



國立臺灣大學生物資源暨農學院生物產業傳播暨發展學系

碩士論文

Department of Bio-Industry Communication and Development

College of Bio-Resources and Agriculture

National Taiwan University

Master's Thesis

水稻病害研究議題與研究人才合著連結

Linking Research Topics and Talent Co-authorship in the Study of

Rice Diseases

黃郁哲

Yu-Che Huang

指導教授：王俊傑 博士

Advisor: Chun-Chieh Wang, Ph.D.

中華民國 115 年 1 月

January 2026

謝辭

曾經植醫洗禮，今於生傳再起；尋尋覓覓、兜兜轉轉，終究還是完成了學業。恍恍惚惚的學術生涯，亦暫時告一段落。來到臺灣學術的最高殿堂，卻也失去了邁向植醫的入場券；或許，若當初在植醫所再多熬一年，人生的走向也將有所不同。

蹉跎許久，總算在農曆春節前完成這本學位論文。首先，誠摯感謝指導教授王俊傑老師的督促與悉心指導。老師總能直指問題核心，縱使我資質駑鈍，仍始終耐心引導、從容指正；此外，亦感謝董蕙茹與薛招治兩位口試委員於口試過程中所提供的寶貴指教與建議，同樣令我獲益良多。

回顧研究歷程，幾個不眠之夜，耗了幾個寒暑，也耽誤了不少青春；曾多次犯錯、徬徨與迷惘，亦有裹足不前之時；然而，過程中即便跌跌撞撞，仍在單打獨鬥中戰戰兢兢地前行，逐步奠定起學術基礎、堆砌出知識架構，同時也摸索著自身定位與價值。對於難以參透的研究瓶頸反覆斟酌，也對於不甚熟悉的操作方法來回琢磨；曾因統計結果不如預期而數度停滯，直到重新檢視查核，方才逐漸撥雲見日。

最後，感謝家人願意支持我補齊碩士學歷，求學期間為減輕你們的負擔，我盡力以打工支應生活所需；即便不易，我亦無怨無悔，謝謝你們的包容與理解，使我多了筆難得的北漂閱歷。在此，謹向所有曾於求學生涯中協助、支持與鼓勵過我的貴人們，致上最真誠的謝意，感謝你們為我注入前行的力量，得以成就今日的自己，繼續往人生的下一個目標邁進。

黃郁哲 謹誌於

國立臺灣大學生物產業傳播暨發展學系

中華民國 115 年 1 月

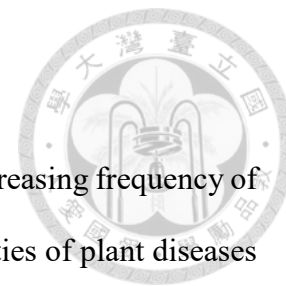
中文摘要



在氣候變遷加劇與極端氣候事件頻繁發生的背景下，植物病害的發生型態與防治難度日益提升，對全球糧食安全與農業永續發展造成重大挑戰。水稻 (*Oryza sativa* L.) 作為全球重要的糧食作物之一，其病害研究不僅攸關糧食供應穩定，亦反映農業科學在病原防治、分子生物技術與跨領域整合上的發展趨勢。本研究結合資訊計量分析與方法，探討近二十年水稻病害研究中，研究議題之連結特徵、研究人才之合著關係，以及兩者之間的跨層交互影響。自 Web of Science 資料庫為資料來源，採用指數隨機圖模型進行多層次網絡分析，研究結果顯示，水稻病害研究議題共現網絡呈現顯著的非隨機性與核心—邊陲結構，其中以「稻熱病」、「抗病基因鑑定與圖譜建構」及「基因表現與轉殖研究」構成長期研究核心，並高度整合分子植物病理與遺傳研究取向；而研究人才合著網絡同樣呈現核心—邊陲結構，少數高產出研究人才主導高強度且穩定的合著關係，其中，研究議題相似性為促進穩定合著之關鍵因素。相較之下，「抗病基因鑑定與圖譜建構」與「基因表現與轉殖研究」之研究議題於文獻層級雖具高度共現，但未必能直接轉化為研究人才層級的實際合著；研究人才實際形成穩定合著關係者，多集中於方法與研究流程具高度連續性的研究議題組合，如「稻熱病」與「抗病基因鑑定與圖譜建構」，或是「病毒性病害」與「基因表現與轉殖研究」。因此，本研究結果可作為未來學術資源配置、研究議題規劃及跨研究議題合著模式之實證依據。

關鍵字：水稻病害、研究議題、研究人才、連結特徵、合著關係

Abstract



Against the backdrop of intensifying climate change and the increasing frequency of extreme weather events, the occurrence patterns and control difficulties of plant diseases are becoming more complex, posing significant challenges to global food security and sustainable agricultural development. As one of the world's most important food crops, research on rice (*Oryza sativa* L.) diseases is not only crucial for maintaining food supply stability but also reflects broader development trends in agricultural science, particularly in pathogen control, molecular biotechnology, and interdisciplinary integration. This study combines informatics analysis methods to explore the interconnected characteristics of research topics, co-authorship relationships among researchers, and the cross-level interactions between these two dimensions in rice disease research over the past two decades. Using data from the Web of Science database and employing an exponential random graph model for multi-level network analysis, the study reveals that the co-occurrence network of rice disease research topics exhibits significant non-randomness and a core-periphery structure. "rice blast," "identification and mapping of disease resistance genes," and "gene expression and transgenic research" constitute long-term research cores, highly integrating molecular plant pathology and genetic research orientations. Similarly, the co-authorship network of researchers also demonstrates a core-periphery structure, in which a small number of highly productive researchers dominate strong and stable co-authorship relationships. Research topic similarity is a key factor in promoting stable co-authorship. In contrast, although the research topics of "identification and mapping of disease resistance genes" and "gene expression and transgenic research" show high co-occurrence at the literature level, this does not necessarily translate directly into actual co-authorship at the researcher level. Researchers who form stable co-authorship relationships tend to focus on combinations of research

topics with highly continuous methods and research processes, such as “rice blast” and “identification and mapping of disease resistance genes,” or “viral diseases” and “gene expression and transgenic research.” Therefore, the findings of this study provide empirical evidence to inform future academic resource allocation, research topic planning, and the development of cross-topic co-authorship models.

Keywords: rice diseases, research topics, talent, connection characteristics, co-authorship

目次

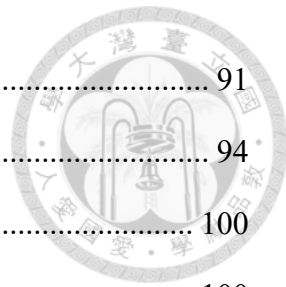


謝辭	i
中文摘要	ii
Abstract.....	iii
目次	v
圖次	viii
表次	ix
第壹章 緒論	1
第一節 研究背景	1
第二節 研究動機	3
第三節 研究目的	5
第四節 名詞解釋	7
第貳章 文獻探討	8
第一節 水稻病害與其相關研究議題	8
一、 水稻與其常見病害	8
二、 水稻病害鑑定、監測與防治	14
三、 水稻病害研究議題的網絡結構	17
第二節 指數隨機圖模型相關研究	25
一、 指數隨機圖模型介紹	25
二、 單層次指數隨機圖模型	26
三、 多層次指數隨機圖模型	27
四、 指數隨機圖模型相關內生變數	29
第三節 資訊計量與研究人才合著	31
一、 資訊計量相關研究	31
二、 團隊科學	35



三、 跨學科合作	36
四、 研究人才的網絡結構	37
第參章 研究方法	46
第一節 資料蒐集與清理	46
一、 資料蒐集	46
二、 資料清理	47
三、 研究議題與研究人才資料集	48
第二節 資訊計量分析	49
一、 研究議題分類架構	49
二、 水稻病害研究議題共現網絡之分析方法	52
三、 水稻病害研究人才合著網絡之分析方法	53
四、 水稻病害研究議題與研究人才之分析方法	53
第三節 ERGM 相關變數指標計算	54
一、 研究議題與研究人才之內生變數計算方法	54
二、 研究議題與研究人才之節點屬性共變項計算方法	66
三、 研究議題共現網絡之外生變數計算方法	69
四、 研究人才合著網絡之外生變數計算方法	71
第四節 MPNet 診斷與分析	75
一、 水稻病害研究議題共現網絡之 ERGM 分析	75
二、 水稻病害研究人才合著網絡之 ERGM 分析	78
三、 水稻病害研究議題與研究人才之 MLERGM 分析	80
第肆章 研究結果	82
第一節 水稻病害研究議題間互相連結之特徵	82
一、 水稻病害研究議題互相連結之內生變數特徵	82
二、 水稻病害研究議題之單一研究議題與研究議題對之特徵	87
三、 水稻病害研究議題之研究議題熱門度特徵	89

四、 水稻病害研究議題之共現頻率特徵	91
五、 水稻病害研究議題之時間相近性特徵	94
第二節 水稻病害研究人才間合著關係之特徵	100
一、 水稻病害研究人才合著關係之內生變數特徵	100
二、 水稻病害研究人才之學術發表量特徵	102
三、 水稻病害研究人才之研究年齡特徵	109
四、 水稻病害研究人才之研究議題相似性特徵	111
五、 水稻病害研究人才之合著次數特徵	114
第三節 水稻病害研究議題共現與研究人才合著關係的連結	117
一、 議題與人才網絡之 XStar3A 及 XStar3B 結構特徵	117
二、 議題與人才網絡之 X4Cycle、XACA 及 XECA 結構特徵	121
三、 議題與人才網絡之 XAECA、XECB 及 XAECB 結構特徵	124
第五章 結論與建議	131
第一節 研究結論	131
第二節 研究建議與限制	134
參考文獻	137
附錄	167



圖次



圖 3.1 研究議題之研究議題熱門度 Jaccard 相似度鄰接矩陣.....	69
圖 3.2 研究議題之共現頻率 Jaccard 相似度鄰接矩陣.....	70
圖 3.3 研究議題之時間相近性 PCCs 相關係數鄰接矩陣.....	71
圖 3.4 研究人才之學術發表量統計表.....	72
圖 3.5 研究人才之研究年齡統計表.....	73
圖 3.6 研究人才之研究議題相似性 Jaccard 相似度鄰接矩陣.....	74
圖 3.7 研究人才之合著次數 Jaccard 相似度鄰接矩陣.....	74
圖 3.8 水稻病害研究議題共現頻率矩陣之 MPNet 匯入格式.....	75
圖 3.9 研究議題熱門度之 MPNet 匯入格式.....	76
圖 3.10 時間相近性 PCCs 相關係數之 MPNet 匯入格式.....	76
圖 3.11 MPNet 主介面操作步驟之 A 層選項.....	76
圖 3.12 MPNet 主介面操作步驟之內生變數基本結構統計量.....	77
圖 3.13 MPNet 模型可納入多種類型的變數.....	78
圖 3.14 水稻病害研究人才合著次數矩陣之 MPNet 匯入格式.....	78
圖 3.15 研究年齡與學術發表量之 MPNet 匯入格式.....	79
圖 3.16 研究議題相似性之 MPNet 匯入格式.....	79
圖 3.17 MPNet 主介面操作步驟之 B 層選項.....	79
圖 3.18 MPNet 主介面操作步驟之 X 層選項.....	80
圖 3.19 水稻病害研究議題與研究人才矩陣之 MPNet 匯入格式.....	80
圖 4.1 A 類病原與非生物逆境因子研究議題之研究產出趨勢.....	96
圖 4.2 B 類病害防治與監測方法研究議題之研究產出趨勢.....	96
圖 4.3 C 類分子植物病理與遺傳研究議題之研究產出趨勢.....	97



表次

表 2.1 ERGM 共現網絡研究中常見的研究議題相關外生變數之整理.....	23
表 2.2 研究議題相關外生變數說明及其文獻來源統整.....	24
表 2.3 ERGM 合作網絡研究中常見的研究人才相關外生變數之整理.....	44
表 2.4 研究人才相關外生變數說明及其文獻來源統整.....	45
表 3.1 合著次數篩選後研究人才分布.....	48
表 3.2 水稻病害研究議題分類架構表及其篇數與佔比.....	49
表 3.3 水稻病害研究議題二階分類號與定義對照表.....	50
表 3.4 研究議題共現網絡之內生變數結構示意圖與計算公式.....	55
表 3.5 研究人才合著網絡之內生變數結構示意圖與計算公式.....	57
表 3.6 研究議題與人才多層次網絡之內生變數結構示意圖與計算公式.....	61
表 3.7 内生變數計算公式之相關符號與定義.....	65
表 3.8 單層次網絡中節點屬性共變項之結構示意圖.....	66
表 4.1 議題網絡之 ERGM 配適度檢定結果 ($* t\text{-ratio} < 2$).....	83
表 4.2 三研究議題共現組合統計.....	84
表 4.3 四研究議題共現組合統計.....	85
表 4.4 五研究議題共現組合統計.....	86
表 4.5 單一研究議題之篇數分布.....	87
表 4.6 研究議題對之篇數分布.....	88
表 4.7 研究議題熱門度之 Jaccard 值.....	90
表 4.8 熱門研究議題對之研究人才分布.....	91
表 4.9 研究議題共現頻率之 Jaccard 值.....	91
表 4.10 與「A1.稻熱病」共現之研究議題分布.....	92
表 4.11 與「C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」共現之研究議題分布.....	93
表 4.12 與「C3.基因表現與轉殖研究」共現之研究議題分布.....	93

表 4.13 各研究議題之研究產出時間分布與成長趨勢	95
表 4.14 研究議題對時間相近性之 PCCs 值	99
表 4.15 人才網絡之 ERGM 配適度檢定結果 ($* t\text{-ratio} < 2$)	101
表 4.16 學術發表量排名前十名之研究人才分布	102
表 4.17 學術發表篇數與研究人才數之分布	104
表 4.18 高學術發表量研究人才配對之合著次數分布	105
表 4.19 高學術發表量之研究人才與其合著次數前五名合著者	106
表 4.20 中學術發表量之研究人才與其合著次數前五名合著者	107
表 4.21 低學術發表量之研究人才與其合著次數前五名合著者	108
表 4.22 研究人才之研究年齡分布	109
表 4.23 研究人才配對之研究年齡差分布	110
表 4.24 研究人才對之研究年齡與合著次數前十名	111
表 4.25 研究人才對之研究議題相似度分布	112
表 4.26 研究人才對之研究議題相似度與其相關屬性	113
表 4.27 研究人才對之共同研究議題數分布	113
表 4.28 研究人才對之合著次數分布	114
表 4.29 合著次數前十名研究人才對之發表量與研究年齡	115
表 4.30 合著次數與個別發表量完全匹配之研究人才對分布	115
表 4.31 議題與人才網絡之 MLERGM 配適度檢定結果 ($* t\text{-ratio} < 2$)	118
表 4.32 參與最多研究議題三元組之研究人才前十名	118
表 4.33 研究人才參與度最高之研究議題三元組前十名	119
表 4.34 單一研究議題吸引研究人才之組數分布	120
表 4.35 研究人才對參與度最高之研究議題對分布前十名	121
表 4.36 研究人才參與度最高之研究議題對分布前十名	122
表 4.37 特定研究議題對之研究人才合著與單一研究人才參與分布	124
表 4.38 研究議題對對應之研究人才對對數前十名	125

表 4.39 研究議題對與研究人才多研究議題合著對應關係.....	126
表 4.40 研究人才對研究議題連結及研究議題 2 之連接研究人才數.....	129
表 4.41 單向參與研究議題對之研究人才數分布.....	129





第壹章 緒論

第一節 研究背景

人類造成的氣候變遷導致全球出現頻繁且劇烈的極端氣候事件，對糧食安全、人類健康、經濟發展與社會穩定造成多重衝擊，並對自然環境與人類社會帶來相關損害 (Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC], 2023)。植物病害為全球農業生產力下降的主要因素之一，而氣候變遷進一步加劇病原菌與寄主間的生物交互作用，導致病害更加複雜，也使新興病害的預測與防治面臨更大挑戰 (Chakraborty & Newton, 2011)。

水稻 (*Oryza sativa* L.) 是全球第三大糧食作物，產量僅次於小麥與玉米。近年來，水稻種植面積遍及一百多個國家，總種植面積達 1.6 億公頃，2023 年全球總產量則高達 8 億公噸 (Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], 2024)。作為主要糧食作物，水稻同時也是多種病原與害蟲的寄主，尤其是在高溫潮濕的熱帶與副熱帶地區，病害種類繁多，對產量與品質造成重大威脅 (Ristaino et al., 2021; Savary et al., 2019)。

由於水稻具有深遠的社會與經濟影響力，其研究量亦居農業科學之冠。在氣候變遷與糧食安全風險同步加劇的背景下，深入探討水稻病害研究領域中學者之間的合作關係與研究議題的連結，不僅有助於掌握研究資源與核心議題的分布狀況 (IPCC, 2023)，亦可揭示跨領域整合的深度與潛力 (Ristaino et al., 2021)。根據 Garg 與 Tripathi (2014) 的調查指出，2008 年至 2010 年間，水稻相關研究佔所有作物類別文獻的比重超過 47%，顯示水稻已成為全球研究最密集的作物之一。

近年來，分子生物學與基因體技術的迅速發展，為生命科學帶來新的研究模式，進而推動農業技術應用，並使水稻研究合作趨於制度化與多元化 (Li et al., 2018)。隨著學術合作日趨頻繁，書目計量研究顯示，多學科合著文獻比例在過去數十年間呈現穩定上升趨勢 (Adams, 2012; Glänzel & Schubert, 2004)。合著文獻普遍視為量

化科學合作的主要指標（張郁蔚，2011）。而團隊科學則強調不同學科的知識、方法和專業知識的整合，藉以形成新的框架，催化科學發現與技術創新。

在植物病害持續出現與演化的挑戰下，應對策略日益仰賴跨學科研究團隊在多層次、多尺度上展開合作（Ristaino et al., 2021）。以印度等稻作大國為例，其公共研究機構與國內外大學、研究中心及私人企業之間的合作已具制度化趨勢（Kumar et al., 2020）。因此，深入理解水稻作物研究領域中合作模式與知識連結，有助於揭示科學資源分配與技術發展的趨勢。


為有效描繪並分析學術合著網絡結構，網絡分析方法可用以揭示研究者之間的互動模式，並透過網絡位置與連結結構，辨識核心研究者與潛在合作關係（Wagner & Leydesdorff, 2005），進而為政府機構與研究組織在政策制定與資源配置上提供實證依據（Katz & Martin, 1997; Leydesdorff & Persson, 2010）。其中，指數隨機圖模型（Exponential Random Graph Model, ERGM）具有處理複雜社會網絡的功能，能夠同時納入網絡中的內生變數（endogenous variable）與外生變數（exogenous variable），且強調網絡節點間的相互依賴性，即既有的連結將影響未來關係的形成機率。透過模型估計、診斷、模擬與比較等程序，ERGM 不僅能準確預測網絡結構的演變，亦能深入揭示潛在的合作動態與機制（王海花等，2021；Lusher et al., 2013）。

第二節 研究動機

過去二十年間，植物病害相關研究的出版量與關鍵字使用頻率呈現顯著增長 (Patil & Kumar, 2021; Tang et al., 2022)。其中，關鍵字共現網絡分析方法已廣泛應用於大規模文獻中，以辨識研究議題間的連結特徵、發展趨勢和協同作用 (Tang et al., 2022)。例如，Patil 等人 (2023) 探討文獻計量分析網絡在作物病害偵測中的應用，而 Patil 與 Kumar (2021) 則整合氣候資料與機器學習技術進行病害預測分析。這些研究多仰賴 VOSviewer、Gephi 和詞雲分析等視覺化工具，以呈現特定領域之研究模式與知識結構 (Lebrini & Ayerdi Gotor, 2024; Patil et al., 2023)。

另一方面，學術合著行為常反映研究人才於專業領域外的合作開放性與跨領域參與程度。儘管整體合著研究持續增加，惟在植物病蟲害領域中，聚焦於學科合作網絡的實證研究仍屬有限，尤以針對水稻病害之研究人才合作結構分析更顯缺乏。現有網絡研究多著眼於政策層面的利害關係人互動，如 McAllister 等人 (2015, 2017) 即從地方與國家層級探討香蕉葉斑病防治中，利害關係人之協作網絡與政策效能評估。其中，ERGM 作為一種處理網絡結構中機率性依賴關係的統計模型，已廣泛應用於社會科學、資訊科學及生命科學領域，以探討節點與邊的形成機制與影響因素 (Hunter et al., 2008; Wang et al., 2009)。此外，ERGM 亦能擴展應用於多層次網絡 (multilevel networks) 之建模分析，用以探討不同類型節點及其跨層連結關係。

整體而言，既有研究多透過關鍵字共現分析或文獻計量方法，描繪研究議題的發展趨勢與知識結構 (Patil & Kumar, 2021; Tang et al., 2022)，或聚焦於學術合作行為，探討研究者在特定政策或治理脈絡下之協作模式 (McAllister et al., 2015, 2017)。然而，無論著重於研究議題或研究人才，相關研究多半侷限於單一層次之網絡分析視角，將研究議題與研究人才視為彼此獨立的分析單元，因而難以說明研究議題之連結特徵如何實際影響研究人才之合著行為。



事實上，學術合作並非僅由個別研究者屬性或制度因素所決定，而是深受其所嵌入之研究議題結構所形塑。研究議題之間的共現關係、主題集中程度與發展同步性，可能影響研究人才跨議題參與與形成合作關係的機率。若僅以單模網絡分別分析研究議題或研究人才，將無法解析此種跨層次的結構依賴關係。

綜合以上考量，本研究將研究議題與研究人才視為相互關聯之不同層次節點，結合資訊計量學方法與多層次網絡分析技術，運用 multilevel ERGM 系統性檢驗研究議題連結特徵對研究人才合著模式之影響。研究將以近二十年水稻病害相關文獻為分析對象，分析研究議題之分類與連結結構、研究人才之分布與合著關係，並進一步透過跨層連結，探討研究議題結構如何形塑研究人才之合著關係，以補足既有文獻在水稻病害研究領域中，對知識結構與學術合作關係整合分析之不足。

