

· 科学论坛 ·

基于 Web of Science 数据库的 miRNA 文献计量分析

杜全生*

(国家自然科学基金委员会办公室,北京 100085)

[摘要] miRNAs 是一类存在于各种真核细胞内具有重要基因调控功能的非编码小分子 RNA,是近年来生命科学与基础医学研究的热点领域。本文以汤森路透公司(Thomson Reuters)的科学引文索引数据库(SCIE)为数据源,利用 Thomson Data Analyzer 软件对 1993—2013 年发表的 miRNAs 相关研究论文进行文献计量分析,初步揭示了该领域的进展状况及发展趋势。

[关键词] miRNA; Web of Science; 文献计量分析

DOI:10.16262/j.cnki.1000-8217.2015.02.007

miRNA 是真核生物细胞内源高度保守的单链小分子 RNA,其编码基因首先转录产生初级产物(pri-miRNA),在细胞核内被 Droscha 酶切割成发夹状前体(pre-miRNA)后转运出核,然后经 Dicer 酶切割成约 21—23nt 的成熟 miRNA^[1-5],再与 AGO 蛋白结合形成 RNA 诱导沉默复合物(RNA-induced silencing complex, RISC),通过完全或不完全配对互补方式,主要与靶 mRNA 的 3'-UTR 区结合,使 mRNA 降解或介导其转译抑制^[6-8],参与了生物发育、细胞分化和凋亡、脂类代谢、病毒感染和癌症发生等重要生命过程的基因表达调控过程^[9-14]。1993 年,在线虫中首次发现了两个 miRNAs 分子,*lin-4* 和 *let-7*^[15-17]。目前,已在生物体内鉴别出 28645 个发夹型 miRNAs 前体分子,35 828 个成熟 miRNAs 分子,分布于 223 个物种之中(miRbase V21, <http://www.mirbase.org/index.shtml>)^[18-21]。

本文通过对 1993 年—2013 年期间的 miRNA 相关研究的科技文献进行计量分析,总结了近年来 miRNA 领域的主要研究内容和进展情况,并对其未来的发展趋势提出了展望。

1 数据来源与整理分析

1.1 数据源与数据库检索

本文以汤森路透公司(Thomson Reuters)Web of Science 平台开发的科学引文索引数据库(Science

Citation Index Expanded, SCIE)为数据源,利用关键词检索 1993—2013 年间发表的全部研究论文,文献类型限定为 Article,共检出文献 18 460 篇,经过甄别,剔除错误检索文献 18 篇,最终分析用文献 18 442 篇。检索式为:TS= microRNA or miRNA or lin-4 or let-7。

1.2 数据整理

机构名称和作者姓名问题。Web of Science Expanded 数据库提供的信息,部分单位英文标注信息重复,比如国家自然科学基金委员会,在 SCIE 数据库的基金资助机构中有 National Natural Science Foundation of China、NSFC、National Science Foundation of China 三种标识。针对这一问题,我们将同一机构的标注统一化、数目进行合并。由于 WoS 数据库中作者标注形式不完全统一,容易产生混淆。我们通过不同方式(如隶属机构、邮件地址、原文比对等)对论文作者信息进行校核,对中国大陆、港澳台等地区作者统一用姓名的汉语拼音全称,对海外作者统一用姓名简称代替。

学科领域分类是按照汤森路透公司提供的分类标准划分的,与我国现行学科体系划分标准不完全一致。按照国际惯例,在合作论文中各作者、机构、国家(地区)对同一篇论文的贡献相等原则进行统计分析。

