

April 2017

Analysis on Time Sequence Evolution of Biological Science Research Fronts

Zhou Qun

China Agricultural University Library, Beijing 100193, China; National Science Library, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China

See next page for additional authors

Recommended Citation

Qun, Zhou; Qiuju, Zhou; and Fuhai, Leng (2017) "Analysis on Time Sequence Evolution of Biological Science Research Fronts," *Bulletin of Chinese Academy of Sciences (Chinese Version)*: Vol. 32 : Iss. 4 , Article 11.

DOI: <https://doi.org/10.16418/j.issn.1000-3045.2017.04.011>

Available at: <https://bulletinofcas.researchcommons.org/journal/vol32/iss4/11>

This Article is brought to you for free and open access by Bulletin of Chinese Academy of Sciences (Chinese Version). It has been accepted for inclusion in Bulletin of Chinese Academy of Sciences (Chinese Version) by an authorized editor of Bulletin of Chinese Academy of Sciences (Chinese Version). For more information, please contact lcyang@cashq.ac.cn, yjwen@cashq.ac.cn.



Analysis on Time Sequence Evolution of Biological Science Research Fronts

Authors

Zhou Qun, Zhou Qiuju, and Leng Fuhai

生物科学研究前沿演进时序分析*



周群^{1,2} 周秋菊³ 冷伏海^{3**}

1 中国农业大学图书馆 北京 100193

2 中国科学院文献情报中心 北京 100190

3 中国科学院科技战略咨询研究院 北京 100190

摘要 识别、监测科学研究前沿的演进和迁移,有利于把握科技领域知识的流动规律,追溯科技领域的发展轨迹,为有效地遴选和追踪重点研究领域提供借鉴和参考。基于2013—2016年《研究前沿》报告,以生物科学领域为例,解读分析该领域40个热点研究前沿演进时序和发展态势,判断研究前沿的演进类型,揭示研究前沿的演进规律和特征。该方法可用于捕捉前沿领域的动态演化,识别研究前沿的发展时序和演化脉络。

关键词 生物科学, 研究前沿, 时序, 演进

DOI 10.16418/j.issn.1000-3045.2017.04.011

伴随着科技演变加剧和学科交叉融合加速,科学研究领域呈现出向众多方向不断延伸和变化的景观。研究前沿的不断更迭变换引领学科的发展,指示了学科领域的演化和科技创新的方向,体现不同时期科学家关注点以及科学研究侧重点的变化。对于研究型大学、政府以及企业研发的管理者而言,识别、监测科学研究前沿的演进和迁移,有利于把握科技领域知识的流动规律,追溯科技领域的发展轨迹,对科技管理部门明确发展重点,制定科技发展政策也具有重要意义。

研究前沿的识别与探测是近几年来情报学的研究热点之一,许多学者对其概念和识别方法进行了大量研究,并取得众多成果,但目前研究前沿并无统一的定义,概括起来包括以下3种说法:(1)将一组高被引文献定义为科学前沿,如D. D. Price、H. Small的定义;(2)将一组施引文献定义为科学前沿,如S. Morris的观点;(3)将突发或热点主题定义为科学前沿,以陈超美为代表^[1]。上述对研究前沿的定义几乎都是为了适合所提出的识别方法给出的,但是这些定义不外乎围绕先进性、时效性、集中性几个特征^[2]。而其探测和识别研究也大多基于共被引^[3]、文献耦合^[4]、直接引用^[5]、共词^[6]以及上述多种方法的复合使用^[7]等计量方法,通过一定的指标识别或研判研究前沿。研究前沿演进研究,通常是与其识别方法研究结

*资助项目:北京市科技计划软科学研究课题(Z161100003116084)

