

基于文献计量学的中药 DNA 条形码研究态势分析

刘晓轩^{1,2}, 陈思雅¹, 蔡煜涵^{2,3}, 胡玉婷¹, 柯怡岚¹, 张喜利^{1,2*}, 刘文龙^{1,2*}

1. 湖南中医药大学药学院, 湖南 长沙 410208

2. 中药成药性与制剂制备湖南省重点实验室, 湖南 长沙 410208

3. 湖南省中医药研究院, 湖南 长沙 410208

摘要: **目的** 基于文献计量学对国内外中药 DNA 条形码的相关研究进行分析, 进而了解此领域研究现状, 揭示研究热点和趋势以及提供参考和指导。**方法** 收集整理 Web of Science 核心合集数据库和中国知网 (CNKI) 数据库中 2000 年至 2023 年 12 月 31 日中药 DNA 条形码的相关研究文献, 使用 CiteSpace 和 VOSviewer 对发文量、作者、机构、关键词共现网络等进行可视化分析。**结果** 中药 DNA 条形码相关研究仍处于高水平研究阶段, 预计未来几年该领域研究在国内外将继续保持较高关注度。中、英文文献均形成以陈士林院士、姚辉、宋经元、孙伟等为核心的研究团队。中国中医科学院中药研究所、中国医学科学院北京协和医学院分别为中、英文文献发文量最多的机构。高效通用的植物条形码的开发、基于 DNA 条形码和叶绿体基因组测序的中药物种鉴定、种质资源保护、质量控制及中成药生物组分鉴定研究可能是近年的研究热点。**结论** 广大科研工作者未来应致力开发高效通用的植物条形码, 推动基于 DNA 条形码的中药种质资源鉴定及遗传多样性分析、药用植物全基因组和细胞器基因组测序, 将 DNA 条形码与理化分析方法相结合以实现药材质量综合评价, 进一步将 DNA 条形码技术引入中药全产业链, 实现全程监管和可追溯。

关键词: DNA 条形码; 中药; 文献计量学; 叶绿体基因组; 物种鉴定; 质量控制

中图分类号: R282.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-2670(2024)15-5201-11

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2024.15.019

Analysis of research situation on DNA barcoding of Chinese materia medica based on bibliometrics

LIU Xiaoxuan^{1,2}, CHEN Siya¹, CAI Yuhan^{2,3}, HU Yuting¹, KE Yilan¹, ZHANG Xili^{1,2}, LIU Wenlong^{1,2}

1. College of Pharmacy, Hunan University of Chinese Medicine, Changsha 410208, China

2. Hunan Key Laboratory of Druggability and Preparation Modification of TCM, Changsha 410208, China

3. Hunan Academy of Traditional Chinese Medicine, Changsha 410208, China

Abstract: Objective To analyze the related research on DNA barcoding in the field of Chinese materia medica (CMM) based on bibliometrics, to understand the current research status, reveal research hotspots and trends, and provide references and guidance.

Methods The relevant research literature on DNA barcoding in CMM was collected and organized from the Web of Science Core Collection database and the China National Knowledge Infrastructure database from 2000 to December 31, 2023. CiteSpace and VOSviewer were used to visualize and analyze the number of publications, authors, institutions, and keyword co-occurrence networks.

Results Currently, DNA barcoding research in CMM remains at a high level of research stage, and it is expected that the research will continue to maintain a significant attention domestically and internationally in the coming years. Both Chinese and English literature show core research teams led by academician Shilin Chen, Professors Hui Yao, Jingyuan Song, and Wei Sun. The Institute of

收稿日期: 2024-03-11

基金项目: 国家自然科学基金项目 (82174069); 湖南省重点领域研发计划 (2023SK2046); 湖南省自然科学基金项目 (2023JJ60474); 湖南省卫生健康高层次人才重大科研专项 (R2023139); 长沙市自然科学基金项目 (kq2208191); 湖南创新型省份建设专项 (2023NK4110); 湖南省科技创新计划项目 (2023NK4144); 湖南省研究生创新项目 (CX20230829); 校级创新项目 (2023CX145, 2023CX105, 202210541071, S202210541077)

作者简介: 刘晓轩, 硕士研究生, 从事中药鉴定与质量控制研究。E-mail: liuxiaoxuan0912@163.com

***通信作者:** 张喜利, 副教授, 硕士生导师, 从事中药质量研究。E-mail: xiaoli610@126.com

刘文龙, 教授, 博士生导师, 从事中药质量、中药药理学与毒理学及药剂学等研究工作。E-mail: dragon5240@126.com

Chinese Materia Medica, China Academy of Chinese Medical Sciences, and Peking Union Medical College, Chinese Academy of Medical Sciences, are the institutions with the highest publication volume in both Chinese and English literature. The development of efficient and universal plant barcodes, identification of CMM species based on DNA barcoding and chloroplast genome sequencing, germplasm resource protection, quality control, and research on the identification of bioactive components of Chinese patent medicines may be recent research hotspots. **Conclusion** In the future, researchers should focus on developing efficient and universal plant barcodes, promoting the identification and genetic diversity analysis of CMM germplasm resources based on DNA barcoding, advancing whole-genome sequencing of medicinal plants and organelle genomes, integrating DNA barcoding with physicochemical analysis methods to achieve comprehensive evaluation of medicinal material quality, further integrating DNA barcoding technology into the entire CMM industry chain to achieve full supervision and traceability.

Key words: DNA barcoding; Chinese materia medica; bibliometrics; chloroplast genome; species identification; quality control.

