献被引次数最多的是来自华中农业大学的徐强,该论文对甜橙基因组测序并进行了综合分析,为甜橙的起源和维生素C代谢的基因组提供了新的认识,为柑橘育种和遗传改良提供了丰富的遗传信息资源^[30]。而且该文的被引频次和中心性在所有被引文献中均为最高(表4),表明这篇论文对于柑橘研究具有较高的学术影响力,是该领域研究的经典论文。#4聚类有3篇中心性较强的文献,有4篇被引频次排在前10的文献,表明该聚类的文献影响力较强,在图谱中持续的时间从2007年至今,且呈现的颜色是黄色,代表该聚类是柑橘研究近年持续时间较长且仍在活跃的新兴主题。

#9聚类平均引用时间为2015年。相较于其他几个聚类,#9聚类文献的影响力明显不足。这与文

献的发表年份有关,因为较新文献的影响力需要时间来检验^[7]。该聚类是关于柑橘陈皮生物活性物质的测定及药用价值的分析,陈皮是柑橘或其栽培品种的干燥成熟果皮,是一种常见的药食两用的中药,其主要成分是膳食黄酮,具有多种生物活性^[31]。因此将此聚类与#0聚类人工合并为柑橘有效成分及其功能的研究。该聚类中被引频次最高的文献来自Liu等^[31],首次建立了一种快速分离液相色谱/电喷雾串联质谱法(RRLC-ESI-MSⁿ)的方法,可以同时测定陈皮中6种生物活性黄酮类化合物的含量。

7 小 结

柑橘性喜温暖湿润,分布在北纬16°~37°。发文章前3位的研究机构主要来自湖北、重庆、浙江,与柑橘产区分布相对应,说明我国柑橘的研究机构与柑橘栽培的地域分布密切相关。从机构和作者发文章量,以及作者的影响力来看,华中农业大学柑橘研究的整体实力和影响力均较强。在柑橘研究领域已经形成了以邓秀新和吴强盛等为核心的学术团队群,共同推动柑橘研究领域的发展。

结合柑橘主题词频次和突现主题词分析,我国柑橘研究热点主要有组学研究、抗氧化、系统发育分析、黄龙病、丛枝菌根、柑橘精油、果实品质等。其中组学研究是鉴定重要性状关键基因、阐明生理机制事件和揭示作物未知代谢途径的有力途径^[32],随着近几十年来分子技术和生物信息学的迅猛发展,组学研究方法在柑橘研究中的应用也急剧增加。目前柑橘的组学研究主要集中于转录组学、蛋白质组学和代谢组学方面,而对激素组学、离子组学和表型组学的研究较少^[32]。

文献共被引时间线聚类谱图可见各聚类形成时间各异且持续时间不一。从柑橘研究内容可以看出,我国柑橘研究主要集中在柑橘黄龙病(#1聚类)、柑橘系统发育分析(#4聚类)、柑橘有效成分及其功能的研究(#0和#9聚类)、丛枝菌根(#2聚类)和柑橘果实品质研究(#3聚类)等方面,并且这几个主题的研究持续性较强。柑橘类水果具有很高的营养和药理价值,富含维生素,尤其是维生素C,是矿物质和膳食纤维的重要来源。萜类、类黄酮和类胡萝卜素等植物化学物质,具有抗氧化、抗炎、抗菌和抗癌等功效,随着人们对健康的重视和对品质生活的追求,研究者们对柑橘药用价值和风味机制的研究

也更加深入。柑橘黄龙病严重影响柑橘的生长发育、果实品质和产量,因其病菌难以进行人工培育^[33],制约了对其深入研究,但随着新一代测序技术的不断发展,近年来组学手段为研究柑橘黄龙病的发病机制提供了新的方法和思路。一些研究报告使用CRISPR/Cas9或CRISPR/Cas12系统作为柑橘基因组编辑的有效工具^[34],通过CRISPR/Cas系统和常规转化策略,提高柑橘对细菌性溃疡病和黄龙病的抗性^[35]。从长远来看,利用CRISPR/Cas策略改善柑橘果实品质、提高抗病性也可能是未来柑橘研究的发展方向。

