



邢瑜, 侯泽海, 宗世祥. 基于CiteSpace的昆虫性别决定基因研究现状与热点分析[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(02): 110-121.

XING Yu, HOU Zehai, ZONG Shixiang. Current status and hot spots of insect sex determining gene researches based on CiteSpace analysis[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(02): 110-121.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2024.02.11

基于 CiteSpace 的昆虫性别决定基因研究现状与热点分析

邢瑜 侯泽海 宗世祥*

(北京林业大学 林木有害生物防治北京市重点实验室, 北京 100083)

摘要 为明确国内外昆虫性别决定基因研究的发展历程、研究热点及趋势, 为未来研究方向提供参考与建议, 本研究整理并筛选了1933—2022年中国知网(CNKI)和Web of Science(WOS)数据库收录的昆虫性别决定基因的论文, 运用文献计量学分析软件CiteSpace对发文年代、关键词、作者和机构等进行可视化分析。结果表明: 2001—2005年昆虫性别决定基因研究的发文量呈现上升趋势, 发文量最多的国家是美国(446篇), 其次是中国(111篇)和日本(88篇); 国内外载文量最多的期刊分别是《昆虫学报》(9篇)和*Genetics*(94篇); 通过关键词共现和聚类分析表明昆虫性别决定在国内外都是广泛关注的热点问题, 且国内外研究方向大体一致, 研究热点均集中在模式生物上; 通过关键词共现和突现词分析发现利用昆虫性别决定基因进行害虫防治是未来研究的新趋势。

关键词 CiteSpace; 昆虫; 性别决定基因; 文献计量学

中图分类号 S763.3

文章编号 1007-4333(2024)02-0110-12

文献标志码 A

Current status and hot spots of insect sex determining gene researches based on CiteSpace analysis

XING Yu, HOU Zehai, ZONG Shixiang*

(Beijing Key Laboratory for Forest Pest Control, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract In order to clarify the development history, research hotspots and trends of insect sex determining gene researches at home and abroad, and provide reference and suggestions for future research directions, the papers on insect sex determining genes included in China National Knowledge Infrastructure (CNKI) and Web of Science (WOS) databases from 1933—2022 were sorted out and screened. Bibliometrics analysis software CiteSpace was used to conduct visual analysis on the date of publication, keywords, authors and institutions. The results showed that: The number of publications on insect sex determining genes showed an upward trend from 2001 to 2005, with the United States having the highest number of publications (446), followed by China (111) and Japan (88); The most frequently published journals at home and abroad were *Acta Entomologica Sinica* (9) and *Genetics* (94); Keyword co-occurrence and cluster analysis showed that insect sex determination was a hot issue of widespread concern at home and abroad, and the research directions at home and abroad were generally the same. The research focuses are on model organism. In conclusion, the use of insect sex determining genes for pest control is identified as a new trend in future research through keyword co-occurrence and word analysis.

Keywords CiteSpace; insect; sex-determining genes; bibliometrics

收稿日期: 2023-05-05

基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFD1401000)

第一作者: 邢瑜(ORCID: 0009-0006-9898-1995), 硕士研究生, E-mail: xingy0714@163.com

通讯作者: 宗世祥(ORCID: 0000-0002-4137-4514), 教授, 主要从事林木钻蛀性害虫监测预警与生态调控技术研究, E-mail: zongsx@126.com

性别决定是生物两性形成和正常生长发育的基础,对于种群延续来说意义重大^[1]。近年来,非模式生物基因组和转录组测序的发展逐渐受到越来越多的关注,使得人们对于性别决定机制有了进一步的了解^[2]。在昆虫中,性别决定机制是复杂且多样的^[3],雄性和雌性不仅在生殖器的分化上有差异,而且在行为、生理和形态上也存在一定差异,这种性别二态性是性别决定和性别分化2个过程的综合结果^[4]。性别决定是指胚胎向雄性或雌性发育的过程,在该过程中发挥作用的基因为性别决定基因^[5]。性别分化是指性细胞分化基因的表达,这些基因的表达导致了雄性和雌性的性别二态结构的形成^[6-7]。昆虫性别决定分为3个层次,即体细胞性别决定、生殖细胞分化和剂量补偿效应,其中体细胞性别决定分为基因型决定性别(如强雄基因、染色体剂量和母系印记等)和环境型决定性别(如温度、光照和微生物等)^[8-9]。在不同昆虫间,体细胞性别决定的起始因子位于性别决定级联通路的第1层,具有复杂性和多样性;参与调控底层基因的关键基因(如*tra/fem*)位于第2层,其进化较快,没有明显的保守结构域^[10];但位于最底层的双性基因*doublesex*变化较小^[11],不同物种间的同源基因具有相同的保守结构域^[12]。因此,本研究旨在阐述昆虫性别决定基因,为理解昆虫性别决定机制奠定基础,以期为害虫防治开辟新途径。

CiteSpace作为重要的文献计量学分析软件^[13],又被称为“科学知识图谱”。该软件是由陈超美等^[14]研发的利用可视化信息展现出某学科或某研究领域的发展规律、结构及进展。为明确国内外昆虫性别决定基因的研究发展历程、研究热点及趋势,本研究利用CiteSpace可视化分析软件分析中国知网(CNKI)和Web of Science(WOS)数据库中收录的昆虫性别决定基因相关文献,对文献数量、年度分布、关键词、作者、发文机构和国家等内容进行统计分析,以便使学者更好地了解该领域的研究概况和前沿进展。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究中文文献来源于中国知网,英文文献来自于Web of Science核心合集,时间跨度均为各数据库建库至2022-12-31。

CNKI期刊数据库检索条件:主题=(“昆虫”AND“性别决定”OR“性别分化”OR“性别调控”AND“基因”),为使分析结果更符合实际情况,排除与昆虫性别决定基因无关的文献,同时排除科普和会议论文等文献,最终得到中文文献112篇(包括硕士学位论文69篇)。