本研究期望藉由資訊計量分析，釐清水稻病害研究之研究議題連結特徵與研究人才合著模式，除補足過往對該領域研究的不足外，亦可作為未來相關研究在議題規劃與跨領域合著上的參考基礎，進一步促進病害防治知識的系統整合與學術資源之有效連結。



第三節 研究目的

在氣候變遷、病害頻繁發生與糧食安全壓力日益加劇的背景下，水稻病害相關研究的重要性迅速提升，相關知識的積累與應用亦愈加依賴跨領域合作與技術整合。Ristaino 等人（2021）研究指出，複合型議題如氣候變遷、生物防治與分子診斷的交會，往往促進不同專業背景的研究人才建立合著關係，並推動學術創新與技術落實。然而，面對龐雜且快速演進的研究脈絡，若能釐清各研究議題間的連結特徵，且進一步連結至研究人才的合著關係，將有助於掌握學術界的核心關注焦點與未來發展方向。

基於上述，本研究以水稻病害領域為核心，透過資訊計量分析方法，釐清近二十年水稻病害相關研究的發展脈絡，進一步探討水稻病害研究議題間的連結特徵與研究人才的合著關係。詳細研究目的如下：

一、探討影響水稻病害研究議題間互相連結之特徵

隨著水稻病害研究的持續發展，相關文獻呈現出高度多樣化與專業化趨勢。不同研究議題之間的連結特徵，反映該領域知識結構的組成方式與研究議題整合的樣態。面對研究議題快速擴展與知識結構日益複雜的情形，若能有效掌握水稻病害領域中不同議題間的連結特徵，將有助於理解該領域的研究重心與議題發展脈絡。

為此，本研究首先運用資訊計量與關鍵字分析，歸納水稻病害相關之主要研究議題，並將各研究議題視為網絡中的節點；當兩個研究議題於同一篇文獻中共同出現時，即於節點間建立連結，藉此建構研究議題共現網絡。進一步分析研究議題間的連結結構、共同出現頻率較高之研究議題組合，以及其於不同時期之出現變化與時間相近特性。透過以上系統化的研究議題分析，不僅能為研究人才擬定議題選擇與合著策略的參考依據，並協助學術機構、資源管理者與政策制定者評估具高潛力與投資價值的關鍵研究方向，進一步改善水稻病害相關科學研究的資源配置與合著策略。



二、探討影響水稻病害研究人才間合著關係之特徵

農業科學研究成果的累積，深受研究人才專業背景、研究團隊組成與合著關係所影響，特別是在水稻病害這類高度依賴跨學科整合的領域中更為顯著。若能深入了解研究人才的專業特徵與合著網絡，有助於掌握當前研究人才的分布情形，以及可能影響合著形成的關鍵因素。

為此，本研究以水稻病害領域之研究人才為對象，並將各研究人才視為網絡中的節點；當兩位研究人才於同一篇文獻中共同出現時，即於節點間建立合著連結，以建構研究人才合著網絡，並進一步分析其網絡結構特徵，以及探討研究人才之專業背景與學術表現對合著關係形成之影響。研究重點在於檢驗合著是否傾向發生於高發表量或資歷相近之研究人才間，以及研究議題相似性與合著次數對合著關係之影響，進而歸納影響研究人才合著行為之關鍵特徵。此結果對於農業科學相關領域的學者與實務推動者提供未來跨領域合著策略建議，並協助年輕學者定位自身在研究社群中的角色，提升資源整合與參與重大議題的能力。

三、探討水稻病害研究議題的連結如何影響研究人才的合著關係

在水稻病害研究領域中，研究議題之間的連結結構不僅反映知識發展脈絡，亦可能影響研究人才之合著模式，研究議題間的關聯性越密切，可能越容易促成研究人才之合著行為，並形塑研究團隊的結構特徵與整體學術網絡的運作方式。

因此，本研究將整合前述兩項研究目的分析結果，建構多層次網絡架構，並運用 MLERGM，檢驗研究議題連結特徵是否對研究人才合著關係的形成機率與合著模式產生影響。藉由跨層次連結的實證分析，說明研究議題結構與研究人才合著行為之間的關聯機制，補足既有水稻病害研究中對知識結構與學術合著整合分析之不足。

第四節 名詞解釋

進入本研究的正式討論前，本節先針對 5 個名詞觀念做統一解釋。釐清「研究議題」、「研究人才」、「熱門研究議題」、「研究議題共現」，以及「研究人才合著」於本研究之定義與範疇。

(一) 研究議題

「研究議題」是由本研究將每篇學術文獻主題與關鍵字彙整後，歸納出共同建構出的主題單元，如病原、病理機制、病蟲害管理、田間監測方法、抗病品種培育等，能夠展現在水稻病害領域中，不同作者所關注與探討的主要問題與趨勢。

(二) 研究人才

「研究人才」在本研究中指有發表與水稻病害相關學術文獻的所有作者。並依作者所發表的文獻數量與共同作者關聯，衡量不同作者在此領域中的活躍程度。

(三) 熱門研究議題

「熱門研究議題」是依發表量與關鍵字出現頻率所衡量出的近年高度關注與被頻繁探討的水稻病害相關研究議題。依文獻統計，若某一研究議題近年發表量與關鍵字共同出現次數處於前列，即視為「熱門」議題，用以衡量該領域當前備受關注的研究議題與其發展趨勢。

(四) 研究議題共現

「研究議題共現」表示至少有兩個研究議題同時出現在同一篇文獻中，以衡量不同研究議題間的關聯性。若有若干研究議題屢次共同出現在同一篇文獻中，則可推論它們有高度關聯性，形成一種研究議題共同出現的網絡。

(五) 研究人才合著

「研究人才合著」是指不同作者共同發表同一篇文獻，藉此衡量作者間的合著關係，展現於水稻病害相關問題的合著網絡。依文獻整理出的共同作者資料，若有若干作者常與他人共同發表文獻，表示該作者與同儕有高度合著關係，形成緊密的學術群。

第貳章 文獻探討



第一節 水稻病害與其相關研究議題


本節將介紹水稻與其常見病害類型、水稻病害之鑑定、監測與防治技術，以及水稻病害研究議題的網絡結構。旨在闡述水稻病害研究議題演化與研究人才關注研究議題的變遷，釐清不同研究議題間的連結特徵，進一步了解各研究議題的熱門程度、共現頻率與時間相近性。透過文獻計量與關鍵字分析，歸納近二十年來水稻病害相關文獻中出現的主要研究議題，建立議題間的連結網絡，以識別常見的共現組合與研究議題之間的高度連結。

一、水稻與其常見病害

(一) 水稻介紹

水稻 (*Oryza sativa* L.) 是全球第三大糧食作物，僅次於小麥與玉米，並在超過百個國家中栽培，年種植面積達 1.6 億公頃，2023 年全球總產量達 8 億公噸 (FAO, 2024)。主要生產國包括中國、印度、印尼等亞洲國家，這些國家佔全球水稻產量的 90% (FAO, 2024)。水稻屬禾本科，是一年生單子葉植物，栽培稻分為亞洲種 (*Oryza sativa*) 與非洲種 (*Oryza glaberrima*)，其中亞洲種主要栽培，包括秈稻 (*Indica*)、粳稻 (*Japonica*) 和爪哇型 (*Javanica*) (Nourollah, 2016)。不同品種適應不同氣候，秈稻多栽培於熱帶地區，米粒長且低黏性；粳稻則適應較冷氣候，米粒短且黏性高 (楊嘉凌等, 2016)。

水稻具有極強的適應性，能在多種土壤和氣候條件下生長，特別是低地灌溉稻米種植佔全球 75%，對亞洲糧食安全至關重要 (Atique-ur-Rehman et al., 2018; Chauhan et al., 2017)。臺灣位於北方溫帶與南方熱帶的交會處，形成多樣的水稻品種和栽培模式。根據農業部農糧署稻米生產量調查報告計算顯示，2024 年臺灣的兩期稻作總產量超過 120 萬公噸，種植面積約 24 萬公頃。



臺灣水稻栽培歷史悠久，從史前時期的碳化稻米遺跡到現代水稻品種的發展，經歷荷蘭殖民、明鄭、日治等時期的技術引進與品種改良。特別是日治時期引進的稈稻品種，經育種改良後適應當地氣候，並深刻影響今日的米食文化（楊嘉凌等，2016）。水稻在臺灣不僅是重要的糧食作物，還對農村經濟、社會穩定及文化傳承具有深遠意義（楊嘉凌等，2016）。

（二）水稻病害類型

隨著氣候變遷和全球暖化的加劇，水稻面臨日益嚴重的病蟲害威脅，這些病蟲害對水稻的生產力和種植範圍造成顯著影響（Hussain et al., 2020）。根據國際稻米研究所（International Rice Research Institute, IRRI）2012 年的報告，病蟲害可使稻米產量減少高達 37%，並在不同農業條件下，實際影響範圍可達 24%至 41%。在不同的生產系統中，損失情況有所差異，例如，在一年種植兩至三季水稻的集約化灌溉系統中，病蟲害造成的損失較為嚴重；而在一年僅種植一季水稻的兩養系統中，損失相對較少（IRRI, 2012）。此外，特定病害對產量的影響也相當顯著，如稻熱病在某些情況下可導致高達 50%的產量損失（Khokhar et al., 2024）。

水稻病害可分為生物性和非生物性兩大類。生物性病害由真菌、細菌、病毒、線蟲及害蟲等病原引起，並透過水、風、昆蟲或農具傳播，對水稻健康造成威脅；非生物性病害則源於環境因素，如凍害、乾旱、藥害等，雖不具傳染性，但會削弱植物抵抗病原的能力，從而使水稻更易受感染（Zahra et al., 2023）。

1. 生物性病害

植物傳染性病害主要由真菌、細菌、病毒、原蟲等病原生物、昆蟲及寄生植物等生物性因子所引起（Nazarov et al., 2020）。真菌性病害如稻熱病、紋枯病和褐斑病等，細菌性葉枯病亦是重要病害（Singh et al., 2019）。

此外，水稻黃斑駁病毒和線蟲感染也對作物構成威脅，這些病原可引發多種病徵，導致顯著的產量損失，且其盛行率在不同地區可達 7%至 100%（Andargie et al., 2024）。隨著農業的發展，植物傳染性病害已成為影響農作物產量和經濟效益日益重要的因素。



(1) 真菌

在水稻病害類型中，真菌性病害為全球稻作生產最為普遍且破壞性顯著的病害類型。稻熱病 (*Pyricularia oryzae*) 為分布最廣且危害最嚴重之病害之一，據統計每年可造成水稻產量 10-30% 的損失，嚴重爆發時甚至高達 60-100% (Chauhan et al., 2017; Miah et al., 2013)。其流行與環境濕度、溫度變化及施肥管理密切相關，特別是在臺灣第一期作 (2 至 6 月) 期間，於葉片及穗部之侵染尤為嚴重 (林駿奇, 2012)。

胡麻葉枯病 (*Bipolaris oryzae*) 為臺灣稻區常見病害，於稻作生長後期易發生，特別是在土壤貧瘠或乾旱條件下，其對葉片及穀粒品質構成威脅 (周泳成等, 2010)。秧苗立枯病則為一種新興病害，主要由 *Pythium* spp. 等病原菌引起，造成秧苗大量枯死，對育苗期之產量與品質形成潛在風險 (Lamichhane et al., 2017)。此外，徒長病 (*Fusarium moniliforme*) 為典型種子傳播型病害，病株常表現出異常伸長與葉色黃化等生理症狀，嚴重影響秧苗活力與移植成效 (周泳成等, 2010)。

在成熟期階段，小粒菌核病 (*Sclerotinia sclerotiorum*)、穗腐病與根腐病等病害由具廣泛寄主範圍之壞死型病原菌引起，對莖稈與穗部造成褐化、腐敗等症狀，導致植株倒伏與產量劇降 (Gopika et al., 2016; Williamson-Benavides & Dhingra, 2021)。其中，紋枯病 (*Rhizoctonia solani*) 在高溫高濕條件下極易流行，病斑常由葉鞘基部向上擴展，導致整株葉片枯萎，是熱帶與副熱帶地區主要的水稻病害之一，每年平均產量損失達 14-17% (林駿奇, 2012)。

其它如葉鞘腐敗病、苗腐敗病及稻麴病，則屬於多種病原複合感染之病害，不僅危及田間生長，更因部分病原產生黴菌毒素而對食米品質與食品安全造成威脅 (Bigirimana et al., 2015; Sun et al., 2020)。總體而言，真菌性病害不僅影響水稻產量，更對全球糧食安全構成持續挑戰，需藉由病原鑑定、耕作管理與抗病品種開發等多元策略予以控制。

(2) 細菌

在水稻主要病害中，細菌性病害因其擴散速度快與氣候敏感性高，對亞洲地區

稻作生產構成顯著威脅。其中，細菌性基腐病 (bacterial foot rot) 由 *Dickeya zeae* 引起，常見於中國及東南亞地區，病徵表現為分蘖部位黑褐色腐敗，病斑由葉舌區蔓延至節間、稈部與冠根，並伴隨惡臭軟腐現象 (林靜宜等, 2016; Liu et al., 2013; Pu et al., 2012)。

細菌性條斑病 (bacterial leaf streak) 則由 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* (Xoc) 引起，分布於亞洲及非洲多國，病原主要定殖於葉片薄壁組織，並可透過種子傳播，造成水漬狀條斑及黃色半透明病徵，並於葉面形成滲出物 (Niño-Liu et al., 2006; Wonni et al., 2011)。有研究指出，Xoc 具抑制水稻抗性基因防禦反應之能力，或可解釋該病在栽培種與野生稻中皆難以控制的現象 (Makino et al., 2006)。

白葉枯病 (bacterial leaf blight, BLB) 為全球最具破壞性的細菌病害之一，病原 *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* 可由水孔或傷口侵入，造成葉緣波浪狀黃化病斑，並藉雨水、露水及田間作業擴散傳播，尤以分蘖盛期遇颱風或豪雨時發生最為嚴重 (周泳成等, 2010)。此外，近年研究也指出泛菌屬 (*Pantoea* spp.) 中之 *P. ananatis* 與 *P. stewartii* 為水稻擬白葉枯病 (pseudo-BLB) 之潛在病原，並與稻米之鞘腐與粒腐病相關 (Choi et al., 2012; Kini et al., 2021)。

(3) 病毒

水稻病毒性病害普遍對亞洲與非洲等地區之稻作生產構成重大威脅。水稻黑條矮縮病毒 (Rice black-streaked dwarf virus, RBSDV) 為東亞地區具毀滅性之病毒病原，主要經由小褐飛蝨 (*Laodelphax striatellus*) 持續傳播，導致受害植株出現嚴重矮化與葉形畸變 (Sun et al., 2017; Wu et al., 2020)。RBSDV 具備 10 個 dsRNA 片段組成的基因組，使感染性克隆的建立面臨技術挑戰 (Sun et al., 2017)。大部分水稻品種對其極為敏感，其中私稻亞群之發病率略低於粳稻 (Wu et al., 2020)。

東南亞與南亞地區廣泛流行的東格羅病 (Rice Tungro Disease) 為一種由病毒複合體引起的重要水稻病害。該病害由兩種病毒共同作用：水稻東格羅桿狀病毒 (Rice Tungro Bacilliform Virus, RTBV) 與水稻東格羅球狀病毒 (Rice Tungro Spherical Virus, RTSV)。RTBV 為具有環狀雙股 DNA 的植物副逆轉錄病毒，RTSV

則為具 10-12 kb 單股 RNA 基因組的病毒，後者在傳播機制上可協助 RTBV 進入寄主，增加感染效率。近年研究指出，兩者皆可透過逆轉錄環介導等溫擴增法 (Reverse Transcription Loop-mediated Isothermal Amplification, RT-LAMP) 進行快速且準確的檢測，有助於田間快速篩檢與疫情監控 (Dey et al., 2024)。

在東亞稻區，水稻條紋病毒 (Rice stripe virus, RSV) 由小褐飛蝨傳播，導致產量嚴重損失。該病毒顯著改變水稻基因表達，抑制葉綠體與開花相關基因之表現，並促進與壓力反應及代謝途徑有關的基因活化 (Cho et al., 2015)。研究人員開發出高靈敏度的一步式即時 RT-PCR 技術，優於傳統 ELISA 1 萬倍，用以偵測水稻與昆蟲體內之病毒量 (Zhang et al., 2008)，並積極培育具抗 RSV 性狀之水稻品系 (Cho et al., 2013)。

非洲地區則以水稻黃斑病毒 (Rice yellow mottle virus, RYMV) 為主要威脅，尤其在撒哈拉以南非洲地區，其所造成的損失可高達 100% (Suvi et al., 2019)。此病毒最早發現於肯亞，經由甲蟲與蚱蜢等昆蟲傳播，並可經機械方式傳染，感染範圍主要限於禾本科作物 (Koudamilo et al., 2015)。

(4) 線蟲與菌植體

水稻白尖病 (white-tip disease) 由寄生性線蟲 *Aphelenchoides besseyi* 引起，為全球多個水稻種植地區的重大經濟問題，且在中國已有發病報導 (Ou et al., 2014)。此病害導致葉尖呈現白化或黃化、旗葉扭曲、生長發育受阻與穗部縮小等病徵 (Ou et al., 2014)。*A. besseyi* 主要定殖於主莖，濃度高於分蘗部位，其生命週期涵蓋從種子傳播至幼苗，再轉移至植株上部組織，在分蘗階段迅速增殖 (Yang et al., 2023a)。

此外，菌植體 (phytoplasma) 亦為水稻潛在威脅之一。近年亞洲各國報導多種與水稻病害相關之菌植體，其中以稻橙葉 (Rice Orange Leaf, ROL) 病原體最具代表性，主要造成葉色變異與植株矮化 (Ong et al., 2021)。該病原首次由 Valarmathi 等人 (2013) 在印度以巢式 PCR 與基因序列分析進行鑑定，屬 16SrI 組群。ROL 植原體在東南亞各國間呈現高度遺傳變異，推測其可能起源於印度、泰國與柬埔寨地區 (Ong et al., 2021)。菌植體主要累積於韌皮部，進一步干擾碳水化合物的運輸



與澱粉儲存。其傳播依賴昆蟲媒介如 *Nephotettix virescens* 與 *Recilia dorsalis* (Ong et al., 2021)。


2. 非生物性病害

水稻生產面臨多種非生物性逆境，嚴重影響其生育進程與最終產量表現。根據相關研究，非生物性逆境因子可細分為化學物質（如重金屬污染）、土壤障礙、寒害、洪水、乾旱、倒伏、鹽害與農藥藥害等類型 (Arif et al., 2019; Dar et al., 2021)。這些因子往往因氣候變遷、耕作制度變化與人為活動而加劇，導致水稻作物在不同生育階段表現出各異的生理反應與適應策略。

化學污染對水稻生理與人類健康構成重大威脅，土壤與稻米中鎘、汞、鉛、砷等重金屬的積累，不僅受土壤性質與人為活動影響，亦可能導致光合作用抑制與細胞損傷 (Sharma et al., 2021)。重金屬工業廢水與藥物殘留亦會引發氧化壓力並抑制水稻幼苗生長 (Seneviratne et al., 2019)。土壤條件亦深刻影響水稻表現，黏質土壤多優於砂壤土，而氮與硫的可用性則決定米質與蛋白質含量 (Haefele et al., 2014)。然而，灌溉與氮肥管理雖可提升產量，但在高灌溉條件下，易加劇深層滲漏與氮素淋洗風險，對地下水與農業永續性構成潛在威脅 (Xu et al., 2020)。

寒害則影響水稻自發芽至籽粒灌漿各發育階段，尤以生殖期遭遇低溫最易導致小穗不育，進而對最終產量造成嚴重影響 (Cruz et al., 2013)。其危害程度受低溫持續時間與水稻品種差異所影響，儘管粳稻較耐寒，對秈稻之耐寒性改良仍具挑戰性 (Singh et al., 2017)。洪水亦為全球水稻生產之限制因子，對作物造成重大經濟損失 (Panda & Barik, 2021)。水稻對不同洪水類型展現不同反應，如早期短期洪水可能提升生產力；而乾旱脅迫則透過形態、生理與分子層級影響水稻，如氣孔關閉、光合作用受限與活性氧積累等，進而誘發抗氧化防禦機制 (Nahar et al., 2016)。其對籽粒灌漿階段影響尤為顯著，常導致小穗不孕與產量下降 (Su et al., 2014)。

倒伏則受到品種、施肥與環境交互作用影響。高產雜交稻與過量氮肥施用會增加植株高度與倒伏風險 (Liao et al., 2023)。水稻倒伏以發生於基部節間之莖稈倒伏最為常見，直播稻因稈基穩定性不足而更易倒伏 (Liu et al., 2024)。倒伏不僅降



低產量與米質，亦提高收穫成本 (Salassi et al., 2013)。鹽害為另一顯著逆境，其導致植株生長抑制、葉片失綠、光合作用降低與氧化壓力升高，進而影響產量與品質 (Rodríguez Coca et al., 2023)。最後，農藥雖為水稻病蟲害管理的重要工具，但其濫用可能對產量與生態系統造成負面影響，並提高次生害蟲與生態退化的風險 (Fuad et al., 2012)。

二、水稻病害鑑定、監測與防治

(一) 水稻病害診斷鑑定

快速且準確地診斷作物病害是確保全球糧食安全、維護生態系統完整性和維持農業生產力的關鍵。傳統的診斷方法雖然準確，但通常耗時、耗資源，且不適合即時現場應用，而便攜式診斷工具的出現，可以直接在現場快速地檢測病原菌 (Yadav & Yadav, 2025)。其中，快速且準確診斷水稻病害亦是防治的關鍵之一。傳統方法如病徵觀察、病原分離、生理生化測試及血清學檢定，雖具基礎價值，但多耗時、易誤判，準確性亦受限 (陳任芳, 1999)。因此，發展具高專一性的快速診斷技術，對提升病害管理效率極為重要。