近年来,中药因具有多成分、多靶点、多通路协同的治疗效应在众多疾病的预防和治疗中发挥着重要作用^[1-2]。然而,市场上约4.2%的中药含有替代品或掺假物,并且这一情况有进一步恶化的趋势,不仅影响到医疗用药的安全性及有效性,还限制了新药材的发掘^[3-4]。因此,中药的准确认证关系到其临床疗效和安全性。研究人员试图通过感官评价、显微鉴定、理化鉴定来解决这一问题^[5]。然而,由于传统鉴定方法的局限性,仍存在一些难题难以解决。

DNA条形码(DNA barcoding)是生物体内能够代表该物种的、标准的、有足够变异的、易扩增且相对较短的DNA片段^[6]。DNA条形码的出现使中药鉴定进入分子鉴定时代,从而克服了传统鉴定方法的局限性,使具有相似形态和化学特性的中药能够准确鉴定^[7]。DNA条形码技术是利用一个或多个标准化的较短DNA序列进行分类单元识别,是识别和发现物种的新兴技术及强大分类学工具^[8]。因此,DNA条形码被用以实现对各种中药产品进行快速、省时和自动化的物种识别^[9]。Hebert等^[10]于2003年确定细胞色素C氧化酶1号基因(cytochrome C oxidase subunit I, COI)可以作为动物全球生物识别系统的核心,并致力于构建采用DNA序列作为分类单元“条形码”的系统。这代表着DNA条形码首先在动物系统中提出并逐渐获得关注。而由于植物物种的线粒体基因组进化速率较慢、遗传分化小等生物学特性,植物DNA条形码研究相对滞后^[11]。

目前,由于“新一代”或“高通量”测序的兴起,测序成本降低,并导致使用DNA或RNA数据的植物学研究数量激增^[12]。DNA条形码技术极大地增强人类监测、了解和利用生物多样性资源的能力,其在生命科学、法医学、流行病学,以及医药、食

品质量控制等领域均具有广泛的应用前景。

文献计量学分析是回顾重要出版物、分析当前研究和预测未来研究趋势的有效方法,其通过数学和统计方法相结合的定量分析,直观地突出某一领域研究文献的计量特征,帮助研究人员掌握该领域研究趋势^[13]。本研究应用CiteSpace 6.2.R6和VOSviewer 1.6.20软件分别对国内外中药DNA条形码相关研究文献的发文量、作者、机构和关键词进行分析,绘制可视化网络图谱,进而了解此领域研究现状,揭示研究热点和趋势,以推动中药DNA条形码研究的深入和拓展,以及推动DNA条形码在中药产业健康发展和中医药现代化等方面发挥更重要的作用。

1 资料与方法

1.1 数据来源

中文文献源于中国知网(China National Knowledge Infrastructure, CNKI),进入高级检索窗口设定检索条件:主题“DNA条形码”,学科“中药学”,发表时间设定为2000年1月1日至2023年12月31日,共检索得到1019篇文献。英文文献源于Web of Science核心合集数据库,进入高级检索页面选择科学引文索引(science citation index expanded)后设定检索式: [[[TS=(DNA barcoding OR DNA barcode)] AND TS=(traditional Chinese medicine OR herbal medicine OR Chinese herbal OR materia medica)] AND DT=(article OR review)] AND LA=(English),检索时限:2000年1月1日至2023年12月31日,检索得到344篇文献。

1.2 纳入标准

(1)以DNA条形码为主题;(2)发表年限2000—2023年。

1.3 排除标准

(1)重复文献;(2)会议论文、科技成果、图

书等文献；(3) 不相关文献。

1.4 研究方法

中文文献以 Refworks 格式导出, 采用 CiteSpace 6.2.R6 自带的格式转换功能完成数据转换, 去除重复文献和无关文献后得到 942 条有效题录, 英文文献以纯文本格式导出, 去除重复文献和无关文献后得到 343 条有效题录。使用 Excel 2019 进行年度发文量分析; VOSviewer 1.6.20 用于作者、关键词的共现分析; CiteSpace 6.2.R6 用于作者、机构的数据特征分析、机构合作图谱、关键词突现图谱及关键词时间线图的构建。

2 结果

2.1 文献时间分布特征及趋势分析

对查找到的中文文献进行发文量分析, 得到年度发文量 (图 1)。由图可知, 中药 DNA 条形码研究中文文献首次出现于 2007 年, 英文文献首次出现于 2008 年。总体而言年度发文量可以分为 3 个阶段, (1) 研究起步阶段 (2007—2009 年): 发文量较低, 维持在 1~4 篇; (2) 研究发展阶段 (2010—2013 年): 发文量呈现显著增长趋势; (3) 研究高潮阶段 (2014—2023 年): 这一阶段维持在相对高水平, 虽有轻微波动, 但总体保持在 85~135 篇, 预计未来几年中药 DNA 条形码研究在国内外将继续保持高水平的研究活动。

2.2 作者合作网络分析

作者合作图谱是将中药 DNA 条形码研究文献的作者作为研究对象, 统计在该领域贡献突出的作者, 挖掘并具有较高学术价值的论文^[14]。其中发文频次高的作者节点间接反映了该作者在该领域的影响力。对相关文献进行作者共现分析, 如图 2 所示, 相关高频作者见表 1。

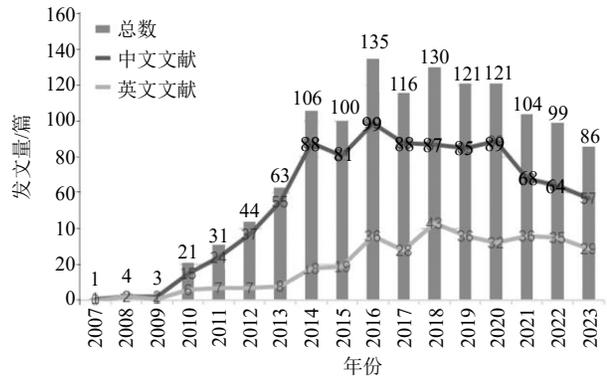


图 1 中药 DNA 条形码相关研究发文量年度分布情况

Fig. 1 Annual distribution of Chinese and English literature on Chinese materia medica (CMM) DNA barcoding related research

由图 2 可知发文作者之间合作较紧密, 图谱显示姚辉、陈士林分别为中、英文文献发文量最高的作者。中、英文文献均形成以中国医学科学院的陈士林院士、姚辉、宋经元、孙伟等为核心的研究团队, 陈士林及其团队发文量位居前列、合作图谱位于节点连接处, 反映其在此领域的研究活跃度较高。陈士林及其团队创建了基于 ITS2 的中药 DNA 条形码鉴定方法体系, 从基因层面解决中药物种真伪鉴定的难题, 通过全基因组解析提出灵芝为首个中药基原药用模式真菌, 完成并发表人参、丹参、赤芝、菊花、卷柏、穿心莲、紫芝、紫苏、黄连、红豆杉、黄花蒿等全基因组图谱和相关组学研究, 在本草基因组学研究中作出突出贡献^[7,15-21]。此外, 长春中医药大学的张辉聚焦于动物源中药材的 DNA 分子鉴定研究, 为 COI 条形码准确鉴定《中国药典》中动物药材提供了分子依据, 扩充了 DNA 条形码数据库中药用动物序列, 并建立了利用此技术鉴定动物药材的具体技术流程^[22-24]。而北京中医药大学的刘