WOS核心合集数据库检索条件:TS=(“insect”)AND TS=(“sex determination”OR“sex differentiation”OR“sex regulation”)AND TS=(“gene”),文献类型为研究型论文(Article)和综述(Review),语种选择英语,最终得到英文文献1 008篇。

通过阅读题目、摘要和关键词并根据排除标准最终得到中、英文文献共计1 120篇。

1.2 统计方法

本研究以CNKI和WOS数据库的文献数据为数据源,利用CiteSpace 5.7.R5软件,绘制了合作作者、合作机构、合作国家和关键词共现图谱,并结合网络密度、节点大小和中介中心性等要素,展示昆虫性别决定基因领域的发展动态和趋势。以此探索昆虫性别决定基因的研究现状及前沿热点,为探寻未来研究方向和趋势提供参考与建议。数据汇总分析在Excel中进行,相关图形用OriginPro 2023软件绘制。

2 结果与分析

2.1 发表文献数量年度分布

国内外有关昆虫性别决定基因的发文数量如图1所示。截止至2000年,中文文献累计发文量为6篇,英文文献累计发文量为293篇,该阶段是昆虫性别决定基因的初始发展阶段。在2001—2005年,中文文献数量超过10篇,总体呈现缓慢上升趋势;英文文献发文量逐步递增,年均发文量高达18篇。总体来看,相关英文文献的发文量高于中文文献的发文量,且中英文文献发文量均呈持续增长趋势,说明国内外对昆虫性别决定基因的研究都予以较多关注。

2.2 载文期刊分析

112篇昆虫性别决定基因中文文献(此处只计算除硕士学位论文以外的43篇文献)分布在29种期刊上。载文量2篇及以上的有5种期刊,共计19篇,占中文文献总量的44.19%。其中,《昆虫学

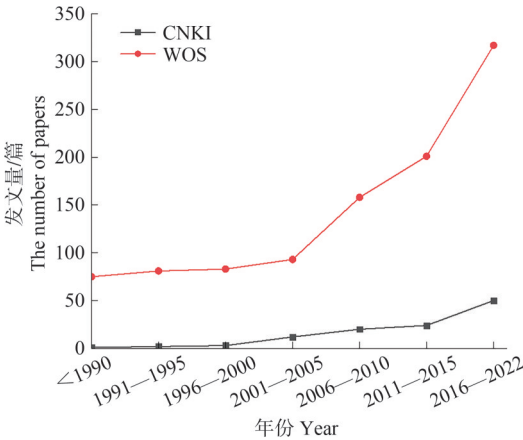


图1 昆虫性别决定基因相关文献发文数量

Fig. 1 The number of articles published related to insect sex determining genes

报》的载文量最多,为9篇。通过分析表1中排名前5的期刊的载文类型发现,性别分化机制和性别决定基因鉴定是该领域主要研究内容。

1 008篇英文文献分布在238种期刊上,平均载文4篇。其中,载文量1篇的有120种期刊,载文量2篇的有38种期刊,载文量3篇及以上的有80种期刊。载文量排在前10的期刊刊载的文献总数占全部英文文献总量的31.55%(表2)。Genetics的载文量最多,为94篇。该期刊的主要研究内容集中在黑腹果蝇、家蝇、蜜蜂以及性别决定相关基因的鉴定上。

2.3 研究热点分析

2.3.1 关键词分析

关键词是一篇文章主题的凝练,通过对关键词分析可以了解昆虫性别决定基因的研究现状和研究热点。在CiteSpace软件中以“Keyword”为分析对象,生成高频关键词共现网络图谱,对关键词进行聚类,从而得到国内外研究热点与研究趋势。用CiteSpace生成的CNKI和WOS中昆虫性别决定基因研究高频关键词共现图谱如图2和3所示。中心性是评价网络节点重要性的关键指标,中心性占比越大,越能够显示其在共现网络中的重要作用,当中心性值大于0.1时,表明该关键词为重要节点^[15],即为昆虫性别决定基因的研究热点。

通过对CNKI中所选文献的关键词进行可视化共现分析,得到节点数为160、连线数为340、密度为0.026 7的关键词共现知识图谱(图2(a))。依据分析结果筛选出高频关键词(表3),在CNKI中昆虫性别决定基因共现频次较高的关键词是“性别决定”“家蚕”。因为家蚕是与人类关系密切的重要经济昆虫^[16],家蚕的相关研究主要集中在2000—2015年。其他关键词为“性别分化”、“橘小实蝇(Bactrocera dorsalis)”等,共现频次较低,表明这些关键词的研究还不够深入,有待进一步深入研究。针对共现频次最高的关键词“性别决定”进行单独分析得到相关的高被引文献,首先是牛宝龙等^[17]以黑腹果蝇(Drosophila melanogaster)为例讨论了昆

表1 昆虫性别决定基因研究刊载量排名前10的中文期刊(CNKI)

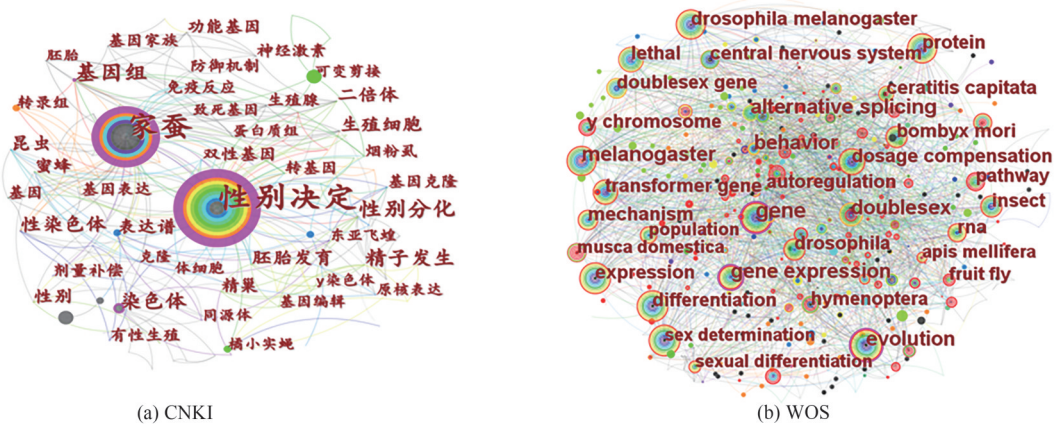
Table 1 The top 10 Chinese journals in the study of insect sex-determining genes (CNKI)

