

# 基于 SCI-EXPANDED 的植物蛋白质组学文献计量分析

曹燕<sup>1</sup>, 李云锋<sup>2\*</sup> (1. 华南农业大学图书馆, 广东广州 510642; 2. 华南农业大学资源环境学院, 广东广州 510642)

**摘要** [目的]从文献计量角度分析 1999~2012 年植物蛋白质组学研究状况。[方法]以 SCI-EXPANDED 数据库为检索对象,根据不同国家、机构和作者的发文量,文献被引频次和载文期刊的分布情况等方面分析 1999~2012 年国际和国内的植物蛋白质组学研究热点。[结果]近 5 年关于植物蛋白质组学的文献发表量激增,美国在该领域具有绝对的领先优势,我国近年来的研究产出增长迅速。亚细胞蛋白质组学、植物响应胁迫蛋白质组学、翻译后修饰蛋白质组学和蛋白质相互作用等多个方面的基础研究是国际上近几年的研究热点;植物响应胁迫蛋白质组学、亚细胞蛋白质组学以及翻译后修饰蛋白质组学则是我国近几年的热点研究方向。[结论]近年来我国在植物蛋白质组学研究领域发展较快,但与国际领先水平相比,还有一定差距。

**关键词** 植物蛋白质组学;文献计量分析;SCI-EXPANDED

**中图分类号** S126;G350 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2013)09-04170-04

## Bibliometric Analysis of Plant Proteomics Research Literature Based on SCI-EXPANDED

CAO Yan et al (Library of South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642)

**Abstract** [Objective] To understand the progress in plant proteomics research over the last 14 years by bibliometric approach. [Method] The literature was searched in SCI-EXPANDED database (1999-2012) by using the following terms: "proteome \* and (rice or plant or Arabidopsis)". The results were analyzed according to the article numbers and the total citations by countries, institutes, authors, and journal distribution, in an effort to discover plant proteomics research progress in and outside China. [Result] Plant proteomics research literature published in the past five years increased sharply. The US played a leading role in the field of Plant proteomics research in the world. It had made a great progress in Plant proteomics research in the past years in China, but was still lagging behind developed countries. Structural proteomics, subcellular proteomics, plant response to stress proteomics, and protein-protein interaction proteomics, post-translational modifications proteomics were the focuses of plant proteomics research in the world. Meanwhile, subcellular proteomics and modification-specific proteomics were the focuses of research in China. [Conclusion] The research of plant proteomics in China has been progressing rapidly, but is still lagging behind its international peers.

**Key words** Plant proteomics; Bibliometric analysis; SCI-EXPANDED

蛋白质组学(Proteomics)是指对细胞、组织或基因组所表达的全部蛋白质的研究,是继基因组研究之后的又一核心和具有广泛应用价值的学科<sup>[1]</sup>。随着拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)、水稻(*Oryza sativa*)、杨树(*Populus trichocarpa*)等模式植物全基因组测序的完成及其基因组学研究的不断深入,蛋白质组学已成为后基因组时代的重要研究领域。近年来,各种植物组织器官在不同阶段的蛋白质表达谱分析和响应不同环境因子的差异表达蛋白质组研究被大量报道。目前植物蛋白质组学研究主要以拟南芥和水稻为主,涉及到结构蛋白质组学、亚细胞蛋白质组学、植物响应胁迫蛋白质组学、翻译后修饰蛋白质组学和蛋白质相互作用等多个方面<sup>[2]</sup>。

为此,笔者利用文献计量学的方法,对 1999~2012 年间 SCI-EXPANDED 数据库所收录的植物蛋白质组学相关文章进行分析,旨在从科研文献产出的角度揭示植物蛋白质组学研究的发展状况,以期为我国蛋白质组学研究者的研究方向和发表文章提供参考。