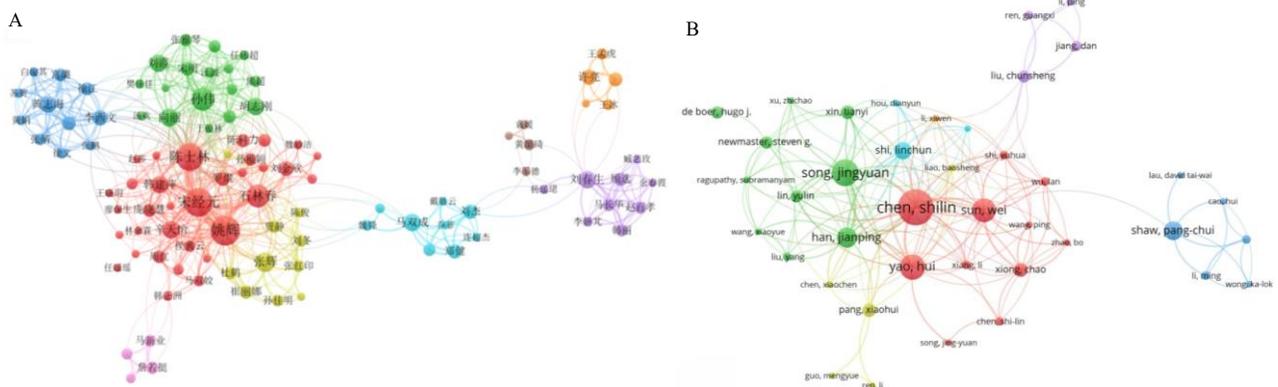


图 2 中药 DNA 条形码研究中 (A)、英 (B) 文文献作者合作图谱

Fig. 2 Collaboration maps of authors in Chinese (A) and English (B) literature on CMM DNA barcoding research

表 1 中药 DNA 条形码研究中、英文文献高产作者信息 (Top 10)

Table 1 Information of high-yielding authors in Chinese and English literature on CMM DNA barcoding research (Top 10)

中文文献作者	发文量/篇	单位	英文文献作者	发文量/篇	单位
姚辉	62	中国医学科学院、北京协和医学院药用植物研究所	Chen Shilin	29	Chengdu University of Traditional Chinese Medicine
宋经元	57	中国医学科学院、北京协和医学院药用植物研究所	Sun Wei	19	China Academy of Chinese Medical Sciences
陈士林	53	中国中医科学院中药研究所, 中国医学科学院药用植物研究所	Song Jingyuan	17	Southern University of Science & Technology
石林春	38	中国医学科学院、北京协和医学院药用植物研究所	Yao Hui	16	Chinese Academy of Medical Sciences-Peking Union Medical College
孙伟	37	中国中医科学院中药研究所	Xiong Chao	12	Western Sydney University
张辉	26	长春中医药大学	Han Jianping	12	Chinese Academy of Medical Sciences-Peking Union Medical College
向丽	23	中国中医科学院中药研究所	Shaw Pangchui	11	Chinese University of Hong Kong
刘春生	22	北京中医药大学	Moon Byeong Cheol	8	Korea Institute of Oriental Medicine (KIOM)
刘霞	21	武汉理工大学	Yang Sungyu	8	Korea Institute of Oriental Medicine (KIOM)
胡志刚	21	湖北中医药大学	Shi Linchun	8	Chinese Academy of Medical Sciences-Peking Union Medical College

春生侧重于药用植物和中药材系统鉴定及质量评估方面的研究,形成了分子-性状-显微-地理-基原的疑难药材系统鉴定方法体系^[25-27]。西悉尼大学的 Xiong Chao 主要致力于利用条形码结合高分辨熔解 (barcoding high resolution melting, Bar-HRM) 分析进行药用植物鉴定及真伪分析^[28-29]。香港中文大学的邵鹏柱专注于开发各种分子技术鉴别中药材和研究其质量,以及建立了国内首个中药基因条形码库^[30-33]。

2.3 机构合作网络分析

对中、英文文献进行机构合作网络的可视化图

谱分析,如图 3 所示,相关高产机构 (Top10) 见表 2。中文文献机构可视化图谱 (图 3-A) 中共包含 299 家研究机构,机构间共有 494 条连线。英文文献机构可视化图谱 (图 3-B) 中共包含 258 家研究机构,机构间共有 427 条合作连线。

中国中医科学院中药研究所、中国医学科学院北京协和医学院分别为中英文文献发文量最多的机构。中国中医科学院中药研究所 (0.28)、中国科学院 (0.31) 分别为中、英文文献机构中心度最高的机构。表明这些机构在推动中药领域的 DNA 条形码

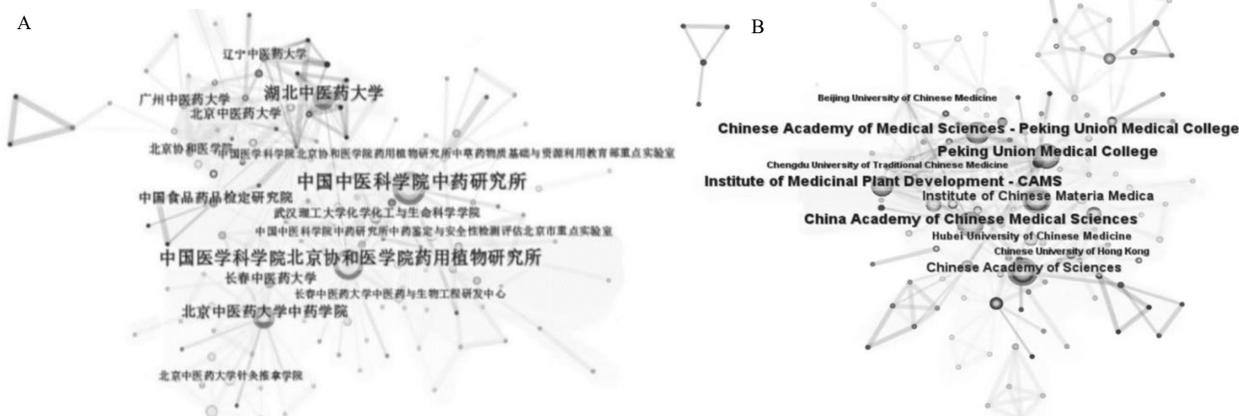


图 3 中药 DNA 条形码研究中 (A)、英 (B) 文文献机构合作图谱

Fig. 3 Collaborative maps of institutions in Chinese (A) and English (B) literature on CMM DNA barcoding research