在柑橘研究知识演进过程中,来自徐强(XU Q)“The draft genome of sweet orange (*Citrus sinensis*)”是该领域最为重要的著作。整体来看,柑橘研究中高被引和中心性较强的文献主要集中于组学和分子生物学等偏基础研究领域,如基于基因测序的基因草图绘制、基因组序列分析、功能基因挖掘等,应用研究相对较少。主要源于一是分子遗传工具和技术的进步,二是我国目前科研经费相对充足。在此情况下,后期需更加注重基础研究成果向应用研究领域的延伸,从而更好地解决柑橘产业中的实际问题。

近年我国学者对柑橘领域从多学科、多领域开展了广泛、深入的研究,基础理论研究较多,与柑橘产业结合紧密的研究较少。本研究不同于以往从文献内容出发对柑橘研究领域进行的相关梳理,以我国学者在WOS数据库中论文为对象开展文献计量学分析。该数据库以英文期刊为主,国内数据库中柑橘研究论文有待进一步分析。

参考文献 References:

- [1] 李杰,陈超美. CiteSpace: 科技文本挖掘及可视化[M]. 北京: 首都经济贸易大学出版社,2017: 138-177.
LI Jie, CHEN Chaomei. CiteSpace: Text mining and visualization in scientific literature[M]. Beijing: Capital University of Economics and Business Press, 2017: 138-177.
- [2] LIU Z G, YIN Y M, LIU W D, DUNFORD M. Visualizing the intellectual structure and evolution of innovation systems research: a bibliometric analysis[J]. Scientometrics, 2015, 103(1): 135-158.
- [3] 尹炳,汪建飞,张世文,邹宏光,陈永强,师胜. 基于知识图谱的土壤硒研究热点和趋势分析[J]. 土壤通报, 2019, 50(5): 1062-1071.
YIN Bing, WANG Jianfei, ZHANG Shiwen, ZOU Hongguang, CHEN Yongqiang, SHI Sheng. Research hotspot and develop-

