

2022 年诺贝尔生理学或医学奖相关论文分析

2022 年诺贝尔生理学或医学奖被授予瑞典科学家斯万特·佩博（Svante Pääbo），以表彰他在已灭绝古人类基因组和人类进化研究方面做出的贡献。以下对其相关主题学术论文和相关施引文献进行分析。

一、 获奖者的发文分析

斯万特·佩博的 SCIE/SSCI 论文共计 313 篇（Article/Review），其中，相关主题论文 139 篇，发文的年度分布如图 1 所示。

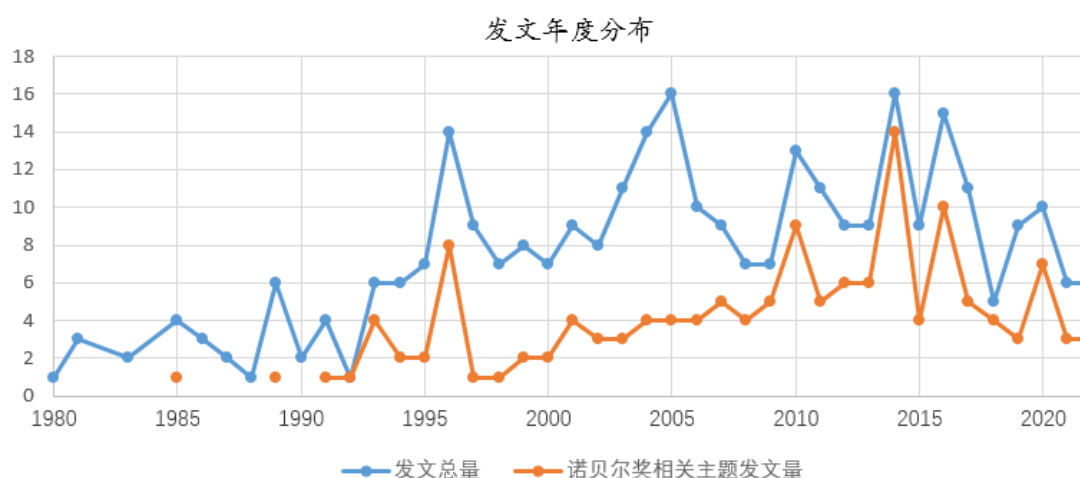


图 1 SCIE/SSCI 论文的年度分布

这 139 篇论文涉及分子生物学和遗传学、生物和生物化学等学科领域，论文分布于 37 种期刊，其中，49 篇发表在 Cell、Nature 和 Science 期刊上，占 139 的 36.25%。

获奖者的相关主题学术论文详见武汉大学图书馆医学学科服务平台：
<https://libguides.lib.whu.edu.cn/c.php?g=665808&p=4682170>

获奖者的 313 篇 SCIE/SSCI 论文中，由于数据库数据不全，有 4 篇早期论文不在分析之列；表 1 是其余 309 篇论文所涉及的 13 个 ESI 学科领域及各组论文的学科影响力表现；不难看出，获奖者在分子生物学与遗传学领域贡献突出，论文数占全部论文的 64.2%，篇均被引高达 228.77 次。

表 1 SCIE/SSCI 论文归属学科及影响力表现

ESI 学科	论文数	被引频次	篇均被引	学科规范化的引文影响力	排名前 1% 的论文	平均百分位
Molecular Biology & Genetics	201	45983	228.77	4.23	23	80.70

Biology & Biochemistry	56	7908	141.21	3.14	5	73.87
Social Sciences, general	10	1225	122.5	5.22	2	77.80
Neuroscience & Behavior	12	1224	102	2.94	1	83.49
Multidisciplinary	5	1053	210.6	7.40	0	95.87
Environment/Ecology	6	615	102.5	2.28	0	81.07
Plant & Animal Science	2	515	257.5	9.35	1	99.18
Clinical Medicine	10	306	30.6	0.89	0	55.37
Immunology	2	146	73	1.51	0	63.75
Computer Science	1	134	134	4.63	0	96.76
Geosciences	2	94	47	3.01	0	94.46
Microbiology	1	26	26	7.29	0	98.68
Pharmacology & Toxicology	1	0	0	0	0	0.0031

139 篇诺贝尔奖相关主题论文涉及 9 个 ESI 学科，其中分子生物学与遗传学领域论文 96 篇，占 139 的 69%，篇均被引高达 273.57 次，各组论文表现见表 2。