常見診斷流程包括：(1) 辨識健康與異常作物的外觀與生理變化；(2) 檢查植株如根、莖、葉、花及果實的病變；(3) 進行顯微鏡檢查以初步確認昆蟲危害；(4) 如疑似病原微生物所致，對真菌進行組織分離並回接寄主，細菌則觀察切面是否有菌流或乳白汁液流出；(5) 若為線蟲，將土壤樣本送實驗室以柏門氏漏斗分離檢查；(6) 如疑似病毒，則先根據病徵初判，並送檢確認；(7) 參考檢索表進行系統性鑑定；(8) 若排除生物性因素，則檢視栽培管理，釐清是否為生理障礙、藥害或肥害 (周明燕等, 2011)。

水稻病害之診斷與鑑定技術，已由傳統依賴病徵觀察的方式，逐步發展為結合分子檢測與影像分析的精準方法。對於真菌性病害而言，分子技術如 PCR 與 LAMP 提供快速且特異的現場檢測方式；此外，深度學習技術，尤其是卷積神經網絡 (CNN)，在自動病害識別方面亦展現出顯著的準確性 (Lu et al., 2017)。相較之下，



細菌性病害中，以由 *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* 引起的白葉枯病對水稻生產威脅尤為嚴重，相關研究顯示，多光譜與多模態成像技術已能有效辨識其病徵，並為病害監測與傳播控制提供重要資訊 (Sangare et al., 2015)。

對於病毒性病害，酵素聯結免疫吸附測定 (enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA) 等血清學技術廣泛應用於病毒檢測，而 RT-PCR 和 RT-LAMP 等分子方法則提供更高的靈敏度與特異性，特別是 RT-LAMP 能在無需昂貴設備的情況下快速提供結果 (Sasaya, 2014)。進一步的技術進展包括次世代定序與即時 RT-PCR，用於病毒量化與基因組分析 (Uehara-Ichiki et al., 2013)。稻田中已廣泛發現對水稻生產造成重大損失的線蟲，尤其是貝氏滑刃線蟲 (*Aphelenchoides besseyi*)、根結線蟲等 (Nurjayadi et al., 2015; Pascual et al., 2014)。PCR 與 DNA 定序等分子技術，已用來精確識別這些線蟲，並開發針對常見線蟲的物種特異性標記 (da Silva Mattos et al., 2019)。

此外，水稻橙葉病由稻橙葉植原體引起，對亞洲水稻生產具有威脅。該病害的診斷依賴於多種分子技術，包括巢式 PCR 與限制性片段長度多態性 (RFLP) 分析，以區分不同的植原體株系 (Bertaccini et al., 2019; Valarmathi et al., 2013)。

(二) 水稻病害監測技術

水稻病害監測技術的最新進展主要集中在影像處理與遙感技術上。非破壞性監測方法廣泛運用高光譜、多光譜及熱紅外線資料 (Zheng et al., 2023)，同時，機器學習演算法如支持向量機 (support vector machine, SVM) 和 k-近鄰 (k-NN) 已成功用於葉片圖像的病害分類 (Swetha & Shravani, 2020)。此外，行動應用程式的開發使農民能夠即時拍攝並上傳圖像進行病害診斷，進一步提升病害管理效率 (Ramesh & Vydeki, 2018; Swetha & Shravani, 2020)。結合智慧型手機、無人機等資訊和通訊技術，可進一步提升數據收集與分析能力 (Fan et al., 2020)。透過這些先進技術，病害的早期檢測和及時診斷將大幅降低勞動成本並提高農業生產力。

機器學習技術在水稻病害早期檢測中的應用也取得顯著進展，尤其是使用深度學習方法如 InceptionResNetV2 和 XceptionNet 等遷移學習技術，顯示出優越的

性能 (Sharma et al., 2021)。這些技術有望減少作物損失並提高生產力，然而，研究者認為需要更大的數據集來進一步提升這些技術的可靠性 (Sharma et al., 2021)。

影像辨識技術，特別是卷積神經網絡 (CNN) 的應用，顯著提升水稻病害的檢測效率。Sangaiah 等人 (2024) 透過 YOLOv3 等方法，在水稻三種主要病害的檢測中實現 86% 的精確度。此外，微調的大型架構如 VGG16 和 Inception V3，也證明其在病害識別中的高效性 (Salka et al., 2025)。這些技術可實現即時且準確的水稻病害檢測，減少經濟損失並提高作物產量。

(三) 水稻病害防治方式

水稻病害防治對全球糧食安全具有重要意義，需採取綜合防治策略以降低病害影響。傳統化學防治雖能有效控制病害，卻容易引發環境污染與病原菌抗藥性問題 (Akhtar et al., 2024)。因此，現代水稻病害管理逐步轉向永續性策略，涵蓋物理、生物、耕作、育種及非農藥管理 (non-pesticidal management, NPM) 等方法，並結合基因編輯、奈米技術與植物免疫誘導等新興科技來增強病害抵抗力 (Pan et al., 2023)。綜合防治措施包括抗性品種的使用、生物防治劑的應用，以及加強檢疫和法規的執行 (Baker et al., 2020)。

水稻病害防治的方法多樣，從物理、化學、生物及耕作措施到法規和育種手段，均在其中發揮重要作用。物理防治透過適當的栽培方法、抗性品種與健康種子的使用來減少病害 (Agrios, 2005)；化學防治雖仍是常用方法，但生態友好的替代品，如生物防治劑和矽化合物，逐漸成為焦點 (Islam et al., 2020)；生物防治方法如木黴屬與芽孢桿菌屬，為常見且具潛力的病害防治策略，木黴屬主要透過寄生、營養競爭與抗生素作用發揮防治效能，而芽孢桿菌屬則可透過脂肽產生、溶菌酶與誘導系統抗性等機制提升防治效果 (Villavicencio-Vásquez et al., 2025)；耕作防治則通過輪作與栽培管理來減少病害的發展，並提高作物產量 (Peters et al., 2003)。

此外，非農藥管理方法強調環保與永續性，通過輪作、生物防治和調整種植時間等策略來減少對化學農藥的依賴 (Huang et al., 2014)。最後，育種防治借助分子技術開發抗性水稻品種，提升作物對病害的抵抗力 (Deng et al., 2020)。總之，綜

合病害管理的實施，需要跨學科的合作與持續的研究，才能有效應對水稻病害帶來的挑戰，保障全球糧食安全。



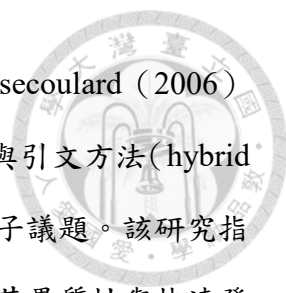
三、水稻病害研究議題的網絡結構

近年來，水稻病害研究逐漸重視病害識別與防治過程中所涉及的其它因素，包括環境條件、基因調控機制以及政策導向等，並開始引入網絡結構分析方法以探討其知識體系的組織與演化 (Lebrini & Ayerdi Gotor, 2024; McAllister et al., 2015, 2017; Patil et al., 2023; Patil & Kumar, 2021; Tang et al., 2022)。在此基礎上，近十年水稻病害研究在議題內容的拓展與國際合作的深化方面，亦呈現顯著成長。例如，中國與印度等主要水稻生產國已逐步建立起跨國合作網絡，推動技術交流與知識轉移 (Ali et al., 2022)。

將 ERGM 用於分析研究議題共現網絡時，不少研究會根據理論考量加入外生變數，以協助解釋哪些因素可能影響研究議題彼此共現的機率。相關文獻中，Ardon 等人 (2013)、Lusher 等人 (2013)、Yan (2014) 以及 Zitt 與 Bassecoulard (2006) 等學者分別探討多項影響議題共現的關鍵變數，包括主題連續性 (topic continuity)、主題熱門度 (topic popularity)、共現次數 (co-occurrence count)、時間趨勢相似性 (temporal trend similarity) 與時間集中度差異 (difference in temporal concentration) 等。針對上述研究，本研究進一步整理與歸納常見且具代表性的議題共現外生變數，並將其歸類為三大面向：其一，主題連續性與主題熱門度可整合為「議題熱門度 (topic popularity)」，用以衡量議題在整體研究中的關注程度；其二，共現次數即構成「共現頻率 (co-occurrence frequency)」，反映議題間實際共同出現的強度；其三，時間趨勢相似性與集中度差異則可合併為「時間相近性 (temporal proximity)」，評估不同議題在發展歷程上的同步程度。此分類有助於從多面向檢視議題共現的結構性特徵，並提供理論依據納入 ERGM 建模之中。

(一) 研究議題熱門度


研究議題的熱門程度反映學術社群對某一知識領域的關注強度與演化趨勢，



對於掌握學術發展脈絡與預測研究方向具關鍵意義。Zitt 與 Bassecouard (2006) 以奈米科學為例，提出結合詞彙分析與引文關係的「混合式詞彙與引文方法 (hybrid lexical-citation method)」，用以界定新興科學領域之核心結構與子議題。該研究指出，奈米科學涵蓋物理、化學、材料、生物與工程等多重學科，其異質性與快速發展導致學科邊界模糊，對傳統學科分類方法造成挑戰。為因應此問題，此研究透過標題與關鍵字建立初步的種子文獻集合，再藉由共被引與文獻耦合關係擴展資料集，最終建構出整體領域輪廓與內部結構。藉由分析標題關鍵字、共被引關係與文獻耦合模式，此研究有效辨識出奈米材料、奈米量測、奈米醫學等具高度關注度的子領域，顯示研究議題熱門度可從不同研究議題之間的連結特徵與分布情形加以掌握。此方法亦強調避免僅採單一分析技術，避免造成研究議題識別過於分散或侷限，進而提供分析新興與跨領域議題熱門度的策略依據。

Yan(2014)探討學術文獻中研究主題的長期發展趨勢，提出「主題連續性 (topic continuity)」與「主題熱門度 (topic popularity)」兩項屬性，用以評估主題的穩定性與受關注程度。前者涵蓋穩定、集中、稀釋、零散、轉換與新興等六種主題類型，後者則依據文獻覆蓋度與擴展速度區分為上升、下降與波動三類。其研究識別出 66 個主題，其中 49 個具五年以上連續性，顯示資訊科學領域存在持久而穩定的研究關注。特別是「資訊檢索」、「引文分析」、「系統與技術」與「健康資訊」等領域具有高熱門度與長期關注，「線上社群」、「社群媒體」等新興主題亦快速崛起。此外，研究亦揭示主題演化過程，如「文件檢索」於 2006 年分化為多個主題，最終整合為 2008 年的「網頁檢索評估模型」。這些發現不僅呈現資訊科學領域的發展脈絡，更對未來科學政策與研究方向具有啟發意義，主題變化可反映政策導向與社會關注焦點，提供規劃研究資源的依據，對於提升學術交流與促進合作亦具有指標功能，有助於強化研究影響力。


Porter 與 Rafols (2009) 則由跨學科的視角探討研究議題的發展熱門度，探討科學活動是否逐漸呈現跨學科趨勢，透過對生物技術與應用微生物學、電子工程、數學、實驗醫學、神經科學以及原子與分子物理學六個研究領域進行長期追蹤分析，



並提出整合分數 (Rao-Stirling diversity)、關鍵字分布、主題多樣性指標 (diversity measures) 及主題共現矩陣等方法，衡量各研究主題在不同時間點上的出現頻率與交互連結程度。他們發現，不同領域之間跨學科程度的變化不一致，例如奈米科技領域展現出較強的跨學科趨勢，而某些成熟領域則相對穩定。研究結果顯示，「跨學科性」並非單一線性趨勢，反而受到研究政策、學術文化與資金配置等多重因素影響。因此，僅以單一指標難以完整反映跨學科的多樣樣貌，需採多元面向評估跨學科性。

Zhang 等人 (2017) 透過隱含狄利克雷分布 (Latent Dirichlet Allocation, LDA) 對《Knowledge-Based Systems》(KnoSys) 期刊自 1991 至 2016 年的文獻進行分析，以識別研究熱點並預測主題的演變趨勢。在該研究中，作者使用 LDA 模型建立「詞—主題—文獻」的層次結構，並計算每個主題在所有文獻中的總比例，以此作為衡量主題熱門度的指標。結果識別出六大研究主題，包括專家系統、機器學習、資料探勘、決策、最佳化與模糊邏輯。研究指出 KnoSys 領域自 1991 年以來在資訊檢索與知識發現等主題呈現顯著上升，並顯示計算智慧相關主題逐漸受到關注，未來應聚焦於新興研究議題與高階資料分析方法的應用。

在學術網絡分析中，除了熱門度之外，研究主題之間的語意關聯性亦是理解合作關係形成的重要因素。Liu 等人 (2017) 提出整合語意輪廓 (semantic profile) 與聯合詞嵌入 (joint word embedding) 方法，以提升學術文獻間主題相似性之測度精度。他們指出，傳統詞頻為基礎的模型難以反映語意結構，因此設計融合語境與語意空間的多維嵌入技術，在分類與推薦任務中顯著優於 TF-IDF (Term Frequency-Inverse Document Frequency) 與潛在語意分析 (latent semantic indexing)。進一步地，Giabelli 等人 (2022) 提出一種嶄新的語意相似性評估指標，針對 word2vec、GloVe 與 fastText 等多種詞嵌入模型進行比較。其研究指出，既有方法多未充分考量語境變異與語意多樣性，導致語意判斷偏誤；相較之下，其所提出之新指標納入詞義分佈與語境彈性，能更有效區辨強語意關聯與弱關聯詞對，進而提升主題分類與語意推論中的應用價值。



綜上所述，研究議題熱門度可透過多種指標與方法加以衡量，包括詞彙與引文關係、主題穩定性與擴展性、跨學科互動與主題結構演化，另輔以語意相似性技術，有助於細緻描繪學術發展的熱點分布與合作潛力。此類分析不僅揭示研究社群的內在動態，亦與科技政策方向及社會關注趨勢密切相關，對於資源配置、合作策略制定與未來研究規劃具有高度參考價值。

（二）共現頻率

為量化研究主題間的語意連結強度，學者廣泛採用「共現頻率（co-occurrence frequency）」作為核心指標。該指標根據特定主題於相同文獻中共同出現的次數，反映其語意耦合的強度，進而描繪主題間的潛在互動結構（Lusher et al., 2013）。此方法廣泛應用於構建主題共現網絡，並作為邊的權重依據，進一步支援包括 ERGM 在內之多種網絡分析模型對主題關係的強度測量。

Callon 等人（1983）首創共詞分析（co-word analysis）技術，透過計算詞彙於科學文本中的共現次數，以圖像方式描繪科學知識的分布與演化，特別適用於探討學術主題之間的耦合關係與核心結構。此技術至今仍為主題共現分析的理論基礎，並廣泛應用於科學計量與資訊科學研究。He（1999）進一步發展此法，提出包含指數（inclusion index）與接近指數（proximity index）等量化指標，協助繪製主題關係圖，明確區分核心與邊陲議題。這些指標強化共現頻率在結構辨識與核心主題識別中的應用能力，並使研究者能有效區分主要議題與邊陲議題，提升知識結構分析的層次性與精細度。共現頻率的概念亦延伸至主題層級，使研究不僅限於詞彙，而能涵蓋更具語意深度的主題單元。而 Ding（2011）則將共現頻率應用於作者共被引分析（author co-citation analysis），並結合 PageRank 演算法評估作者在特定主題下的影響力，其研究結果指出，在特定主題中共被引次數越多的作者通常具有較高的學術影響力；共被引頻率不僅揭示主題內部的學術核心人物，也反映不同主題間的關聯度與跨領域融合。



(三) 時間相近性

時間相近性 (temporal proximity) 亦為重要因素，因為科學議題常於特定時期集中出現，顯示時序趨勢對議題連結的影響。學術議題常在特定時期集中出現，顯示時間趨勢對主題連結具有實質影響力 (Yan, 2014)。若兩個主題於研究期間中呈現相似的上升或下降趨勢，可能代表其受到相同的技術突破、政策引導或社會議題的推動，而出現同步發展與交集可能性。

議題的時間動態特徵亦為常見外生變數，尤其是透過時間序列資料比較主題間的時間趨勢相似性。其中，Ardon 等人 (2013) 分析 Twitter 使用者關注網路的拓撲結構，並研究各主題子圖隨時間的演變特性，以及年度出現向量之間的相關性，量化主題時間趨勢的相似性。而 Liu 與 Chen (2012) 則在研究共被引的文獻對時發現，出版時間的接近性與文本相似性、引用重疊等因素共同影響文獻間的相似程度，進一步支持時間集中度差異作為共現關係指標的合理性，時間集中度差異作為衡量研究主題共現可能性的外生變數，具有理論與實證基礎，能有效辨識主題間的時序關聯性，對於理解學術知識的演化與結構具有重要意義。

此外，Small (2006) 則以 1996-2001 年、1997-2002 年及 1998-2003 年三個時間段進行共引集群分析 (co-citation clustering)，追蹤研究領域的形成與發展，並提出以高引用文獻的平均出版研究年齡作為聚類時效性的「集群流通性 (cluster circulation)」指標，衡量研究議題的新穎程度與熱門度。

時間相近性分析能有效區分研究主題的發展形態，識別出三類常見類型 (Ardon et al., 2013; Zitt & Bassecouard, 2006)：(1) 長期穩定型：如病理生理機制等基礎議題，出現頻率平均、變異係數低；(2) 集中爆發型：如新興技術應用或疫情相關研究，於特定年段大量出現，高峰比值 (Peak Ratio, PR) 高；(3) 逐漸衰退型：曾為熱門但隨時間逐漸邊緣化的議題，平均年份早，且近期出現比例低。此分類不僅有助於理解知識演化歷程，也提供研究議題定位與策略選擇的實證依據。

整合主題共現與時間動態指標，可更全面揭示主題間的耦合潛力與結構關係。時間相近性指標有助於辨識具有整合機會的共時議題，提供未來研究設計中主題

結合、資源配置與跨領域合作的重要參考基礎。亦可應用於科學地圖繪製與研究議題生命週期管理中，提升知識結構分析的時序敏感度與策略導向。

綜上所述，在探討水稻病害研究議題的共現關係時，研究議題熱門度、共現頻率、時間相近性等面向的外生變數，均可作為 ERGM 中重要變數，亦有助於辨識水稻病害研究領域中具有高度連結的研究主題與學科交會點，以更精確判斷研究議題間連結形成的潛在條件，協助釐清研究議題間共現關係的產生機制與學術網絡的內在邏輯（表 2.1）。

針對上述研究，本研究進一步整理與歸納出常見且具代表性的議題共現外生變數，藉以建立研究議題間的連結網絡，並探討常共同討論的研究議題組合、研究議題間的高度關聯性，以及在學術發展脈絡中，具有高度的時間相近性的研究議題。因此，本研究將其歸類為議題熱門度（topic popularity）、共現頻率（co-occurrence frequency）以及時間相近性（temporal proximity）三面向（表 2.2）。

表 2.1 ERGM 共現網絡研究中常見的研究議題相關外生變數之整理

常見外生變數	屬性	說明	參考文獻
主題相似性 (topic similarity)	邊	衡量研究議題間的語意相似度，例如透過共用的關鍵字、主題分類或語意嵌入等方法	Liu et al. (2017)； Giabelli et al. (2022)；Zitt & Bassecouard (2006)
主題連續性 (topic continuity)	邊	評估某主題於連續年份中是否持續出現，並以時間維度作為衡量，共分為穩定、集中、稀釋、零散、轉換與新興等六種主題類型	Yan (2014)
主題熱門度 (topic popularity)	邊	考量主題在指定時段內的文章覆蓋度與擴展速度，分為上升、下降與波動三類	Yan (2014)
跨學科主題 (interdisciplinary topic)	邊	考量主題所屬的學科領域，探討學科之間的議題受政策、文化等多重因素影響	Porter & Rafols (2009)
共現次數 (co-occurrence count)	邊	表示兩議題共同出現在多少篇文獻中，反映不同議題間的連結程度與跨領域融合	Callon et al. (1983)；Ding (2011)；He (1999)；Lusher et al. (2013)
時間趨勢相似性 (temporal trend similarity)	邊	發展趨勢相近的議題可能受相同事件影響而共現，而常在特定時期集中出現的議題，表示時間趨勢對議題連結具有實質影響力	Ardon et al. (2013)；Yan (2014)；Zitt & Bassecouard (2006)
時間集中度差異 (difference in temporal concentration)	邊	平均出現時間越接近，表示研究發展時機相近，有較高共現可能	Small (2006)

表 2.2 研究議題相關外生變數說明及其文獻來源統整

外生變數	屬性	說明	參考文獻
研究議題熱門度	邊	多少人同時研究一組「研究議題對」	Liu et al. (2017); Porter & Rafols (2009); Yan (2014); Zitt & Bassecouard (2006)
共現頻率	邊	任一組「研究議題對」在幾篇文獻中共同出現	Callon et al. (1983); Ding (2011); He (1999); Lusher et al. (2013)
時間相近性	邊	該「研究議題對」出現在文獻中的時間是否接近	Ardon et al. (2013); Small (2006); Yan (2014); Zitt & Bassecouard (2006)

第二節 指數隨機圖模型相關研究



一、指數隨機圖模型介紹

指數隨機圖模型 (Exponential Random Graph Model, ERGM) 是一種統計方法，用於分析網絡結構並推斷其形成機制 (Cranmer & Desmarais, 2011)。ERGM 的核心概念是將網絡視為隨機變量，並利用統計分佈來描述其結構，進而解釋網絡中節點與關係的形成模式 (Ghafouri & Khasteh, 2020)。此模型的理論基礎可追溯至 Frank 與 Strauss (1986) 關於馬可夫圖 (Markov graphs) 的研究，並隨後擴展至更複雜的圖結構，如三角閉合 (triadic closure) 與高階網絡依賴性 (Huang et al., 2015)。

ERGM 的發展涵蓋多種規範，包括二元、縱向、多重網絡的擴展，使其適用於多變量與時變網絡分析 (Krivitsky et al., 2020)。此外，ERGM 透過馬可夫鏈蒙特卡羅方法 (Markov chain Monte Carlo, MCMC) 進行參數估計，並透過配適度 (Goodness-of-Fit, GOF) 來評估模型的適用性 (Caimo & Friel, 2014)。ERGM 提供一套完整的方法論來分析網絡特徵，主要包含二元獨立性、馬可夫依賴性、部分條件依賴與最大似然估計 (Lubbers & Snijders, 2007)。在模型擬合方面，ERGM 透過統計檢驗來評估不同網絡配置的影響，並可藉由幾何加權度分佈與交替 k 三角形等新方法來改善模型適用性 (Snijders et al., 2006)。此外，R 軟體的 Bergm 套件為 ERGM 的貝葉斯分析提供工具，包括參數估計、模型選擇與配適度，使其在網絡研究中的應用更為精確 (Caimo & Friel, 2014)。