- ment trend of selenium in soil based on mapping knowledge domains[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2019, 50(5): 1062-1071.
- [4] 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.
CHEN Yue, CHEN Chaomei, LIU Zeyuan, HU Zhigang, WANG Xianwen. The methodology function of CiteSpace mapping knowledge domains[J]. Studies in Science of Science, 2015, 33(2): 242-253.
- [5] 张增可,王齐,吴雅华,刘兴沼,黄柳菁. 基于 CiteSpace 植物功能性状的研究进展[J]. 生态学报, 2020, 40(3): 1101-1112.
ZHANG Zengke, WANG Qi, WU Yahua, LIU Xingzhao, HUANG Liujing. Research progress and development of plant functional traits based on CiteSpace[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(3): 1101-1112.
- [6] PARHIZ H, ROOHBAKHSH A, SOLTANI F, REZAEI R, IRANSHAHI M. Antioxidant and anti-inflammatory properties of the citrus flavonoids hesperidin and hesperetin: An updated review of their molecular mechanisms and experimental models [J]. Phytotherapy Research, 2015, 29(3): 323-331.
- [7] 曹文杰,赵瑞莹. 国际农业面源污染研究演进与前沿: 基于 CiteSpace 的量化分析[J]. 干旱区资源与环境, 2019, 33(7): 3-11.
CAO Wenjie, ZHAO Ruiying. Evolution and frontiers of international agricultural diffused pollution research-quantitative analysis based on CiteSpace[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2019, 33(7): 3-11.
- [8] LEE Y S, CHA B Y, SAITO K, YAMAKAWA H, CHOI S S, YAMAGUCHI K, YONEZAWA T, TERUYA T, NAGAI K, WOO J T. Nobiletin improves hyperglycemia and insulin resistance in obese diabetic *ob/ob* mice[J]. Biochemical Pharmacology, 2010, 79(11): 1674-1683.
- [9] ZHANG Y M, SUN Y J, XI W P, SHEN Y, QIAO L P, ZHONG L Z, YE X Q, ZHOU Z Q. Phenolic compositions and antioxidant capacities of Chinese wild mandarin (*Citrus reticulata* Blanco) fruits[J]. Food Chemistry, 2014, 145(15): 674-680.
- [10] QIU P J, DONG P, GUAN H S, LI S M, HO C T, PAN M H, MCCLEMENTS D J, XIAO H. Inhibitory effects of 5-hydroxy polymethoxyflavones on colon cancer cells[J]. Molecular Nutrition & Food Research, 2010, 54(2): 244-252.
- [11] XI W P, FANG B, ZHAO Q Y, JIAO B N, ZHOU Z Q. Flavonoid composition and antioxidant activities of Chinese local pummelo (*Citrus grandis* Osbeck.) varieties[J]. Food Chemistry, 2014, 161: 230-238.
- [12] TRIPOLI E, LAGUARDIA M, GIAMMANCO S, DI M D, GIAMMANCO M. Citrus flavonoids: Molecular structure, biological activity and nutritional properties: A review[J]. Food Chemistry, 2007, 104(2): 466-479.
- [13] WU Q S, SRIVASTAVA A K, ZOU Y N, MALHOTRA S K. Mycorrhizas in citrus: Beyond soil fertility and plant nutrition[J]. Indian Journal of Agricultural Sciences, 2017, 87(4): 427-443.
- [14] WU H H, ZOU Y N, RAHMAN M M, NI Q D, WU Q S. Mycorrhizas alter sucrose and proline metabolism in trifoliate orange exposed to drought stress[J]. Scientific Reports, 2017, 7: 1-10.
- [15] WU Q S, ZOU Y N, ZHAN T T, LIU C Y. Polyamines participate in mycorrhizal and root development of citrus (*Citrus tangerine*) seedlings[J]. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 2010, 38(3): 25-31.
- [16] WU Q S, XIA R X, ZOU Y N. Improved soil structure and citrus growth after inoculation with three arbuscular mycorrhizal fungi under drought stress[J]. European Journal of Soil Biology, 2008, 44(1): 122-128.
- [17] FAN J, CHEN C X, YU Q B, KHALAF A, ACHOR D S, BR-LANSKY R H, MOORE G A, LI Z G, GMITTER F G. Comparative transcriptional and anatomical analyses of tolerant rough lemon and susceptible sweet orange in response to '*Candidatus Liberibacter asiaticus*' infection[J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2012, 25(11): 1396-1407.
- [18] BOVÉ J M. Huanglongbing: A destructive, newly-emerging, century-old disease of citrus[J]. Journal of Plant Pathology, 2006, 88(1): 7-37.
- [19] GRAFTON-CARDWELL E E, STELINSKI L L, STANSLY P A. Biology and management of Asian citrus psyllid, vector of the huanglongbing pathogens[J]. Annual Review of Entomology, 2013, 58(1): 413-432.
- [20] DUAN Y P, ZHOU L J, HALL D G, LI W B, DODDAPANENI H, LIN H, LIU L, VAHLING C M, GABRIEL D W, WILLIAMS K P. Complete genome sequence of citrus huanglongbing bacterium, '*Candidatus Liberibacter asiaticus*' obtained through metagenomics[J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2009, 22(8): 1011-1020.
- [21] LI L J, TAN W S, LI W J, ZHU Y B, CHENG Y S, NI H. Citrus taste modification potentials by genetic engineering[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2019, 20(24): 6194.
- [22] LU X P, CAO X J, LI F F, LI J, XIONG J, LONG G Y, CAO S Y, XIE S X. Comparative transcriptome analysis reveals a global insight into molecular processes regulating citrate accumulation in sweet orange (*Citrus sinensis*) [J]. Physiologia Plantarum, 2016, 158(4): 463-482.
- [23] PAN Z Y, ZENG Y L, AN J Y, YE J L, XU Q, DENG X X. An integrative analysis of transcriptome and proteome provides new insights into carotenoid biosynthesis and regulation in sweet orange fruits[J]. Journal of Proteomics, 2012, 75(15): 4879-4880.
- [24] LIU Q, XU J, LIU Y Z, ZHAO X L, DENG X X, GUO L L, GU J Q. A novel bud mutation that confers abnormal patterns of lycopene accumulation in sweet orange fruit (*Citrus sinensis* L. Osbeck) [J]. Journal of Experimental Botany, 2007, 58(15/16): 4161-4171.
- [25] LIU Q, ZHU A, CHAI L J, ZHOU W J, YU K Q, DING J, XU J, DENG X X. Transcriptome analysis of a spontaneous mutant in