表 2 诺贝尔奖相关主题论文归属学科及影响力表现

ESI 学科	论文数	被引频次	篇均被引	学科规范化的引文影响力	排名前 1% 的论文	平均百分位
Molecular Biology & Genetics	96	26263	273.57	5.50	15	86.22
Biology & Biochemistry	20	4412	220.6	4.91	4	84.20
Social Sciences, general	8	1176	147	6.12	2	79.42
Multidisciplinary	5	1053	210.6	7.40	0	95.87
Neuroscience & Behavior	5	498	99.6	2.45	0	84.84
Plant & Animal Science	1	171	171	6.49	0	98.70
Geosciences	2	94	47	3.01	0	94.46
Clinical Medicine	1	26	26	0.74	0	65.02
Environment/Ecology	1	2	2	0.51	0	42.38

通过对 139 篇相关主题文献的全部关键词进行词频统计、得到高频关键词词云，主要高频词有：Sequence(44)、Ancient DNA(41)、Evolution(32)、Genome Sequence(29)、Neanderthal(26)、Human-Evolution(21)等，如图 2 所示。

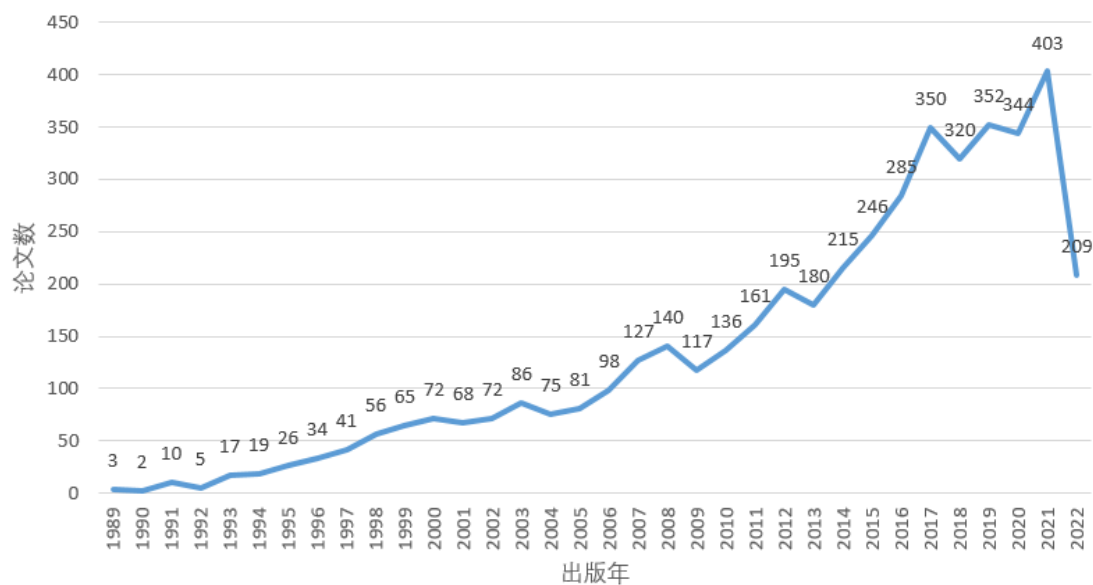


图3 相关施引文献年度分布

2. 发文期刊分布

4610 篇相关施引文献分布在 834 种期刊，发文较多的 20 种期刊刊登相关论文 1935 篇、占全部相关主题论文的 42%。TOP20 期刊见图 4。

3. 发文机构分布

4610 篇论文涉及全球 156 个国家/地区，其中，中国作者参与的相关施引文献共计 310 篇，论文数 ≥ 5 篇的中国机构如图 5 所示。

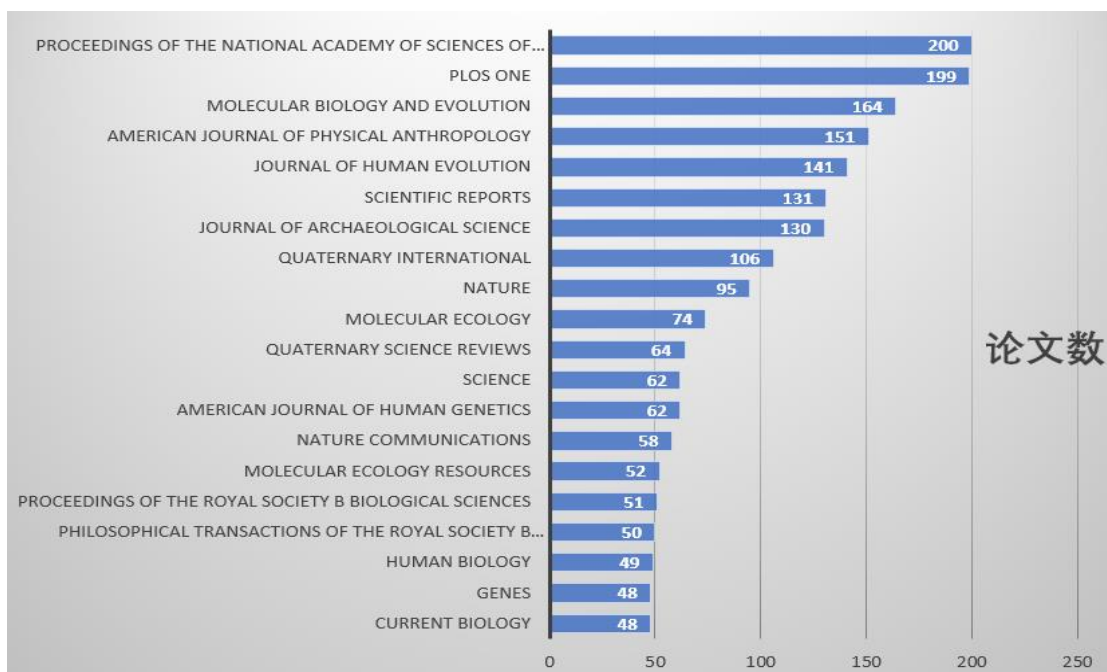


图4 相关施引文献期刊分布 (TOP 20)

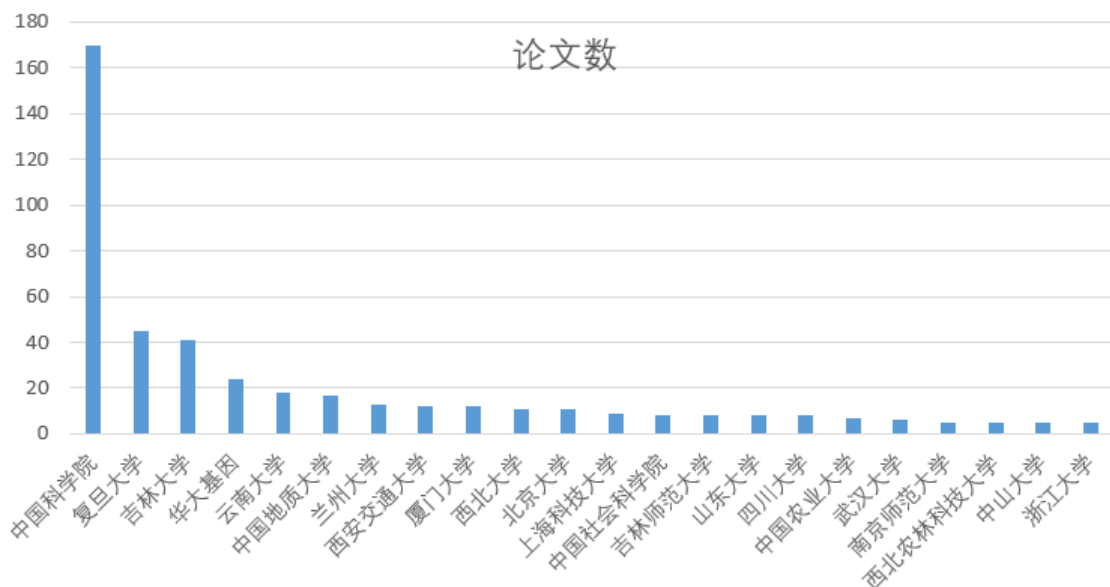


图5 相关施引文献中论文数≥5 篇的中国机构

4. 引文主题领域分布

基于 Citation Topics 的宏观领域，4610 篇相关主题论文涉及 9 个领域，主要集中在 Clinical & Life Sciences（2877 篇，占 62.40%）、Earth Sciences(1032 篇，占 22.39%)和 Agriculture, Environment & Ecology(560 篇，占 12.15%)三个领域。