ERGM 在社會科學與資訊科學領域應用廣泛，特別適用於分析學術合作、引文網絡、政治網絡、疾病傳播與組織結構等 (Robins & Lusher, 2013)。在學術網絡研究中，ERGM 用於檢視引文網絡的同質性、傳遞性與累積優勢等機制，有助於解釋學術影響力的擴散模式 (An & Ding, 2018; Chakraborty et al., 2020)。此外，在組織與社交網絡分析中，ERGM 可檢視合作行為的結構特徵，如同機構合作、學科交叉合作與網絡層級依賴性 (Yu et al., 2024)。在疾病傳播研究方面，ERGM 用



於動物與人類社會網絡中的感染途徑分析，例如塞內加爾游牧民 (Belkhiria et al., 2019) 與泰國後院養雞 (Poolkhet et al., 2018) 的移動模式，發現水源與節慶活動在傳播動態中扮演重要角色。此外，ERGM 也應用於分析注射吸毒者的傳播網絡 (Hellard et al., 2014)，以及歐洲與非洲的牲畜貿易網絡，以預測疾病如何透過國際貿易擴散 (Okello et al., 2021; Relun et al., 2017)。而在經濟與產業網絡方面，ERGM 亦應用於專利與技術引文分析，揭示技術發展與創新擴散的機制 (Chakraborty et al., 2020)。此外，在組織行為與企業關係網絡中，ERGM 用來分析公司之間的合作模式、供應鏈結構與企業間知識交流 (Molina-Morales et al., 2015)。這些應用顯示 ERGM 作為分析工具的靈活性，使其能夠適應不同領域的研究需求，並提供深度結構分析的能力。

二、單層次指數隨機圖模型

ERGM 為社會網絡分析中一種高階統計建模方法，能夠針對觀察到的網絡結構，推估其形成背後潛在的社會機制 (Desmarais & Cranmer, 2012; Lusher et al., 2013)。在單層次應用中，ERGM 假設網絡為一組隨機變數所構成的觀察結果，其邊的存在與否取決於節點特性、結構特徵及外部協變量的綜合作用，從而建立出網絡生成過程的統計模型 (Lusher et al., 2013)。

此模型可從不同層面進行詮釋：在微觀層面，ERGM 可探討個體之間的互動行為，例如互惠、偏好同質連結或權力依賴關係；在宏觀層面，則能檢視群體的結構性特徵，如凝聚性、階層性、星狀結構或橋接角色等模式 (Lusher et al., 2013)。藉由建構與估計多種社會過程參數，ERGM 不僅能揭示既有網絡的形成邏輯，更能進一步模擬假設情境下的潛在網絡樣貌。

ERGM 亦具多變數整合能力，模型中可納入節點屬性 (如性別、學歷、機構)、邊的二元協變量 (如合作歷史、地理距離)、以及網絡結構性變數 (如三角與閉合結構) 等多元因素，進行同時估計 (Desmarais & Cranmer, 2012)。估計程序方面，ERGM 通常依賴馬可夫鏈蒙地卡羅 (Markov Chain Monte Carlo, MCMC) 模擬進行

參數推論，並輔以配適度分析檢驗模型與觀察網絡間的相似程度 (Lusher et al., 2013)。透過這些程序，研究者可驗證模型是否合理判斷網絡中重要的生成邏輯，並進行模型比較與修正。

單層次 ERGM 為建構與推估節點間連結機率提供嚴謹而靈活的統計方法。此模型強調網絡中邊的生成不具獨立性，並允許研究者同時納入如互惠性、三元閉合等結構性特徵，以及性別、職位、國籍等節點屬性進行估計，廣泛應用於教育、組織與健康領域 (Robins et al., 2007)。

Goodreau 等人 (2009) 針對青少年間的性行為與友誼網絡進行分析，運用 ERGM 檢驗社會影響與選擇機制。研究發現，青少年傾向與具有類似性行為經驗的對象建立連結，顯示友誼網絡在健康行為傳播中具有關鍵角色，且社會同質性與三元閉合顯著塑造網絡結構。在組織領域中，Lomi 與 Pattison (2006) 針對義大利地區醫療服務機構的轉介網絡進行建模，ERGM 分析顯示，轉介關係受組織規模、地理鄰近與互惠行為顯著影響，並呈現出穩定的區域性社群結構。此外，Wang 等人 (2009) 應用 ERGM 探討學術領域中的合作網絡，並透過 ERGM 評估性別、學科領域與合著歷史對作者間合作關係的影響。研究發現，性別同質性與研究興趣相似性顯著增加合作機率，而長期合著歷史則會強化既有合作連結。

綜上所述，單層次 ERGM 已在教育、青少年健康、公共衛生與組織研究等領域獲得廣泛應用，已證實能夠有效揭示多樣的社會互動機制與權力動態，顯示其在社會網絡結構建模上的解釋力與靈活性。透過引入節點屬性與結構性指標，ERGM 不僅能重現觀察網絡的生成過程，更能用以檢驗社會互動背後的統計機制與行為假設，成為實證社會科學中不可或缺的量化工具，使其得以在複雜社會系統中揭示行為模式與結構演化之間的連結特徵。

三、多層次指數隨機圖模型

ERGM 自提出以來，已成為建模與分析社會網絡中節點與邊之結構依賴關係的重要統計工具。隨著資料類型與結構日益複雜，ERGM 逐步發展出可處理多層




次 (multilevel) 與多模態 (multimode) 網絡的擴充架構，以因應現實世界中異質且多元的網絡資料特性 (Wang et al., 2013)。

相較於傳統 ERGM 僅能處理單一類型節點與邊的結構關係，Wang 等人 (2013) 率先提出多層次指數隨機圖模型 (Multilevel Exponential Random Graph Model, MLERGM)，由多個節點層級所構成，且層內與跨層連結彼此相互依賴之異質網絡結構。其核心概念並非僅增加節點或關係的種類，而在於能夠模擬跨層次的互動關係，明確假設不同層級間的連結形成機制具有交互影響，可同時處理微觀層次的個體互動、中觀層次的群體組成與宏觀層次的網絡結構，允許研究者以統一架構同時分析人與人、人與事件，或是事件與事件等多元關聯 (Slaughter & Koehly, 2016)。

以 Wang 等人 (2013) 之實證研究為例，其建構作者、文獻與研究主題三層結構之多層次網絡，並同時納入作者間之合著關係、文獻所涵蓋之主題，以及作者與文獻之從屬關係。透過 MLERGM 可檢驗作者是否因連結至相似研究主題而更可能形成合作關係，亦可分析主題共現結構是否受到研究人才配置所影響，藉此顯示跨層次互動對網絡結構形成之影響。

在方法實作上，Wang 等人 (2014) 所開發之 MPNet 軟體，提供多層次 ERGM 之模擬與估計功能，使研究者得以在同一統計模型架構下，同時納入層內結構效應與跨層結構效應，並透過交叉層級統計量 (cross-level statistics) 檢驗不同層級間之結構依賴關係。此設計使 MLERGM 特別適用於分析學術合作、組織互動與研究議題連結等具有明確層級結構之社會網絡資料。後續 Koskinen 等人 (2019) 針對現實應用中常見的資料缺漏問題，提出結合貝葉斯數據增補 (Bayesian Data Augmentation) 之方法，有效處理節點資訊缺漏與邊連結不均等問題，提升 MLERGM 於實證資料分析中的推論效度。

在建模策略方面，Slaughter 與 Koehly (2016) 提出分層貝葉斯 ERGM (Hierarchical Bayesian ERGM)，引入群體間隨機效應以估計結構夾帶 (structural embedding) 與子群體變異性。此設計允許研究者比較不同子網之參數估計，進一步探討跨主題合作或跨機構互動等多重社會過程的結構異質性。此外，Wang 等人



(2013) 指出，MLERGM 可納入節點屬性（如學術背景）、邊屬性（如研究主題相似度）與層級屬性（如機構隸屬）等外生變數，檢驗其對合作關係形成的統計顯著性。而 Krivitsky 等人（2020）則進一步提出「層邏輯（layer logic）」架構，提升 ERGM 在建模多層次網絡時的語意彈性與結構規則表達能力，強化模型對於複雜交互關係的描述力。

總結而言，MLERGM 不僅拓展傳統社會網絡模型的應用疆界，也提供一套可統一處理不同節點類型與層級結構之分析框架。此模型已廣泛應用於學術合作、健康照護、家庭支持、教育社群與公共政策等領域，成為探討多層次互動機制與結構依賴性的關鍵量化工具（Koskinen et al., 2019; Wang et al., 2013）。透過 MLERGM，研究人才得以更全面地理解社會網絡中的跨層次動態與異質性行為，進而深化對複雜社會系統的理论建構與實證探究。

四、指數隨機圖模型相關內生變數

在 ERGM 中，內生變數（endogenous variables）是指從網絡結構中衍生出的結構性統計量，用以建模網絡形成的依賴性特徵。這些變數並非節點或邊的外部屬性，而是反映網絡中各種結構現象的出現頻率與偏好，包括聯結傾向（tie propensity）、閉合（closure）、階層（hierarchy）與中心性（centrality）等關鍵社會網絡行為（Snijders et al., 2006）。最基本的內生結構為邊（edges），即整體網絡的密度控制項，代表形成任一連結的基礎機率（Robins et al., 2007）。此外，以下分別以星狀結構、三角與閉合結構、交替路徑與橋樑結構、度數分布與中心性，以及群聚與聚類係數等五類內生變數進行說明。

（一）星狀結構

針對節點集中化與中心性分布，ERGM 常透過不同階數的星狀結構來建模節點連接多個其它節點的傾向（degree distribution）。在 MPNet 中對應的變數為 Star2A-Star5A 與 Star2B-Star5B。其中以 Star2 與 Star3 最常見，能夠揭示網絡中是否存在少數高連結的核心節點（Snijders et al., 2006; Wang et al., 2014）。



(二) 三角與閉合結構

針對網絡中群聚性與三角閉合 (triadic closure) 的結構效應，最常用的統計量為 TriangleA、TriangleB。此外，亦可使用 Cycle4B 等迴圈型統計量，以描述迴圈與資訊流動的結構。為避免模型過度複雜與多重共線性問題，Robins 等人 (2007) 提出幾何加權共鄰邊 (Geometrically Weighted Edgewise Shared Partners, GWESP)，以參數方式平滑加總不同層級的三角結構。而 MPNet 亦可納入類似的參數化三角結構，以提升模型穩定性與擬合度。

(三) 交替路徑與橋樑結構

透過 Path3A、A2PB、AETB 等長距路徑統計量，研究者可描述節點在大型子結構中的潛在「橋樑」角色，此特徵與中介中心性 (Betweenness) 具高度關聯 (Lusher et al., 2013)。其中 Bow-tie 也可用來描述具有類似核心—半核心—邊緣的結構模式。

(四) 度數分布與中心性

程度中心性 (Degree Centrality) 是最基本的中心性指標，用以衡量節點與其它節點直接連結的數量。在 ERGM 中，度數分布的異質性可用幾何加權度數分佈 (Geometrically Weighted Degree, GWDegree) 進行控制與建模 (Hunter et al., 2008)。此外，MPNet 亦可透過 stddev_degreeA、skew_degreeA、stddev_degreeB、skew_degreeB 等統計量來描述度數分布的變異與偏態。

(五) 群聚與聚類係數

在群聚結構層面，Clique4A、Clique5A 等四元或五元完全子圖結構，可用於描述網絡中高度密集的群體結構；而聚類係數則可用以評估相鄰節點間形成封閉連結的程度，在 MPNet 中，可使用 clusteringA、clusteringB 來描述網絡中群體凝聚與局部集中的特性。Robins 等人 (2007) 介紹 ERGM 如何以參數化方式解釋社會網絡中的群聚與結構依賴，強調社會網絡中封閉性與群體形成的重要性，以提供更符合實證資料的建模框架；Snijders 等人 (2006) 則針對 ERGM 的統計結構提出新穎模型規格，解決早期 ERGM 在過度擬合與解釋力不足上的挑戰，提升模型的穩

定性與估計效率，也為後續結構性變數的納入建立堅實基礎；Watts 與 Strogatz(1998) 提出「小世界網絡 (small-world)」模型，指出高群聚但低平均路徑長度的結構廣泛存在於自然與社會系統中，並首次賦予聚類係數具體的網絡含意；Newman(2003) 則對複雜網絡中的群聚與模組化結構進行系統性回顧，說明其在科學網絡中的結構與功能。

第三節 資訊計量與研究人才合著

本節旨在探討研究人才之特徵分析與合著網絡建構，藉由回顧相關文獻，闡述學術團隊合著的動機與模式，釐清跨學科協作的發展脈絡，進而理解研究人才之專業背景、學術產出與其合著關係之間的連結特徵。具體內容將分為三個面向進行探討：首先，說明團隊科學 (team science) 在當代科研體系中的角色與價值；其次，分析跨學科合作 (interdisciplinary collaboration) 如何促進知識整合與創新；最後，聚焦於研究人才合著網絡的結構特徵，包括學術發表量 (academic publications)、研究年齡 (research age)、研究議題相似性 (topic similarity) 以及合著次數 (co-authorship count) 等指標，藉以描繪合著關係的拓展模式與潛在影響因素。

一、資訊計量相關研究

(一) 資訊計量介紹

資訊計量學是資訊科學的一個新興分支學科，專注於圖書館和資訊研究中的量化方法，涵蓋統計學、作業研究、引文分析和資訊計量模型等方面(Wormell, 1998)。資訊計量學的發展包括書目計量學、科學計量學和網絡計量學 (Chellappandi & Vijayakumar, 2018)。隨著 2007 年《資訊計量》雜誌的推出，該領域不斷發展，加強科學研究和資訊科學交叉領域的機構發展 (Leydesdorff et al., 2014)。書目計量分析是一種量化評估科學文獻以識別某個領域內的模式、趨勢和影響的系統方法 (Passas, 2024)。它所涉及的關鍵步驟，包括從資料庫收集資料、資料清理和應用書目計量方法 (Passas, 2024)。該研究通常使用專門的軟體工具進行效能分析和科

學映射，例如 R Bibliometrix、VOSviewer 和 Gephi (Kemeç & Altınay, 2023)。書目計量分析是系統性文獻回顧的替代方法，作為檢視大量科學數據的全面技術，越來越受歡迎 (Linnenluecke et al., 2020; Passas, 2024)。


資訊計量學在各領域的數據分析與決策過程中發揮關鍵作用，涵蓋統計推斷、結構健康監測與網絡安全等應用 (Bhuyan et al., 2015)。例如，在結構健康監測中，透過資訊指標評估資料內容可提升特徵提取的效率 (Makhoul, 2022)；而在網絡安全領域，資訊測量有助於識別低速率與高速率的分散式阻斷服務 (DDoS) 攻擊 (Bhuyan et al., 2015)。這些研究凸顯資訊計量學在多領域的適用性，能有效提取不同數據類型的有意義資訊，進而優化決策過程。

資訊計量學與社會網絡分析 (SNA) 在學術交流與知識結構研究上密切相關。資訊計量學透過書目計量方法分析學術出版、引用模式與研究議題的演變 (Saheb & Saheb, 2019)，其中，研究人才共現與關鍵字共現分析可揭示學術領域的核心概念與合作網絡 (Gallardo-Gallardo et al., 2017)。然而，隨著研究合作與學術交流的日益複雜，單純的共現分析難以辨識知識傳播與學術影響機制，因此社會網絡分析成為補充工具。SNA 不僅能分析學術機構與研究人才之間的合作關係，還可透過網絡結構分析知識流動與學科間的互動模式 (Otte & Rousseau, 2002)。

作為一種跨學科的分析方法，SNA 透過圖論、數學模型與網絡視覺化來解析社會關係結構，應用範圍涵蓋社會學、資訊科學、技術預測、建築管理與會計審計等領域 (Gołędzinowski & Błocki, 2023)。在資訊科學領域，SNA 主要用於學術出版、引用與合作關係的研究，近年來計算技術的進步更促使其方法與工具的精進 (Otte & Rousseau, 2002)。此外，ERGM 等統計模型的引入，進一步提升對複雜網絡模式的解析能力，有助於深入理解社會關係與學術影響力 (Kacanski & Lusher, 2017)。

(二) 網絡屬性

網絡屬性是分析學術合作網絡結構與特徵的核心指標，通常可區分為節點屬性 (node attributes)、邊屬性 (edge attributes) 與網絡拓撲結構 (network topology)



(Glänzel & Schubert, 2004; Newman, 2004)。Ali 等人 (2021) 指出，節點屬性與網絡結構具有相互依賴性：節點屬性會受到鄰近節點的影響，而連結形成又常基於屬性相似性或差異性，因此網絡拓撲資訊可用於推論節點屬性。Jia 等人 (2017) 進一步強調，真實網絡同時包含連結與屬性資訊，僅依據單一資訊源進行社群辨識會忽略另一種資訊，因此需整合結構與屬性來揭示更真實的社群或合作模式。邊屬性則關注研究人才之間的連結強度與合作型態，包括共著次數、合作關係的頻繁程度、文獻與關鍵字之間的連結，這些可藉由 TF-IDF 等加權技術進行量化 (Katz & Martin, 1997)。

網絡拓撲結構 (Network Topology) 是描述學術合作網絡整體架構與互動模式的關鍵分析面向，其衡量指標涵蓋密度、平均度數、聚類係數、模組性與各類中心性指標 (Wasserman & Faust, 1994)。其中，密度 (density) 用以評估網絡中實際連結數與理論上可能連結數的比值，反映整體合作的緊密程度；平均度數 (average degree) 則衡量節點平均的連結數量，是了解網絡互動頻率的基礎指標；聚類係數 (clustering coefficient) 用於檢視節點間形成三角結構的傾向，有助於評估局部合作關係的緊密性 (Wasserman & Faust, 1994)；模組性 (Modularity) 則是一項用於偵測網絡中社群結構的重要指標，可衡量子群體內部連結相對於隨機網絡的密集程度，數值越高表示社群結構越明確，有助於識別科研合作網絡中的研究集群或機構合作群體 (Newman, 2006)。

中心性指標則用來辨識在網絡中具有關鍵影響力的節點。程度中心性 (degree centrality) 反映節點與其它節點直接連結的數量，是判斷活躍合作者的重要依據；中介中心性 (betweenness centrality) 評估節點在網絡中作為資訊橋梁的程度；接近中心性 (closeness centrality) 衡量節點與其它節點之間的平均距離，用以判斷其溝通效率；而特徵向量中心性 (eigenvector centrality) 則考量節點連結對象的影響力，進一步辨識結構中具備「高品質連結」的核心人物 (Freeman, 1979; Wasserman & Faust, 1994)。上述各項指標已廣泛應用於科學合作網絡中，協助研究者理解合作網絡的演化與知識擴散模式 (Newman, 2004)。



(三) 研究議題共現分析


研究議題共現分析 (research topic co-occurrence analysis) 主要透過關鍵字共現 (keyword co-occurrence) 或議題共現 (topic co-occurrence) 技術，來揭示學術領域內的核心研究方向及其演變 (Zhao et al., 2021)。例如，在農業與環境科學領域的應用中，關鍵字共現分析已廣泛用於追蹤農作物病害研究的焦點變化，進一步理解該領域的研究動態與未來發展方向 (Yang et al., 2023b)。此外，共現分析可用於透過採用雙閾值程序提取不太頻繁共現的子圖以及關鍵術語之間的相關性來發現潛在的研究差距，此方法可協助研究人才選擇未來的研究議題，並確定具有新穎性且可研究的領域 (Curiac et al., 2022)。

文本探勘的應用已從資訊科學擴展到生物學、醫學和社會生態學等不同領域 (Jung & Lee, 2020)。關鍵字共現網絡已用於識別研究議題之間的協同作用，例如「氣候變遷調適」和「復原力」的頻繁共現 (Dayeen et al., 2020)；Maltseva 與 Batagelj (2020) 透過分析 Web of Science 資料庫中的文獻，使用關鍵字共現分析和社會網絡分析方法，探討社會網絡領域的核心主題與不同主題之間的關聯性；Narong 與 Hallinger (2023) 對有關服務學習的文獻進行關鍵字共現分析，發現工程教育和問題導向學習等主題與服務學習密切相關。

(四) 研究人才合作分析

在科學知識生產日益依賴團隊合作的今日，研究人才的合作關係成為評估學術互動與資源分配的重要指標。研究人才合作分析 (researcher collaboration analysis) 透過作者共現 (co-authorship) 網絡，探索學者間的合作模式與結構特徵，進而理解科研資源流動與學術社群形成的邏輯 (Glänzel & Schubert, 2004)。此類分析通常以文獻合著關係為基礎，視作者為節點、合著關係為邊，構成合作網絡。透過此架構，不僅可量化合作強度與頻率，亦有助於辨識跨領域或跨機構之合作潛力 (Newman, 2001)。

在數位經濟時代，人才的集聚與有效利用是促進創新與提升競爭力的關鍵因素 (Shan et al., 2025)。相關研究指出，人才的合作模式與流動狀況，往往反映出



不同區域與制度背景下的發展條件與政策效果。研究人才合作分析 (co-authorship analysis) 即透過學術文獻的合著關係，探討學者之間的互動模式與知識傳播機制，進而揭示學術合作的結構性特徵與變化趨勢 (Glänzel & Schubert, 2004)。合著網絡作為知識交流與合作強度的重要指標，已廣泛應用於識別高產人才、評估合作成效及探討學術群體的形成動力 (Newman, 2004)。此外，來自管理學與組織行為領域的觀點指出，除了傳統學術指標外，文化氛圍、社會認同與永續導向策略等因素也逐漸成為影響人才合作意願與留任傾向的重要考量 (Bhadoriya & Dixit, 2024)。綜合而言，研究人才合作的動機與網絡特性已成為理解知識體系演化與人才資源配置的重要視角。