**通讯作者

修改稿收到日期:2017年1月18日

合在一起进行的, Small^[8]在胶原蛋白的研究中表明, 研究焦点的快速变化是如何发生以及何时发生的。Morris 等人^[9]采用创新性的时间线方法来分析和展现研究前沿的结构和时间演化。侯剑华等人^[10]以关键节点文献为基础, 分析纳米技术研究演进的脉络。但在已有的研究成果中, 对已知研究重点领域进行回顾的较多, 挖掘遴选潜在“前沿领域”的较少, 对研究领域不同阶段的研究前沿发展脉络梳理和演进研究也不多见。

研究前沿在每个学科内部非常活跃, 具备鲜明的活动规律, 这种规律突出表现在研究成果数量以较快的加速度增长, 且有较强的学术辐射力, 形成了一定的研究规模和影响力。根据研究前沿的演化规律, 其演进模式可以分为渐进型、衰退型、一过型和突发型^[11]。其中, 渐进型和衰退型研究前沿是研究前沿演化的一般表现模式, 即大多数研究前沿的演化属于这两种类型, 其研究内容持续受到关注, 并随着研究的深入转变成其他研究前沿或逐渐衰退, 成为学科领域的“知识基础”。而一过型和突发型均为受到内部或外部因素的影响, 在短时间内迅速成为研究前沿, 但区别在于一过型研究前沿多为受到外部事件的影响, 衰退速度较快, 并且研究领域的基本问题得到解决, 而突发性研究前沿仍可能演化成渐进型研究前沿。

因而, 对研究前沿成果特征和研究内容的分析, 可以追踪某领域的产生、发展、分化、相互渗透的情况及其动向, 从而判断、挖掘研究前沿的演进规律和发展特征。本文基于2013—2016年《研究前沿》报告, 以生物学领域为例, 通过解读分析40个热点研究前沿演进时序和发展态势, 结合研究前沿的演进类型, 揭示研究前沿的演进规律和发展特征, 为有效地遴选和追踪重点研究领域尤其是前沿领域的动态演化, 识别研究前沿的发展时序和演化脉络提供一些借鉴和参考。

1 《研究前沿》报告的研制

1.1 数据来源

美国科技信息所 (ISI) 2001年推出的基本科学指

标数据库 (ESI) 已成为当今世界范围内普遍用以评价高校、学术机构、国家/地区国际学术水平及影响力的重要评价指标工具之一。ESI Research Fronts 是 ESI 数据库的组成部分之一, 它是在近5年的高被引论文基础上通过共被引分析和聚类分析得出各学科领域研究前沿。2013年, 汤森路透以上述聚类为基础发布了《2013年研究前沿: 自然科学与社会科学的100个学科领域》报告, 确认多个科学领域的100个重要研究前沿^[12]。2014年汤森路透与中科院文献情报中心成立的“新兴技术未来分析联合研究中心”发布《2014研究前沿》报告, 遴选出2014年前100个热点研究前沿和44个新兴研究前沿^[13]。2015年继续推出了《2015研究前沿》, 报告基于ESI数据库中的10839个研究前沿, 遴选出10个大学科领域排名位于最前面的100个热点前沿和49个新兴前沿^[14], 引起了全球广泛的关注。

2016年, 中科院科技战略咨询院战略情报所继续推出《2016研究前沿》。基于Clarivate Analytics (原汤森路透知识产权与科技事业部) 的ESI数据库中的12188个研究前沿, 遴选出2016年自然科学和社会科学的10个大学科领域排名最前的100个热点前沿和80个新兴前沿^[15]。

1.2 研究前沿的遴选

跟踪全球最重要的科研和学术论文, 研究分析论文被引用的模式和聚类, 特别是成簇的高被引论文频繁地共同被引用的情况, 可以发现研究前沿。当一簇高被引论文共同被引用的情形达到一定的活跃度和连贯性时, 就形成一个研究前沿, 而这一簇高被引论文便是组成该研究前沿的“核心论文”。以《2016研究前沿》为例, 先把ESI数据库中21个学科领域的12188个研究前沿划分到10个高度聚合的十大学科领域中, 然后对每个大学科领域中的研究前沿的核心论文, 按照施引文献总量进行排序, 提取排在前10%的最具引文影响力的论文作为研究前沿。以此数据为基础, 再根据核心论文出版年的平均值重新排序, 找出那些“最年轻”的研究前沿。通