中国作者参与的 310 篇论文涉及 5 个领域：主要集中在 Clinical & Life Sciences（227 篇，占 89.35%）、Earth Sciences（58 篇，占 18.70%）和 Agriculture, Environment & Ecology（16 篇，占 5.16%）三个领域。

基于 Citation Topics 的中观领域，4610 篇相关主题研究论文涉及 122 个中观领域，主要集中在 Genome Studies（2433 篇，占 52.78%）、Archaeology（1008 篇，占 21.87%）和 Phylogenetics & Genomics（310 篇，占 6.72%）等领域。

中国作者参与的 310 篇论文涉及 27 个中观领域，主要集中在 Genome Studies（203 篇，占 65.48%）、Archaeology(56 篇，占 18.06%)和 Phylogenetics & Genomics（8 篇，占 2.58%）等领域。

基于Citation Topics的微观领域，4610 篇相关研究论文涉及 257 个微观领域，主要集中在 Population Genetics（2414 篇，占 52.36%）、Holocene（485 篇，占 10.52%）和 Mammalia（332 篇，占 7.20%）等领域。

中国作者参与的 310 篇涉及 37 个微观领域，主要集中在 Population Genetics（202 篇，占 65.16%）、Holocene(28 篇，占 9.03%)和 Mammalia(24 篇，占 7.74%)等领域。

上述数据表明，中国参与的相关论文与全球的相关论文从引文主题角度来看基本一致。

5. 相关施引文献的高被引论文学科分布

相关施引文献中,近十年有高被引论文 69 篇,其中中国作者参与的有 17 篇,表 3 是高被引论文中全球和中国作者参与的论文涉及的 ESI 学科及各组论文影响力表现比较。

表3 高被引论文归属学科及影响力表现

ESI 学科 [↗]	论文数 [↗] 全球/中国 [↗]	被引频次 [↗] 全球/中国 [↗]	篇均被引 [↗] 全球/中国 [↗]	学科规范化的 引文影响力 [↗] 全球/中国 [↗]	中科院 1 区期 刊中的论文 [↗] 全球/中国 [↗]
Molecular Biology & Genetics [↗]	23/13 [↗]	9773/7024 [↗]	424.91/540.31 [↗]	15.70/17.38 [↗]	23/13 [↗]
Environment/Ecology [↗]	8/0 [↗]	3246/0 [↗]	405.75/0 [↗]	11.25/0 [↗]	3/0 [↗]
Social Sciences, general [↗]	17/2 [↗]	2822/544 [↗]	166/272 [↗]	11.15/14.89 [↗]	15/2 [↗]
Biology & Biochemistry [↗]	7/1 [↗]	2327/333 [↗]	332.43/333 [↗]	11.92/10.1 [↗]	5/1 [↗]
Geosciences [↗]	5/0 [↗]	1055/0 [↗]	211/0 [↗]	12.95/0 [↗]	4/0 [↗]
Plant & Animal Science [↗]	6/1 [↗]	799/296 [↗]	133.17/296 [↗]	8.63/14.32 [↗]	4/0 [↗]
Neuroscience & Behavior [↗]	1/0 [↗]	692/0 [↗]	692/0 [↗]	22.42/0 [↗]	1/0 [↗]
Immunology [↗]	1/0 [↗]	315/0 [↗]	315/0 [↗]	9.23/0 [↗]	1/0 [↗]
Psychiatry/Psychology [↗]	1/0 [↗]	187/0 [↗]	187/0 [↗]	4.53/0 [↗]	0/0 [↗]

6. 相关施引文献高频关键词

通过对 4610 篇相关主题施引文献关键词进行词频统计、得到高频关键词词云, 主要高频词有: Ancient DNA(2032)、Sequence(977)、Neanderthal(864)、Evolution(733)、DNA-Sequences(621)、Human-Evolution(519)等, 如图 6 所示。对比获奖者相关文献词频分析, 可发现二者的前 6 位高频词中有 5 个词是相同的; 唯一不同的词是施引文献中的 DNA-Sequences 和获奖者文献中的 Genome Sequence。