## 1 资料与方法

**1.1 资料来源** 资料来源于 SCI-EXPANDED 数据库。该库是美国《科学引文索引》(Science Citation Index,简称 SCI)的

网络版,早在纸质时代便有非常高的声望,其创始人 Garfield 于 1955 年在《Science》发表论文,提出将引文索引作为一种新的文献检索与分类工具,创办了 ISI (Institute of Scientific Information,现归属于汤森路透公司),从 1961 年起公开发行人 SCI。自此以来,利用 SCI 进行科学研究和期刊评价已成为世界学术界公认的重要方法之一。发表的学术论文被 SCI 收录或引用的数量,已被世界上许多高校及科研单位作为评价学术水平的一个重要标准。目前,SCI-EXPANDED 数据库的检索平台为 Web of Knowledge。

**1.2 检索方法和数据处理** 登录 Web of Knowledge 检索平台,勾选 SCI-EXPANDED 数据库,以“proteom \* and (plant or rice or Arabidopsis)”为检索词,检索范围为“主题”,出版年字段限定为 1999~2012 年,检索日期为 2012 年 10 月 5 日。利用 Web of Knowledge 检索平台强大的信息挖掘和分析功能,对不同国家、机构和作者的发文量,文献的被引频次和期刊分布情况进行分析。

## 2 结果与分析

**2.1 文献总体情况分析** 1999~2012 年,SCI-EXPANDED 数据库共收录植物蛋白质组学相关文章 4 259 篇。在 2002 年之前,每年发文量在 100 篇以内;2003 年起,基本每 3 年发文量翻 1 番;至 2011 年,发文量达到 682 篇,是 2003 年的 4.3 倍。文献类型以学术论文(79.8%)为主,其次为综述(16.2%)、会议论文(4.1%)、会议摘要(2.7%)和其他(2.8%)。

**2.2 各国发文和被引情况分析** 美国共计发文 1 072 篇,占全部文献量的 25.2%,其次为德国(548 篇,12.9%)、中国

**基金项目** 国家自然科学基金项目(30971887、30600399);广东省自然科学基金项目(10151064201000008)。

**作者简介** 曹燕(1971-),女,四川富顺人,副研究馆员,从事科技查新、读者教育、文献计量学研究,E-mail: caoyan@scau.edu.cn。\* 通讯作者,博士,副教授,硕士生导师,从事植物与病原菌的相互作用及稻瘟病菌与水稻的相互作用研究,E-mail: yunfengli@scau.edu.cn。

**收稿日期** 2013-03-12

(不包括中国台湾省, 531 篇, 12.5%)、法国(420 篇, 9.9%)、日本(394 篇, 9.3%)、英国(312 篇, 7.3%)、澳大利亚(225 篇, 5.3%)、意大利(199 篇, 4.7%)、韩国(192 篇, 4.5%)和西班牙(192 篇, 4.5%), 其余文献分布于其他 73 个国家。总被引频次居前 3 位的是美国(32 633 次)、德国(15 377 次)和中国(5 794 次)。在总被引频次排名前 10 位的国家中, 英国的篇均被引频次最高(42.38 次), 其次为法国(32.61 次), 中国排名第 10 位(10.91 次)。

**2.3 不同机构发文和被引情况分析** 文献发表量居前 10 位的机构分别来自中国、法国、美国、澳大利亚、日本、西班牙和德国。其中排名前 3 位的机构分别为中国科学院(149 篇)、法国 INRA(126 篇)和美国康奈尔大学(87 篇); 此外, 美国还有 2 所机构发文量也位居前 10 位, 即密苏里州大学和农业部 ARS(分别列第 7、8 位)。在居前 10 位的研究机构中, 大学占 3 位。文献总被引频次排名第 1 位的机构是美国康奈尔大学(总被引频次 5 854, 篇均被引频次 67.29), 其总被引频次和篇均被引频次均远高于其他研究机构; 排名为 2~4 位的机构分别为法国 INRA(总被引频次 3 839, 篇均被引频次 30.47)、西澳大利亚大学(总被引频次 3 200, 篇均被引频次 40.00)和中国科学院(总被引频次 2 755, 篇均被引频次 18.49)。