排名 Ranking	期刊 Journal	发文量/篇 Number of published papers	影响因子(2022) Impact factors
1	《昆虫学报》	9	1.003
2	《生物学通报》	3	0.078
3	《应用昆虫学报》	3	1.285
4	《遗传》	2	1.450
5	《中国细胞生物学报》	2	0.661
6	《西北林学院学报》	1	1.746
7	《中国媒介生物学及控制杂志》	1	1.594
8	《长江大学学报(自然科学版)》	1	0.506
9	《中国生物防治学报》	1	1.639
10	《应用生态学报》	1	3.108

表 2 昆虫性别决定基因研究刊载量排名前 10 的英文期刊 (WOS)

Table 2 The top 10 English-language journals in the study of insect sex-determining genes (WOS)

排名 Ranking	期刊 Journal	发文量 / 篇 Number of published papers	影响因子 (2022) Impact factors
1	<i>Genetics</i>	94	4.402
2	<i>Development (Cambridge, England)</i>	39	6.868
3	<i>PLoS Genetics</i>	28	5.917
4	<i>Insect Biochemistry and Molecular Biology</i>	26	4.714
5	<i>Scientific Reports</i>	25	4.525
6	<i>Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America</i>	23	12.779
7	<i>Insect Molecular Biology</i>	22	3.148
8	<i>Developmental Biology</i>	22	3.148
9	<i>Cell</i>	20	66.85
10	<i>PLoS ONE</i>	19	3.752



图形大小代表关键词出现的频率;颜色标识年份,颜色越深,表示年份越近;紫色外圈代表中介中心性;节点间的连线代表两者共现。下同。
The size of the graph represents the frequency of keyword occurrences; The colour identifies the year, the darker the colour, the more recent the year; The purple outer circle represents intermediary centrality, and the line between the nodes represents the co-occurrence of both. The same below.

图 2 昆虫性别决定基因关键词共现图

Fig. 2 Keywords Co-occurrence map of insect sex determining gene

虫性别决定研究所处的阶段,同时从防治害虫的角度出发,讨论了控制昆虫性别的 3 种遗传方法(性连锁平衡致死系、武装打靶技术、B 染色体和杀雄微生物)是改变昆虫性别的主要手段。其次是查幸福等^[18]从昆虫性别决定的多样性方面讨论了国内外昆虫性别决定的研究进展,表明昆虫性别决定机制及其基因调控是多变的,可利用遗传的手段改变昆虫性别,阻碍种群繁衍,从而有效防治害虫。之后

是刘雅婷等^[19]讨论了昆虫性别决定相关基因的分子级联互作关系,表明性别决定基因级联互作调控的结果是导致其性别决定机制多样性和复杂性的主要原因,以期利用昆虫性别决定机制为人类有效控制害虫开辟新方向。

通过对 Web of Science 中所选文献的关键词进行可视化共现分析,得到节点数为 537、连线数为 2 134、密度为 0.014 8 的关键词共现知识图谱(图 2

表3 昆虫性别决定基因研究高频关键词
Table 3 High frequency keywords of insect sex-determining gene researches

序号 No.	CNKI			WOS		
	高频关键词	频次	中心性	高频关键词	频次	中心性
	High-frequency keywords	Frequency	Centrality	High-frequency keywords	Frequency	Centrality
1	性别决定	41	0.90	Sex determination	240	0.04
2	家蚕	30	0.65	Evolution	232	0.12
3	染色体	6	0.17	Expression	128	0.06
4	性别分化	6	0.09	<i>Drosophila melanogaster</i>	125	0.07
5	橘小实蝇	6	0.04	Differentiation	121	0.06
6	性染色体	5	0.09	Gene	117	0.16
7	精子发生	5	0.07	Protein	97	0.05
8	表达谱	4	0.07	Dosage compensation	81	0.09
9	性别	4	0.06	Gene expression	71	0.11
10	昆虫	4	0.01	<i>Bombyx mori</i>	70	0.05

(b))。其中出现频次最高的关键词是“Sex determination(性别决定)”,其他频次较高的关键词为“Evolution(进化)”、“Expression(表达)”、“*Drosophila melanogaster*(黑腹果蝇)”、“Differentiation(分化)”和“Gene(基因)”等,说明这些内容是国际上的研究热点。针对出现频次最高的关键词“Sex determination(性别决定)”进行高被引文献分析,其中,Bachtrog等^[20]指出基因组学的发展加快了性别决定中非模式生物基因的发现和鉴定,预计系统发育比较分析将是研究性别决定机制多样性的关键;同时,利用性别决定基因控制性别发育从而达到控制害虫数量成为可能。Hasselmann等^[21]对西方蜜蜂(*Apis mellifera*)的性别决定基因进行研究发现*fem*基因和果蝇的*tra*基因具有相同结构域,但缺乏保守基序;蜜蜂中*fem*位点的发现揭示了基因复制和正向选择是新型性别决定途径起源的进化机制。