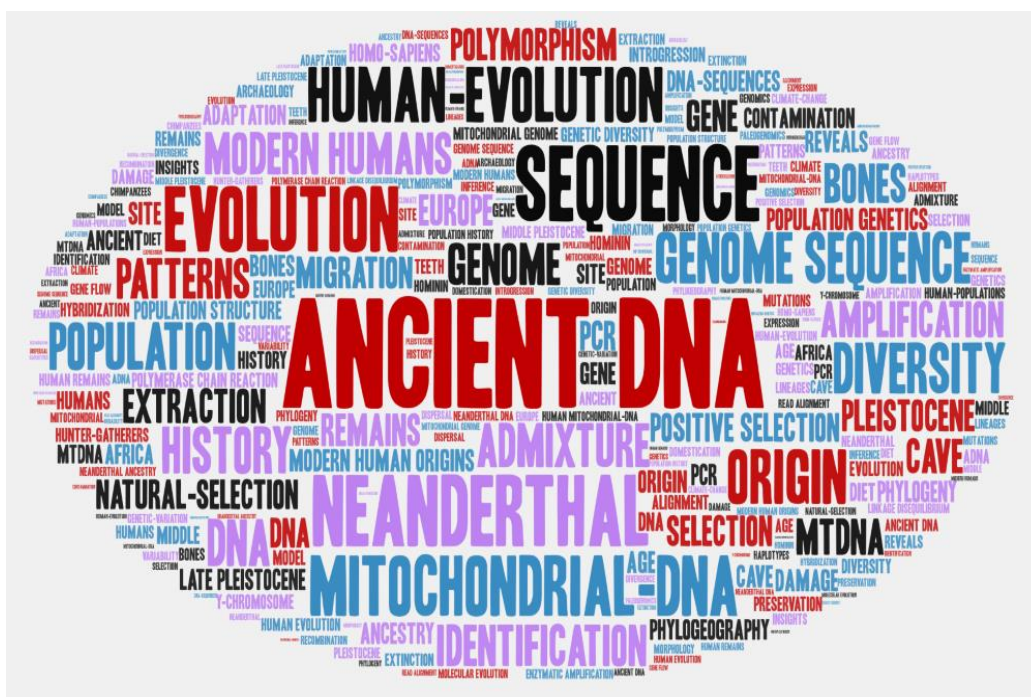


图 6 相关主题施引文献高频关键词词云

三、 相关主题高影响力论文

斯万特·佩博的 139 篇相关主题论文中，影响力高的文献较多，最高的被引次数达到 2265 次，发表于 2010 年；近十年高被引论文 12 篇，3 篇 *Nature* 发文的第一作者是中国科学院古脊椎动物与古人类研究所的付巧妹，见[3] [4] [5]；有 9 篇论文有中国作者参与研究；基于 ESI 高被引仅显示近十年的论文，以下列举 20 篇高影响力论文供参考。

[1] Zeberg H, Paabo S. The major genetic risk factor for severe COVID-19 is inherited from Neanderthals[J]. *Nature*, 2020, 587(7835): 610.

[2] Mallick S, Li H, Lipson M, et al. The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations[J]. *Nature*, 2016, 538(7624): 201.

[3] Fu Q M, Posth C, Hajdinjak M, et al. The genetic history of Ice Age Europe[J]. *Nature*, 2016, 534(7606): 200.

[4] Fu Q, Hajdinjak M, Moldovan O T, et al. An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor[J]. *Nature*, 2015, 524(7564): 216.

[5] Fu Q M, Li H, Moorjani P, et al. Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia[J]. *Nature*, 2014, 514(7523): 445.

[6] Lazaridis I, Patterson N, Mittnik A, et al. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans[J]. *Nature*, 2014, 513(7518): 409.

[7] Sankararaman S, Mallick S, Dannemann M, et al. The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans[J]. *Nature*, 2014, 507(7492): 354.

[8] Meyer M, Fu Q M, Aximu-Petri A, et al. A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos[J]. *Nature*, 2014, 505(7483): 403.

[9] Prufer K, Racimo F, Patterson N, et al. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains[J]. *Nature*, 2014, 505(7481): 43.

[10] Dabney J, Knapp M, Glocke I, et al. Complete mitochondrial genome sequence of a Middle Pleistocene cave bear reconstructed from ultrashort DNA fragments[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, 110(39): 15758-15763.