二、團隊科學

團隊科學是一個新興的跨學科領域，研究科學團隊如何協作以實現超越個人努力的突破 (Cukier et al., 2020; Stokols et al., 2008)。隨著社會問題和科學專業化日益複雜，團隊科學愈加顯著 (Cukier et al., 2020)。從個人研究轉向團隊研究的趨勢已在各學科中愈加明顯，團隊出版物通常也能獲得較多引用 (Burns, 2014)。團隊科學 (SciTS) 的科學旨在理解和增強大規模協作研究計畫的有效性 (Huang et al., 2023)。它整合多種研究方法來研究促進或阻礙團隊績效的因素 (Huang et al., 2023; Stokols et al., 2008)。儘管面臨傳統的任期和晉升政策等挑戰，團隊科學因其加速科學創新和將研究成果轉化為實踐的潛力而日益受到重視 (Burns, 2014; Cukier et al., 2020)。

團隊科學已成為研究跨學科和機構合作研究的領域 (Stokols et al., 2008)。由於日益複雜的研究問題和實現大規模合作的技術進步，團隊科學變得越來越普遍 (Fontanarosa et al., 2017)。研究指出，科學合作不僅能產生更高影響力的研究成果，也更適合解決複雜問題。例如，收養兒童相關的疾病問題涉及生物醫學、臨床與轉化科學等多個領域，需要透過跨學科合作加以解決 (Hamilton et al., 2017)。團隊科學研究的關鍵主題包括評估其價值、團隊組成、形成過程、有效的團隊運作和

制度影響 (Hall et al., 2018)。然而，團隊科學出版物中仍面臨挑戰，包括如何認可個人貢獻，以及如何調整機構結構以支持合作研究 (Fontanarosa et al., 2017; Hall et al., 2018)。總體而言，該領域旨在為有效的團隊科學提供政策和實踐資訊。




三、跨學科合作

跨學科合作對於解決複雜的社會和健康問題越來越重要 (Mariano, 1989)。研究已經確定這種合作的好處和障礙。優點包括改善程序、節省時間、減少工作量和增加資源，然而，諸如時間限制、缺乏意識和有限的跨學科關係等障礙仍然存在 (Bruce & Ricketts, 2008)。為促進跨學科合作，教育工作者、從業者和管理者需要重新社會化、培訓和新技能 (Mariano, 1989)。如歐洲刑警組織 (European Union Agency for Law Enforcement Cooperation, Europol) 等組織證明與學術界、非執法合作夥伴和私營部門合作的重要性，以提高應對網絡犯罪和恐怖主義等複雜挑戰的有效性和創新性 (De Bolle, 2020)。

研究中的跨學科合作已引起廣泛關注，研究探討其模式和影響。在併購 (mergers and acquisitions, M&A) 研究領域，自 1990 年代以來跨學科合作顯著增加，約三分之一的研究合作跨越學科界限；然而，此類合作呈現不均勻分佈，主要集中在於少數活躍學者與特定學科，並促成相互關聯之研究人才小組，顯示併購研究中跨學科元層面研究社群的形成 (Mirc et al., 2017)。

分析共同研究人才的學科背景可以幫助識別研究活動中最常見的「知識組合 (knowledge combination)」，為國家、地區和機構層面的研究政策和管理策略提供有價值的見解 (Abramo et al., 2012)。Stephens 與 Cummings (2021) 分析美國一所醫學院中 1,138 位教職員在 12 年間的合作情況，發現共享相同機構隸屬或辦公室地理接近性的教職員，合作的可能性與產出顯著提高。此外，當合作夥伴來自不同學科時，這些共享隸屬和接近性有助於克服協調困難，進而促進跨學科合作。

Abramo 等人 (2022) 利用 2010 至 2017 年間義大利的科學產出資料，探討地理距離對國內跨部門與部門內研究合作的影響，應用統計工具來分析出版物署名



中共同作者之間的地理距離是否以及在多大程度上隨著合作類型、科學學科和時間的變化而變化。結果發現，地理接近性對於促進國內研究合作具有重要作用，特別是在跨部門合作中，這些發現可以為有效促進跨部門合作的政策提供參考，同時也對研究績效評估有直接的實際意義。

Ge 與 Tang (2023) 基於 2002 至 2019 年間 54 個非洲國家的科研文獻，分析地理、文化和社會鄰近性對科研合作網絡結構的影響。結果顯示，文化和社會鄰近性顯著增加合作的可能性，而語言和地理鄰近性則影響較小。這表明在非洲國家中，文化和社會因素在促進科研合作方面扮演著重要角色。

隨著病害問題的日益複雜與多變，傳統單一學科已難以獨力應對。融合科學 (convergence science) 作為一種高度跨領域的合作模式，提供整合多學科知識的路徑。Ristaino 等人 (2021) 指出融合科學是不同學科的知識、方法和專業知識的整合，形成新的框架，以催化科學發現和創新。應對新出現的植物病害需要科學創新，並需要跨學科的研究團隊在從分子到病原菌生物學進行基礎研究，以剖析病害傳播的複雜性和新病原菌譜系的出現。融合科學可調動和加速此類知識的整合，亦可將運輸和貿易網絡、地理、天氣和氣候參數以及來自 DNA 序列、發病記錄、病害感測器、公民科學、資料探勘和病害識別應用程式的病原菌檢測等資料輸入模型，以開發動態病害監測網絡 (Ristaino et al., 2021)。

四、研究人才的網絡結構

自 2010 年起，社會網絡分析逐漸應用於作者合著研究，以探討學術社群中個體、機構及學科領域間的互動關係及網絡結構特徵 (李文娟、牛春華，2012；葉淑慧、蔡明月，2019)。在學術研究中，合著與引用反映知識傳播，透過作者資料可分析研究者合作模式，並描繪不同機構與國家的合作網絡 (林頌堅，2010)。此外，文獻引用可揭示研究主題間的關聯，並藉由引用網絡呈現領域內重要議題及不同領域間的連結 (Chen, 2006)。

而研究人才的國籍與機構背景也對合作模式及研究成果的質量和數量也會影



響水稻病害研究的軌跡 (Mishra et al., 2021)。不同研究年齡和國籍的研究人才之間的合作可以促進創新解決方案，國際夥伴關係在知識和技術交流中發揮關鍵作用 (Borba et al., 2020; Mishra et al., 2021)。Patel 等人 (2019) 透過社會網絡分析，計算研究人才的中心性指標，以識別在生物醫學研究中合作頻繁的核心研究人才；Ding 與 Cronin (2011) 探討研究人才在特定主題上的合作模式，發現生產力高的研究人才傾向與具有相似研究興趣的同事合作；Patel 等人 (2019) 考察研究年齡對合作程度的影響，發現學術資歷較深的研究人才在合作網絡中通常具有更高的中心性。此外，多層次模型在疾病識別和管理中的應用變得越來越重要。這些模型通常結合深度學習和網路分析技術，為在不同環境條件下檢測和管理水稻病害提供更準確、可擴展的解決方案 (Li et al., 2023)。這些發現強調研究設計、協作和增強農業疾病管理實踐的技術進步之間的複雜關係。

水稻病害研究取得顯著進展，重點是制訂永續管理策略和利用先進技術。研究人才強調需要採取綜合方法，將遺傳抗性與部署策略結合，以實現持久的病害控制 (Mew et al., 2004)。影像處理技術已成為診斷水稻病害的強大工具，開發多種用於檢測、識別和量化的方法 (Sethy et al., 2020)。病害預測的最新發展利用機器學習和深度學習模型，以及基因組、生理和生化方法 (Li et al., 2023)。水稻病害研究的這些進展有助於制訂更有效的病害管理策略，以應對農業永續性和糧食安全方面的挑戰 (Li et al., 2023; Mew et al., 2004)。

Schäfermeier 等人 (2023) 以主題流網絡 (Topic Flow Network, TFN) 方法，分析研究人才之間的研究議題流動，理解不同研究議題的連結關係與研究人才的合作模式；Hallinger 與 Chatpinyakoo (2019) 分析 1998 至 2018 年間高等教育領域的國際合作網絡，探討合作的地理分佈和主題發展。

應用 ERGM 於學術合著網絡的研究中，學者們廣泛考量一系列外生變數，以解釋節點屬性與邊特性對網絡形成的影響。這些變數反映個體間合作動機的社會結構性差異與制度性條件，並已在多項研究中證實具有解釋力。依據上述文獻，除了性別與國籍外，本研究歸納整理出欲探討之研究人才合著外生變數，包含學術發



表量 (academic publications)、研究年齡 (research age)、研究議題相似性 (topic similarity) 以及合著次數 (co-authorship count) 四項。

(一) 性別與國籍

性別屬性可透過作者姓名搭配性別辨識工具，如 Genderize.io 或 Gender API 進行預測 (Sebo, 2021)，亦可結合 ORCID 或 Google Scholar 等平台的個人頁面進行人工核對。此類變數可作為節點屬性，進一步分析性別差異對合著關係形成的影響。過往 Kwiek 與 Roszka (2021) 研究發現，同性別作者間的合作傾向顯著高於異性別組合，顯示性別同質性在學術合作中可能扮演重要角色。


而國籍或地區資訊常以作者發表時所列機構地址的國別欄位為依據，並可根據國際標準化組織 (ISO) 國碼加以分類。該變數常用於探討跨國合作機率，Choi 等人 (2015) 研究指出，共同國籍的作者更傾向建立合作關係，惟在大型國際計畫中亦觀察到跨國合著增加的趨勢。

(二) 所屬機構

當研究合作日益成為學術知識生產的主流模式，研究人才所屬的機構亦日益受到重視。機構不僅提供物理空間與行政資源，更透過其地理位置、組織文化與資源結構，深刻影響研究者的合作行為與合作網絡的形成 (Cummings & Kiesler, 2005; Katz & Martin, 1997)。具體而言，研究人才若隸屬於相同機構，往往具有較高的合作機率，此現象可歸因於資訊交換成本與行政協調成本的降低，以及日常接觸頻率與信任基礎的提升 (Bozeman & Corley, 2004)。

Katz 與 Martin (1997) 研究指出，所屬機構會影響研究者的合作行為，例如資金支持、技術設備、人力資源與行政結構等，都可能促進或限制合作發生的形式與頻率；而機構間的地理距離更會影響合作的便捷性與溝通頻率，空間鄰近性亦是促進合作的重要因素之一。而 Cummings 與 Kiesler (2005) 則以實證方式探討跨學科與跨機構合作的成效，分析多項由美國國家科學基金會資助的合作專案，發現跨機構團隊面臨較高的協作成本與溝通障礙，其成效往往不如同一機構內的合作專案。

在國際合作層次上，所屬機構所處的國家或地區亦代表特定的政策環境與制



度背景。Grubbs 等人 (2019) 研究美國 NIH 國際合作專案發現，跨國研究的形成高度受限於合作者間的國別組成，亦反映出資助結構對合作網絡的引導力。同時，跨國或跨機構合作雖具創新潛力，卻也面臨較高的協作障礙與成本負擔。Cumplings 與 Kiesler (2005) 指出，在多項 NSF 資助計畫中，跨機構團隊的整體協作成效普遍低於單一機構內的合作，顯示機構間的距離與制度差異為合作效率的重要挑戰。

此外，學科所屬機構的學術導向亦可能影響合作偏好與結構。Dhand 等人 (2016) 發現，學科屬性的差異將影響研究人才的跨領域互動模式，儘管跨學科合作常作為創新驅動的來源，實際操作中仍可能面臨認知與溝通風格的不一致。Katsouyanni (2008) 則強調合作機構在資源共享與能力建構上的重要性，特別是在資源匱乏的研究環境中，更需仰賴制度化的合作網絡以強化研究能量。

綜上所述，研究人才所屬機構不僅構成合作的背景條件，更是影響合作模式與成效的結構性變數。無論在組織層級或地理層級上，機構的相似性與接近性皆可能強化合作動機，並透過制度支持與資源配置上扮演關鍵角色。

(三) 學術發表量

學術發表量 (publication count) 常納入節點屬性，以代表學者在學術網絡中的能見度與吸引力。學術發表量是衡量一位學者學術活動與資源掌握程度的重要指標，也可代表其在合作中的吸引力。

Glänzel (2002) 從書目計量學角度分析 1980 至 1998 年間各領域的合著趨勢與發表模式，指出高產能學者 (high-output scientists) 不僅在數量上具領導性，其合作行為也呈現較強的網絡中心性與國際連結性。這些學者較常參與跨機構或跨國合作，進一步鞏固其在全球合作網絡中的核心地位。研究同時指出，發表量不僅是個人研究表現的指標，也與資料庫檢索策略和引用網絡建構密切相關，對科學知識的擴散與可見性具有長遠影響。Barabási 與 Albert (1999) 指出，學術產出高的學者在合作網絡中往往具有更高的連結機率，呈現優勢附著 (preferential attachment) 機制。



(四) 研究年齡

研究年齡 (research age)，通常指學者自其第一篇學術發表起所累積的年數。相關研究指出，研究年齡在研究合作策略的形成與演變中扮演關鍵角色。Abbasi 等人 (2011) 以社會網絡分析方法發現，資深學者傾向維持穩定且具長期性的合作關係，而初階學者則較積極拓展合作網絡，以提升自身在學術領域中的能見度與影響力。Bozeman 與 Corley (2004) 對 460 位科學家的問卷調查顯示，年長或資深學者更傾向建立橫跨機構的穩定合作關係，此類合作通常根植於長期累積的人脈與信任，並有助於形塑一種可促進資源、學生、設備與資訊交換的「社會資本」(social capital)。Lee 與 Bozeman (2005) 進一步指出，合作行為與研究產出之間的正向關係會因學者所處之學術資歷階段而有所差異。

儘管上述文獻多聚焦於不同學術階段學者的合作特性與策略差異，然而「研究年齡相近者是否較可能形成合作關係」的議題亦值得深入探討。Laudel (2001) 指出，初階學者常與同儕或導師建立以訓練與發表為導向的合作關係，而資深研究人員則傾向與其它資深學者發展跨機構、資源導向且具策略性的合作網絡。Sheng 等人 (2023) 則說明合作關係的形成具有明顯的研究年齡結構性特徵，研究年齡相近之學者較容易建立穩定且重複的合作關係，而不同學術年齡層之間的合作，則往往需仰賴指導關係、資源互補或制度安排，顯示研究年齡差異在合作網絡中具有一定的分化效果。

進一步的實證研究亦支持年齡同質性 (age homogeneity) 對合作關係的正向影響。透過 ERGM 分析，發現研究年齡相近的學者在合著網絡中更容易形成合作連結 (Newman, 2001; Robins et al., 2007)。Wang 等人 (2017) 以研究年齡作為核心分析變數，指出學者研究年齡分佈呈現明顯長尾特徵，且隨研究年齡增長，其在合作網絡中的度中心性顯著提高，顯示資深學者往往擁有較多合作者；同時，研究亦觀察到不同研究年齡層之間的合作具有顯著同質性特徵，科學研究合作三方小組多由研究年齡相近、以初階學者為主的研究者所組成。上述研究成果顯示，將研究年齡納入節點屬性進行合作網絡分析，有助於釐清研究年齡同質性對研究人才合



作行為的潛在影響。

此外，資深學者通常具備較多的資源整合與專案管理經驗，較可能主導大型跨機構合作計畫；相較之下，初階學者則多處於被動或從屬位置，參與規模較小且主題集中的研究團隊。隨著研究年齡的增長，研究人員逐漸傾向採取策略性合作，藉此鞏固其在學術社群中的地位，並強化資源流通與研究影響力的擴展 (Bozeman & Corley, 2004; Lee & Bozeman, 2005)。


(五) 研究議題相似性

隨著跨學科研究興起，越來越多學者跨越傳統學門進行合作，以共同應對複雜的科學問題 (Porter & Rafols, 2009; Rafols et al., 2010)。學科或議題相似性 (disciplinary or topic similarity) 亦為合作形成的重要基礎。Yan (2014) 以關鍵字與分類代碼為基礎衡量學者間的研究相似度，結果顯示主題相近者有顯著較高的合作傾向。惟在某些情況下，跨領域合作亦可能因政策推動或資源導向而產生較高的共現頻率 (Wagner et al., 2017)。

Abt (2007) 指出，每篇文獻的作者數量隨時間上升，2004 年平均每篇文獻有 5.5 位作者，數學領域最低 (2.8 位)，物理學最高 (9.4 位)。單一作者文獻比例亦大幅下降，1975 年至 2005 年間，天文學由 44% 降至 10%，物理與生物領域由約 40% 降至 20% 以下，化學由 12% 降至 4% (Abt, 2007)。這一趨勢顯示各領域均朝向強化合作發展，僅數學與電子工程在單一作者比例上呈現相對特殊情形。儘管團隊合作普遍增加，但並不必然代表跨學科性同步提升。

(六) 合著次數

而合著次數反映出合作關係的緊密程度與持續性，也常用來衡量社會網絡中的信任程度與連結強度 (Gulati, 1995; Kossinets & Watts, 2006)。合著次數 (Collaboration Count) 則是預測未來合著的強力變數，表示任兩位作者在研究期間共同發表的文獻篇數。此亦可延伸為「合著密度」。Snijders 等人 (2006) 與 Robins 等人 (2007) 於其 ERGM 中納入過去合著次數作為邊屬性變數，發現歷史互動關係有助於形成網絡結構中的三角關係與穩定團體。



Gulati (1995) 指出重複合作次數可作為衡量兩組織間「社會連結強度」的指標。研究發現，既有合作經驗的累積會提升未來合作的機率，因為過去互動建立彼此間的信任與熟悉感。換言之，合作頻率越高，關係越穩固，雙方越可能投入更多資源並降低交易成本。這種結構性信任促進更長期、深入的合作關係，類似於學術領域中多次合著所代表的緊密聯結。而 Kossinets 與 Watts (2006) 透過長期追蹤電子郵件往來等社會網絡資料，指出互動頻率是衡量社會關係強度的核心指標之一。在合作網絡中，合著次數作為一種互動頻率的量化指標，能夠反映出合作關係的持續性與緊密性，也可視為雙方在社會網絡中關係強度的具體展現，如持續通信、頻繁合作等高頻互動通常與更高程度的信任、資訊流通效率及情感支持相關。總之，在學術合作網絡中，合著頻率越高的研究者對彼此的信任與依賴程度也往往越高，並形成更具持續性與穩固性的合作關係。

綜合以上變數，性別、國籍、所屬機構、學術發表量、研究年齡、研究議題相似性與合著次數等外生變數，構成本研究 ERGM 中的關鍵外部節點屬性(表 2.3)，並提供豐富的理論與實證依據，有助於從微觀層次理解學術合著網絡的形成邏輯與釐清合著網絡形成的非結構性因素，並支撐 ERGM 對社會關係結構進行精確建模的能力。

針對上述研究，本研究進一步整理與歸納出常見且具代表性的研究人才合著相關外生變數，探討研究人才之專業背景、學術表現與其合著關係間的關聯性，並將其歸類為學術發表量、研究年齡、研究議題相似性以及合著次數共四個面向(表 2.4)，進而探究哪些特徵的研究人才較傾向形成合著群體。

表 2.3 ERGM 合作網絡研究中常見的研究人才相關外生變數之整理

常見外生變數	屬性	說明	參考文獻
性別	節點	同性別作者間的合作傾向顯著高於異性別組合	Sebo (2021); Kwiek & Roszka (2021)
國籍/地區	節點	共同國籍的作者更傾向建立合作關係，另跨國合著多出現於大型國際計畫中	Choi et al. (2015)
所屬機構	節點/ 邊	隸屬於相同機構的研究人才，往往具有較高的合作機率，空間鄰近性亦是促進合作的因素之一	Bozeman & Corley (2004); Cummings & Kiesler (2005); Katz & Martin (1997)
學術發表量	節點	高產量的學者在合作網絡中往往具有更高的連結機率	Glänzel (2002)
研究年齡	節點/ 邊	指學者自其第一篇學術發表起所累積的年數。研究年齡近似者更傾向於彼此合作	Abbasi et al. (2011); Bozeman & Corley (2004); Laudel (2001); Lee & Bozeman (2005); Sheng et al. (2023); Wang et al. (2017)
學科相似性	邊	學科相近者有較顯著的合作傾向	Abt (2007); Porter & Rafols (2009); Rafols et al. (2010); Yan (2014)
合作次數	邊	合著次數越高的研究者對彼此的信賴程度也越高，並形成更長期穩固的合作關係	Gulati (1995); Kossinets & Watts (2006); Robins et al. (2007); Snijders et al. (2006)

表 2.4 研究人才相關外生變數說明及其文獻來源統整

外生變數	屬性	說明	參考文獻
學術發表量	節點	高產量的學者在合著網絡中往往具有更高的連結機率	Glänzel (2002)
研究年齡	節點/ 邊	指學者自其第一篇學術發表起所累積的年數。研究年齡近似者更傾向於彼此合著	Abbasi et al. (2011) ; Bozeman & Corley (2004) ; Laudel (2001) ; Lee & Bozeman (2005) ; Sheng et al. (2023) ; Wang et al. (2017)
研究議題相似性	邊	研究議題相近者有較顯著的合著傾向	Abt (2007) ; Porter & Rafols (2009) ; Rafols et al. (2010) ; Yan (2014)
合著次數	邊	合著次數越高的研究者對彼此的信任與依賴程度也越高，並形成更長期穩固的合著關係	Gulati (1995) ; Kossinets & Watts (2006) ; Robins et al. (2007) ; Snijders et al. (2006)



第參章 研究方法



本章共分為三節，分別為資料蒐集與清理、資訊計量分析，以及指數隨機圖模型分析。在第一節資料蒐集與清理中，敘述研究資料來源與研究議題分類方式；而第二節資訊計量分析則說明水稻病害研究議題應用在資訊計量分析的操作步驟；最後，第三節則闡述水稻病害研究議題如何以指數隨機圖模型產出研究議題共現關係圖，以及研究人才之間的合著關係。