2.3.2 关键词聚类图谱分析

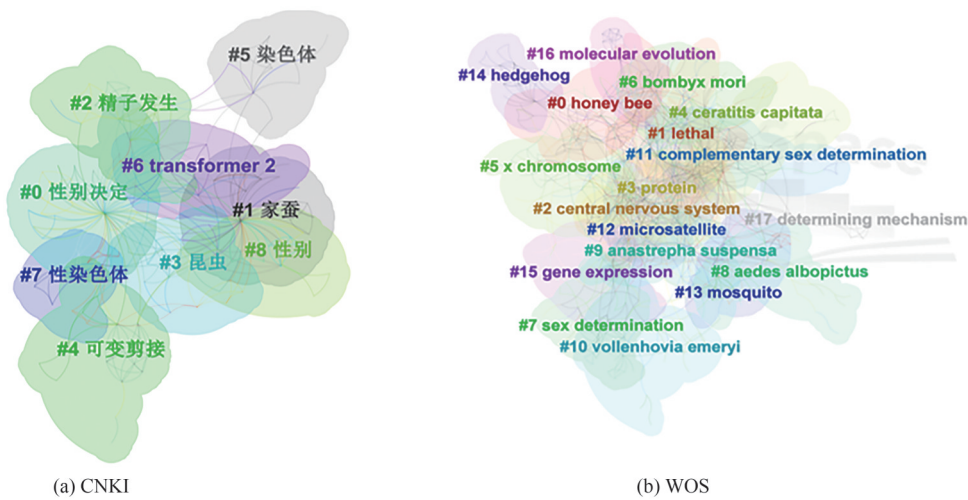
利用CiteSpace对同义词进行合并,生成关键词聚类图谱(图3),聚类结果表示昆虫性别决定基因研究的热点。数字越小代表聚类中包含的关键词越多,每个聚类由多个紧密相关的词组成,所以选择最多的关键词聚类进行研究现状分析。其中,*Q*值(Modularity)为聚类模块值,通常认为*Q*>0.3意味着聚类结构显著;*S*值(Silhouette)为聚类平均轮

廓值,通常认为*S*>0.5聚类结果合理,*S*>0.7意味着聚类结果可靠。

根据聚类结果(图3(a))可知,国内研究关键词共聚成9类,分别是性别决定、家蚕、精子发生、昆虫、可变剪接、染色体、*transformer 2*、性染色体和性别。其中,*Q*=0.6478,*S*=0.8986,说明该聚类结果合理可信,国内更偏向于性别决定和家蚕的研究。国外研究关键词共聚成18类(图3(b)),其中*Q*=0.7253,*S*=0.8929。相比之下,国外对于昆虫性别决定基因的研究主要集中在Honey bee(西方蜜蜂)。总体来说,国内外关于昆虫性别决定基因的研究热点对象集中在模式生物上,总体方向较为一致,且各自在多领域发展。

2.3.3 突现词分析

“突现词”是指在某一时期使用频次骤增的关键词。突现分析(Citation burst)用来探测某个领域中突现的动态概念和潜在研究问题,用以发现某一个主题词和关键词衰落或者兴起的情况^[22]。本研究通过CiteSpace进行聚类后绘制国内外关于昆虫性别决定基因研究的突现词。在CiteSpace中将Byrstness值 $\gamma[0,1]$ 设置为0.2,得到国内昆虫性别决定基因领域排名前25的突现词(表4)。突现强度最高的关键词是“家蚕”,强度达到6.18。通过对家



图中聚类数字大小和包含关键词多少成反比;连线表示聚类间的关系。
The size of the clusters is inversely proportional to the number of keywords included; The connecting lines indicate the relationship between clusters.

图 3 昆虫性别决定基因关键词聚类图

Fig. 3 Keyword cluster map of insect sex determination genes

表 4 昆虫性别决定基因领域排名前 25 的突现词 (CNKI)

Table 4 Top 25 prominent words in the field of insect sex-determining gene researches (CNKI)

关键词 Keyword	年份 Year	强度 Strength	开始 Begin	结束 End	1997—2022
性别分化 Gender differentiation	1997	1.69	1997	2006	
体细胞 Somatic cell	1997	1.27	1997	2002	
剂量补偿 Metering compensation	1997	1.24	1997	2001	
调控 Regulation	2000	1.20	2000	2004	
性别控制 Gender control	2001	1.31	2001	2003	
原核表达 Prokaryotic expression	2006	0.96	2006	2015	
家蚕 <i>Bombyx mori</i>	2003	6.18	2009	2013	
表达谱 Expression profile	2009	1.71	2009	2015	
性染色体 Sex chromosomes	2004	1.30	2010	2014	
生殖腺 Gonad	2011	1.31	2011	2012	
东亚飞蝗 <i>Locusta migratoria manilensis</i>	2013	1.23	2013	2014	
克隆 Clone	2013	1.09	2013	2015	

表 4(续)

关键词 Keyword	年份 Year	强度 Strength	开始 Begin	结束 End	1997—2022
双性基因 <i>Doublesex</i> gene	2013	0.97	2013	2016	
染色体 Chromosome	2002	0.90	2013	2014	
橘小实蝇 <i>Bactrocera dorsalis</i>	2014	1.07	2014	2022	
<i>transformer 2</i> 基因 <i>transformer 2</i> gene	2015	1.72	2015	2016	
昆虫 Insect	2000	0.89	2015	2016	
烟粉虱 <i>Bemisia tabaci</i>	2016	1.08	2016	2020	
瓜实蝇 <i>Bactrocera cucurbitae</i>	2017	1.70	2017	2020	
西方蜜蜂 Western bees	2017	1.15	2017	2018	
东方蜜蜂 Oriental bees	2017	1.01	2017	2019	
一雌多雄 A female and multiple males	2017	1.01	2017	2019	
斜纹夜蛾 <i>Spodoptera litura</i>	2019	1.09	2019	2020	
精子发生 Spermatogenesis	1993	0.96	2019	2022	
害虫防治 Pest control	2020	1.01	2020	2022	

注:红色部分表示该关键词在该时间段受到研究人员的高度重视,深蓝色部分揭示某个时间该领域研究关注度较低,浅蓝色部分表示该节点还未出现。下同。

Note: The red section indicates that the keyword was highly valued by researchers at that time, the dark blue section reveals that there was less research attention in the field at a given time, and the light blue section indicates that the node has not yet emerged. The same below.