收稿日期:2014-12-06;修回日期:2015-01-04

* 通信作者: duqs@nsfc.gov.cn

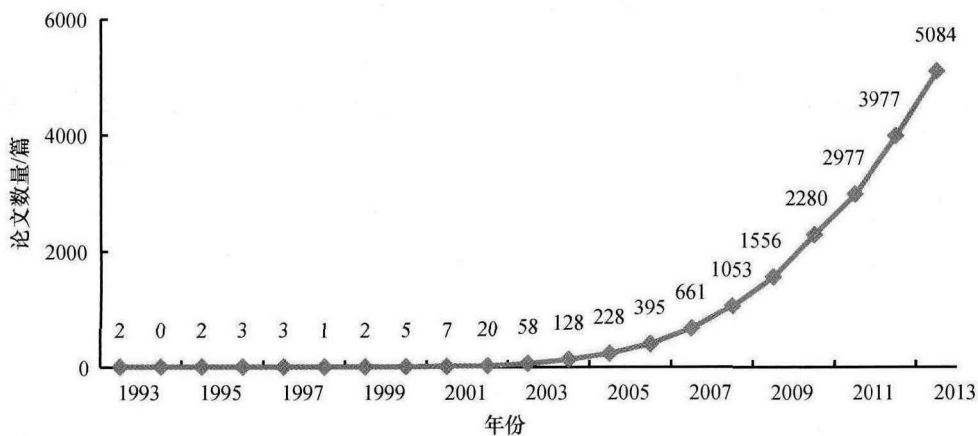


图1 1993—2013年微小RNA研究论文年度变化趋势(数据来源:SCIE数据库)

1.3 分析工具

Thomson Data Analyzer(TDA)是一个功能强大的文本分析挖掘软件,可以对文本数据进行多角度的研究。本文使用TDA对miRNA科技文献的年度变化趋势、研究主题,主要研究人员及隶属国别、机构和资助机构进行深度数据挖掘,为洞察该领域研究热点、发展趋势提供有价值的信息。

2 miRNA 相关研究论文的特征分析

2.1 总论文数量

miRNA 相关研究发表的论文数量在过去二十多年里总体呈现快速增长趋势。其中,1993—2002年期间处于miRNA研究的起步阶段,论文总量较少,增速较慢,年均不超过5篇。在2002—2003年,miRNA相关研究连续两年被*Science*杂志评选为年度十大突破技术之一;2005年6月至7月期间,在*Nature*杂志上先后发表了6篇有关miRNA的研究论文,揭示了miRNA与病毒复制、肿瘤发生、细胞分裂和心脏形成等重要生命过程相关。这些进展促进了miRNA的相关研究的发展。数据显示,2003—2013年之间miRNA领域的科学研究非常活跃,研究论文年均增长率超过56.3%,如图1所示。据不完全统计,截止2014年底发表研究论文6300余篇,已超过2013年全年发文量。

2.2 主要国家

1993—2013年期间,发表miRNA研究论文数量据前十位的国家,如图2所示。其中,美国、中国和德国三个国家的论文量占到七成以上。其中,美国国立卫生研究院资助了miRNA研究论文3161篇是资助量最高的机构,美国国家科学基金会资助了324篇;中国国家自然科学基金委员会资助了2508篇,科技部资助了662篇,教育部资助了266

篇;德国科学基金会资助了401篇,马普学会资助了88篇。

中国的论文数量增长速度最快,于2007年超过德国成为世界第二,但当时的论文数量只占美国的16.8%,2013年在miRNA研究领域中国的论文数量超过美国成为世界第一,说明miRNA相关研究在中国发展最快,这与近年来我国政府持续加大对科研的投入有直接关系,其中作为支持基础研究主渠道的国家自然科学基金经费强度不断提升,有力支持了高校科研院所的科技人员开展miRNA相关领域的研究,因此科技产出也随之提高。

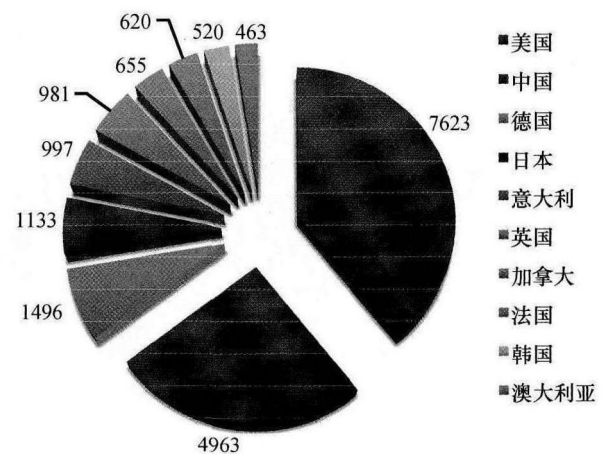


图2 1993—2013年miRNA研究论文数量前十位的国家

2.3 主要研究机构

2.3.1 全世界主要科研机构发文量比较

1993—2013年,SCIE数据库收录的1.8万余篇miRNA研究论文分别来自7572个研究机构,其中论文数量超过百篇的61家,论文数量前10家机构如表1所示。隶属美国的科研机构有5家,显示了它在miRNA研究领域的强大实力,其中哈佛大学以637篇论文高居首位。