**2.4 不同作者发文和被引情况** 文献发表量居前 10 位(含并列)的作者中, 澳大利亚占 3 位, 日本、美国、法国各 2 位, 尼泊尔、卢森堡、韩国、中国、瑞士、德国各占 1 位。发文量居前 3 位的研究者分别为日本 Komatsu S(107 篇)、澳大利亚 Millar A H(60 篇)和日本 Rakwal R(41 篇)。文献总被引频次排名前 10 位的作者中, 3 位为澳大利亚的研究人员, 分别为 Millar A H、Heazlewood J L 和 Weckwerth W, 其中西澳大利亚大学的 Millar AH 和 Heazlewood JL 的总被引频次居第 1、3 位, 分别为 2 846 和 2 004 次。美国康奈尔大学 van Wijk K J 的总被引频次排名第 2(2 449 次), 其他 Weckwerth W、Baginsky S、Job D、Braun H P 和 Rossignol M 5 位研究者的发文量和文章总被引频次均排在前十位。

对以上作者近年发表的相关文献进行重点分析, 发现 Komatsu S 等致力于研究作物受到生物或非生物胁迫后的蛋白质组学研究, 其中亚细胞蛋白质组学和分泌蛋白质组学研究成为其研究的重点<sup>[3-7]</sup>; Millar 等主要关注于植物线粒体蛋白质组学(以拟南芥为重点)的研究<sup>[8-10]</sup>; Heazlewood J L 等的研究重点是拟南芥亚细胞蛋白质组学的研究<sup>[11-13]</sup>; van Wijk K J 等着重于植物叶绿体蛋白质组学的研究<sup>[14-16]</sup>。以上均为近期植物蛋白质组学研究领域的研究重点, 值得关注。

**2.5 文献来源分析** 在植物蛋白质组学文献发文量居前 10 位的期刊中, 4 种为蛋白质组学领域的重要期刊, 分别为《Proteomics》(404 篇, IF2011 = 4.505)、《Journal of Proteome Research》(219 篇, IF2011 = 5.113)、《Journal of Proteomics》(133 篇, IF2011 = 4.878)和《Molecular Cellular Proteomics》(110 篇, IF2011 = 7.398); 2 种为重要的植物生理学期刊

(《Plant Physiology》和《Plant and Cell Physiology》), 2 种为重要的植物学期刊(《Plant Journal》和《Journal of Experimental Botany》), 另外 1 种为电泳类期刊《Electrophoresis》, 表明植物蛋白质组的电泳分离技术也是目前研究的热点。

## 2.6 我国文献情况分析

**2.6.1 发文情况。**1999~2012 年, SCI-EXPANDED 数据库共收录来自我国的文献 531 篇。文献类型依次为学术论文(486 篇, 91.5%)、综述(32 篇, 6.0%)、会议摘要(12 篇, 2.3%)、会议论文(6 篇, 1.1%), 其中 242 篇论文(45.6%)与其他 37 个国家合作发表。与我国合作发表文献量居前 7 位(含并列)的国家依次为美国(90 篇)、德国(23 篇)、加拿大和英国(13 篇)、日本(11 篇)、澳大利亚(10 篇)、法国(8 篇)、以色列(6 篇), 排第 8 位的有丹麦、新加坡、韩国和芬兰(各 5 篇), 第 9 位是印度、意大利、菲律宾和捷克(各 4 篇), 第 10 位的有比利时、巴基斯坦、斯洛伐克和瑞典(各 3 篇)。合作机构主要为佛罗里达大学、加州大学旧金山分校、康奈尔大学、杜克大学、澳大利亚莫多克大学、德国波恩大学、美国田纳西大学和以色列农业研究组织。从发表论文的时间分析, 我国开展植物蛋白质组学研究的起步较晚, 2002 年才开始发表第 1 篇 SCI 论文, 之后发文量逐年增加, 其中, 2010 年发文量 76 篇, 2011 年发文量 137 篇, 2012 年发文量 135 篇, 近 3 年发文量占总量的 61%。