蚕进行单独分析得到国内关于家蚕性别决定基因较早的研究性文章,与其他昆虫不同,家蚕的研究重点主要在于通过改变其性别来实现种群的顺利繁殖^[23-25]。“害虫防治”和“精子发生”是2020年爆发的关键词,正是当下的研究热点。如贺鹏鹏等^[26]为寻求新的防控技术基于分子生物学研究香梨优斑螟(*Euzophera pyriella*)的性别决定 *tra2* 基因,预测了该基因的基本分子生物学特征,并推测了 *Ep-Tra2* 与 *Ep-Dsx* 之间可能存在级联互作的关系。

在 CiteSpace 中将 *Byrstness* 值设置为 0.8,得到国外昆虫性别决定基因领域排名前 25 的突现词(表 5)。突现强度最高的关键词是“*Drosophila*

melanogaster”,国外早些年就主要集中在对黑腹果蝇的研究上,从 2003 年开始,国外的研究内容开始不断丰富与扩展,涌现出“Expression pattern”“Homolog”“Fly *Megaselia scalaris*”“*Musca domestica*”等热门研究话题,而“Sex differentiation”“Sex chromosome”“Identification”是近年来的研究热点。如 Agarie 等^[27]为突破性别决定起始因子在模式物种研究中的束缚,在琉球新白蚁(*Neotermes sugioi*)中鉴定出与性别相关的遗传标记物,这对于性别决定的起始因子至关重要。

2.4 作者分析

对文献作者进行分析可以得知该领域的核心研究力量。作者分析选取“Author”为分析对象,绘

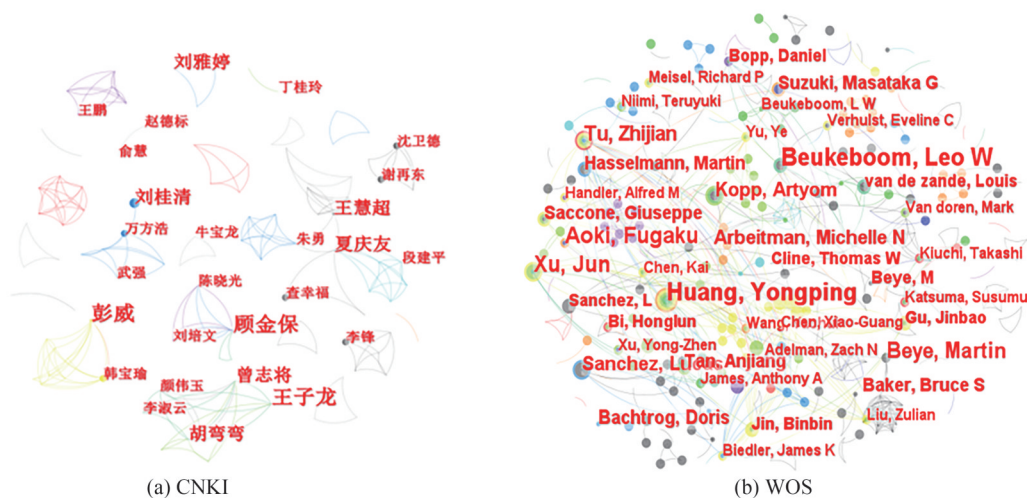
表 5 昆虫性别决定基因领域排名前 25 的突现词 (WOS)

Table 5 Top 25 prominent words in the field of insect sex-determining gene researches

关键词 Keywords	年份 Year	强度 Strength	开始 Begin	结束 End	2003—2022
<i>Drosophila melanogaster</i>	2003	9.30	2003	2012	
Expression pattern	2003	5.47	2003	2008	
Homolog	2003	5.03	2003	2007	
Fly <i>Megaselia scalaris</i>	2003	3.66	2003	2011	
<i>Musca domestica</i>	2004	6.52	2004	2014	
Lethal	2004	5.98	2004	2011	
Pattern	2004	3.82	2004	2012	
Male courtship behavior	2005	3.72	2005	2010	
Neural circuitry	2006	4.01	2006	2008	
<i>Bactrocera oleae</i>	2007	4.06	2007	2012	
Female <i>Drosophila</i>	2007	3.74	2007	2008	
Determination pathway	2009	6.35	2009	2016	
Determining mechanism	2010	3.62	2010	2015	
X chromosome	2006	4.14	2012	2016	
Sterile insect technique	2013	4.78	2013	2018	
System	2012	6.07	2017	2020	
Sexual dimorphism	2010	3.64	2017	2022	
Mosquito	2018	5.18	2018	2022	
Silkworm	2009	7.73	2019	2022	
Identification	2007	4.83	2019	2022	
Lepidoptera	2011	3.83	2019	2022	
Chromosome	2010	3.83	2019	2022	
Juvenile hormone	2019	3.65	2019	2022	
Sex chromosome	2012	3.64	2019	2022	
Sex differentiation	2019	3.61	2019	2022	

制出作者合作共现图。图 4(a)为中文文献研究作者合作共现图,共有 174 名作者在该领域发表文章。产出文献最多的作者是王子龙、顾金保和彭威,均发表 4 篇文献,曾志将、夏庆友、刘雅婷、刘桂清、胡弯弯和王慧超的发文量均为 3 篇,发表 2 篇文章的作者有 18 名。图 4(b)为英文文献研究作者合作共

现图,发文量排在前三的作者为 Huang Yongping 和 Beukeboom Leo W (同为 14 篇)、Xu Jun 和 Aoki Fugaku (同为 11 篇)、Beye Martin (10 篇)。Huang Yongping 和 Xu Jun 为中国作者,说明国内有研究人员专注于昆虫性别决定基因的研究,并在国际上有一定的影响力。



作者字体大小与其发文量成正比;连线代表作者之间具有联系。

The font size of authors is proportional to the number of articles they have published; The connecting lines indicate a link between authors.