表 2 中药领域 DNA 条形码研究中、英文文献高产机构信息 (Top 10)

Table 2 Information of high yielding institutions in Chinese and English literature on CMM DNA barcoding research (Top 10)

中文文献机构	频次/次	中心度	英文文献机构	频次/次	中心度
中国中医科学院中药研究所	80	0.28	Chinese Academy of Medical Sciences-Peking Union Medical College	59	0.04
中国医学科学院北京协和医学院药用植物研究所	60	0.13	Institute of Medicinal Plant Development-CAMS	58	0.05
湖北中医药大学	46	0.19	China Academy of Chinese Medical Sciences	57	0.06
北京中医药大学中药学院	32	0.14	Peking Union Medical College	56	0.05
中国食品药品检定研究院	23	0.03	Institute of Chinese Materia Medica	45	0.10
长春中医药大学	21	0.00	Chinese Academy of Sciences	35	0.31
北京中医药大学	18	0.04	Hubei University of Chinese Medicine	18	0.03
广州中医药大学	17	0.02	Chinese University of Hong Kong	15	0.02
武汉理工大学化学化工与生命科学学院	15	0.01	Korea Institute of Oriental Medicine (KIOM)	12	0.00
北京协和医学院	15	0.00	Beijing University of Chinese Medicine	11	0.00

研究方面具有显著贡献^[34]。

2.4 关键词共现分析

对文献中高频和高中心度关键词进行分析并构建可视化图谱(图 4),可以探寻到该领域的研究热点^[35]。

分子鉴定、鉴定、identification、plants、species identification、phylogen 等高频关键词(表 3)反映了中药 DNA 条形码研究的主要研究方向为中药种质资源鉴定及遗传多样性分析。ITS2、sequence 和 *psbA-trnH* 序列等高频关键词聚焦于高效、通用的植物条形码的开发。混伪品、指纹图谱等关键词聚焦于中药材混伪品的鉴定以及结合液质联用技术进

行质量控制研究。

2.5 关键词突现分析

关键词突现是指关键词在短时间内出现频次明显增加的情况,表示这段时间内对其关键词的关注度升高,还可以展示不同时期研究热点的转移以及据此判断潜在的发展趋势与前沿研究^[36]。中、英文文献关键词突现可视化图谱如图 5 所示。在十多年发展过程中,中文文献共出现 25 个突现词(图 5-A),可分为 2 个阶段。2007—2014 年主要聚焦于以菊科、威灵仙、鹿茸及羌活等植物的基因组表征、亲缘关系及物种基原的鉴定。2016—2023 年是研究的高水平阶段,主要包括钩藤属、苍术属、积雪草等植物的种

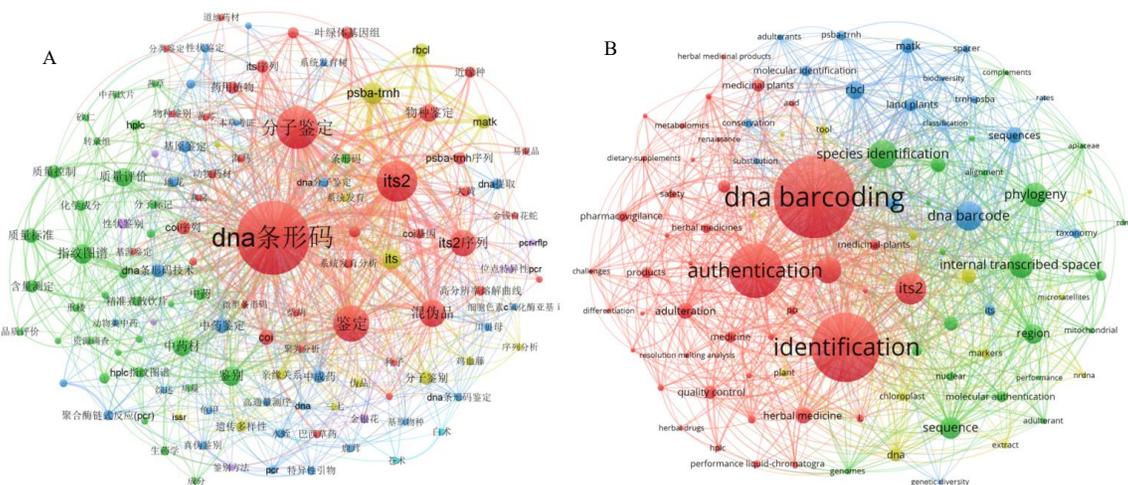


图 4 中药 DNA 条形码研究中 (A)、英 (B) 文文献关键词的共现网络

Fig. 4 Co-occurrence network of keywords in Chinese (A) and English (B) literature on CMM DNA barcoding research

表3 中药DNA条形码研究中、英文文献高频关键词
Table 3 High-frequency keywords in Chinese and English literature on CMM DNA barcoding research

中文关键词	频次	英文关键词	频次
DNA 条形码	529	identification	132
分子鉴定	175	DNA barcoding	110
ITS2	164	authentication	90
鉴定	130	DNA barcode	57
混伪品	73	ITS2	45
ITS2 序列	69	plants	41
<i>psbA-trnH</i>	46	phylogeny	40
指纹图谱	39	sequence	37
ITS	38	species identification	37
鉴别	38	DNA	36

质资源鉴定及遗传多样性分析、基于DNA条形码的中药质量标准研究等。此外，中成药作为近年连续性最高的突现词，提示基于基因组学的中成药生物组分鉴定研究可能是近年的研究热点。

英文文献共出现25个突现词(图5-B)。2009—2017年主要研究通过DNA条形码技术对传统药用植物及其替代品和掺杂物进行分子鉴定、药用植物基因组表征及系统发育分析、开发用于药用植物物种鉴定的DNA条形码。2018—2023年，叶绿体基因组、质量控制、DNA条形码作为近3年突现强度较高的关键词，提示基于DNA条形码的质量控制及药用植物叶绿体基因组测序的可能是近年研究热点。