表1 1993—2013年 miRNA 论文数量前十位研究机构

排名	机构名称	所属国家/地区	论文数量	所占比例
1	哈佛大学	美国	637	3.45%
2	中国科学院	中国	521	2.82%
3	美国国立卫生研究院	美国	467	2.53%
4	霍华德·休斯医学研究所	美国	464	2.52%
5	俄亥俄州立大学	美国	405	2.20%
6	上海交通大学	中国	344	1.86%
7	德克萨斯大学安德森癌症中心	美国	283	1.53%
8	南京医科大学	中国	283	1.53%
9	德国马普学会	德国	283	1.53%
10	中山大学	中国	281	1.52%

(数据来源: SCIE 数据库)

2.3.2 中国主要科研机构论文数量及获得基金资助情况

miRNA 领域发文量前 10 位的国内科研机构, 如表 2 所示。据统计, 国家自然科学基金共资助 miRNA 相关研究项目总数 2995 项, 总经费约 13 亿元, 其中, 发文量前十位的国内科研机构获资助 975 项, 经费约 4.5 亿元, 占三成以上。资助项目类型以面上、青年和地区基金为主, 所占比例超过 94.5%, 人才类项目相对较少, 如优青基金 2 项、杰青基金 10 项和创新研究群体 1 项。超过九成以上的项目集中在生命与医学领域。

表2 1993—2013年中国主要科研机构发表 miRNA 论文数量及获得基金资助情况

排序	机构名称	获基金资助项目数量 (单位: 项)	经费总量 (单位: 万元)	平均资助强度 (单位: 万元)	发表论文数量 (单位: 篇)
1	中国科学院	107	5 723	53.49	521
2	上海交通大学	126	5 237	41.56	344
3	南京医科大学	120	4 718	39.32	283
4	中山大学	177	8 352.5	47.19	281
5	复旦大学	103	4 960	48.16	251
6	中国医学科学院	92	4 339	47.16	224
7	浙江大学	63	2 599	41.25	220
8	北京大学	35	1 743	49.80	167
9	中南大学	74	3 521	47.58	167
10	哈尔滨医科大学	78	3 553	45.55	165

(数据来源: SCIE 数据库和基金委 ISIS 数据库)

2.4 主要科研人员

miRNA 研究领域论文数量最多的前 10 名作者中, 有 9 名来自美国, 如表 3 所示。这与 miRNA 的研究起源于美国及其强大的基础研究队伍和比较完善的研究支撑平台关系密切。

2.5 高被引论文的情况

高被引论文是根据基本科学指标数据库 (Essential Science Indicators, 简称 ESI), 对库中近十年的全球所有论文数据进行统计, 按 22 学科被引频次高低确定出居世界前 1% 的研究论文, 是普遍用以评价学术机构国际学术水平及影响的重要指标。通过关键词检索 ESI 数据库, 获得近 10 年内高被引论文 669 篇, 以被引频次从高到低排序, 其中被引频次超过 1000 次以上的论文共 18 篇, 如表 4 所示。其中 14 篇研究论文来自美国, 显示了它在 miRNA 研究领域的重要地位。

表3 1993—2013年 miRNA 研究领域的主要科研人员

次序	姓名	发文总量 (单位: 篇)	所属机构及国别
1	Carlo M Croce	182	俄亥俄州立大学, 美国
2	George A Calin	86	德克萨斯大学安德森癌症中心, 美国
3	Stefano Volinia	83	俄亥俄州立大学, 美国 费拉拉大学, 意大利
4	Preethi HGunaratne	66	休斯顿大学, 美国 贝勒医学院, 美国
5	Guido Marcucci	58	俄亥俄州立大学, 美国
6	Chunsheng Kang	51	天津医科大学, 中国
7	Chang-Gong Liu	50	俄亥俄州立大学, 美国 德克萨斯州立大学安德森癌症中心, 美国
8	David P Bartel	49	麻省理工学院, 美国
9	Eric C Lai	45	纪念斯隆-凯特琳研究所, 美国
10	Fazlul HSarkar	41	伟恩州立大学, 美国

(数据来源: SCIE 数据库)