第一節 資料蒐集與清理

一、資料蒐集

本研究探討水稻病害領域期刊的研究議題共現關係及研究人才合著網絡。研究數據來自 Web of Science 文獻資料庫，檢索範圍涵蓋 2005 年 1 月 1 日至 2024 年 12 月 31 日，並以 Topic (主題) 欄位進行 SCIE (Science Citation Index Expanded) 檢索，依據 Abd-Elsalam 與 Mohamed (2022) 所整理之水稻病害分類表，將檢索關鍵字列舉如下：rice AND (“blast” OR “sheath blight” OR “brown spot” OR “leaf scald” OR “narrow brown spot” OR “stem rot” OR “sheath rot” OR “bakanae” OR “false smut” OR “bacterial blight” OR “bacterial leaf streak” OR “foot rot” OR “grain rot” OR “sheath brown rot” OR “leaf blight” OR “leaf streak” OR “panicle blight” OR “tungro” OR “grassy stunt” OR “stripe virus” OR “yellow mottle virus” OR “dwarf virus” OR “ragged stunt” OR “blackstreaked dwarf virus” OR “ufra” OR “stem nematode” OR “white tip” OR “root knot”)。

最終獲得 10,597 筆文獻，並將所有數據匯出至 Excel 進行後續分析。匯出之 Excel 欄目共計 73 項 (附錄一)。



二、資料清理

為確保資料之一致性與可分析性，本研究依序進行文獻篩選、作者識別、研究議題分類、合著關係建構與格式轉換等資料清理作業，說明如下。

(一) 去除重複與錯誤資料

由 Web of Science 匯出之文獻中，可能包含重複紀錄或不完整資訊。為確保數據品質，本研究排除標示為撤回 (retracted) 之文獻 4 篇、出版年為 2025 之文獻 62 篇，以及缺乏所屬機構資訊之文獻 241 篇，共剔除 307 篇文獻，最終納入 10,290 篇文獻作為研究樣本。

(二) 人名的權威控制

考量作者姓名可能因拼寫差異或縮寫方式不同而導致重複辨識問題，本研究以作者姓氏搭配名字首字母作為初步識別依據，並輔以作者所屬機構資訊進行人工比對與校正，以整併疑似為同一研究人才之不同姓名形式，確保識別之一致性。

(三) 關鍵字與研究議題分類

本研究以文獻所提供之作者關鍵字作為研究議題分類之主要依據，並依據預先建構之水稻病害研究議題分類架構，將各篇文獻對應至相應之研究議題代碼。對於未提供作者關鍵字之文獻，則以文獻標題輔助判定其研究主題，並依相同分類原則進行歸類。若單篇文獻同時涉及多個研究面向，則允許其對應至複數研究議題類別。至於完整的水稻病害研究議題分類架構表，已於本章第二節「資訊計量分析」之「一、研究議題分類架構」中詳述 (表 3.2)。

(四) 合著網絡的建構說明

在合著網絡分析中，本研究僅針對具有兩位以上作者之文獻建立研究人才間之合著連結，以確保網絡邊關係反映實際合著關係；單一作者之文獻因不涉及合著互動，未納入合著網絡建構；惟其研究議題資訊與文獻產出仍保留於研究議題分析與整體文獻統計中，以維持資料分析之一致性與完整性。



(五) 格式轉換與數據匯入

本研究將完成清理與標準化後之網絡資料轉換為 MPNet 可讀取之文字格式，並依序匯入研究議題共現網絡、研究人才合著網絡，以及研究議題—研究人才之多層次關係資料。後續分析則透過 MPNet 軟體進行 ERGM 參數估計、模型收斂檢驗與配適度分析，以評估模型對多層次網絡結構之解釋能力。

三、研究議題與研究人才資料集

為探討研究議題與研究人才之間的連結關係，本研究首先建構資料集，將研究人才與其參與之研究議題進行系統性整理。資料需以結構化表格方式呈現，使每位研究人才所參與之文獻能明確對應至特定研究議題，作為後續研究人才合著網絡分析與研究議題關聯評估之基礎。本研究以 10,290 篇 Web of Science 收錄之水稻病害相關文獻為樣本，依據前述 18 項研究議題分類結果，整理出每位研究人才參與文獻所對應之研究議題代碼。至於研究人才總數統計為 35,688 人，由於 MPNet 節點上限為 2,000，為此，本研究僅納入合著次數至少 5 次的研究人才作為分析節點（表 3.1），最終樣本包括 1,675 名研究人才及其對應的 5,654 篇文獻。研究議題代碼則依原始 10,290 篇文獻進行整理與計算，以確保網絡結構的完整性。

表 3.1 合著次數篩選後研究人才分布

篩選合著次數	篩選後研究人才對數	篩選後研究人才數
1	95,399	8,950
2	56,123	4,297
3	38,132	2,507
4	28,444	1,675
5	22,704	1,262
6	17,626	912
7	14,240	683
8	11,920	562
9	9,904	461
10	8,554	384

第二節 資訊計量分析



一、研究議題分類架構

本研究採用階層式分類架構，將水稻病害研究議題分為三大主要類別，分別為 A 類「病原與非生物逆境因子」、B 類「病害防治與監測方法」，以及 C 類「分子植物病理與遺傳研究」，並進一步細分為 18 項二階研究議題，如表 3.2 所示。由於單篇文獻可能同時涉及多個研究面向，研究議題分類採可複數歸類方式進行，故各研究議題之佔比加總並非 100%。各二階研究議題之概念定義與分類範圍彙整如表 3.3 所示，而文獻關鍵字之分類與對應規則則詳列於附錄二。

表 3.2 水稻病害研究議題分類架構表及其篇數與佔比

代號	研究議題類別	篇數	比例
A	病原與非生物逆境因子	10,286	99.96%
A1	稻熱病	5,407	52.55%
A2	非稻熱病之真菌性病害	3,041	29.55%
A3	細菌性病害	2,675	26.00%
A4	病毒性病害	1,395	13.56%
A5	線蟲與其它微生物	465	4.52%
A6	非生物逆境因子	1,171	11.38%
B	病害防治與監測方法	2,642	25.68%
B1	化學防治與抗藥性	953	9.26%
B2	生物防治與拮抗微生物	616	5.99%
B3	栽培管理與防治方法	867	8.43%
B4	病蟲害綜合管理	272	2.64%
B5	生物農藥與天然素材	216	2.10%
B6	數位科技與預測模型	455	4.42%
C	分子植物病理與遺傳研究	7,716	74.99%
C1	病原檢測與鑑定	2,956	28.73%
C2	抗病基因鑑定與圖譜建構	4,506	43.79%
C3	基因表現與轉殖研究	3,559	34.59%
C4	蛋白質與酵素功能	1,976	19.20%
C5	抗性機制解析	910	8.84%
C6	分子訊號傳導	1,708	16.60%



表 3.3 水稻病害研究議題二階分類號與定義對照表

代號	中文名稱	英文名稱	定義與範圍
A1	稻熱病	Rice blast	由 <i>Magnaporthe oryzae</i> (<i>Pyricularia oryzae</i>) 引起的水稻病害。
A2	非稻熱病真菌性病害	Non-blast fungal diseases	由其它真菌引起的病害，包括胡麻葉枯病、紋枯病、稻麴病等。
A3	細菌性病害	Bacterial diseases	由細菌引起的病害，包括白葉枯病、細菌性條斑病、細菌性穀枯病等。
A4	病毒性病害	Viral diseases	由病毒引起的病害，包括縞葉枯病、黃葉病等。
A5	線蟲与其它微生物	Nematodes and other microorganisms	由線蟲或其它微生物引起的病害，如白尖病等。
A6	非生物逆境因子	Abiotic stress factors	涵蓋乾旱、高溫、鹽害、寒害、淹水、土壤酸化等非生物逆境因子。
B1	化學防治與抗藥性	Chemical control and pesticide resistance	包括殺菌劑使用、藥劑篩選、抗藥性監測與抗藥機制研究。
B2	生物防治與拮抗微生物	Biological control and antagonistic micro-organisms	利用生物資源如拮抗真菌、細菌、病毒進行病原抑制的研究。
B3	栽培管理與防治方法	Cultivation management and prevention methods	包含輪作、施肥、水分管理 etc 農藝措施對病害抑制的應用策略。
B4	病蟲害綜合管理	Integrated Pest Management (IPM)	以 IPM 為核心的病蟲整合管理技術，如決策輔助、作物健康管理等。
B5	生物農藥與天然素材	Biopesticides and natural materials	探討植物萃取物、天然抗菌物質或新型生物資材對病害的防治潛力。
B6	數位科技與預測模型	Digital technology and predictive modeling	涵蓋機器學習、病害預測模型、智慧感測器與自動化防治技術的應用。



代號	中文名稱	英文名稱	定義與範圍
C1	病原檢測與鑑定	Pathogen detection and identification	包括 LAMP、PCR、ELISA 等技術在病原鑑定、檢測與診斷的應用。
C2	抗病基因鑑定與圖譜建構	Identification and mapping of disease resistance genes	包括抗病基因、QTL 分析、連鎖圖譜與 SNP/SSR 標記研究。
C3	基因表現與轉殖研究	Gene expression and transgenic research	包括基因過度表現、基因沉默、T-DNA 插入、轉基因等技術研究。
C4	蛋白質與酵素功能	Protein and enzyme function	研究 PR 蛋白、抗病相關酵素、轉譯後修飾與蛋白質功能分析。
C5	抗性機制解析	Resistance mechanism analysis	探討初級與進階免疫、防禦物質累積、氧化爆發等抵抗病原機制。
C6	分子訊號傳導	Molecular signaling	包含 MAPK、WRKY、MYB 等具抗病反應之分子調控機制。




A 類「病原與非生物逆境因子」之分類依據，是由水稻病害之致病來源建構縱向分析架構，由單一核心病害、各類生物性病原延伸至非生物逆境因子。A1 稻熱病為全球水稻最重要、研究量最高且影響最深遠之病害，在文獻中具有高度集中性與代表性，因此將其獨立成類 (Chauhan et al., 2017; Miah et al., 2013)；A2 至 A5 分別涵蓋其它真菌、細菌、病毒與線蟲，對應不同病原類型的致病特徵起 (Nazarov et al., 2020)；A6 則聚焦非生物逆境因子，如氣候、土壤與營養等，反映環境條件對病害發生之影響 (Arif et al., 2019; Dar et al., 2021)。此分類架構可系統呈現水稻病害研究中病原與環境因素來源的多樣性。

B 類「病害防治與監測方法」之分類依據，綜合 Khoury 與 Makkouk (2010)、Pandit 等人 (2022)，以及 Reddy 等人 (2024) 文獻中提及的防治方式與技術整合，延伸至策略管理與智慧化應用。B1-B3 分別對應化學防治、生物防治與栽培管理，代表生態與管理措施層面；B4-B6 則涵蓋整合性防治、生物農藥與科技應用，呈現策略整合與智慧系統層面。此分類可呈現水稻病害防治由單一手段至系統化治理的發展過程。

C 類「分子植物病理與遺傳研究」之分類邏輯係依據 Luchi (2022)《Plant Pathology: Methods and Protocols》所呈現之分子病害研究流程，由「方法」至「機制」建構其分析架構，分別為 C1 病原檢測與鑑定，屬分子技術導向之研究起點；C2 與 C3 分別對應抗病基因之遺傳定位與功能驗證；C4 關注防禦相關蛋白與酵素之生化功能；C5 與 C6 則進一步探討植物免疫反應之整體防禦機制與其訊號調控與整合層次。此分類架構可系統性呈現水稻病害研究於分子尺度上的研究脈絡。

二、水稻病害研究議題共現網絡之分析方法

為探討水稻病害研究議題間的內在關聯性，本研究採用資訊計量分析方法建立議題共現網絡。首先，從 Web of Science 文獻資料庫中擷取標題、出版年及關鍵字等資料，並依既定分類架構將文獻標註至對應的研究議題主類別及二階類別。議題共現定義為不同議題同時出現在單篇文獻中，據此生成議題共現矩陣，矩陣元素



以共現頻率或 Jaccard 指數表示議題間的關聯強度。接著，計算網絡密度、平均度數、聚類係數及模組化指標，並透過可視化圖形呈現議題之間的聚合結構與關聯模式。此外，為量化研究議題間的時間相近性，研究亦採用皮爾森相關係數作為輔助指標，以評估研究議題間之潛在關聯。綜上所述，本研究透過資訊計量分析建構研究議題共現網絡，藉由描述性網絡指標與可視化分析，掌握水稻病害研究議題間的整體結構特徵與關聯樣貌；而進一步影響議題連結形成之因素，則於後續 ERGM 分析中，透過內生與外生變數加以檢驗。

三、水稻病害研究人才合著網絡之分析方法

本研究針對水稻病害領域之研究人才，採用合著網絡分析方法檢視其學術合著結構與模式。首先，彙整研究人才名單及其文獻發表紀錄，並依合著關係生成研究人才—文獻，以及研究人才—研究議題資料表，邊屬性用以表示研究人才之間是否存在合著關係，並可進一步反映其合著次數或加權合著強度。完成合著網絡之建構後，本研究於後續分析中導入 ERGM，以進一步驗證研究人才合著關係是否呈現隨機以外的結構特徵，並作為納入研究人才屬性與研究議題關聯性等變數進行模型估計之基礎。

四、水稻病害研究議題與研究人才之分析方法

為解析水稻病害研究人才與研究議題之間的交互關係，本研究採用多層次網絡分析方法，整合研究議題共現網絡與研究人才合著網絡。研究中首先將研究人才與其所涉及之研究議題加以連結，並透過網絡指標描述研究議題與研究人才之間的連結密度、節點中心性與多研究議題合著潛力。進一步地，本研究於後續分析中導入 MLERGM，以建構跨層級網絡之統計模型，並檢視研究人才屬性與研究議題特徵在連結形成過程中所呈現之結構關聯。



第三節 ERGM 相關變數指標計算

在 ERGM 中，網絡連結的形成並非相互獨立，而是受到既有網絡結構所產生之依賴性影響；此類結構性影響可透過由網絡本身衍生之內生變數建模，亦可納入節點屬性或關係特徵等外生變數作為共變項進行參數化建模，以評估特定屬性因素對網絡連結形成機率之影響。以下分別以研究議題與研究人才之內生變數、外生變數與其節點屬性共變項之計算方法等四個部分進行闡述。

一、研究議題與研究人才之內生變數計算方法


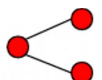

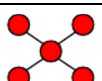
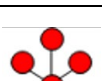
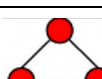
基於 ERGM 與 MLERGM 的理論基礎 (Robins et al., 2007; Snijders et al., 2006; Wang et al., 2013, 2014)，本研究針對研究議題共現網絡、研究人才合著網絡，以及研究議題—研究人才之跨層次網絡，依據 MPNet 軟體內建所提供之結構性内生變數指標，選擇適用參數以納入模型進行估計，並依據收斂性、參數顯著性與模型擬合結果，逐步篩選與調整内生變數組合，以建構最能反映實際資料特徵之模型架構。

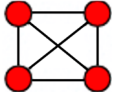
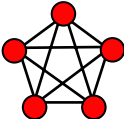
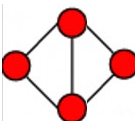
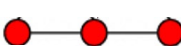
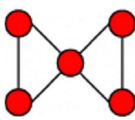
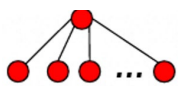
在單層網絡分析中，本研究分別建構「研究議題共現網絡」與「研究人才合著網絡」兩種同質節點之單層網絡結構。其中，於研究議題共現網絡中，圓形節點代表研究議題，邊表示研究議題於同一篇文獻中之共現關係；於研究人才合著網絡中，方形節點代表研究人才，邊則表示研究人才之間的合著關係，如表 3.4 與表 3.5 所示 (結構示意圖概念參考 Wang et al., 2014)。此分析設計用以說明相同層級內之互動結構如何影響節點間連結之形成，其計算公式所涉及之符號定義可參考表 3.7。

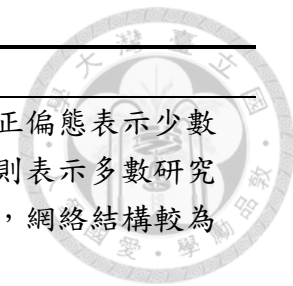
單層網絡相關内生變數涵蓋邊數 (EdgeA/B)、不同階數之星狀結構 (Star2A-5A、Star2B-5B)、三角與閉合結構 (TriangleA/B、Triange2A、Cycle4B)、群聚結構 (Clique4A-5A)、交替路徑與橋樑結構 (Path3A、ASA、ASB、ASB2、ATB、A2PB、AETB、Bow-tie)、度數分布與中心性 (stddev_degreeA/B、skew_degreeA/B)，以及聚類係數 (clusteringA/B)，以分別描繪單層網絡中之集中化程度、局部閉合與群聚結構，以及連結形成的結構依賴特性。



表 3.4 研究議題共現網絡之內生變數結構示意圖與計算公式


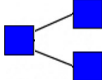
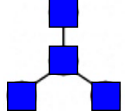
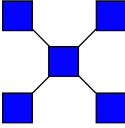
内生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
EdgeA	邊數		$\sum_{(i,j) \in E} y_{ij}$	衡量水稻病害研究中，不同研究議題彼此共同出現的整體頻繁程度。EdgeA 值越高，代表研究議題之間的交互連結越密集，顯示研究內容具有較高的整合與交叉程度。
Star2A	二階星狀結構		$\sum_{i \in V} \binom{d_i}{2}$	表示單一研究議題同時與兩個不同研究議題共同出現的情形，用以衡量該研究議題是否具備基礎的議題擴散或延伸能力。
Star3A	三階星狀結構		$\sum_{i \in V} \binom{d_i}{3}$	表示單一研究議題同時連結三個不同研究議題，顯示該研究議題在研究中扮演多議題整合核心，常作為跨主題研究的樞紐。
Star4A	四階星狀結構		$\sum_{i \in V} \binom{d_i}{4}$	表示單一研究議題同時連結四個不同研究議題，反映該研究議題在水稻病害研究中具備高度主導性或平台型角色。
Star5A	五階星狀結構		$\sum_{i \in V} \binom{d_i}{5}$	表示單一研究議題同時連結五個不同研究議題，顯示少數議題是否成為跨多研究方向的核心研究議題，反映該結構的高度集中化。
TriangleA	三角閉環結構		$\sum_{i < j < k \in A} (y_{ij}y_{jk}y_{ki})$	代表三個研究議題彼此之間高度共現且穩定連結，顯示其已形成成熟且固定的研究議題組合，常見於長期被反覆探討的核心研究方向。

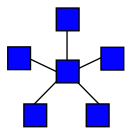
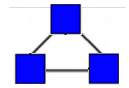
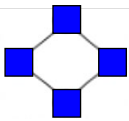
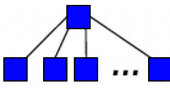
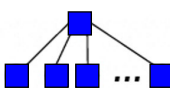
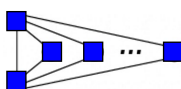
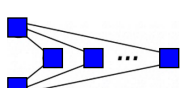
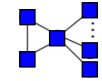
內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
Clique4A	四節點完全連結		$\sum_{i < j < k < l \in A} (y_{ij}y_{ik}y_{il}y_{jk}y_{jl}y_{kl})$	反映四個研究議題之間彼此高度整合且共同出現，顯示研究內容已形成高密度、系統化的研究議題群組。
Clique5A	五節點完全連結		$\sum_{i < j < k < l < r \in A} \prod_{u < v \in \{i, j, k, l, r\}} y_{uv}$	表示五個研究議題同時形成完全連結的高度結構化群組，反映水稻病害研究中少數高度成熟、複合性極高的研究議題體系。
Triange2A	二階三角結構		$\sum_{i < j < k < l \in A} (y_{ij}y_{jk}y_{ki})(y_{il}y_{jl})$	表示兩個研究議題群組透過共享關鍵研究議題而產生交疊，反映不同研究方向之間存在橋接性與整合性研究脈絡。
Path3A	三節點路徑結構		$\sum_{i < j < k \in A} (y_{ij} \cdot y_{jk})$	三個節點依序相連的兩條邊，描述研究議題之間的線性連結關係，反映議題發展上可能存在的延伸、轉化或方法導向的研究脈絡，但尚未形成閉環整合。
Bow-tie	蝴蝶結結構		$\sum_{i, j, k, l, r \in A} (y_{ij}y_{jk}y_{ki})(y_{il}y_{lr}y_{ri})$	兩個三角形共享同一個頂點的結構，表示兩組研究議題群透過共同的核心研究議題相互連結，顯示該議題在不同研究中扮演跨群整合與知識匯流的關鍵角色。
ASA	同質性連結		$\lambda \sum_{i \in A} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{d_i} \right\}$	一個節點同時連結多個不同節點，用以衡量研究議題連結的集中程度與累積效應，檢測是否存在少數研究議題反覆與多個議題共同出現，反映研究議題結構中的核心化與不均衡分布現象。
stddev_degreeA	度數標準差	NA	$\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (d_i - d)^2}$	衡量節點度數的分散程度，衡量研究議題間連結數的差異程度，數值越高表示研究議題共現網絡中存在高度不均衡的議題影響力分布，即部分議題明顯主導研究連結。

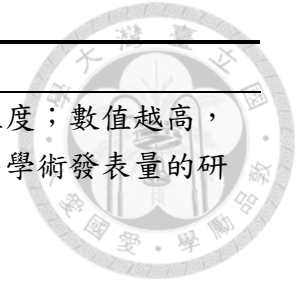


內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
skew_degreeA	度數偏態	NA	$\frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (d_i - d)^3}{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (d_i - d)^2\right)^{\frac{3}{2}}}$	衡量研究議題連結分布之偏態程度；正偏態表示少數核心研究議題主導多數連結，負偏態則表示多數研究議題皆具有相對較高且均衡的連結數，網絡結構較為分散、中心化程度較低。
clusteringA	聚類係數	NA	$\frac{1}{n} \sum \frac{2e_i}{d_i(d_i - 1)}$	衡量研究議題的聚集程度，是否傾向形成緊密的議題群聚；數值越高，表示研究議題之間常形成穩定且重複的共現組合。