过上述两个步骤在每个大学科领域分别选出 10 个热点前沿, 共计 100 个热点前沿。

《2016 研究前沿》报告中的十大学科领域分别为:

① 农业、植物学和动物学; ② 生态与环境科学; ③ 地球科学; ④ 临床医学; ⑤ 生物科学; ⑥ 化学与材料科学; ⑦ 物理学; ⑧ 天文学和天体物理学; ⑨ 数学、计算机科学与工程学; ⑩ 经济学、心理学及其他社会科学。研究前沿的分析提供了一个独特的视角来揭示科学研究的脉络, 这些研究前沿的数据连续记载了分散的研究领域的发生、汇聚、发展 (或者是萎缩、消散), 以及分化和自组织成更近的研究活动节点。生物科学作为上述十大学科领域之一, 2013 年以来, 该领域每年均发布 10 个热点前沿和若干数量不等的新兴前沿, 本文以 40 个热点前沿 (表 1) 及其核心论文内容为依据, 梳理生物科学领域的研究前沿演进路线, 判断研究前沿的演进类型, 揭示研究前沿的演进规律和特征。

2 生物科学研究前沿演进时序

生物科学 40 个研究前沿 (表 1) 中, 医学与人类健康的相关研究占相当大的比例, 其次是技术方法突破和基础理论研究等。以下结合研究前沿的时空背景, 根据研究内容将其分为艾滋病及免疫系统领域、神经退行性疾病领域、流行病领域、技术应用与更新、药物检测和作用机理研究等五大方向, 对前沿演进的合理性做进一步论证阐释。

2.1 艾滋病及免疫系统领域

艾滋病在世界范围内广泛传播, 严重威胁着人类健康和社会发展, 艾滋病及免疫系统相关研究持续受到科学家们的关注。2013 年研究前沿中, 研究人员找到了细胞因子 SAMHD1 蛋白抑制骨髓细胞感染艾滋病病毒 (HIV) 的机制, 扩展了人们对艾滋病患者免疫系统如何对付 HIV 以及 HIV 如何逃避免疫反应的理解, 为后续的研究奠定了基础; 随后, 先天免疫信号转导通路中的重要接头及感应蛋白结构生物学研究成果 (2014

表 1 2013—2016 年生物科学领域热点前沿

2013 年热点前沿	2014 年热点前沿	2015 年热点前沿	2016 年热点前沿
DNA 甲基化分析和遗传性缺失	利用全基因组关联方法研究人类疾病	中东呼吸综合征冠状病毒的分离、特征与传播	中东呼吸综合征冠状病毒的分离、鉴定与传播
阿尔茨海默症的 β 淀粉样蛋白 (A β) 低聚物毒性	利用荧光指示剂示踪体内神经元活动并成像	棕色和白色脂肪组织的功能及其代谢调控	阿尔茨海默病相关基因位点的关联分析
滤泡辅助性 T 细胞 (TFH) 的功能与分化 (CD4+T 辅助细胞)	成纤维细胞直接重编程转化为神经元细胞或心肌细胞	混合谱系激酶结构域蛋白和受体相互作用蛋白激酶参与调控的细胞坏死机制	T 细胞的分化、功能与代谢
β 2 肾上腺素 G-蛋白偶联受体 (GPCRs)	树突状细胞、巨噬细胞与免疫治疗	组织巨噬细胞的自我更新和动态平衡的维持	巨噬细胞起源、发育分化的分子机制
泛素线性自组装复杂体和核因子- κ B (NF- κ B) 激活	C9orf72 六核苷酸重复扩增与额颞叶痴呆和肌萎缩侧索硬化症	C9orf72 基因六核苷酸重复扩增引起的额颞叶痴呆和肌萎缩侧索硬化症	C9orf72 基因六核苷酸重复扩增引起的额颞叶痴呆和肌萎缩侧索硬化症
LGR5 受体表达的肠道干细胞	草药类产品中合成大麻素和卡西酮衍生物的危害与检测	新型毒品中的精神活性物质合成大麻素和卡西酮衍生物	RNA 二级结构及腺嘌呤甲基化修饰
TET 突变, 减少 5-羟甲基 (5 hmC), 恶性肿瘤	氯胺酮快速抗抑郁的分子机理	Tau 蛋白和 α -突触核蛋白在常见神经退行性疾病中的致病机理	PINK1/Parkin 介导的线粒体自噬分子机理研究
线粒体去乙酰化酶和代谢调节	基因组编辑技术——转录激活因子样效应蛋白核酸酶 (TALEN)	CRISPR/cas9 系统的免疫机制及其在基因组编辑中的应用	飞秒 X 射线激光在生物大分子的纳米晶体结构测定中的应用
HIV-1 Vpu 和 Vpx 蛋白以及 SAMHD1 和 BST-2/Tetherin 抑制其复制的作用	免疫系统感应蛋白相关信号途径的研究	先天性淋巴细胞的免疫调节功能	广谱中和抗体与艾滋病疫苗设计
雷帕霉素靶标 (TOR) 抑制剂信号转导, 延长存活期, 衰老机制与疾病	褪黑素在氧化胁迫中的作用	新型 H7N9 禽源流感病毒的传播与致病机理	褪黑素在植物和人类中的生物学功能