图4 昆虫性别决定基因研究作者合作共现图

Fig. 4 Insect sex-determining gene study authors collaborate on co-occurrence map

2.5 国内外研究机构与国家分析

2.5.1 国内外研究机构分析

以“Institution”为分析对象,进行机构合作网络分析。图5(a)为国内昆虫性别决定基因研究机构合作知识图谱,通过可视化得到网络节点数量 $N=75$,连线 $E=17$,密度为0.0061,各个节点之间连线稀疏,表明各个机构之间合作度低。由图5(a)可知,发

文量最多的机构为西南大学(18篇),其次为海南大学、苏州大学、海南大学和华中农业大学(5篇)。相比之下,国际间各机构的合作非常紧密(图5(b)),全球共774家机构进行昆虫性别决定基因的研究,发文量排名前3的机构为Univ Tokyo(东京大学,31篇)、Chinese Acad Sci(中国科学院,30篇)和Univ Groningen(格罗宁根大学,28篇)。



图中节点大小与机构发文量成正比;节点之间连线的多少与机构之间合作的紧密程度成正比。

The size of the nodes in the diagram is proportional to the volume of articles issued by the institution; The number of connecting lines between the nodes is proportional to how closely the institutions work together.

图5 昆虫性别决定基因研究机构合作共现图

Fig. 5 Insect sex-determining gene research institutes collaborate on co-occurrence map

2.5.2 国家合作网络分析

为了解哪些国家在昆虫性别决定基因研究领域贡献最为突出,本研究以“Country”为分析对

象,进行国家合作网络分析。图6共出现86个节点,245条连线。当前国际上已有较多国家对昆虫性别决定基因展开了研究,且各国之间合作深入。

昆虫性别决定基因的研究主要分布在美国、中国和日本等一些国家。其中,美国以 446 篇文章占据第 1 位,为 WOS 数据库总发文量的 44. 25%,遥遥领先于第 2 名的中国和第 3 名的德国,可见美国在该领域的科研能力较强。从中心性来看,美国以 0. 28 排名第 1,比发文量排名第 2 的中国多 0. 04;德国的发文量虽次于中国,为 69 篇,但中心性为 0. 18,排名第 2;而法国虽只有 48 篇,但是中心性为 0. 12,排名第 3 (表 6)。因此,美国学者在昆虫性别决定基因相关研究领域中的影响力全球最强,德国与法国次之。

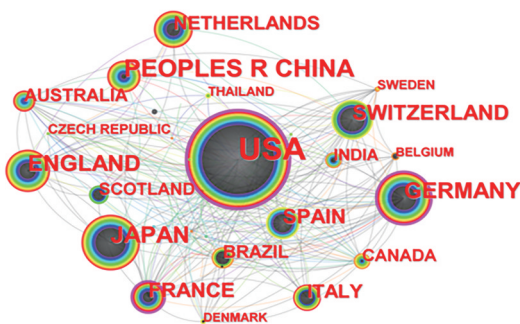


图 6 昆虫性别决定基因研究国家合作共现图
Fig. 6 Cooperation network of national on insect sex-determining gene researches (WOS)

3 讨 论

通过对昆虫性别决定基因研究文献的关键词

和突现词进行分析,可以获悉国内外在该领域的研究对象上的侧重点不同。国内在 2013 年之前集中在经济昆虫-家蚕的研究中。由于我国是桑树 (*Morus alba*) 原产地,也是丝绸发祥地,同时也是全球最大的桑蚕丝出口国,家蚕作为丝绸原料的主要来源,其性别决定研究在很早之前便得到了研究者的重视^[28-29]。国外则着重于对模式生物-黑腹果蝇的研究,由于其分布广、易培养和繁殖快等特点在遗传、发育、生理和行为等方面研究较为透彻^[30]。因昆虫性别决定机制的复杂性和多样性,很多昆虫的性别决定机制尚不清楚,但模式生物黑腹果蝇的研究将会带动家蚕等一些与人们生活及经济发展有密切关系的昆虫性别决定的研究。

综合关键词和突现词分析表明,性别决定相关基因的鉴定及其在害虫绿色防控中的作用是未来的研究热点。昆虫的性别决定与分化是种族繁衍和延续的重要机制,性别决定研究可促进昆虫不育技术 (Sterile insect technique, SIT) 的开发。传统的不育技术在昆虫释放过程中缺乏有效的雌雄分离手段,且使用辐照技术造成雄虫在野外生存能力和交配竞争力降低,使得该技术在害虫防治中有诸多限制^[31]。但随着基因组学的发展,昆虫不育技术将会受到更多的关注^[32]。

从发文量、发文期刊、作者、机构和国家分布来看,2000 年以后,我国对昆虫性别决定基因的研究

表 6 昆虫性别决定基因研究发文量排名前 10 的国家
Table 6 Top 10 countries in terms of the number of articles published on insect sex-determining gene researches

国家 Country	发文量/篇 Paper amount	1933—2022 年间首次发文年份 The year of first publication between 1933 to 2022	中心性 Centrality
美国 USA	446	1979	0. 28
中国 China	111	2007	0. 04
日本 Japan	88	1991	0. 01
德国 Germany	69	1994	0. 18
英国 England	68	1989	0. 06
瑞士 Switzerland	51	1983	0. 09
西班牙 Spain	49	1990	0. 02
意大利 Italy	22	2005	0. 06
法国 France	48	1991	0. 12
荷兰 Netherlands	38	2003	0. 00