表 3.5 研究人才合著網絡之內生變數結構示意圖與計算公式

內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
EdgeB	邊數		$\sum_{(c,d) \in V} y_{cd}$	衡量研究人才之間實際形成合著關係的總體密度；數值越高，表示合著關係越頻繁。
Star2B	二階星狀結構		$\sum_{c \in V} \binom{d_c}{2}$	表示單一研究人才同時與兩位不同研究人才合著，反映研究人才初步擴展合著網絡的情形。
Star3B	三階星狀結構		$\sum_{c \in V} \binom{d_c}{3}$	表示單一研究人才同時連結三位不同研究人才，顯示該研究人才在研究合著網絡中扮演核心角色，且具影響力。
Star4B	四階星狀結構		$\sum_{c \in V} \binom{d_c}{4}$	表示單一研究人才同時連結四位不同研究人才，反映該研究人才在水稻病害研究中具備高度主導性或平台型角色。

內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
Star5B	五階星狀結構		$\sum_{c \in V} \binom{d_c}{5}$	表示單一研究人才同時連結五位不同研究人才，反映該研究人才主導大量合著關係，顯示研究合著結構中高度集中化現象。
TriangleB	三角閉環結構		$\sum_{c < d < e \in A} (y_{cd}y_{de}y_{ce})$	表示三位研究人才彼此之間皆存在合著關係，反映研究團隊內部的穩定合著小群體。
Cycle4B	四節點環路結構		$\sum_{c < d, e < f \in A, \{c, d\} \neq \{e, f\}} (y_{ce}y_{de}y_{df}y_{cf})$	衡量研究人才是否形成非中心化的合著閉合結構，顯示合著關係可能沿著輪替或鏈結式合著模式展開，而非集中於單一核心研究人才。
ASB	同質性連結		$\lambda \sum_{c \in B} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{d_c} \right\}$	衡量研究人才合著關係的集中程度，用以檢測是否存在少數研究人才與多數研究人才反覆合著的累積優勢效應。
ASB2	二階同質性連結		$\lambda \sum_{c \in B} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{d_c} \right\}$	進一步說明研究人才合著關係中的高階集中化現象，反映核心研究人才在合著網絡中的強化主導角色。
ATB	交替傳遞二元組		$\lambda \sum_{c < d \in B} y_{cd} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{L_{cd}^B} \right\}$	表示多個合著三角形重疊於同一對研究人才之間，反映該研究人才對在研究社群中具有高度穩定且重複的合著關係。
A2PB	交替兩步路徑		$\lambda \sum_{c < d \in B} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{L_{cd}^B} \right\}$	衡量兩位尚未直接合著的研究人才，是否透過多位共同合著者間接連結，反映水稻病害研究中潛在的合著擴散效應。
AETB	多外掛三角結構		$\sum_{c < d < e \in B} (y_{cd}y_{de}y_{ce}) \binom{d_e - 2}{m}$	表示研究合著以既有穩定合著團隊為核心，並向外吸納新成員，反映研究團隊的擴張型合著模式。



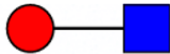
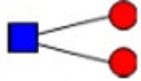
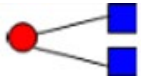
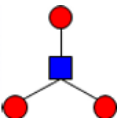
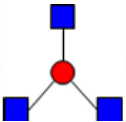

內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
stddev_degreeB	度數標準差	NA	$\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{c=1}^n (d_c - d)^2}$	衡量研究人才合著次數的差異程度；數值越高，表示研究合著關係集中於少數高學術發表量的研究人才。
skew_degreeB	度數偏態	NA	$\frac{\frac{1}{n} \sum_{c=1}^n (d_c - d)^3}{\left(\frac{1}{n} \sum_{c=1}^n (d_c - d)^2\right)^{\frac{3}{2}}}$	衡量研究人才合著分布是否呈現偏態；正偏態表示少數核心研究人才主導多數合著關係；負偏態則表示合著關係相對均衡。
clusteringB	聚類係數	NA	$\frac{1}{n} \sum \frac{2e_c}{d_c(d_c - 1)}$	衡量研究人才是否傾向形成緊密的合著群體；數值越高，表示研究合著常以固定且穩定的研究團隊形式出現。

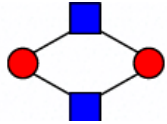
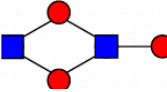
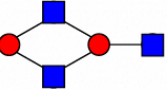
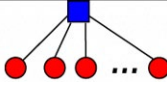
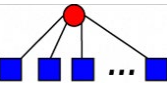
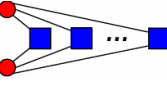
至於在 MLERGM 分析中，本研究建構研究議題與研究人才之跨層連結網絡，同樣以圓形與方形節點分別表示研究議題與研究人才，邊則代表研究人才所參與之特定研究議題，如表 3.6 所示（結構示意圖概念參考 Wang et al., 2014）。此模型設計用以說明不同層級之節點屬性與結構互動，如何共同影響研究議題與研究人才之間跨層連結的形成，其計算公式所涉及之符號定義可參考表 3.7。

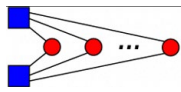
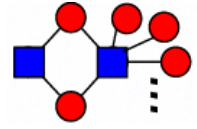
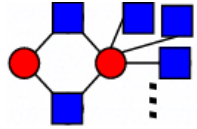
在跨層網絡之內生變數設定上，本研究納入多項跨層結構性統計量，以描繪研究議題與研究人才之間的連結密度、集中化程度與結構依賴特性。相關内生變數涵蓋跨層邊數（cross-level edge, XEdge）、不同階數之跨層星狀結構，包括 A 類二階星狀結構（cross-level two-star A, XStar2A）、A 類三階星狀結構（cross-level three-star A, XStar3A）、B 類二階星狀結構（cross-level two-star B, XStar2B）與 B 類三階星狀結構（cross-level three-star B, XStar3B）、跨層路徑結構（cross-level three-path, X3Path）、四階閉環結構（cross-level four-cycle, X4Cycle）、A 類單外掛四環（cross-level extra cycle A, XECA）、B 類單外掛四環（cross-level extra cycle B, XECB）、A 類交替星狀結構（cross-level alternating star A, XASA）、B 類交替星狀結構（cross-level alternating star B, XASB）、A 類交替二路徑結構（cross-level alternating cycle A, XACA）、B 類交替二路徑結構（cross-level alternating cycle B, XACB）、A 類交替多外掛四環（cross-level alternating extra cycle A, XAECA）、B 類交替多外掛四環（cross-level alternating extra cycle B, XAECB）、A 類度數標準差（cross-level degree standard deviation A, stddev_degreeX_A）、A 類度數偏態（cross-level degree skewness A, skew_degreeX_A）、B 類度數標準差（cross-level degree standard deviation B, stddev_degreeX_B）、B 類度數偏態（cross-level degree skewness B, skew_degreeX_B），以及跨層聚類係數（cross-level clustering coefficient, clusteringX）等 20 項内生變數指標。



表 3.6 研究議題與人才多層次網絡之內生變數結構示意圖與計算公式

内生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
XEdge	跨層邊數		$\sum_{i \in A, c \in B} y_{ic}$	衡量研究議題與研究人才之間實際形成連結的總量，反映研究人才參與各研究議題的整體密度。
XStar2A	A 類二階星狀結構		$\sum_{c \in B} \binom{deg_A(c)}{2}$	表示單一研究人才同時參與兩個不同研究議題，反映研究人才之跨研究議題傾向。
XStar2B	B 類二階星狀結構		$\sum_{i \in A} \binom{deg_B(i)}{2}$	表示單一研究議題同時吸引兩位不同研究人才，反映研究議題的基礎吸引力與研究參與度。
XStar3A	A 類三階星狀結構		$\sum_{c \in B} \binom{deg_A(c)}{3}$	表示單一研究人才同時參與三個研究議題，反映研究人才在研究議題配置上的多元化與整合能力。
XStar3B	B 類三階星狀結構		$\sum_{i \in A} \binom{deg_B(i)}{3}$	表示單一研究議題同時吸引三位研究人才，反映研究議題在研究社群中的核心性與熱門程度。
X3Path	交替類別的四節點路徑		$\sum_{i, j \in A} \sum_{c, d \in B} y_{ic} y_{cd} y_{dj}$	描述研究人才與研究議題之間間接連結路徑，反映研究人才可能透過既有研究議題配置，逐步擴展至其它相關研究議題。

內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
X4Cycle	四階閉環結構		$\sum_{i < j \in A} \sum_{c < d \in B} y_{ic} y_{jc} y_{id} y_{jd}$	表示特定研究人才對參與相同研究議題組合，反映研究議題與研究人才之間形成穩定且重複的對應關係
XECA	A類單外掛四環		$\sum_{i < j \in A} \sum_{c < d \in B} \sum_{k \in A, k \neq i, j} (y_{ic} y_{jc} y_{id} y_{jd} \cdot y_{ck})$	表示研究人才在既有共同研究議題組合下，進一步延伸參與額外研究議題，反映研究人才在研究議題上的擴展行為。
XECB	B類單外掛四環		$\sum_{i < j \in A} \sum_{c < d \in B} \sum_{k \in B, k \neq c, d} (y_{ic} y_{jc} y_{id} y_{jd} \cdot y_{jk})$	表示研究議題在既有研究人才組合下，進一步吸引額外研究人才，反映研究議題在研究人才上的擴散能力。
XASA	A類交替星狀結構		$\lambda \sum_{c \in B} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{\text{deg}_A(c)} \right\}$	衡量研究人才參與研究議題的集中程度，用以檢測是否存在少數研究人才同時涉入多個研究議題的累積優勢效應。
XASB	B類交替星狀結構		$\lambda \sum_{i \in A} \left\{ 1 - \left(1 - \frac{1}{\lambda} \right)^{\text{deg}_B(i)} \right\}$	衡量研究議題吸引研究人才的集中程度，用以檢測是否存在少數研究議題吸納大量研究人才的核心化現象。
XACA	A類交替二路徑結構		$\lambda \sum_{i < j \in A} \left\{ 1 - \left(\frac{\lambda - 1}{\lambda} \right)^{\sum_{c \in B} y_{ic} y_{jc}} \right\}$	表示多位研究人才共同參與相同的研究議題組合，反映研究議題配置上的團隊化研究模式。

內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
XACB	B類交替二 路徑結構		$\lambda \sum_{c < d \in B} \left\{ 1 - \left(\frac{\lambda - 1}{\lambda} \right)^{\sum_{i \in A} y_{ic} y_{id}} \right\}$	表示多個研究議題由相同的研究人才組合所主導，反映研究人才在不同研究議題間的跨議題整合角色。
XAECA	A類交替多 外掛四環		$\sum_{i < j \in A} \sum_{c < d \in B} I(y_{ic} y_{jc} y_{id} y_{jd} = 1) \cdot \binom{d_j - 2}{m}$	表示研究人才在既有研究議題組合基礎上，同時延伸至多個額外研究議題，反映高度活躍研究人才在研究議題上的擴散與主導能力。
XAECB	B類交替多 外掛四環		$\sum_{i < j \in A} \sum_{c < d \in B} I(y_{ic} y_{jc} y_{id} y_{jd} = 1) \cdot \binom{d_c - 2}{m}$	表示研究議題在既有研究人才基礎上，進一步吸引多位研究人才參與，反映研究議題在研究社群中的擴張性與影響力。
stddev_degreeX_A	A類度數標 準差	NA	$\sqrt{\frac{1}{n_A} \sum_{i \in A} (d_i - \bar{d}_A)^2}$	衡量研究議題吸引研究人才數量的差異程度；數值越高，表示研究議題在研究人才參與上呈現高度不均衡。
skew_degreeX_A	A類度數偏 態	NA	$\frac{\frac{1}{n_A} \sum (d_i - \bar{d}_A)^3}{\left(\frac{1}{n_A} \sum (d_i - \bar{d}_A)^2 \right)^{\frac{3}{2}}}$	衡量研究議題吸引研究人才分布是否偏態；正偏態表示少數核心研究議題吸引多數研究人才。
stddev_degreeX_B	B類度數標 準差	NA	$\sqrt{\frac{1}{n_B} \sum_{c \in B} (d_c - \bar{d}_B)^2}$	衡量研究人才參與研究議題數量的差異程度；數值越高，表示研究人才在研究參與上呈現高度分化。

內生變數	中文名稱	結構示意圖	計算公式	研究涵義與說明
skew_degreeX_B	B類度數偏態	NA	$\frac{\frac{1}{n_B} \sum (d_c - \bar{d}_B)^3}{\left(\frac{1}{n_B} \sum (d_c - \bar{d}_B)^2\right)^{\frac{3}{2}}}$	衡量研究人才參與研究議題分布是否偏態；正偏態表示少數核心研究人才涉入多數研究議題。
clusteringX	跨層聚類係數	NA	$\frac{4 \times (\sum_{i < j \in A} \sum_{c < d \in B} y_{ic} y_{jc} y_{id} y_{jd})}{\sum_{i, j \in A, c, d \in B} (y_{ic} \cdot y_{cj} \cdot y_{dj})}$	衡量研究議題與研究人才是否傾向形成穩定且重複的對應組合；數值越高，表示研究活動常圍繞固定的研究議題與研究人才配置進行。

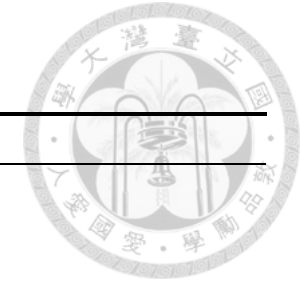


表 3.7 內生變數計算公式之相關符號與定義

編號	符號	類別	定義
1	A	網絡與節點集合	水稻病害研究議題共現網絡（議題網絡）
2	B		水稻病害研究人才合著網絡（人才網絡）
3	$n_A; n_B$		議題網絡中的節點數；人才網絡中的節點數
4	V		網絡中的節點集合
5	i, j, k, l, r	節點索引	議題網絡之節點 i, j, k, l, r
6	c, d, e, f		人才網絡之節點 c, d, e, f
7	u, v		邊上兩端點的通用索引
8	$y; y_{uv}$	邊與連結	$y=1$ 代表兩節點間有連結；研究議題 u 與 v 之間是否存在連結
9	$I(\cdot)$		指示函數，判斷特定局部結構是否完整存在
10	d/deg	度數與跨層度數	節點度數，衡量一個節點在跨層關係中的活躍程度
11	$d_i; d_c$		議題網絡中節點 i 之度數；人才網絡中節點 c 之度數
12	$\bar{d}_A; \bar{d}_B$		議題網絡中節點度數的平均值；人才網絡中節點度數的平均值
13	$deg_B(i)$		研究議題節點 i 在跨層網絡所連結之研究人才節點數，即參與該研究議題的研究人才數
14	$deg_A(c)$		研究人才節點 c 在跨層網絡所連結之研究議題節點數，即該研究人才參與的研究議題數
15	e_i	其它結構變數	與研究議題節點 i 相鄰的所有研究議題之間實際存在的邊數
16	e_c		與研究人才節點 c 相鄰的所有研究人才之間實際存在的邊數
17	L		共享鄰居，衡量兩節點間結構閉合強度
18	m	參數與運算符	星狀分支數，描述核心結構外的擴張規模
19	λ		衰減參數，控制結構複雜度對模型影響的遞減率
20	Π		連乘符號，表示指定節點組合中所有指定邊同時存在之乘積運算



二、研究議題與研究人才之節點屬性共變項計算方法

ERGM 中，節點屬性共變項 (attribute covariates) 用以衡量節點所具有的外在屬性，是否會影響網絡連結形成的機率。本研究分別針對研究議題共現網絡、研究人才合著網絡及跨層次網絡，一共納入五種節點屬性共變項，如表 3.8 所示 (結構示意圖概念參考 Wang et al., 2014)，以分析不同屬性特徵在網絡結構中的作用機制。以下依序說明各項節點屬性共變項之計算方式與研究涵義。

表 3.8 單層次網絡中節點屬性共變項之結構示意圖

共變項	中文名稱	結構示意圖	計算公式
Edge	邊屬性		$S_{Edge} = \sum_{i,j} y_{ij}x_{ij}$
Activity	活躍度		$S_{Activity} = \sum_{i,j} y_{ij}x_i$
Sum	總和效益		$S_{Sum} = \sum_{i,j} y_{ij}(x_i+x_j)$
Difference	差異效益		$S_{Diff} = \sum_{i,j} y_{ij} x_i-x_j $
Product	乘積效益		$S_{Prod} = \sum_{i,j} y_{ij}(x_i \cdot x_j)$

(一) Edge (邊屬性)

Edge 共變項用以衡量潛在連結本身所具有之屬性，是否會影響兩節點之間連結形成的機率。此類共變項並非節點屬性，而是直接作用於節點對 (dyad) 層次，用以檢驗特定連結特徵是否提高該連結出現的可能性。其統計量定義如下：

$$S_{Edge} = \sum_{i,j} y_{ij}x_{ij}$$

其中， y_{ij} 表示節點 i 與 j 之間是否存在連結， x_{ij} 則為該節點對所對應之邊屬性值。在本研究中，Edge 共變項分別用以檢驗研究議題熱門度 (pop_EdgeA)、時間相近性 (time_EdgeA) 以及研究議題相似性 (sim_EdgeB) 三類連結屬性對網絡形成的影響。pop_EdgeA 衡量高熱門度研究議題之間是否較容易形成共現關係，以檢

驗研究議題關注度對議題連結形成的影響；time_EdgeA 用以評估研究議題在發展時間上越相近時，是否越容易在同一篇文獻中共同出現，反映研究趨勢同步性對議題連結的影響；sim_EdgeB 則衡量研究議題的相似程度，是否提高研究人才形成合著的機率，藉以檢驗研究議題相似性在研究人才合著網絡中的作用。

(二) Activity (活躍度)

Activity 共變項用以衡量具有較高屬性值的節點，是否傾向於在網絡中形成較多連結，即檢驗節點屬性對其連結活躍程度的影響。其統計量定義如下：

$$S_{Activity} = \sum_{i,j} y_{ij}x_i$$

其中， y_{ij} 為節點 i 與 j 之間的連結狀態（存在為 1，否則為 0）， x_i 為節點 i 所對應之屬性值。此統計量會累加所有由節點 i 所形成之連結，並以其屬性值進行加權。當 Activity 參數估計值為正且達顯著水準時，表示屬性值較高的節點在網絡中較為活躍，傾向於形成較多連結；反之，若為負，則代表屬性值較高的節點反而較不易形成連結。在本研究中，此變數用以檢驗研究年齡（age_ActivityB）與學術發表量（pub_ActivityB），如研究年齡較高或學術發表量較多的研究人才是否傾向於參與更多水稻病害研究議題，以衡量擁有較高屬性值的節點是否在網絡中更「活躍」，意即擁有更高的度數。

(三) Sum (總和效益)

Sum 共變項用以衡量一對節點的屬性總和是否會影響其形成連結的可能性，藉此檢驗節點屬性在雙邊層次（dyadic level）上的加總效應。其統計量定義如下：

$$S_{Sum} = \sum_{i,j} y_{ij}(x_i+x_j)$$

其中， y_{ij} 為節點 i 與 j 之間是否存在連結， x_i 與 x_j 分別為節點 i 與 j 所對應之屬性值。此統計量會對所有實際存在的連結，累加其兩端節點屬性值之總和。當 Sum 參數估計值為正且達顯著水準時，表示屬性總量較高的節點組合較容易形成連結，顯示「強強聯手」或屬性加總效應在網絡形成中具有重要影響；反之，若參數為負，則代表高屬性總量並未提高連結形成的可能性。在本研究中，Sum 共變項



主要適用於連續型節點屬性，用以檢驗研究年齡（age_SumB）與學術發表量（pub_SumB），如研究年齡較高或學術發表量較多的研究人才彼此之間，是否較容易建立合著關係，或共同參與重要研究議題。

（四）Difference（差異效益）

Difference 共變項用以衡量兩個節點之屬性差異程度，是否會影響其連結形成機率，藉此檢驗網絡中是否存在同質性（homophily）或異質性（heterophily）傾向。其統計量定義如下：

$$S_{Diff} = \sum_{i,j} y_{ij} |x_i - x_j|$$

其中， $|x_i - x_j|$ 為節點 i 與 j 之屬性值差異的絕對值。此統計量會將所有已形成連結之節點對，其屬性差異程度加以累積。當 Difference 參數估計值為負且達顯著水準時，表示屬性差異越小的節點越容易形成連結，顯示網絡中存在同質性效應；反之，若參數為正，則代表屬性差異較大的節點反而較容易連結，顯示異質性合著的傾向。在本研究中，Difference 共變項用以檢驗研究年齡（age_DifferenceB）與學術發表量（pub_DifferenceB），如研究人才是否傾向與研究年齡或學術發表量相近者合著。

（五）Product（乘積效益）

Product 共變項用以衡量兩個節點屬性值的交互作用，特別關注高屬性節點彼此連結時所產生的非線性放大效應。其統計量定義如下：

$$S_{Prod} = \sum_{i,j} y_{ij} (x_i \cdot x_j)$$

其中， $x_i \cdot x_j$ 為節點 i 與 j 屬性值之乘積。當兩端節點同時具有較高屬性值時，此項數值將顯著提高。當 Product 參數為正且顯著時，表示高屬性節點之間具有更強的連結傾向，此結果常被解釋為「核心—核心」互動或菁英節點間的強化連結現象。在本研究中，Product 共變項主要應用於研究人才合著網絡，透過研究年齡（age_ProductB）與學術發表量（pub_ProductB）之乘積效應，檢驗高資歷或高產出研究人才彼此之間，是否較傾向形成合著關係，以分析水稻病害研究領域中是否



存在菁英研究人才間的密集合著結構。

三、研究議題共現網絡之外生變數計算方法

為建構 ERGM 所需之外生變數，本研究以研究議題共現網絡為分析對象，針對研究議題間之連結進行量化處理，作為解釋網絡結構形成之依據。研究中以 Jaccard 相似係數與對稱共現矩陣為基礎，進一步建構研究議題熱門度、共現頻率與時間相近性三項邊層級變數，用以衡量任兩研究議題之間的關係強度與共現特性。以下分別說明各變數之計算邏輯與方法。