**2.6.2 发文机构。**文献发表量居第 1 位的是中国科学院, 该机构发表论文的总被引频次(2 755 次)远高于其他研究机构, 篇均被引频次(18.49 次)排名第 2。值得注意的是, 清华大学文献发表量排第 10 位, 但篇均被引频次排名第 1 位, 且总被引频次排在第 2 位, 远高于其他研究机构; 居前 10 位的机构中(含并列), 14 家为高等院校(表 1)。

表 1 1999~2012 年 SCI-EXPANDED 数据库我国发文量居前 10 位的机构

排位	机构	文献数量	总被引频次	篇均被引频次
1	中国科学院	149	2 755	18.49
2	中国农业大学	42	189	4.50
3	南京农业大学	31	179	5.77
4	中国农业科学院	25	72	2.88
5	华中农业大学	24	104	4.33
6	东北林业大学	23	154	6.70
7	浙江大学	19	153	8.05
8	首都师范大学	14	112	8.00
	福建农林大学	14	32	2.29
9	北京大学	12	143	11.92
	武汉大学	12	79	6.58
	河南农业大学	12	31	2.58
10	清华大学	11	595	51.09
	香港大学	11	43	3.91
	厦门大学	11	72	6.55
	河北师范大学	11	62	5.64

**2.6.3 发文和被引情况。**文献发表量居前 10 名的作者分别为中国科学院植物研究所沈世华(27 篇)、中国科学院植物研究所王台(14 篇)、中国科学院武汉植物园杨平仿(12

篇)、中国科学院植物研究所陈惠(11 篇)、东北林业大学王柏臣(10 篇)、中国科学院北京基因组研究所刘斯奇(9 篇)、中国科学院植物研究所秦国政(9 篇)、华中农业大学邓秀新(9 篇)、东北林业大学戴绍军(8 篇)、中国科学院上海生命科学研究院孙卫宁等(7 篇)、清华大学刘进元(7 篇)、北京大学朱玉贤(7 篇)、首都师范大学何奕昆(6 篇)、中国农业大学彭友良(6 篇)、南京农业大学张炜(5 篇)、河北师范大学郭毅(5 篇)。文献总被引频次居前 10 位的作者见表 2。排第 1 位的孙卫宁,其发表的 1 篇被引频次高达 152 次。上述作者中沈世华和王台主要进行胁迫条件下及特定发育阶

段的植物蛋白质组学研究,尤其在盐胁迫下的植物蛋白质组学方面开展了较多工作<sup>[17-20]</sup>。孙卫宁等的研究重点是逆境条件下的水稻蛋白质组变化<sup>[19,21-22]</sup>,刘进元等专注于应用比较蛋白质组学分析冷胁迫及 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 处理后的水稻和棉花蛋白质组变化研究<sup>[23-25]</sup>,杨平仿等主要从事植物不同发育阶段及逆境胁迫下的蛋白质组学研究<sup>[26-27]</sup>,王柏臣等主要关注翻译后修饰蛋白质组学研究<sup>[28-29]</sup>,刘斯奇等则在应用蛋白质组学技术分析杂交稻优势机理方面作出了重要贡献<sup>[30-31]</sup>。上述均为近几年植物蛋白质组学研究领域的热点方向。

表 2 1999~2012 年 SCI-EXPANDED 数据库中国植物蛋白质组学文献总被引频次居前 10 位的作者

排位	作者	机构	文献数量	总被引频次	篇均被引频次
1	孙卫宁	中国科学院上海生命科学研究院	7	319	45.57
2	沈世华	中国科学院植物研究所	27	316	11.70
3	刘进元	清华大学	7	165	23.57
4	王台	中国科学院植物研究所	14	159	11.36
5	杨平仿	中国科学院武汉植物园	12	150	12.50
6	刘斯奇	中国科学院北京基因组研究所	9	138	15.33
7	秦国政	中国科学院植物研究所	9	92	10.22
8	朱玉贤	北京大学	7	71	10.14
9	王柏臣	东北林业大学	10	68	6.80
10	邓秀新	华中农业大学	9	54	6.00