年), 以及对先天性淋巴样细胞的免疫调节功能的解析(2015年)加深了人们对自身免疫疾病和免疫缺陷疾病的理解, 进而可以在此基础上找到疫苗开发的新策略; 2016年, “广谱中和抗体与艾滋病疫苗设计”成为热点前沿, 在最新的文章报道中, HIV疫苗的开发连续取得重大突破, 为人类攻克艾滋病带来了新的希望^[16](表2)。

表2 艾滋病及免疫系统领域的研究前沿演进

领域	时间	热点前沿
艾滋病及免疫系统	2013	HIV-1 Vpu和Vpx蛋白以及SAMHD1和BST-2/Tetherin抑制其复制的作用
		雷帕霉素靶标(TOR)抑制剂信号转导, 延长存活期, 衰老机制与疾病
		滤泡辅助性T细胞(TFH)的功能与分化(CD4+T辅助细胞)
	2014	TET突变, 减少5-羟甲基(5 hmC), 恶性肿瘤
		免疫系统感应蛋白相关信号途径的研究
	2015	树突状细胞、巨噬细胞与免疫治疗
		先天性淋巴样细胞的免疫调节功能
		组织巨噬细胞的自我更新和动态平衡的维持
	2016	广谱中和抗体与艾滋病疫苗设计
		巨噬细胞起源、发育分化的分子机制
		T细胞的分化、功能与代谢

同时, 免疫系统在健康状态维持与疾病发展中的作用同样受到科学家高度关注, 巨噬细胞、树突状细胞和T细胞等免疫细胞的作用、起源、分化以及代谢机制等持续成为热点前沿。树突状细胞和巨噬细胞的研究将为癌症免疫疗法提出新希望, T细胞免疫功能与分化及其调控机制的解析也备受关注。此外, 代谢重编程在T细胞命运决定方面的研究也是当前的研究热点, 有关代谢的转录调控机制陆续被发现。

2.2 神经退行性疾病领域

神经退行性疾病是一类大脑和脊髓的神经元细胞丧失的疾病状态, 随着老龄化加剧, 神经退行性疾病患病率节节攀升, 科学家们一直在寻找神经退行性疾病的发病机制和治疗方法。