表4 近十年来 miRNA 领域高被引论文统计

被引用次数	论文题目	通讯作者及国别	来源期刊及发表年份	研究领域
3257	Microrna expression profiles classify human cancers	Todd R Golub, 美国	《自然》, 2005	跨学科领域
2153	A microrna expression signature of human solid tumors defines cancer gene targets	Carlo M Croce, 美国	《美国国家科学院院刊》, 2006	跨学科领域
2068	Microrna signatures in human cancers	Carlo M Croce, 美国	《自然癌症综述》, 2006	临床医学
1809	Combinatorial microrna target predictions	Nikolaus Rajewsky, 美国	《自然遗传学》, 2005	分子生物学与遗传学
1621	A microrna polycistron as a potential human oncogene	Gregory J Hannon, 美国	《自然》, 2005	跨学科领域
1605	RAS is regulated by the let-7 microrna family	Frank J Slack, 美国	《细胞》, 2005	分子生物学与遗传学
1581	Human microrna genes are frequently located at fragile sites and genomic regions involved in cancers	Carlo M Croce, 美国	《美国国家科学院院刊》, 2004	分子生物学与遗传学
1576	MIRBASE: tools for microrna genomics	S Griffiths-Jones, 英国	《核酸研究》, 2008	生物与生物化学
1446	MIRBASE: microrna sequences, targets and gene nomenclature	S Griffiths-Jones, 英国	《核酸研究》, 2006	生物与生物化学
1368	MicroRNA gene expression deregulation in human breast cancer	Carlo M Croce, 美国	《癌症研究》, 2005	临床医学
1333	A mammalian microRNA expression atlas based on small RNA library sequencing	Mihaela Zavolan, 瑞士 Thomas Tuschl, 美国	《细胞》, 2007	分子生物学与遗传学
1330	MicroRNA genes are transcribed by RNA polymerase II	VNarry Kim, 韩国	《欧洲分子生物学学会杂志》, 2004	分子生物学与遗传学
1303	MicroRNA targeting specificity in mammals: determinants beyond seed pairing	Lee P Lim, 美国 David P Bartel, 美国	《分子细胞》, 2007	分子生物学与遗传学
1255	UniqUE microRNA molecular profiles in lung cancer diagnosis and prognosis	Curtis C Harris, 美国	《癌细胞》, 2006	分子生物学与遗传学
1132	NF-Kappa B-Dependent induction of microRNA MIR-146, an inhibitor targeted to signaling proteins of innate immune responses	David Baltimore, 美国	《美国国家科学院院刊》, 2006	分子生物学与遗传学
1114	A microRNA signature associated with prognosis and progression in chronic lymphocytic leukemia	Carlo M Croce, 美国	《新英格兰医学杂志》, 2005	临床医学
1084	MicroRNA-21 is an antiapoptotic factor in human glioblastoma cells	Anna M Krichevsky, 美国	《癌症研究》, 2005	临床医学
1046	Reduced expression of the LET-7 microRNAs in human lung cancers in association with shortened postoperative survival	Takashi Takahashi, 日本	《癌症研究》, 2004	临床医学

(数据来源: SCIE 数据库)

2.6 高水平论文的情况

据统计,1993—2013年间,miRNA相关研究论文发表在生命科学领域高水平杂志 *Cell*、*Nature*、*Science* 的论文数量为 323 篇,其中美国 264 篇次,德国 47 篇次,中国仅有 11 篇次。通讯作者来自中国大陆的仅有一位,是北京生命科学研究所的戚益军研究员,其余十篇论文都是国际合作论文,这在一定程度上说明我国 miRNA 领域原创性高水平研究不足,处于总量并行、跟踪研究阶段,创新性贡献不多。

3 miRNA 研究领域分析

研究表明,miRNA 具有高度的保守性、时序性和组织特异性,通过接受特定刺激信号,参与各种生理过程,比如早期发育,脂肪代谢等等。此外,miRNA 作为转录后调节因子,在许多病理过程中也起到了关键作用。通过多种研究方法和技术,寻找和鉴定各种新的 miRNA 分子、研究各种 miRNA 分子的生理和病理功能等等,成为当前生物医学的热点研究领域,相关研究呈现出一定的学科分布特点和热点研究主题。