**2.6.4 文献期刊分布。**我国植物蛋白质组学文献发文量居前 10 位的期刊分别为《Proteomics》(54 篇)、《Journal of Proteome Research》(36 篇)、《Molecular Cellular Proteomics》(23 篇)、《Journal of Integrative Plant Biology》(17 篇)、《Journal of Experimental Botany》(16 篇)、《Planta》(15 篇)、《Plant Molecular Biology Reporter》(13 篇)、《Journal of Proteomics》(12 篇)、《Plos One》(12 篇)、《Journal of Plant Physiology》(10 篇)、《Acta Physiologiae Plantarum》(9 篇)、《Molecular Biology Reports》(9 篇)、《Physiologia Plantarum》(9 篇)。上述多为蛋白质组学、植物生理学和植物学方面的国际期刊。

**2.7 植物蛋白质组学研究的学科分布** 比较 1999~2003、2004~2007 和 2008~2012 年 3 个阶段发文的学科分布,发现植物科学、生物化学与分子生物学、生化研究方法方面的研究始终居于前 3 位,其他如生物技术应用微生物学、分析化学、细胞生物学、遗传学、生物物理学、农学、微生物学、食品科学技术、生物、园艺、应用化学等研究均较为靠前。尤其以逆境胁迫下的植物蛋白质组变化方面的研究成果增加较多,由第 1 阶段的 1 篇,增加到第 2 阶段 10 篇,至 2008~2012 年共发表 35 篇,植物响应环境胁迫蛋白质组学受到重视。

### 3 结论

1999~2012 年,SCI-EXPANDED 数据库分析结果显示,近年来植物蛋白质组学所取得的研究成果日益增多。从植物蛋白质组提取方法和蛋白质鉴定方法的改进、从以模式植物为主体到重要农作物的扩展、从全细胞蛋白质组到亚细胞蛋白质组和翻译后修饰蛋白质组的分析,以及越来越多植物蛋白质组数据库的建立,植物蛋白质组学研究进入了快速的

发展期。

从国家、机构和作者发文量、被引频次看,美国在植物蛋白质组学研究领域具有绝对的领先优势。近年来,我国在该领域的研究产出增长迅速,但论文的篇均被引频次较低,说明论文质量还有待提高。近年来,应用比较蛋白质组学研究植物的抗逆机理以及翻译后修饰蛋白质组学等是植物蛋白质组学研究的热点。我国研究者也做了许多相关研究,但和国际同行相比,在数量和质量上仍有一定差距。

1999~2012 年,植物蛋白质组学文献所涉及的学科已包括植物学、生物化学与分子生物学、遗传学、生物物理学、农学、微生物学、食品科学、园艺学等,表明各学科重视从蛋白质组水平来解析生物现象。

该研究利用文献计量学的方法,对近年来植物蛋白质组学相关文献进行了统计分析,反映了 10 年来世界和我国植物蛋白质组学的发展状况,以及在研究热点上我国和国际上其他国家之间的差距,对了解国际上植物蛋白质组学的发展现状,指导我国研究人员开展植物蛋白质组学研究,具有一定的意义。

### 参考文献

- [1] HEAZLEWOOD J L. Towards an analysis of the rice mitochondrial proteome[J]. *Plant Physiology*, 2003, 132(1): 230-242.
- [2] 张根连, 范术丽, 宋美珍, 等. 植物蛋白质组学技术研究进展[J]. *生物技术通报*, 2011(7): 26-30.
- [3] KOMATSU S, KONISHI H, HASHIMOTO M. The proteomics of plant cell membranes[J]. *Cancer Research*, 2012, 72(3): 103-112.
- [4] HOSSAIN Z, NOURI M Z, KOMATSU S. Plant cell organelle proteomics in response to abiotic stress[J]. *Journal of Proteome Research*, 2012, 11(1): 37-48.
- [5] KOMATSU S, KONISHI H, HASHIMOTO M. The proteomics of plant cell membranes[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2007, 58(1): 103-112.