- sweet orange [*Citrus sinensis* (L.) Osbeck] during fruit development[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2009, 60(3):801-813.
- [26] LIU Y Z. Efficient isolation of RNA from fruit peel and pulp of ripening navel orange (*Citrus sinensis* Osbeck.)[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2006, 25(3):300-304.
- [27] WU G A, PROCHNIK S, JENKINS J, ……., ROKHSAR D. Sequencing of diverse mandarin, pummelo and orange genomes reveals complex history of admixture during citrus domestication [J]. *Nature Biotechnology*, 2014, 32(7): 656-662.
- [28] HUANG D, WANG X, TANG Z Z, YUAN Y, XU Y T, HE J X, JIANG X L, PENG S A, LI L, BUTELLI E, DENG X X, XU Q. Subfunctionalization of the *ruby2-ruby1* gene cluster during the domestication of citrus[J]. *Nature Plants*, 2018, 4(11): 930-941.
- [29] LIU T J, ZHOU J J, CHEN F Y, GAN Z M, LI Y P, ZHANG J Z, HU C G. Identification of the genetic variation and gene exchange between *Citrus trifoliata* and *Citrus clementina*[J]. *Biomolecules*, 2018, 8(4): 1-18.
- [30] XU Q, CHEN L L, RUAN X A, ……., RUAN Y J. The draft genome of sweet orange (*Citrus sinensis*) [J]. *Nature Genetics*, 2013, 45(1): 59-68.
- [31] LIU E H, ZHAO P, DUAN L, ZHENG G D, GUO L, YANG H, LI P. Simultaneous determination of six bioactive flavonoids in *Citrus Reticulatae* Pericarpium by rapid resolution liquid chromatography coupled with triple quadrupole electrospray tandem mass spectrometry[J]. *Food Chemistry*, 2013, 141(4): 3977-3983.
- [32] SHIRATAKE K, SUZUKI M. Omics studies of citrus, grape and rosaceae fruit trees[J]. *Breeding Science*, 2016, 66(1): 122-38.
- [33] 邓晓玲, 郑永钦, 郑正, 许美容. 柑橘黄龙病基因组学的研究进展[J]. *华南农业大学学报*, 2019, 40(5): 137-148.
DENG Xiaoling, ZHENG Yongqin, ZHENG Zheng, XU Meirong. Current research on genomic analysis of '*Candidatus Liberibacter spp.*' [J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2019, 40(5): 137-148.
- [34] LI L J, TAN W S, LI W J, ZHU Y B, CHENG Y S. Citrus taste modification potentials by genetic engineering[J]. *International Journal Molecular Sciences*, 2019, 20(24): 1-16.
- [35] SUN L F, NASRULLAH, KE F Z, NIE Z P, WANG P, XU J G. Citrus genetic engineering for disease resistance: Past, present and future[J]. *International Journal Molecular Sciences* 2019, 20 (21): 1-21.

欢迎订阅2021年《植物遗传资源学报》

《植物遗传资源学报》是中国农业科学院作物科学研究所和中国农学会主办的学术期刊,中国科技核心期刊、全国中文核心期刊、中国科学引文数据库(CSCD)核心期刊,被国内多家数据库收录,被CA化学文摘(美)(2014)、JST日本科学技术振兴机构数据库(日)(2018)收录,荣获2015年度中国自然资源学会高影响力十佳期刊。据《中国科技期刊引证报告》(核心版)统计:在农艺学类22种期刊中,2019年《植物遗传资源学报》的影响因子、总被引频次和综合评价总分排名均有所提升,核心影响因子为1.344,比2018年提高15.96%,排名稳居第2。在2018年中国科学文献计量评价研究中心发布的《世界学术期刊学术影响力指数(WAJCI)年报》中,《植物遗传资源学报》在农艺学102种期刊中排名49,入选Q2区。

报道内容为有关植物遗传资源基础理论研究、应用研究方面的研究成果、创新性学术论文和高水平综述或评论。如种质资源的考察、收集、保存、评价、利用、创新,信息学、管理

学等;起源、演化、分类等系统学;基因发掘、鉴定、克隆、基因文库建立、遗传多样性研究等。

双月刊,大16开本,320页,彩色铜版纸印刷。定价68元,全年408元。各地邮局发行。邮发代号:82-643。国内统一连续出版物号CN11-4996/S,国际标准连续出版物号ISSN1672-1810。本刊编辑部常年办理订阅手续,如需邮挂每期另加3元。

地址:北京市中关村南大街12号《植物遗传资源学报》编辑部

邮编:100081

电话:010-82105794 010-82105795

网址:www.zwyczy.cn

E-mail:zwyczyxb2003@163.com

zwyczyxb2003@sina.com

微信ID:植物遗传资源学报

作者QQ群:372958204