3.1 基于全部论文的学科分布

1993—2013年 miRNA 领域研究最活跃学科,按论文数量排列前二十位,如图 3 所示,学科划分基于 Web of Science 期刊分类标准。统计数据显示 miRNA 研究集中在生物化学与分子生物学、细胞生物学、遗传学和肿瘤等 6 个学科领域,发文量均超过 1000 篇。生物化学与分子生物学领域发表文章数量最高,表明关于 miRNA 功能方面的研究当前仍是主流。miRNA 研究学科分布中比较引人注目的

是它涉及到遗传、发育、肿瘤、血液、神经、免疫、病毒、药物、疾病等多个学科,预示着 miRNA 今后仍可能是基础医学研究的重要前沿和热点。另外,交叉学科论文数量达到 2426 篇居第四位,说明 miRNA 跨学科跨领域的交叉研究受到广泛重视。

3.2 基于论文关键词词频的研究主题分析

在 TDA 软件中,根据自相关系数地图获取关键词,基于全部文献的关键词词频,获取了词频超过 30 次的关键词顺序,与 miRNA 相关的研究主题主要包括:

(1) miRNA 研究相关的模式生物研究:常见的模式生物包括拟南芥、水稻、斑马鱼、线虫、果蝇、大鼠等,它们由于自身特点而在 miRNA 研究中具有不同作用。比如线虫方便遗传操作,在 miRNA 早期的分离鉴定中扮演关键角色,最早发现的 *lin-4* 和 *let-7* 均来自于线虫。拟南芥和水稻是植物 miRNA 研究的良好对象,揭示了动植物 miRNA 在生物合成、作用机制等都不尽相同。斑马鱼和果蝇在 miRNA 参与胚胎发育、器官形成等方面的功能研究具有重要意义。通过模式生物大鼠首次在哺乳动物中系统地研究了 miRNA 表达谱等。

(2) miRNA 研究相关的技术方法:利用高通量测序、深度测序和下一代测序技术(如 MPSS、454-FLX、Solexa 等)在拟南芥、水稻、玉米等植物内分离鉴定新的 miRNA,验证生物信息学分析预测结果。分子原位杂交和基因芯片发现差异 miRNA 为进一步功能研究奠定基础,生物信息学方法揭示 miRNA 在肿瘤细胞糖代谢中的功能及调控机制,实时定量荧光 PCR、基因表达谱等可以分析寻找疾病相关 miRNA 并进行发病机理研究。

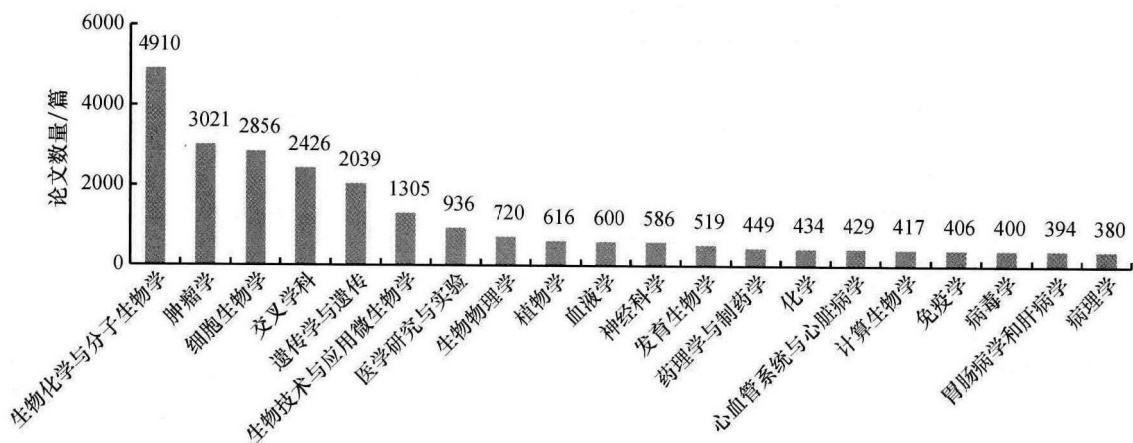


图 3 miRNA 研究的学科分布情况(数据来源:SCIE 数据库)