- [6] KOMATSU S. Plant proteomics databases; Their status in 2005[J]. Current Bioinformatics, 2006, 1(1): 33–36.
- [7] KOMATSU S. Rice proteome database: A step toward functional analysis of the rice genome[J]. Plant Molecular Biology, 2005, 59(1): 179–190.
- [8] TAN Y F, MILLAR A H, TAYOR N L. Components of mitochondrial oxidative phosphorylation vary in abundance following exposure to cold and chemical stresses[J]. Journal of Proteome Research, 2012, 11(7): 3860–3879.
- [9] TAYLOR N L, HEAZLEWOOD J L, MILLAR A H. The *Arabidopsis thaliana* 2-D gel mitochondrial proteome: Refining the value of reference maps for assessing protein abundance, contaminants and post-translational modifications[J]. PROTEOMICS, 2011, 11(9): 1720–1733.
- [10] JACOBY R P, MILLAR A H, TAYLOR N L. Wheat mitochondrial proteomes provide new links between antioxidant defense and plant salinity tolerance[J]. Journal of Proteome Research, 2010, 9(12): 6595–6604.
- [11] ITO J, BATH T S, PETZOLD C J, et al. Analysis of the arabidopsis cytosolic proteome highlights subcellular partitioning of central plant metabolism[J]. Journal of Proteome Research, 2011, 10(4): 1571–1582.
- [12] HEAZLEWOOD J L, VERBOOM R E, TONTI-FILIPPINI J, et al. SUBA: The *Arabidopsis* subcellular database[J]. Nucleic Acids Research, 2007, 35(S1): 213–218.
- [13] HEAZLEWOOD J L, TONTI-FILIPPINI J, VERBOOM R E, et al. Combining experimental and predicted datasets for determination of the subcellular location of proteins in *Arabidopsis* [J]. Plant Physiology, 2005, 139(2): 598–609.
- [14] LUNDQUIST P K, POLIAKOV A, BHUIYAN N H, et al. The functional network of the *Arabidopsis* plastoglobule proteome based on quantitative proteomics and genome-wide coexpression analysis[J]. Plant Physiology, 2012, 158(3): 1172–1192.
- [15] van WIJK K J, BAGINSKY S. Plastid proteomics in higher plants: Current state and future goals[J]. Plant Physiology, 2011, 155(4): 1578–1588.
- [16] OLINARES P, PONNALA L, van WIJK K J. Megadalton complexes in the chloroplast stroma of *Arabidopsis thaliana* characterized by size exclusion chromatography, mass spectrometry, and hierarchical clustering[J]. Molecular & Cellular Proteomics, 2010, 9(7): 1594–1615.
- [17] WANG Z Z, YAN S J, LIU C M, et al. Proteomic analysis reveals an aflatoxin-triggered immune response in cotyledons of *Arachis hypogaea* infected with *Aspergillus flavus* [J]. Journal of Proteome Research, 2012, 11(5): 2739–2753.
- [18] ZHANG H, HAN B, WANG T, et al. Mechanisms of plant salt response: Insights from proteomics[J]. Journal of Proteome Research, 2012, 11(1): 49–67.
- [19] JI K X, WANG Y Y, SUN W N, et al. Drought-responsive mechanisms in rice genotypes with contrasting drought tolerance during reproductive stage[J]. Journal of Plant Physiology, 2012, 169(4): 336–344.
- [20] CHEN Q, ZHANG M D, SHEN S H. Comparison of protein extraction methods suitable for proteomics analysis in seedling roots of Jerusalem artichoke under salt (NaCl) stress[J]. African Journal of Biotechnology, 2011, 10(39): 7650–7657.
- [21] SHI S S, CHEN W, SUN W N. Comparative proteomic analysis of the *Arabidopsis* chl1 mutant in response to salt stress[J]. Proteomics, 2011, 11(24): 4712–4725.
- [22] ZHANG M H, LI G W, HUANG W, et al. Proteomic study of *Carissa spinarum* in response to combined heat and drought stress[J]. Proteomics, 2010, 10(17): 3117–3129.
- [23] WU X P, CHENG Y S, LI T, et al. In vitro identification of DNA-binding motif for the new zinc finger protein AtYY1[J]. Acta Biochimica et Biophysica Sinica, 2012, 44(6): 483–489.
- [24] ZHOU L, BOKHARI S A, DONG C J, et al. Comparative proteomics analysis of the root apoplasts of rice seedlings in response to hydrogen peroxide[J]. Plos One, 2011, 6(2): 16723.
- [25] YANG Y W, BIAN S M, YAO Y, et al. Comparative proteomic analysis provides new insights into the fiber elongating process in cotton[J]. Journal of Proteome Research, 2008, 7(11): 4623–4637.
- [26] LI M, SHA A H, ZHOU X N, et al. Comparative proteomic analyses reveal the changes of metabolic features in soybean (*Glycine max*) pistils upon pollination[J]. Sexual Plant Reproduction, 2012, 25(4): 281–291.
- [27] HE D L, HAN C, YAO J L, et al. Constructing the metabolic and regulatory pathways in germinating rice seeds through proteomic approach[J]. Proteomics, 2011, 11(13): 2693–2713.
- [28] YUAN H M, LI K L, NI R J, et al. A systemic proteomic analysis of *Populus chloroplast* by using shotgun method[J]. Molecular Biology Reports, 2011, 38(5): 3045–3054.
- [29] LIU C C, LU T C, LI H H, et al. Phosphoproteomic identification and phylogenetic analysis of ribosomal P-proteins in *Populus dormant* terminal buds[J]. Planta, 2010, 231(3): 571–581.
- [30] ZI J, ZHANG J Y, WANG Q H, et al. Proteomics study of rice embryogenesis: Discovery of the embryogenesis-dependent globulins[J]. Electrophoresis, 2012, 33(7): 1129–1138.
- [31] LI X M, BAI H, WANG X Y, et al. Identification and validation of rice reference proteins for western blotting[J]. Journal of Experimental Botany, 2011, 62(14): 4763–4772.