开始快速发展。目前,我国在发文数量方面居于世界第二,仅次于美国;但在高影响力作者(机构)、研究团队结构和载文期刊质量等方面与发达国家相比还有欠缺,还需在相关方面进一步努力。

4 结 论

本研究采用CiteSpace文献计量学可视化分析软件对中国知网数据库和Web of Science核心数据库中有关昆虫性别决定基因研究的1 120篇文献的发文期刊、发文量、关键词、作者、发文机构和国家等进行分析并总结得出,自2006年以来,昆虫性别决定基因研究的论文数量在国内外均呈上升趋势,但中文文献和英文文献发表数量相差甚远,且国内对于该领域的研究起步也较晚;与国外发文作者团队相比,国内作者团队之间合作较少;中国在该领域的发文量虽位于世界第二,但影响力较强的是美国、德国和法国;未来该领域研究的热点话题将是通过鉴定非模式昆虫性别决定基因,从而了解昆虫性别决定机制,为有效防治害虫奠定基础。

参考文献 References

- [1] Bopp D, Saccone G, Beye M. Sex determination in insects: Variations on a common theme[J]. *Sexual Development*, 2014, 8(1/3): 20-28
- [2] Dafa'alla T, Fu G L, Alphey L. Use of a regulatory mechanism of sex determination in pest insect control[J]. *Journal of Genetics*, 2010, 89(3): 301-305
- [3] Geuverink E, Beukeboom L W. Phylogenetic distribution and evolutionary dynamics of the sex determination genes *doublesex* and *transformer* in insects[J]. *Sexual Development*, 2014, 8(1/3): 38-49
- [4] Gotoh H, Zinna R A, Warren I, DeNieu M, Niimi T, Dworkin I, Emlen D J, Miura T, Lavine L C. Identification and functional analyses of sex determination genes in the sexually dimorphic stag beetle *Cyclommatus metallifer*[J]. *BMC Genomics*, 2016, 17: 250
- [5] Gailey D A, Billeter J C, Liu J H, Bauzon F, Allendorfer J B, Goodwin S F. Functional conservation of the fruitless male sex-determination gene across 250 myr of insect evolution[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2006, 23(3): 633-643
- [6] Sánchez L. Sex-determining mechanisms in insects [J]. *The International Journal of Developmental Biology*, 2008, 52(7): 837-856
- [7] Hopkins B R, Kopp A. Evolution of sexual development and sexual dimorphism in insects[J]. *Current Opinion in Genetics & Development*, 2021, 69: 129-139
- [8] Cho S, Huang Z Y, Zhang J Z. Sex-specific splicing of the honeybee *doublesex* gene reveals 300 million years of evolution at the bottom of the insect sex-determination pathway[J]. *Genetics*, 2007, 177(3): 1733-1741
- [9] Kageyama D, Narita S, Watanabe M. Insect sex determination manipulated by their endosymbionts: Incidences, mechanisms and implications[J]. *Insects*, 2012, 3(1): 161-199
- [10] Sarno F, Ruiz M F, Eirin-López J M, Perondini A L, Selivon D, Sánchez L. The gene *transformer-2* of *Anastrepha* fruit flies (Diptera, Tephritidae) and its evolution in insects[J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2010, 10(1): 1-14
- [11] Verhulst E C, van de Zande L, Beukeboom L W. Insect sex determination: It all evolves around *transformer*[J]. *Current Opinion in Genetics & Development*, 2010, 20(4): 376-383
- [12] Shukla J N, Nagaraju J. *Doublesex*: A conserved downstream gene controlled by diverse upstream regulators[J]. *Journal of Genetics*, 2010, 89(3): 341-356
- [13] Pan X L, Yan E J, Cui M, Hua W N. Examining the usage, citation, and diffusion patterns of bibliometric mapping software: A comparative study of three tools[J]. *Journal of Informetrics*, 2018, 12(2): 481-493
- [14] 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 Y, Chen C M, Liu Z Y, Hu Z G, Wang X W. The methodology function of CiteSpace mapping knowledge domains[J]. *Studies in Science of Science*, 2015, 33(2): 242-253 (in Chinese)
- [15] Chen C M. Searching for intellectual turning points: Progressive knowledge domain visualization [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2004, 101(Suppl 1): 5303-5310
- [16] 黄君霆, 朱万民, 夏建国. 中国蚕丝大全[M]. 成都: 四川科学技术出版社, 1996
Huang J T, Zhu W M, Xia J G. *Complete Works of Sericultural Technology in China* [M]. Chengdu: Sichuan Scientific & Technical Publishers, 1996 (in Chinese)
- [17] 牛宝龙, 翁宏飏, 孟智启. 昆虫的性别决定与性别控制[J]. *浙江农业学报*, 2001, 13(6): 327-334
Niu B L, Weng H B, Meng Z Q. Insect sex determination [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2001, 13(6): 327-334 (in Chinese)
- [18] 查幸福, 夏庆友, 向仲怀. 昆虫性别决定的分子机制研究进展[J]. *蚕业科学*, 2006, 32(2): 151-156
Zha X F, Xia Q Y, Xiang Z H. Research progress of molecular mechanism of sex determination in insects [J]. *Science of Sericulture*, 2006, 32(2): 151-156 (in Chinese)
- [19] 刘雅婷, 谢文, 张友军. 昆虫性别决定机制研究进展[J]. *昆虫学报*, 2015, 58(4): 437-444
Liu Y T, Xie W, Zhang Y J. Research progress sex determination mechanism in insects [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2015, 58(4): 437-444 (in Chinese)
- [20] Bachtrog D, Mank J E, Peichel C L, Kirkpatrick M, Otto S P, Ashman T L, Hahn M W, Kitano J, Mayrose I, Ming R, Perri N, Ross L, Valenzuela N, Vamori J C, Consortium T O S. Sex determination: Why so many ways of doing it?[J]. *PLoS Biology*, 2014, 12(7): e1001899
- [21] Hasselmann M, Gempe T, Schiott M, Nunes-Silva C G, Otte M, Beye M. Evidence for the evolutionary nascence of a novel sex determination pathway in honeybees[J]. *Nature*, 2008, 454(7203): 519-522
- [22] 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, 2016
Li L, Chen C M. *CiteSpace Technology Text Mining and Visualization* [M]. Beijing: Capital University of Economics and Business Press, 2016 (in Chinese)
- [23] 朱勇. *sch* 基因的遗传分析及在家蚕育种上的应用研究[D]. 重庆: 西南农业大学, 2001
Zhu Y. Genetic analysis of *sch* gene and its application in silkworm