2.6 关键词聚类及时间线图分析

以发表时间为X轴，聚类编号为Y轴，得到中药DNA条形码研究的关键词聚类时间线图(图6)。时间线图可展现各个研究热点的时间跨度以及不同研究热点之间的相互联系，进而展示中药领域DNA条形码研究热点变化及未来研究趋势^[37]。

利用软件以每年作为1个时区，将所纳入297个关键词结合发表时间和聚类得出2000—2023年中药DNA条形码研究中文文献关键词时间线图(图6-A)。图谱共形成11个聚类，即#0 鉴定、#1 金银花、#2 分子鉴定、#3 混淆品、#4 精准煮散饮片、#5 物种鉴定、#6 中药材、#7 性状鉴定、#8 抗氧化、#9 质量标准、#10 中药资源。

将所纳入280个关键词结合发表时间和聚类得出2000—2023年中药DNA条形码研究英文文献关键词时间线图(图6-B)。图谱共形成13个聚类，

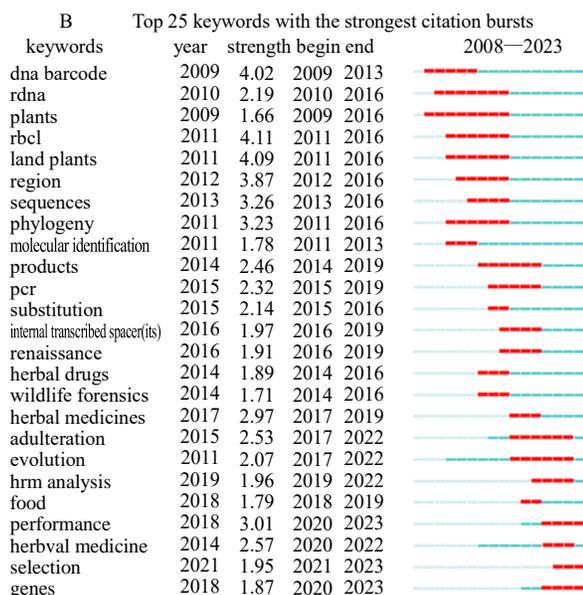
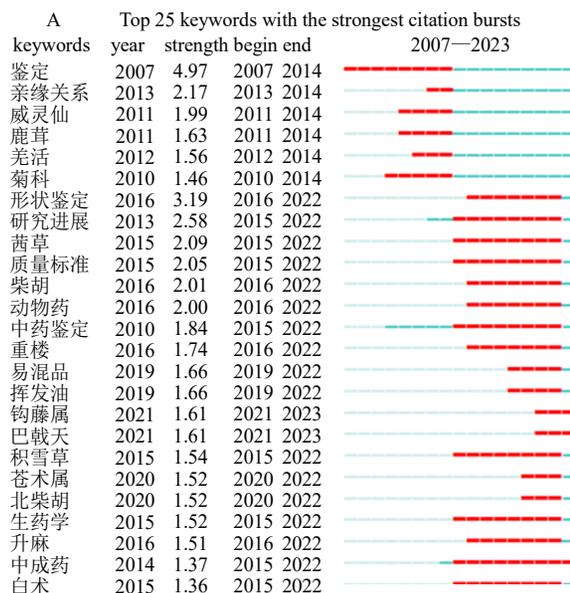


图5 中药DNA条形码研究中(A)、英(B)文文献关键词突现图谱

Fig. 5 Keyword emergence maps of Chinese (A) and English (B) literature on CMM DNA barcoding research

即#0 drug safety、#1 molecular authentication、#2 drugs、#3 species identification、#4 Chinese medicine、#5 herbal medicine、#6 traditional chinese medicine、#7 conservation、#8 DNA matabarcoding、#9 DNA barcode、#10 herbal medicines、#11 herbal materials、#12 chloroplast genome。由图可知#0 drug safety、#1 molecular authentication、#3 species identification、#5 herbal medicine、#7 conservation、#12 chloroplast genome 6个聚类模块在时间线图上主要分布于研究

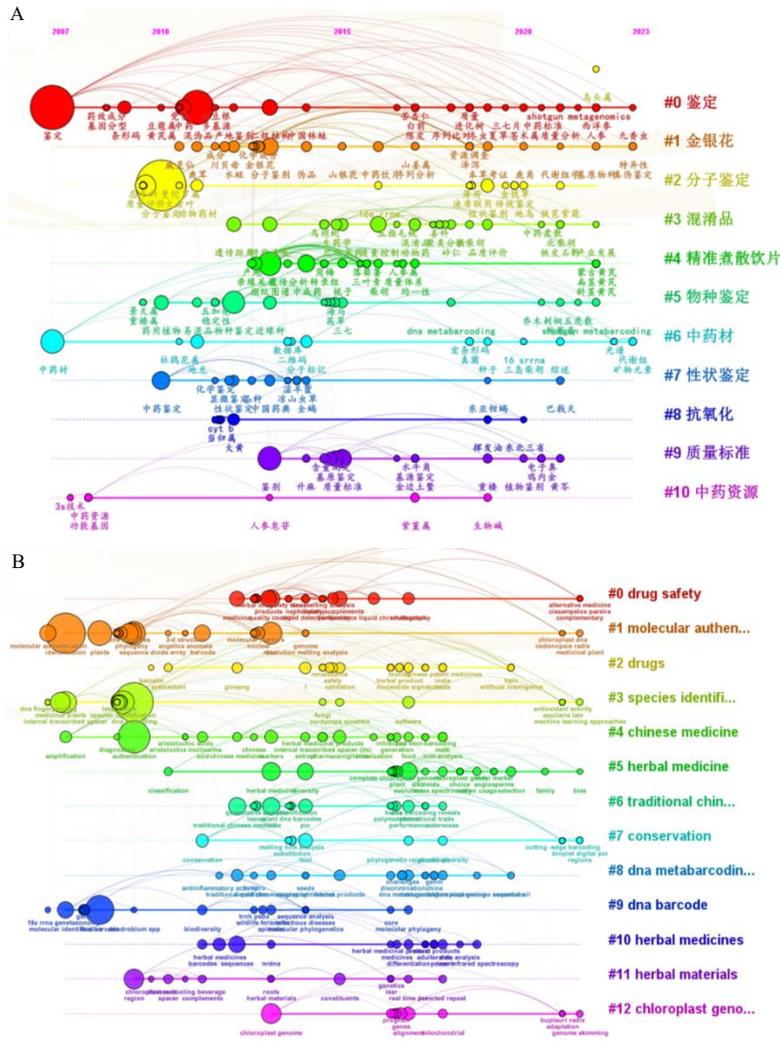


图 6 中药 DNA 条形码研究中 (A)、英 (B) 文文献关键词时间线图谱

Fig. 6 Timeline atlas of keywords in Chinese (A) and English (B) literature on CMM DNA barcoding research