该领域的研究前沿主要是阿尔茨海默病、额颞叶痴呆和肌萎缩性侧索硬化症等神经退行性疾病的相关研究。

大脑中 β 淀粉样蛋白异常沉积是阿尔茨海默症病人脑内老年斑周边神经元变性和死亡的主要原因, 但针对tau蛋白的病理过程比针对 β 淀粉样蛋白的治疗更有利于改善临床症状。tau蛋白致病机理研究为后期开发治疗神经变性疾病的新型疗法或新药提供了新的思路和线索。第一个旨在修饰tau蛋白来治愈阿尔茨海默病的人类疫苗ADAMANT的II期临床研究已成功启动^[17]。2016年, 该病症的相关致病基因的关联分析再次成为热点前沿(表3)。

2012年, 研究人员确定了*C9orf72*基因与肌萎缩侧索硬化症(ALS)以及额颞叶痴呆(FTD)之间的关联, 随后的研究一直致力于解释*C9orf72*六核苷酸重复扩张引发这两种疾病的病理分子机制, 自2014年开始该项研究连续三年成为热点前沿。此外, 2016年研究前沿还发现与帕金森病密切相关的PINK1蛋白能够帮助细胞清除功能失调的线粒体, 揭示神经退行性疾病药物开发新靶点, 对于靶向线粒体自噬通路的药物开发具有重要意义。

表3 神经退行性疾病领域的研究前沿演进

领域	时间	热点前沿
神经退行性疾病	2013	阿尔茨海默症的 β 淀粉样蛋白($A\beta$)低聚物毒性
	2014	<i>C9orf72</i> 六核苷酸重复扩增与额颞叶痴呆和肌萎缩性侧索硬化症
		<i>C9orf72</i> 基因六核苷酸重复扩增引起的额颞叶痴呆症和肌萎缩侧索硬化症
	2015	Tau蛋白和 α -突触核蛋白在常见神经退行性疾病中的致病机理
		<i>C9orf72</i> 基因六核苷酸重复扩增引起的额颞叶痴呆症和肌萎缩侧索硬化症
	2016	阿尔茨海默病相关基因位点的关联分析
		PINK1/Parkin介导的线粒体自噬分子机理研究

2.3 流行病领域

流行病学是人们在不断地同危害人类健康的严重疾病作斗争中发展起来的。近年来, 由于在人口密集的市场中人与不同种类动物的频繁接触, 以及人入侵动物的自然栖息地等多种原因, 促进了新病毒的出现, 如以SARS冠状病毒、中东呼吸综合征冠状病毒(MERS-CoV)、禽流

感和寨卡病毒等为代表的新发和再发传染病，对全球公共卫生造成了威胁。

MERS-CoV 是继SARS 冠状病毒之后新近出现的又一种能够引发严重呼吸道感染的人类新发冠状病毒。研究人员在 MERS-CoV 致病机理方面开展了大量的研究工作，于 2015 年和 2016 年连续两年入选热点前沿。MERS-CoV 功能性受体的发现为人类新型冠状病毒溯源和跨种进化研究、病毒传染研究和流行病学特征分析提供重要基础，随后，科研人员又对 MERS-CoV 识别该受体分子的机制进行深入研究。上述研究作为更深入了解 MERS-CoV 的致病机制指出了新的研究方向。

禽流感病毒，特别是高致病性禽流感在亚太地区的暴发流行，对动物和人类健康造成巨大威胁。H7N9 型禽流感作为一种新型禽流感，于 2013 年发现，2014 年即入选新兴前沿。随后，研究人员对 H7N9 禽流感病毒的起源、传播途径、生物学特征等方面开展了大量的研究，其传播与致病机理在 2015 年成为热点研究前沿。2016 年，相关研究分别入选生物科学和临床医学领域的热点前沿（表 4）。

表 4 流行病学领域的研究前沿演进

领域	时间	热点前沿
流行病学	2014	2013 年中国东部地区人感染 H7N9 禽流感的临床特征、病毒学与流行病学研究（临床医学新兴前沿）
	2015	中东呼吸综合征冠状病毒的分离、特征与传播
		新型 H7N9 禽流感病毒的传播与致病机理
	2016	中东呼吸综合征冠状病毒的分离、鉴定与传播
	2016	人感染 H7N9 禽流感病毒传播、流行及生物学特性（临床医学）
2016	新型重组禽流感病毒（H5N8 和 H5N6）的鉴定及其特征（新兴前沿）	