(3) miRNA 生物合成及功能相关: 植物细胞内 DCL1 参与了前体 miRNA 和双链 miRNA 的合成, 成熟 miRNA 与 Argonaute 蛋白共同形成功能复合体, 调控靶基因转录, 影响蛋白翻译。小立碗藓 (*Moss Physcomitrella Patens*) miRNA 与基因组 DNA 甲基化相关, 细菌感染后 miR-92a, miR-103 在血清中浓度升高, 血清 miR-21 是胰腺癌诊断生物标志物等, 此外, miR-34 与 P53 蛋白、miR15a/miR-16 与 BCL-2 蛋白、let-7 与 C-myc 蛋白之间的相互作用与肿瘤发生有关。

(4) 与疾病相关的 miRNA 研究: miR-17、miR-21、miR-145、miR-208a、miR-126 等在心血管疾病(如高血压、心力衰竭、动脉粥样硬化、心肌梗死等)中有信号调控功能, 神经退行性疾病、阿尔茨海默病患者 miRNA-9、miRNA-125b 和 miRNA-146a 的表达丰度显著上升, miR-375 调控胰岛素分泌为糖尿病治疗带来新希望等。与肿瘤相关的 miRNA 研究较多, 成年型 B 细胞慢性淋巴型白血病(CLL)病人常有 mir-15a 和 mir-16-1 基因簇的缺失或是表达下调。miR-17-92 簇与 B 细胞淋巴瘤形成相关, miR-146a 具有肿瘤抑制子功能, mir-143 和 mir-145 在结肠癌、乳腺癌、前列腺癌、子宫癌和淋巴瘤等细胞系中明显下调等等。

4 结语

通过上述分析, 可以看出 miRNA 领域的研究具有以下特点:

(1) 近年来, miRNA 相关研究处于非常活跃的姿态, 研究论文快速增长, 研究范围覆盖生物、医学的大部分学科领域, 是近年来生命科学与基础医学研究的热点和前沿。

(2) miRNA 研究机构和人员主要集中在美国、中国和欧盟(以德国、英国为代表), 其中美国的研究实力最为强大, 处于引领地位, 竞争优势明显。

(3) 文献计量分析表明, 在将来一段时期内关于 miRNA 的研究热点可能集中在以下一些方向: 新一代测序技术, 特殊 miRNA (miR21/miR15/let-7/miR145 等) 功能研究, miRNA 与肿瘤的发生、诊断和治疗等疾病的关系, miRNA 药物研究等等。

(4) 国际上 miRNA 相关研究跨学科交叉比较活跃, 交叉学科发文量较高。

(5) 我国 miRNA 领域的研究起步虽晚, 但发展较快, 论文数量增长率最高, 在 miRNA 分离鉴定、特定分子的生物合成与功能、生物标志物等方面的

研究有一定基础, 研究成果得到了国际同行的关注。但是在 miRNA 领域缺少有重大影响的原创性高水平研究论文以及科研人员。另外, 我国 miRNA 领域的研究人员高度集中在生命与医学领域, 学科交叉研究还有待提升。

未来的 miRNA 的相关研究, 需要积极探索在不同学科之间开辟 miRNA 合作研究的新领地, 并在学科发展规划之中给予一定的优惠政策, 鼓励化学、信息、材料等领域的科研人员, 积极参与 miRNA 的相关研究, 通过“双清论坛”等平台促进不同领域学者的了解合作。另外, 凝炼该领域关键科学目标, 以项目群形式, 遴选并稳定资助一批具有潜力的年轻学者和团队, 提出原创性科学思想和理论观点, 争取在 miRNA 若干研究方向上有所突破, 推动我国 miRNA 研究实现超越式发展。

致谢 本文得到汤森路透(Thomson Reuters)宁笔博士、马楠博士在 WOS 数据库, 中国科学院地理科学与资源研究所高锡章博士在 TDA 软件, 基金委信息中心郝艳妮女士在 ISIS 数据和安徽理工大学程刚讲师的支持和帮助, 谨致谢意。