的中后期，提示这些关键词代表的基于 DNA 条形码和叶绿体基因组测序的植物源中药物种鉴定和中药种质资源保护可能是研究热点。

2.7 高被引论文分析

对中药 DNA 条形码研究高被引论文进行分析，有助于把握学术动态，揭示学科发展前沿^[38]。中、英文文献高被引文献如表 4、5 所示。

陈士林院士于 2013 年在《中国中药杂志》发表的题为“中药材 DNA 条形码分子鉴定指导原则”是中文文献中被引频次最高的文献，该论文介绍了中药材 DNA 条形码分子鉴定指导原则及其起草说明，并对该原则在中药材鉴定方面的应用前景进行展望，为中药材准确、可靠鉴定及临床用药安全提供新的技术手段^[20]。被引频次排名第 2 的中文文献是陈士林院士于 2007 年在《世界科学技术—中医

药现代化》杂志发表的题为“基于 DNA barcoding (条形码) 技术的中药材鉴定”，是中药 DNA 条形码研究的开创论文，该文献介绍了 DNA 条形码的产生、发展和研究现状，探讨其在中药材鉴定中应用的技术方法、技术路线、关键问题以及应用范围，为 DNA 条形码在中药材鉴定中的应用奠定了坚实基础^[19]。

Techen Natascha 于 2014 年在 *Current Opinion in Biotechnology* 发表的题为“DNA barcoding of medicinal plant material for identification”是英文文献中被引频次最高的文献。在这篇综述中，作者讨论了选择用于提供条形码的基因组区域和分子方法、可用的数据库以及使用高通量测序的潜在未来^[39]。Sucher Nikolaus J. 于 2008 年在 *Planta Medica* 发表的题为“Genome-based approaches to

表4 中文高被引文献分析

Table 4 Analysis of Chinese literature with high citation frequency

序号	标题	第一作者 (年份)	期刊	被引频次	影响因子
1	中药材 DNA 条形码分子鉴定指导原则	陈士林 (2013)	中国中药杂志	540	4.951
2	基于 DNA barcoding (条形码) 技术的中药材鉴定	陈士林 (2007)	世界科学技术—中医药现代化	359	2.378
3	中药鉴定学新技术新方法研究进展	陈士林 (2012)	中国中药杂志	317	4.951
4	中药 DNA 条形码鉴定体系及研究方向	陈士林 (2011)	世界科学技术—中医药现代化	311	2.378
5	重楼属药用植物 DNA 条形码鉴定研究	朱英杰 (2010)	药学学报	234	2.368

表5 英文高被引文献分析

Table 5 Analysis of English literature with high citation frequency

序号	标题	第一作者 (年份)	期刊	被引频次	影响因子
1	DNA barcoding of medicinal plant material for identification	Techen Natascha (2014)	<i>Current Opinion in Biotechnology</i>	202	7.1
2	A renaissance in herbal medicine identification: From morphology to DNA	Chen Shilin (2014)	<i>Biotechnology Advances</i>	184	12.1
3	Genome-based approaches to the authentication of medicinal plants	Sucher Nikolaus J. (2008)	<i>Planta Medica</i>	142	2.1
4	An authenticity survey of herbal medicines from markets in China using DNA barcoding	Han Jianping (2016)	<i>Scientific Reports</i>	118	3.8
5	Authentication of the family Polygonaceae in Chinese pharmacopoeia by DNA barcoding technique	Song Jingyuan (2009)	<i>Journal of Ethnopharmacology</i>	116	4.8

the authentication of medicinal plants” 不仅是被引频次排名第3高的文献，更是该领域在英文首次发表的论文，该文介绍了分子生物学技术在基因组鉴定中的应用、植物基因组认证的分子基础以及基于DNA的药用植物认证应用前景，有力推动了药用植物分子“条形码”的生成^[40]。

此外，在中文文献中被引频次最高的前4篇文献及英文被引频次第2的文献的第1作者均为陈士林院士，提示其团队提出的本草基因组学为利用基因组学解决药用植物面临的品种混乱、退化、品质、道地性等科学问题提供了理论和方法，并取得了显著的成就，其研究在学术界具有重要影响力。

3 讨论

自2003年加拿大Paul Hebert教授提出DNA条形码概念以来，DNA条形码技术已经引起了国际科学界、政府机构和公众的广泛关注^[41]。生物技术和植物分类学领域的平行发展使物种的探索和快速鉴定重新受到重视。如今，植物源传统药物的使用正在增加，产品需求和效用预计将占世界人口的80%^[42]。DNA条形码技术的发展已有效地用于药用

植物和中药产品的鉴定，保证了消费者的安全^[43]。根据国际生物条形码联盟（Consortium for the Barcode of Life, CBOL）植物工作组和2010—2020年关于DNA条形码的出版物数量，ITS和ITS2、*rbcL*、*matK*、*trnL-trnF*、*psbA-trnH*、*ycf1*和*rpoC1*是目前最受关注的7大植物单位点条形码^[44]，这些条形码对植物物种的鉴别具有较高的准确性。此外，以*matK+rbcL*及ITS2+*psbA-trnH*组合为代表的多位点条形码逐渐成为满足普适性、序列质量、可鉴别性和成本适宜的一种最佳解决方案^[45]。

DNA条形码由于其操作简单、识别成功率高、可重复性好等优点，应用越来越广泛。DNA条形码及其衍生技术与其他技术的结合已成为中药材、中成药鉴定的新趋势，极大地促进了中药种质资源保护及中成药成分的分析。由于高通量测序、等温扩增等技术与DNA条形码的结合，开启了后DNA条形码时代。出现了以叶绿体*trnL(UAA)*内含子为代表的迷你条形码、叶绿体全基因组为代表的超级条形码及能够同时识别复杂样品或加工混合物中每一个物种的元(宏)条形码等DNA条形码衍生技术^[46-48]，