[11] Fu Q M, Mittnik A, Johnson P, et al. A Revised Timescale for Human Evolution Based on Ancient Mitochondrial Genomes[J]. *Current Biology*, 2013, 23(7): 553-559.

[12] Meyer M, Kircher M, Gansauge M T, et al. A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual[J]. *Science*, 2012, 338(6104): 222-226.

- [13] Reich D, Green R E, Kircher M, et al. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia[J]. *Nature*, 2010, 468(7327): 1053-1060.
- [14] Green R E, Krause J, Briggs A W, et al. A Draft Sequence of the Neandertal Genome[J]. *Science*, 2010, 328(5979): 710-722.
- [15] Mikkelsen T S, Hillier L W, Eichler E E, et al. Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome[J]. *Nature*, 2005, 437(7055): 69-87.
- [16] Paabo S, Poinar H, Serre D, et al. Genetic analyses from ancient DNA[J]. *Annual Review of Genetics*, 2004, 38: 645-679.
- [17] Enard W, Przeworski M, Fisher S E, et al. Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language[J]. *Nature*, 2002, 418(6900): 869-872.
- [18] Ingman M, Kaessmann H, Paabo S, et al. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans[J]. *Nature*, 2000, 408(6813): 708-713.
- [19] Krings M, Stone A, Schmitz R W, et al. Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans[J]. *Cell*, 1997, 90(1): 19-30.
- [20] Paabo S. Ancient DNA - extraction, characterization, molecular-cloning, and enzymatic amplification[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1989, 86(6): 1939-1943.

四、高影响力施引文献

在 2020 年以来的相关施引文献中，ESI 高被引论文 13 篇，论文信息如下：

- [1] Prevost M, Groman-Yaroslavski I, Gershtein K, et al. Early evidence for symbolic behavior in the Levantine Middle Paleolithic: A 120 ka old engraved aurochs bone shaft from the open-air site of Nesher Ramla, Israel[J]. *Quaternary International*, 2022, 624: 80-93.
- [2] Doan K, Niedzialkowska M, Stefaniak K, et al. Phylogenetics and phylogeography of red deer mtDNA lineages during the last 50 000 years in Eurasia[J]. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2022, 194(2): 431-456.
- [3] Slimak L, Zanolli C, Higham T, et al. Modern human incursion into Neanderthal territories 54,000 years ago at Mandrin, France[J]. *Science Advances*, 2022, 8(6).
- [4] Huffman J E, Butler-Laporte G, Khan A, et al. Multi-ancestry fine mapping implicates OAS1 splicing in risk of severe COVID-19[J]. *Nature Genetics*, 2022, 54(2): 125.
- [5] HersHKovitz I, May H, Sarig R, et al. A Middle Pleistocene Homo from Nesher Ramla, Israel[J]. *Science*, 2021, 372(6549): 1424.

- [6] Wibowo M C, Yang Z, Borry M, et al. Reconstruction of ancient microbial genomes from the human gut[J]. *Nature*, 2021, 594(7862): 234.
- [7] Zhou S R, Butler-Laporte G, Nakanishi T, et al. A Neanderthal OAS1 isoform protects individuals of European ancestry against COVID-19 susceptibility and severity[J]. *Nature Medicine*, 2021, 27(4).
- [8] Wang C C, Yeh H Y, Popov A N, et al. Genomic insights into the formation of human populations in East Asia[J]. *Nature*, 2021, 591(7850): 413.
- [9] van der Valk T, Pecnerova P, Diez-Del-Molino D, et al. Million-year-old DNA sheds light on the genomic history of mammoths[J]. *Nature*, 2021, 591(7849): 265.
- [10] Bergstrom A, Stringer C, Hajdinjak M, et al. Origins of modern human ancestry[J]. *Nature*, 2021, 590(7845): 229-237.
- [11] Zeberg H, Paabo S. The major genetic risk factor for severe COVID-19 is inherited from Neanderthals[J]. *Nature*, 2020, 587(7835): 610.
- [12] Welker F, Ramos-Madrigal J, Gutenbrunner P, et al. The dental proteome of Homo antecessor[J]. *Nature*, 2020, 580(7802): 235.
- [13] Bergstrom A, McCarthy S A, Hui R Y, et al. Insights into human genetic variation and population history from 929 diverse genomes[J]. *Science*, 2020, 367(6484): 1339.

（编辑：张惠荣 审核：黄如花、刘霞、刘颖）