参 考 文 献

- [1] Lagos-Quintana M, Rauhut R, Lendeckel W, et al. Identification of novel genes coding for small expressed RNAs. *Science*, 2001, 294(5543): 853—858.
- [2] Lee Y, Jeon K, Lee JT, et al. MicroRNA maturation: stepwise processing and subcellular localization. *EMBO J*, 2002, 21(17): 4663—4670.
- [3] Wienholds E, Koudijs MJ, van Eeden FJ, et al. The microRNA-producing enzyme Dicer1 is essential for zebrafish development. *Nat Genet*, 2003, 35(3): 217—218.
- [4] Finnegan EJ, Margis R, Waterhouse PM. Posttranscriptional gene silencing is not compromised in the Arabidopsis CARPEL FACTORY (DICER-LIKE1) mutant, a homolog of Dicer-1 from *Drosophila*. *Curr Biol*, 2003, 13(3): 236—240.
- [5] Apornetewan C, Pin-On P, Chaiyaratana N, et al. Upstream mononucleotide A-repeats play a cis-regulatory role in mammals through the DICER1 and AGO proteins. *Nucleic Acids Res*. 2013, 41(19): 8872—8885.
- [6] Lee RC, Ambros V. An extensive class of small RNAs in *Caenorhabditis elegans*. *Science*, 2001, 294(5543): 862—864.
- [7] Lau NC, Lim LP, Weinstein EG, et al. An abundant class of tiny RNAs with probable regulatory roles in *Caenorhabditis elegans*. *Science*, 2001, 294(5543): 858—862.
- [8] Ameres SL, Zamore PD. Diversifying microRNA sequence and function. *Nat Rev Mol Cell Biol*, 2013, 14(8): 475—488.
- [9] Pasquinelli AE, Ruvkun G. Control of developmental timing by microRNAs and their targets. *Annu Rev Cell Dev Biol*, 2002, 18: 495—513.

- [10] Chen X. A microRNA as a translational repressor of AP-ETALA2 in Arabidopsis flower development. *Science*, 2004, 303(5666): 2022—2025.
- [11] Ma L, Teruya-Feldstein J, Weinberg RA. Tumour invasion and metastasis initiated by microRNA-10b in breast cancer. *Nature*, 2007, 449(7163): 682—688.
- [12] Ramirez CM, Goedeke L, Rotllan N, et al. MicroRNA 33 regulates glucose metabolism. *Mol Cell Biol*, 2013, 33(15): 2891—2902.
- [13] Dvinge H, Git A, Graf S, et al. The shaping and functional consequences of the microRNA landscape in breast cancer. *Nature*, 2013, 497(7449): 378—382.
- [14] Zhu J Y, Pfuhl T, Motsch N, et al. Identification of novel Epstein-Barr virus microRNA genes from nasopharyngeal carcinomas[J]. *J Virol*. 2009, 83(7): 3333—3341.
- [15] Lee RC, Feinbaum RL, Ambros V. The *C. elegans* heterochronic gene *lin-4* encodes small RNAs with antisense complementarity to *lin-14*. *Cell*, 1993, 75(5): 843—854.
- [16] Reinhart BJ, Slack FJ, Basson M, et al. The 21-nucleotide *let-7* RNA regulates developmental timing in *Caenorhabditis elegans*. *Nature*, 2000, 403(6772): 901—906.
- [17] Pasquinelli AE, Reinhart BJ, Slack F, et al. Conservation of the sequence and temporal expression of *let-7* heterochronic regulatory RNA. *Nature*, 2000, 408(6808): 86—89.
- [18] Ambros V, Bartel B, Bartel DP, et al. A uniform system for microRNA annotation. *RNA*, 2003, 9(3): 277—279.
- [19] Griffiths-Jones S. The microRNA Registry. *Nucleic Acids Res*, 2004, 32(Database issue): D109—D111.
- [20] Meyers BC, Axtell MJ, Bartel B, et al. Criteria for annotation of plant MicroRNAs. *Plant Cell*, 2008, 20(12): 3186—3190.
- [21] Kozomara A, Griffiths-Jones S. miRBase, annotating high confidence microRNAs using deep sequencing data. *Nucleic Acids Res*, 2014, 42(Database issue): D68—D73.

Bibliometrical analysis of miRNA-related papers in Web of Science database

Du Quansheng

(General Office of National Natural Science Foundation of China, Beijing 100085)

Abstract miRNA(microRNA) are a class of endogenous non-coding tiny RNAs, which implement important gene regulatory function in eukaryotic cells. and miRNA has become the research focus in both life science and preclinical medicine in recent years. Thomson Data Analyzer was used to perform bibliometric analysis of miRNA papers published from 1993 to 2013, in the database of Science Citation Index Expanded (SCIE), and the recent progress and developing trend in the field.

Key words miRNA; Web of Science; bibliometrical analysis