2.4 技术的应用与更新

近年来，以 ZFN、TALEN 和 CRISPR-Cas 为代表的基因编辑技术已经广泛应用于生命科学与医学的各个方面。TALEN 技术在 2010 年正式发明，2014 年成为热点前沿。CRISPR-Cas 技术作为最新涌现的基因组编辑

工具，为构建更高效的基因定点修饰技术提供了全新的平台，目前已被成功应用于多个动植物的功能研究。2014 年 CRISPR-Cas 系统首次作为新兴前沿出现；随后于 2015 年成为热点前沿，同时其分子机理及其在人类细胞中的应用研究分别入选新兴前沿；2016 年再次入选新兴前沿，展示了其广阔的应用前景（表 5）。

表 5 技术相关研究前沿的演进

领域	时间	热点前沿
基因编辑技术	2014	CRISPR/Cas 基因组编辑技术（新兴前沿）
	2014	基因组编辑技术——转录激活因子样效应蛋白核酸酶（TALEN）
	2015	CRISPR/cas9 系统的免疫机制及其在基因组编辑中的应用
	2015	CRISPR/cas9 系统的分子机理研究（新兴前沿）
	2015	CRISPR/cas9 系统在人类细胞研究中的应用（新兴前沿）
	2016	CRISPR RNA 引导性核酸酶脱靶效应的全基因组检测（新兴前沿）
遗传学新方法	2016	CRISPR-Cas9 调控的基因组规模转录激活（新兴前沿）
	2013	DNA 甲基化分析和遗传性缺失
2014	利用全基因组关联方法研究人类疾病	

此外，DNA 甲基化是真核生物表观遗传学重要的机制之一，在维持正常细胞功能、遗传印记以及人类肿瘤发生中起着重要作用。2014 年研究前沿的论文主要是从遗传统计学角度探讨和研究全基因组关联分析（GWAS）方法，同时解决 GWAS 分析过程中出现的“遗传性缺失”等问题。全基因组关联方法首先在人类医学领域的研究中得到了极大的重视和应用，使许多重要的复杂疾病的研究取得了突破性进展，成为研究人类基因组学的关键手段。

2.5 药物检测和作用机理研究

褪黑素是迄今发现的最强内源性自由基清除剂。近年来，研究发现植物中也含有褪黑素并已经在多种植物特别是食用和药用植物中检测出来，国内外对褪黑素的生物学功能，尤其是作为膳食补充剂的保健功能进行了广泛研究，表明其具有促进睡眠、抗衰老、

抗肿瘤等多项生理功能。在植物中广泛进行褪黑素的研究将对人类的营养、医药和农业提供非常有益的信息(表6)。

表6 药物作用机理研究前沿的演进

领域	时间	热点前沿
褪黑素	2014	褪黑素在氧化胁迫中的作用
	2016	褪黑素在植物和人类中的生物学功能
合成大麻素和卡西酮衍生物	2015	草药类产品中合成大麻素和卡西酮衍生物的危害与检测
	2016	新型毒品中的精神活性物质合成大麻素和卡西酮衍生物

此外,滥用策划药的问题在全球呈快速蔓延之势,社会危害日益严重。策划药是指在现有管制药物的分子结构中一些无关紧要的地方加以修饰,得到的一系列与原来的药物结构不同、效果却差不多甚至更强的“合法”药物。合成大麻素和卡西酮衍生物从2008年后在欧美迅速蔓延,其在草药类产品和新型毒品中的危害性和检测分别进入2015年和2016年热点前沿,引起国际社会的密切关注。