拓宽了 DNA 条形码的应用范围,有助于提高中药材质量控制、可追溯性和安全性,为中药产业的可持续发展提供了科学支持。

本研究通过 CiteSpace 和 VOSviewer 对文献的可视化功能,挖掘中药 DNA 条形码相关研究热点并探寻未来发展方向,为广大研究者提供参考,以期促进学科的发展和知识的积累,推动中药 DNA 条形码研究的深入和拓展。目前,中药 DNA 条形码相关研究仍处于高水平研究阶段,预计未来几年该领域研究在国内外将继续保持较高关注度。中、英文文献均形成以陈士林院士、姚辉、宋经元、孙伟等为核心的核心团队。中国中医科学院中药研究所、中国医学科学院北京协和医学院分别为中英文文献发文量最多的机构。关键词共现分析显示中药种质资源鉴定及遗传多样性分析、高效通用的植物条形码的开发、中药材混伪品的鉴定以及结合液质联用技术的质量控制研究在此领域获得了较高的关注度。高被引论文提示陈士林团队在此领域取得了显著成就并具有重要影响力,其团队提出的本草基因组学为利用基因组学解决药用植物面临的品种混乱、退化、品质、道地性等科学问题提供了理论和方法。关键词突现分析显示,中成药、叶绿体基因组、质量控制、DNA 条形码为近年连续性最高的突现词,提示基于 DNA 条形码的中药质量控制、中成药生物组分鉴定及药用植物叶绿体基因组测序可能是近年研究热点。关键词聚类及时间线图分析同样提示基于 DNA 条形码和叶绿体基因组测序的植物源中药物种鉴定与种质资源保护是未来研究趋势。

4 结论

本研究采用文献计量学方法深入分析中药 DNA 条形码相关研究,结果提示广大科研工作者未来应致力于以下几方面:(1)开发高效通用的植物条形码;(2)推动基于 DNA 条形码的中药种质资源鉴定及遗传多样性分析;(3)推动药用植物全基因组和细胞器基因组测序,为分子标记选择和系统发育分析提供坚实的基础;(4)将 DNA 条形码与理化分析方法结合,开发中药材质量综合评价体系;(5)进一步将 DNA 条形码技术引入中药全产业链,建立中药全产业链追溯体系,实现全程监管和可追溯。以期推动中药 DNA 条形码研究的深入和拓展以及推动 DNA 条形码在中药质量控制、种质资源鉴定、遗传多样性、中药产业健康发展和中医药现代化等方面发挥更重要的作用。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] Zou Q F, Chen Y T, Qin H X, *et al.* The role and mechanism of TCM in the prevention and treatment of infectious diseases [J]. *Front Microbiol*, 2023, 14: 1286364.
- [2] Jin Q, Liu T T, Ma F, *et al.* Therapeutic application of traditional Chinese medicine in kidney disease: Sirtuins as potential targets [J]. *Biomed Pharmacother*, 2023, 167: 115499.
- [3] Han J P, Pang X H, Liao B S, *et al.* An authenticity survey of herbal medicines from markets in China using DNA barcoding [J]. *Sci Rep*, 2016, 6: 18723.
- [4] Qiu Z Y, Zhao X R, Liu M Q, *et al.* Identification of the origin, authenticity and quality of *Panax japonicus* based on a multistrategy platform [J]. *Comb Chem High Throughput Screen*, 2023, 26(7): 1375-1384.
- [5] Li X X, Wang L, Liu Y L, *et al.* Comprehensive identification of *Vitex trifolia* fruit and its five adulterants by comparison of micromorphological, microscopic characteristics, and chemical profiles [J]. *Microsc Res Tech*, 2020, 83(12): 1530-1543.
- [6] Wang Y J, Yao X J, Liu R, *et al.* DDQR (dynamic DNA QR coding): An efficient algorithm to represent DNA barcode sequences [J]. *PLoS One*, 2023, 18(1): e0279994.
- [7] Chen S L, Yin X M, Han J P, *et al.* DNA barcoding in herbal medicine: Retrospective and prospective [J]. *J Pharm Anal*, 2023, 13(5): 431-441.
- [8] Antil S, Abraham J S, Sripoorna S, *et al.* DNA barcoding, an effective tool for species identification: A review [J]. *Mol Biol Rep*, 2023, 50(1): 761-775.
- [9] Tnah L H, Lee S L, Lee C T, *et al.* DNA barcode identification of cultivated and wild tropical fruit species [J]. *3 Biotech*, 2024, 14(1): 7.
- [10] Hebert P D N, Cywinska A, Ball S L, *et al.* Biological identifications through DNA barcodes [J]. *Proc Biol Sci*, 2003, 270(1512): 313-321.
- [11] 王杰, 贺文闯, 向坤莉, 等. 基因组时代的植物系统发育研究进展 [J]. *浙江农林大学学报*, 2023, 40(1): 227-236.
- [12] Guo L T, Pyle A M. RT-based Sanger sequencing of RNAs containing complex RNA repetitive elements [J]. *Methods Enzymol*, 2023, 691: 17-27.
- [13] Zeng L, Ma G, Chen K, *et al.* Bibliometric analysis of rheumatic immune related adverse events associated with immune checkpoint inhibitors [J]. *Front Immunol*, 2023, 14: 1242336.
- [14] 刘晓轩, 张驰, 黄思琪, 等. 黄精多糖类物质研究现状