- breeding [D]. Chongqing: Southwest Agricultural University, 2001 (in Chinese)
- [24] 潘庆中, 陈业林, 陈劲伟, 林健荣, 黄自然. 利用催青温湿度敏感性状控制家蚕性别[J]. 科学通报, 1992, 37(12): 1133-1136
- Pan Q Z, Chen Y L, Chen J W, Lin J R, Huang Z R. Controlling sex of silkworm by using temperature and humidity sensitive traits of green cultivation[J]. *Chinese Science Bulletin*, 1992, 37(12): 1133-1136 (in Chinese)
- [25] 王慧超. 家蚕雌特异分子标记筛选与 *Bmdsx* 基因的表达研究[D]. 重庆: 西南农业大学, 2003
- Wang H C. Screening of female-specific molecular markers and expression of *Bmdsx* gene in silkworm [D]. Chongqing: Southwest Agricultural University, 2003 (in Chinese)
- [26] 贺鹏鹏, 张来斌, 肖海兵, 刘振亚, 杨明禄, 韩旭. 香梨优斑螟 *EPSXL* 基因生物信息学及表达分析[J]. 天津农业科学, 2022, 28(4): 1-4, 9
- He P P, Zhang L B, Xiao H B, Liu Z Y, Yang M L, Han X. Bioinformatics and expression analysis of *EPSXL* gene of *Euzophera pyriella* [J]. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2022, 28(4): 1-4, 9 (in Chinese)
- [27] Agarie A, Miyaguni Y, Sugio K, Kobayashi K. Male-specific alleles in the ryukyu drywood termite *Neotermes sugioi* [J]. *Ecology and Evolution*, 2020, 10(18): 9584-9587
- [28] 黄绍德. 试析桑蚕产业发展前景及高效种桑养蚕技术[J]. 广东蚕业, 2022, 56(2): 10-12
- Huang S D. Analysis on the development prospect of silkworm industry and high-efficiency breeding technology of mulberry and silkworm [J]. *Guangdong Sericulture*, 2022, 56(2): 10-12 (in Chinese)
- [29] Yang X, Chen K, Wang Y H, Yang D H, Huang Y P. The sex determination cascade in the silkworm [J]. *Genes*, 2021, 12(2): 315
- [30] Giuseppe S. A history of the genetic and molecular identification of genes and their functions controlling insect sex determination [J]. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 2022, 151: 103873
- [31] 彭威, 李云欣, 翁诗函, 周若涵, 潘熙, 李佳洋, 韩宝瑜. 双翅目害虫性别分离技术的研究进展及展望[J]. 昆虫学报, 2020, 63(7): 902-912
- Peng W, Li Y X, Weng S H, Zhou R H, Pan X, Li J Y, Han B Y. Progress and prospects of sex-separation techniques for dipteran insects [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2020, 63(7): 902-912 (in Chinese)
- [32] 汪兴鉴. 实蝇的遗传防治原理及方法[J]. 植物检疫, 1990, 4(4): 297-300
- Wang X J. Principle and method of genetic control of fruit fly [J]. *Plant Quarantine*, 1990, 4(4): 297-300 (in Chinese)

责任编辑:董金波



第一作者简介: 邢瑜,女,硕士研究生。2017—2021年就读于河北农业大学森林保护学专业,获得农学学士学位。本科期间的主要研究内容为植物次生物质对花绒寄甲生长发育的影响,该研究以花绒寄甲为试虫,研究槲皮素对其死亡率、体重及其体内解毒酶活性等情况的影响,为日后科学应用植物次生物质防治害虫提供理论依据。本科在校期间曾获3次一等奖学金、1次二等奖学金和2次国家励志奖学金,并在2021年获得河北省“优秀毕业生”荣誉称号。2021年凭借专业第三的优异成绩保送到北京林业大学攻读硕士研究生,专业方向为森林保护学。硕士研究课题为云杉花墨天牛性别决定相关基因的筛选、鉴定及表达分析,该研究为日后理解云杉花墨天牛性别决定机制奠定重要基础。研究生在校期间曾获得二等奖学金。



通讯作者简介: 宗世祥,男,1976年生,博士,北京林业大学林学院森林保护学科教授、博士生导师。兼任中国林学会森林昆虫分会副主任委员、中国昆虫学会林业昆虫专业委员会副主任、林木有害生物防控北京市重点实验室主任、国家林草局“林业有害生物防控创新团队”负责人等。《应用昆虫学报》《植物保护》等期刊编委。主要研究方向为林木钻蛀性害虫生态调控技术。主持十三五国家重点研发课题和国家自然科学基金等多个项目。获国家科学技术进步二等奖、梁希林业科学技术一等奖等多个奖项,以第1完成人发布林业行业标准3项,以第一发明人获授权国家发明专利5项,实用新型专利2项。以第一作者或通讯作者在国内外发表学术论文120余篇,其中SCI源论文67篇。