3 生物科学研究前沿演进特点

从上述生物科学研究前沿演进路线可以看出,生物科学研究前沿分布相对较为集中,超过半数的热点前沿与人类健康密切相关,其研究进展迅速,突显了生物科学的研究焦点和热点。

(1) 渐进型前沿数量占领域主导地位,显示出科学发展的长期稳定性。持续威胁人类健康的重大疾病(如神经退行性疾病、艾滋病和肿瘤等)致病机理和药物作用机理相关研究持续受到关注,共占热点前沿21个。近10年来,随着分子生物学和神经生物学等多学科知识研究手段的迅猛发展,上述重大疾病病变机制研究有了许多新的发现。该部分研究内容主要包括上述疾病的致病机理和临床研究,并外延至神经、免疫系统在健康状态维持与疾病发展中的作用等理论研究,其演化路径具有明显的渐进性。此外,药物作用机理如褪黑素从其在植物中被发现到对其

生物学功能研究,再到对人类的保健功能研究,其演化也具有非常明显的深入和递进关系。

(2) 突发类型前沿数量快速上升,显示出科学发展的阶段性、跳跃性。突发型研究前沿通常预示着研究领域出现了重大发现或突破性成果,或是受到外部突发事件(传染病、恐怖袭击、环境污染或新型药物等)的影响,占热点前沿10个。具体突发型前沿的发展方向需要具体分析,如新型策划药的检测和危害研究,随着检测技术成熟和相关法律法规的完善,该研究前沿将逐步转为衰退型研究前沿。MERS-CoV和禽流感研究前沿已逐步演进为渐进型研究前沿,其演进路径表明:从发现到分析,再到公共卫生响应,人类社会对新病毒的响应周期正在缩短。技术的应用与突破是推动学科发展的重要动力,也是出现突发型研究前沿的重要因素。而基因编辑技术的更新换代和全基因组关联方法的应用研究,表现出显著的渐进性。

(3) 在分析过程中,也存在一过型研究前沿。如“氯胺酮快速抗抑郁的分子机理”“利用荧光指示剂示踪体内神经元活动并成像”和“飞秒X射线激光在生物大分子的纳米晶体结构测定中的应用”等,其具体形成机制可能还需要深入分析,也为进一步改进研究前沿识别方法提供了新机遇。

4 结语

研究前沿的演进呈现了学科主题的新陈代谢过程,体现了学科的发展态势和未来走向,是研究学科发展规律的重要内容。为了分析基于时序的研究前沿演进规律与特征,本文以2013—2016年《研究前沿》报告中的生物科学热点前沿为例,分析研判其研究内容,明确该领域研究前沿具有学科特色的演进规律和发展特征,为有效地遴选和追踪重点研究领域尤其是前沿领域的动态演化,识别研究前沿的发展时序和演化脉络提供一些借鉴和参考。

本文仅对生物科学学科每年遴选出的前10个热点前

沿演进时序进行分析, 范围上难以覆盖整个学科的研究前沿, 但该方法能够部分揭示生物科学学科中的重要研究前沿的发展态势和特征。后续还需要在上述基础上, 综合多源数据, 借助专家知识完善识别方法体系, 重点关注新兴前沿的演进方向与趋势, 提高研究前沿演进判断与预测效果。