- 及发展动态的文献计量学分析 [J]. 中草药, 2023, 54(21): 7130-7141.
- [15] Chen X C, Liao B S, Song J Y, *et al.* A fast SNP identification and analysis of intraspecific variation in the medicinal *Panax* species based on DNA barcoding [J]. *Gene*, 2013, 530(1): 39-43.
- [16] Liao B S, Hu H Y, Xiao S M, *et al.* Global Pharmacopoeia Genome Database is an integrated and mineable genomic database for traditional medicines derived from eight international pharmacopoeias [J]. *Sci China Life Sci*, 2022, 65(4): 809-817.
- [17] Chen S L, Li Z, Zhang S Y, *et al.* Emerging biotechnology applications in natural product and synthetic pharmaceutical analyses [J]. *Acta Pharm Sin B*, 2022, 12(11): 4075-4097.
- [18] Zheng S H, Liu D W, Ren W G, *et al.* Integrated analysis for identifying radix astragali and its adulterants based on DNA barcoding [J]. *Evid Based Complement Alternat Med*, 2014, 2014: 843923.
- [19] 陈士林, 姚辉, 宋经元, 等. 基于 DNA barcoding (条形码) 技术的中药材鉴定 [J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2007, 9(3): 7-12.
- [20] 陈士林, 姚辉, 韩建萍, 等. 中药材 DNA 条形码分子鉴定指导原则 [J]. 中国中药杂志, 2013, 38(2): 141-148.
- [21] 孙稚颖, 陈士林, 姚辉, 等. 基于 ITS2 序列的羌活及其混伪品的 DNA 条形码鉴定 [J]. 中草药, 2012, 43(3): 568-571.
- [22] 张辉, 姚辉, 崔丽娜, 等. 基于 COI 条形码序列的《中国药典》动物药材鉴定研究 [J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2013, 15(3): 371-380.
- [23] 贾静, 张红印, 陈俊, 等. 名贵动物药材穿山甲的 DNA 条形码分子鉴定研究 [J]. 中国中药杂志, 2014, 39(12): 2212-2215.
- [24] 石林春, 姚辉, 谢丽芳, 等. 中国动物药材 DNA 条形码数据库 [J]. 中国中药杂志, 2014, 39(12): 2155-2159.
- [25] Xu H Y, Li P, Ren G X, *et al.* Authentication of three source spices of *Arnebiae Radix* using DNA barcoding and HPLC [J]. *Front Pharmacol*, 2021, 12: 677014.
- [26] Li P, Huang Y, Zhu H Y, *et al.* Authentication, chemical profiles analysis, and quality evaluation of corn silk via DNA barcoding and UPLC-LTQ/Orbitrap MS chemical profiling [J]. *Food Res Int*, 2023, 167: 112667.
- [27] 顾选, 张晓芹, 宋晓娜, 等. 基于 DNA 条形码-产地-形态联用的药材溯源新方法研究: 以黑果枸杞 1 种伪品为例 [J]. 中国中药杂志, 2014, 39(24): 4759-4762.
- [28] Li J J, Xiong C, He X, *et al.* Using SSR-HRM to identify closely related species in herbal medicine products: A case study on licorice [J]. *Front Pharmacol*, 2018, 9: 407.
- [29] Duan B Z, Wang Y P, Fang H L, *et al.* Authenticity analyses of *Rhizoma Paridis* using barcoding coupled with high resolution melting (Bar-HRM) analysis to control its quality for medicinal plant product [J]. *Chin Med*, 2018, 13: 8.
- [30] Lou S K, Wong K L, Li M, *et al.* An integrated web medicinal materials DNA database: MMDBD (Medicinal Materials DNA Barcode Database) [J]. *BMC Genomics*, 2010, 11: 402.
- [31] Wong T H, But G W C, Wu H Y, *et al.* Medicinal Materials DNA Barcode Database (MMDBD) version 1.5-one-stop solution for storage, BLAST, alignment and primer design [J]. *Database*, 2018, 2018: bay112.
- [32] Ngai H L, Yang X, Chu A J, *et al.* Multi-methodological approach for the Quality assessment of *Senecionis Scandentis Herba* (Qianliguang) in the herbal market [J]. *PLoS One*, 2022, 17(4): e0267143.
- [33] Wu H Y, Shaw P C. Strategies for molecular authentication of herbal products: From experimental design to data analysis [J]. *Chin Med*, 2022, 17(1): 38.
- [34] Liu Z, Zhou C H, Guo H B, *et al.* Knowledge mapping of global status and trends for thromboangiitis obliterans: A bibliometrics and visual analysis [J]. *J Pain Res*, 2023, 16: 4071-4087.
- [35] Márquez A, Ortiz I, Sánchez-Hervás J M, *et al.* Global trends of pyrolysis research: A bibliometric analysis [J]. *Environ Sci Pollut Res Int*, 2024, 31(1): 931-947.
- [36] 和映玉, 邓清月, 李仙仙, 等. 基于 VOSviewer 和 CiteSpace 的菟丝子知识图谱可视化分析 [J]. 中草药, 2023, 54(15): 4958-4972.
- [37] Wang J, Yu Q S, Liu N N, *et al.* Trends in research on dietary behavior and cardiovascular disease from 2002 to 2022: A bibliometric analysis [J]. *Front Nutr*, 2023, 10: 1147994.
- [38] Kuang X Y, Zhong Z H, Liang W, *et al.* Bibliometric analysis of 100 top cited articles of heart failure-associated diseases in combination with machine learning [J]. *Front Cardiovasc Med*, 2023, 10: 1158509.
- [39] Techen N, Parveen I, Pan Z Q, *et al.* DNA barcoding of medicinal plant material for identification [J]. *Curr Opin Biotechnol*, 2014, 25: 103-110.
- [40] Sucher N J, Carles M C. Genome-based approaches to the authentication of medicinal plants [J]. *Planta Med*, 2008, 74(6): 603-623.
- [41] Sa W, Qiao J X, Gao Q Y, *et al.* DNA barcoding and species classification of *Morchella* [J]. *Genes*, 2022, 13(10): 1806.
- [42] Mahima K, Sunil Kumar K N, Rakesh K V, *et al.*

- Advancements and future prospective of DNA barcodes in the herbal drug industry [J]. *Front Pharmacol*, 2022, 13: 947512.
- [43] Urumarudappa S K, Gogna N, Newmaster S G, *et al.* DNA barcoding and NMR spectroscopy-based assessment of species adulteration in the raw herbal trade of *Saraca asoca* (Roxb.) Willd, an important medicinal plant [J]. *Int J Legal Med*, 2016, 130(6): 1457-1470.
- [44] Zhu S, Liu Q, Qiu S, *et al.* DNA barcoding: an efficient technology to authenticate plant species of traditional Chinese medicine and recent advances [J]. *Chin Med*, 2022, 17(1): 112.
- [45] Mallo D, Posada D. Multilocus inference of species trees and DNA barcoding [J]. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 2016, 371(1702): 20150335.
- [46] Mück F, Scotti F, Mauvisseau Q, *et al.* Complementary authentication of Chinese herbal products to treat endometriosis using DNA metabarcoding and HPTLC shows a high level of variability [J]. *Front Pharmacol*, 2023, 14: 1305410.
- [47] Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, *et al.* Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding [J]. *Mol Ecol*, 2012, 21(8): 2045-2050.
- [48] Li X, Yang Y, Henry R J, *et al.* Plant DNA barcoding: from gene to genome [J]. *Biol Rev Cambrid Philosop Soc*, 2015, 90(1): 157-166.

[责任编辑 潘明佳]