(上接第 4169 页)

- [2] 蔡志坚. 农村信息化背景下农户技术接受模型及实证研究[J]. 科技进步与对策, 2010, 27(21): 52–55.
- [3] 于良芝, 张瑶. 农村信息需求与服务研究: 国内外相关文献综述[J]. 图书馆建设, 2007(4): 79–84.
- [4] AJZEN I. The theory of planned behavior[J]. Organizational Behavior and Human Decision Processes, 1991, 50(2): 179–211.
- [5] VENKATESH V, DAVIS F D. A Theoretical extension of the technology acceptance model: Four longitudinal field studies[J]. Management Science, 2000, 46(2): 186–204.
- [6] DAVIS F D. Perceived usefulness, perceived ease of use, and user acceptance of information technology[J]. MIS Quarterly, 1989, 13(3): 319–340.
- [7] 黄浩, 刘鲁, 王建军. 基于 TAM 的移动内容服务采纳分析[J]. 南开管理评论, 2008, 11(6): 42–47.
- [8] ROBERY D. User attitude and management information systems use[J]. The Academy of Management Journal, 1979, 22(3): 527–538.
- [9] TORNATZKY L G, KLEIN K. Innovation characteristics and innovation adoption – implementation: A meta-analysis of findings[J]. IEEE Transactions on Engineering Management, 1982, 29(1): 28–45.
- [10] VENKATESH V, MORRIS M G, DAVIS G B, et al. User acceptance of information technology: Toward a unified view[J]. MIS Quarterly, 2003, 27(3): 425–478.
- [11] COMPEAU D, HIGGINS C A, HUFF S. Social cognitive theory and individual reaction to computing technology: A longitudinal study[J]. MIS Quarterly, 1989, 13(3): 319–339.