参考文献

- 1 杨立英, 周秋菊, 岳婷. “科学前沿领域”挖掘的文献计量学方法研究. [2016-11-10]. <http://ir.las.ac.cn/handle/12502/3849>.
- 2 许晓阳, 郑彦宁, 赵筱媛, 等. 研究前沿识别方法的研究进展. 情报理论与实践, 2014, (06): 139-144.
- 3 Zhao D, Strotmann A. Can citation analysis of web publications better detect research fronts?. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 2007, 58(9): 1285-1302.
- 4 Schiebel E. Visualization of research fronts and knowledge bases by three-dimensional areal densities of bibliographically coupled publications and co-citations. *Scientometrics*, 2012, 91(2): 557-566.
- 5 Daim T U, Shibata N, Kajikawa Y, et al. Detecting potential technological fronts by comparing scientific papers and patents. *Foresight*, 2011, 13(5): 51-60.
- 6 程齐凯, 王晓光. 一种基于共词网络社区的科研主题演化分析框架. 图书情报工作, 2013, 57(8): 91-96.
- 7 Boyack K W, Klavans R. Co-citation analysis, bibliographic coupling, and direct citation: Which citation approach represents the research front most accurately? *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 2010, 61(12): 2389-2404.
- 8 Small H G. A co-citation model of a scientific specialty: A longitudinal study of collagen research. *Social Studies of Science*, 1977, 7(2): 139-166.
- 9 Morris S A, Yen G, Wu Z, et al. Time line visualization of research fronts. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 2003, 54(5): 413-422.
- 10 侯剑华, 刘则渊. 纳米技术研究前沿及其演化的可视化分析. 北京: 科学学与科学技术管理, 2009, (05): 23-30.
- 11 盛立. 生物医学领域研究前沿识别与趋势预测. 中国人民解放军军事医学科学院, 2013.
- 12 汤森路透. 汤森路透发布100个核心科学研究前沿. [2016-12-8]. http://science.thomsonreuters.com.cn/research_fronts_2016/report.htm.
- 13 汤森路透. 汤森路透与中科院文献情报中心联合发布《2014研究前沿》报告. [2016-12-8]. http://science.thomsonreuters.com.cn/research_fronts_2016/report.htm.
- 14 汤森路透. 汤森路透与中国科学院文献情报中心联合发布《2015研究前沿》报告. [2016-12-8]. http://science.thomsonreuters.com.cn/research_fronts_2016/report.htm.
- 15 中国科学院科技战略咨询研究院战略情报研究所与Clarivate Analytics联合发布《2016研究前沿》报告. [2016-12-8]. <http://ip-science.thomsonreuters.com.cn/media/2016researchfront.pdf>.
- 16 4篇Cell及子刊发布艾滋病重大突破. [2016-12-10]. <http://www.ebiotrade.com/newsf/2016-9/201699112841898.htm>.
- 17 首个针对阿尔茨海默氏病的Tau疫苗进入临床II期. [2016-12-12]. <http://www.biotech.org.cn/information/141994>.

Analysis on Time Sequence Evolution of Biological Science Research Fronts

Zhou Qun^{1,2} Zhou Qiuju³ Leng Fuhai³

(1 China Agricultural University Library, Beijing 100193, China;

2 National Science Library, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China;

3 Institutes of Science and Development, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China)

Abstract The ever-changing evolution of the research fronts leads the development of disciplines, indicating the evolution of disciplines and the direction of technological innovation. Identification and monitoring the evolution of research fronts is helpful to grasp the flow of knowledge in the field of science and technology and trace the development of science and technology, which can provide reference for the selection and tracking of key research fields. Based on the 2013-2016 “Research Fronts” report, and take the field of biological science as an example, we analysis the time sequence evolution and development trend of the 40 research fronts, and judge the evolution type of the research fronts to revealing the evolution of research fronts and characteristics. From the time sequence evolution of biological science research fronts, we can see that the research fronts of biological science is relatively concentrated, and more than half of the research fronts is closely related to human health. Its research progress is rapid and highlights the research focus and hotspot of biological science. The method can be used to capture the dynamic evolution of fronts, and identify the time sequence of research fronts.

Keywords biological science, research fronts, time sequence, evolution

周 群 中国农业大学图书馆副研究馆员，理学博士。研究方向：情报分析方法，研究前沿识别。

E-mail: zhouqun@mail.las.ac.cn

Zhou Qun Deputy research librarian of China Agricultural University Library, received Ph.D. degree from China Agricultural University. The main research field includes information analysis and identification of research fronts. E-mail: zhouqun@mail.las.ac.cn

冷伏海 男，中科院科技战略咨询院研究员，管理学博士。研究方向：情报分析。E-mail: lengfuhai@casipm.ac.cn

Leng Fuhai Male, Professor, Institutes of Science and Development, Chinese Academy of Sciences, Received Ph.D. degree from University of Chinese Academy of Sciences. The main research field includes information analysis. E-mail: lengfuhai@casipm.ac.cn