(一) 研究議題熱門度

為衡量研究議題之間的研究關注程度，本研究建構「研究議題熱門度」作為邊層級變數，用以反映兩研究議題是否傾向被相同研究人才同時參與。設研究議題 x 與 y 所對應之研究人才集合分別為 A_x 與 A_y ，其研究議題熱門度以 Jaccard 相似係數計算如下：

$$Pop_{xy} = \frac{|A_x \cap A_y|}{|A_x \cup A_y|}$$

其中， $A_x \cap A_y$ 表示同時參與研究議題 x 與 y 之研究人才數量； $A_x \cup A_y$ 則為至少參與其中一研究議題之研究人才總數。該指標值範圍介於 0 與 1 之間，數值越高代表兩研究議題之共同研究程度與連結強度越高。計算結果轉換為對稱鄰接矩陣（圖 3.1）後，作為 ERGM 分析之邊層級外生變數。

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1		A1	A2	A3	A4	A5	A6	B1	B2
2	A1	0	0.191317	0.096555	0.026117	0.007257	0.116972	0.075109	0.042716
3	A2	0.191317	0	0.087029	0.021442	0.015353	0.102323	0.149713	0.105372
4	A3	0.096555	0.087029	0	0.022273	0.009275	0.094189	0.053389	0.048086
5	A4	0.026117	0.021442	0.022273	0	0.012839	0.030061	0.016032	0.012745
6	A5	0.007257	0.015353	0.009275	0.012839	0	0.031961	0.036005	0.0405
7	A6	0.116972	0.102323	0.094189	0.030061	0.031961	0	0.046915	0.045907
8	B1	0.075109	0.149713	0.053389	0.016032	0.036005	0.046915	0	0.101925
9	B2	0.042716	0.105372	0.048086	0.012745	0.0405	0.045907	0.101925	0

圖 3.1 研究議題之研究議題熱門度 Jaccard 相似度鄰接矩陣



(二) 共現頻率

為衡量研究議題在文獻層級中的實際連結程度，本研究建構「共現頻率」作為邊層級變數，用以評估任兩研究議題是否經常於同一篇文獻中被共同討論。設研究議題 x 與 y 分別出現於文獻集合 D_x 與 D_y ，其共現頻率以 Jaccard 相似係數定義如下：

$$CoFreq_{xy} = \frac{|D_x \cap D_y|}{|D_x \cup D_y|}$$

其中， $D_x \cap D_y$ 表示同時包含研究議題 x 與 y 之文獻數量； $D_x \cup D_y$ 則表示至少包含其中一研究議題之文獻總數。其指標數值介於 0 與 1 之間。數值愈高代表該對研究議題在文獻中具有較高的共現程度與關聯性。計算結果轉換為對稱鄰接矩陣（圖 3.2）後，本研究以該矩陣作為研究議題共現網絡之建構依據，而非作為屬性納入模型估計。

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1		A1	A2	A3	A4	A5	A6	B1	B2
2	A1	0	0.194739	0.082362	0.027337	0.006514	0.119088	0.075051	0.042042
3	A2	0.194739	0	0.095019	0.023771	0.015055	0.104352	0.148361	0.111888
4	A3	0.082362	0.095019	0	0.025189	0.008673	0.086441	0.055572	0.055823
5	A4	0.027337	0.023771	0.025189	0	0.01473	0.030108	0.017772	0.013098
6	A5	0.006514	0.015055	0.008673	0.01473	0	0.037413	0.038828	0.048497
7	A6	0.119088	0.104352	0.086441	0.030108	0.037413	0	0.052006	0.045641
8	B1	0.075051	0.148361	0.055572	0.017772	0.038828	0.052006	0	0.108051
9	B2	0.042042	0.111888	0.055823	0.013098	0.048497	0.045641	0.108051	0

圖 3.2 研究議題之共現頻率 Jaccard 相似度鄰接矩陣

(三) 時間相近性

為衡量研究議題在時間序列上的發展相似程度，本研究建構「時間相近性」作為邊層級外生變數，用以評估任兩研究議題於研究期間內是否呈現同步或相近的發展趨勢。考量僅以平均出現年份衡量議題新穎性可能過於簡化 (Small, 2006; Yan, 2014)，本研究改以研究議題於不同時間區段中的出現比例序列，作為時間趨勢分



析基礎 (Porter & Rafols, 2009)。

具體而言，先將整體研究期間劃分為四個等長時間區段，計算各研究議題於每一時期中的出現比例，形成時間分布向量。任兩研究議題 x 與 y 之時間相近性，則以皮爾森積動差相關係數 (Pearson product-moment correlation coefficient, PCCs) 加以衡量，其定義如下：

$$\rho_{X,Y} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_X \sigma_Y} = \frac{E[(X - \mu_X)(Y - \mu_Y)]}{\sigma_X \sigma_Y}$$

其中， X 與 Y 分別表示研究議題 x 與 y 在各時間區段中的出現比例序列； μ_X 與 μ_Y 為各研究議題於整體研究期間之平均出現比例； σ_X 與 σ_Y 則分別表示其出現比例之標準差。PCCs 值介於 -1 至 1 之間，數值越接近 1，表示兩研究議題之時間變化趨勢越一致；數值越接近 -1，則表示兩者呈現反向變化；若接近 0，則表示其時間變化趨勢之線性相關性較低。計算結果轉換為對稱鄰接矩陣(圖 3.3)後，作為 ERGM 分析之邊層級外生變數，用以評估時間結構對研究議題共現關係形成之影響。

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1		A1	A2	A3	A4	A5	A6	B1	B2
2	A1	0	0.997179	0.998184	0.957419	0.996712	0.993769	0.981392	0.993571
3	A2	0.997179	0	0.998324	0.966893	0.996382	0.996082	0.974946	0.992329
4	A3	0.998184	0.998324	0	0.972954	0.999576	0.990628	0.969217	0.987513
5	A4	0.957419	0.966893	0.972954	0	0.977301	0.941448	0.887316	0.928059
6	A5	0.996712	0.996382	0.999576	0.977301	0	0.986232	0.962811	0.98276
7	A6	0.993769	0.996082	0.990628	0.941448	0.986232	0	0.98831	0.998611
8	B1	0.981392	0.974946	0.969217	0.887316	0.962811	0.98831	0	0.994725
9	B2	0.993571	0.992329	0.987513	0.928059	0.98276	0.998611	0.994725	0

圖 3.3 研究議題之時間相近性 PCCs 相關係數鄰接矩陣

四、研究人才合著網絡之外生變數計算方法

為建構 ERGM，本研究對研究人才合著網絡中的節點進行屬性變數量化，納入學術發表量、研究年齡、研究議題相似性及合著次數四項變數，其計算方式詳述如下。



(一) 學術發表量

學術發表量為研究人才之節點屬性變數，用以衡量其於研究期間內的整體研究產出，以評估學術活躍程度。其計算方式如下：

$$Pub_i = |R_i|$$

其中， R_i 表示研究人才 i 於研究期間內參與發表之文獻集合， R_i 則為其發表篇數。數值越高代表研究人才之研究產出越多，亦反映其學術活躍程度越高。計算完成後（圖 3.4），學術發表量將作為節點屬性納入 ERGM 中，以控制研究人才研究產出差異對合著關係形成之影響。

	A	B
1	研究人才	學術發表量
2	Abdallah, Yasmine	9
3	Abe, Akira	11
4	Abe, Ayumi	6
5	Abubakar, Yakubu Saddeeq	7
6	Adak, Totan	8
7	Adreit, Henri	16
8	Afolabi, O.	5
9	Aggarwal, Rashmi	19
10	Agrawal, Ganesh Kumar	16

圖 3.4 研究人才之學術發表量統計表

(二) 研究年齡

研究年齡為研究人才之節點屬性，用以衡量其自首次發表以來之學術資歷長短，反映研究人才於學術社群中的資深程度。本研究以 2025 年作為統一基準年，計算方式是以研究人才首次發表年份 (*First_Year*) 作為起始點，計算至 2025 年，其計算方式如下：

$$Research_Age = 2025 - First_Year$$

計算完成後（圖 3.5），研究年齡作為節點屬性，並納入 ERGM 以檢驗研究資歷對合著關係形成之影響。



	A	B
1	研究人才	研究年齡
2	Abdallah, Yasmine	6
3	Abe, Akira	14
4	Abe, Ayumi	15
5	Abubakar, Yakubu Saddeeq	8
6	Adak, Totan	8
7	Adreit, Henri	13
8	Afolabi, O.	11
9	Aggarwal, Rashmi	12
10	Agrawal, Ganesh Kumar	19

圖 3.5 研究人才之研究年齡統計表

(三) 研究議題相似性

研究議題相似性為研究人才合著網絡中的邊屬性變數，用以衡量合著雙方在研究議題領域上的相近程度，並評估合著關係是否傾向發生於相同或不同研究領域之間。此變數係針對「研究人才對」進行比較。本研究以 Jaccard 相似係數計算研究議題相似性。對於每一對研究人才 i 與 j ，先彙整其歷來參與研究之研究議題代碼集合，分別記為 S_i 與 S_j ，再以其交集與聯集之比值衡量研究議題重疊程度，其計算公式如下：

$$TopicSim_{ij} = \frac{|S_i \cap S_j|}{|S_i \cup S_j|}$$

其中， $S_i \cap S_j$ 表示雙方共同涉獵之研究議題數量， $S_i \cup S_j$ 則為雙方所有研究議題之總數。 $TopicSim_{ij}$ 之值介於 0 與 1 之間，數值愈高代表研究議題相似程度愈高，合著關係較可能發生於相近研究領域；反之，數值愈低則表示該合著較可能具有跨研究議題之特性。計算結果轉換為對稱鄰接矩陣（圖 3.6）後，作為 ERGM 分析之邊層級外生變數，用以檢視研究議題相似程度對合著關係形成機率之影響。

	A	B	C	D	E	F
1	研究人才	Abdallah, Yasmine	Abe, Akira	Abe, Ayumi	Abubakar, Yakubu Saddeeq	Adak, Totan
2	Abdallah, Yasmine	0	0	0	0	0
3	Abe, Akira	0	0	0	0	0
4	Abe, Ayumi	0	0	0	0	0
5	Abubakar, Yakubu Saddeeq	0	0	0	0	0
6	Adak, Totan	0	0	0	0	0
7	Adreit, Henri	0	0	0	0	0
8	Afolabi, O.	0	0	0	0	0
9	Aggarwal, Rashmi	0	0	0	0	0

圖 3.6 研究人才之研究議題相似性 Jaccard 相似度鄰接矩陣

(四) 合著次數

本變數為邊屬性變數，用以衡量任兩位研究人才於樣本期間內合著關係的相對密切程度與穩定性。本研究以 Jaccard 相似係數量化研究人才 i 與 j 之合著強度，其計算方式如下：

$$CoAuth_{ij} = \frac{|A_i \cap A_j|}{|A_i \cup A_j|}$$

其中， A_i 與 A_j 分別為研究人才 i 與 j 之所有發表文獻集合， $A_i \cap A_j$ 代表共同發表文獻的數量， $A_i \cup A_j$ 代表全部發表的不重複文獻總數。此指標數值範圍為 0 至 1，數值越高代表雙方合著文獻佔其整體研究產出的比例越高，反映其合著關係較為穩定且頻繁；反之，數值愈低則代表該合著關係較為偶發或僅限特定時期。計算結果轉換為對稱鄰接矩陣（圖 3.7）後，本研究以該矩陣作為研究人才合著網絡之建構依據，而非作為邊屬性納入模型估計。

	A	B	C	D	E	F
1	研究人才	Abdallah, Yasmine	Abe, Akira	Abe, Ayumi	Abubakar, Yakubu Saddeeq	Adak, Totan
2	Abdallah, Yasmine	0	0	0	0	0
3	Abe, Akira	0	0	0	0	0
4	Abe, Ayumi	0	0	0	0	0
5	Abubakar, Yakubu Saddeeq	0	0	0	0	0
6	Adak, Totan	0	0	0	0	0
7	Adreit, Henri	0	0	0	0	0
8	Afolabi, O.	0	0	0	0	0
9	Aggarwal, Rashmi	0	0	0	0	0

圖 3.7 研究人才之合著次數 Jaccard 相似度鄰接矩陣



第四節 MPNet 診斷與分析

本研究之 ERGM 與 MLERGM 之模型估計與診斷，皆透過 MPNet 軟體進行。MPNet 主要用於支援單模、雙模及多層次網絡之 ERGM 模擬與估計工具，可同時處理單層與跨層結構，並提供模型收斂檢驗與配適度分析功能 (Wang et al., 2014)。以下各節分別就研究議題共現網絡 (A 層)、研究人才合著網絡 (B 層)，以及研究議題與研究人才之多層次網絡 (X 層)，說明 ERGM 模型設定與估計方式。

一、水稻病害研究議題共現網絡之 ERGM 分析

本研究以建構完成之研究議題共現網絡為分析對象，設定為單層次 ERGM，以檢驗水稻病害研究議題間之連結是否呈現隨機以外的結構依賴特性。模型建構初期，首先納入 18 個研究議題兩兩共現的篇數作為邊數矩陣 (圖 3.8)，並以.txt 格式匯入 MPNet 軟體，以控制整體網絡密度並作為基礎結構設定。

水稻病害研究議題共現網絡 (18 X 18) - 記事本							
檔案(E)	編輯(E)	格式(O)	檢視(V)	說明			
0	1377	615	181	38	700	444	243
1377	0	496	103	52	398	516	368
615	496	0	100	27	306	191	174
181	103	100	0	27	75	41	26
38	52	27	27	0	59	53	50
700	398	306	75	59	0	105	78
444	516	191	41	53	105	0	153
243	368	174	26	50	78	153	0

圖 3.8 水稻病害研究議題共現頻率矩陣之 MPNet 匯入格式

在此基礎上，進一步納入研究議題熱門度與時間相近性兩項結構性內生統計量，如圖 3.9 與圖 3.10 所示，以檢視研究議題在網絡中形成連結時可能受到之中心化與時間結構影響。模型估計階段，於 MPNet 之 A 層設定中啟用單層次網絡分析功能 (圖 3.11)，進行 ERGM 參數估計，以評估水稻病害研究議題共現網絡中之中心化趨勢、群聚結構與結構閉合機制。

Dyadic_0101 - 記事本

檔案(F) 編輯(E) 格式(O) 檢視(V) 說明

pop									
0	9272	5012	1199	290	4752	3067	1695	2608	
9272	0	3177	627	348	2612	3472	2301	1631	
5012	3177	0	633	204	2352	1310	1070	1714	
1199	627	633	0	157	511	253	170	1274	
290	348	204	157	0	330	319	259	371	
4752	2612	2352	511	330	0	641	517	781	
3067	3472	1310	253	319	641	0	953	869	
1695	2301	1070	170	259	517	953	0	482	
2608	1631	1714	1274	371	781	869	482	0	

圖 3.9 研究議題熱門度之 MPNet 匯入格式

Dyadic_0101 - 記事本

檔案(E) 編輯(E) 格式(O) 檢視(V) 說明

time					
0	0.997179175	0.998184273	0.957419163	0.996711951	
0.965949143	0.956939464	0.942574233	0.967195839	0.988631	
0.997179175	0	0.998323716	0.966893135	0.99638227	
0.964547491	0.950399859	0.942885726	0.977270798	0.988798	
0.998184273	0.998323716	0	0.972954029	0.999576128	
0.953122259	0.94016178	0.927302697	0.980736738	0.995001	
0.957419163	0.966893135	0.972954029	0	0.977301199	
0.866028878	0.839649975	0.829652036	0.998637739	0.987579	
0.996711951	0.99638227	0.999576128	0.977301199	0	

圖 3.10 時間相近性 PCCs 相關係數之 MPNet 匯入格式

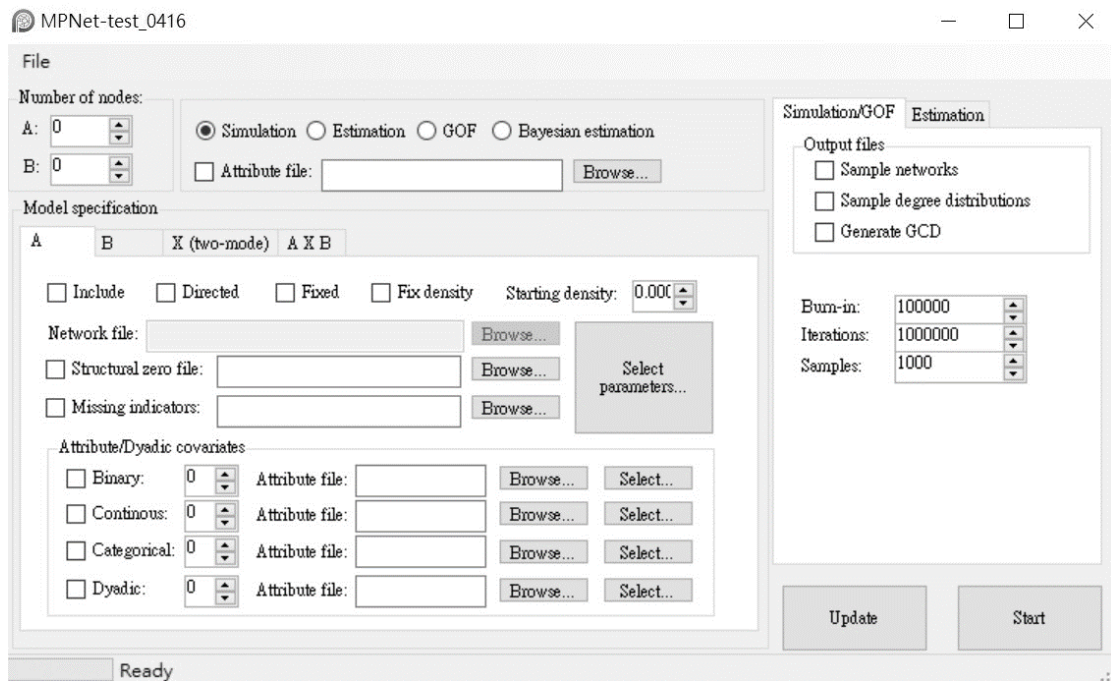


圖 3.11 MPNet 主介面操作步驟之 A 層選項

在模型設定上，依據 Wang 等人 (2014) 之建議，本研究於模型建構初期納入多項結構性內生統計量作為候選變數，以評估不同網絡結構機制對研究議題共現關係形成之影響。候選變數涵蓋邊數 (EdgeA)、不同階數之星狀結構 (Star2A-5A、Star2B-5B)、三角與閉合結構 (TriangleA、Triange2A、Cycle4A)、群聚結構 (Clique4A-7A)，以及交替路徑與橋樑結構 (Path3A、ASA、ASA2、ATA)，以全面顯示研究議題共現網絡之密度、中心化、群聚與結構閉合特性 (圖 3.12)。

Effects	Include	Fixed	λ	Value
EdgeA	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000
Star2A	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000
Star3A	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000
Star4A	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000
Star5A	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000
TriangleA	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000
Cycle4A	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	2.00	0.00000000

圖 3.12 MPNet 主介面操作步驟之內生變數基本結構統計量

模型估計過程採用模擬法進行，並依據收斂性與參數顯著性結果，以納入對網絡結構具有穩定解釋力之最終變數；若初始模型未能收斂，則依參數回饋結果逐步篩選內生變數組合，重新進行估計。為確保 MPNet 所建立之 ERGM 具有穩定且可信的參數估計結果，依據 Wang 等人 (2014) 之準則，當估計模型中所有 t -ratio 的絕對值小於 0.1 時，且模擬自相關函數 SACF 小於 0.4，即視為模型具有良好收斂性與估計穩定性。此外，當參數估計值之絕對值大於其標準誤差兩倍時，視為達統計顯著水準，並以「*」標示。

MPNet 亦可同時納入不同型態之外生變數 (圖 3.13)，包括二元變數 (Binary)、連續變數 (Continuous)、類別變數 (Categorical) 與二元共變數 (Dyadic)，使模型能進一步評估研究議題屬性與結構特徵對網絡連結形成之影響。

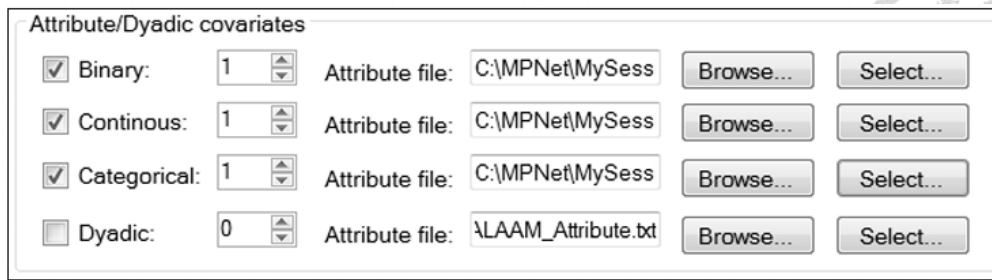


圖 3.13 MPNet 模型可納入多種類型的變數

資料取自 Wang 等人 (2014)

二、水稻病害研究人才合著網絡之 ERGM 分析

本節 ERGM 之建構與估計，係依循前述「一、水稻病害研究議題共現網絡之 ERGM 分析」中 MPNet 操作流程進行，包括匯入研究人才網絡之基礎結構（圖 3.14）、納入學術發表量、研究年齡與研究議題相似性三項結構性內生統計量（圖 3.15 與圖 3.16），最後再設定變數與判斷收斂性等步驟。唯與前述不同之處為，本模型操作中需於 B 層選項中匯入資料並設定統計量（圖 3.17），其餘步驟與操作邏輯與 A 層完全相同，故不再重複敘述，僅就本節模型特性與結果進行說明。

水稻病害研究人才合著網絡 (1675 X 1675) - 記事本

檔案(E) 編輯(E) 格式(O) 檢視(V) 說明

0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0

圖 3.14 水稻病害研究人才合著次數矩陣之 MPNet 匯入格式



研究年齡&學術發表量_continuous - 記事本

檔案(F) 編輯(E) 格式(O) 檢視(V) 說明

age	pub
6	9
14	11
15	6
8	7
8	8
13	16
11	5
12	19
19	16
5	23

圖 3.15 研究年齡與學術發表量之 MPNet 匯入格式

研究議題相似性_Dyadic - 記事本

檔案(E) 編輯(E) 格式(O) 檢視(V) 說明

sim

0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0

圖 3.16 研究議題相似性之 MPNet 匯入格式

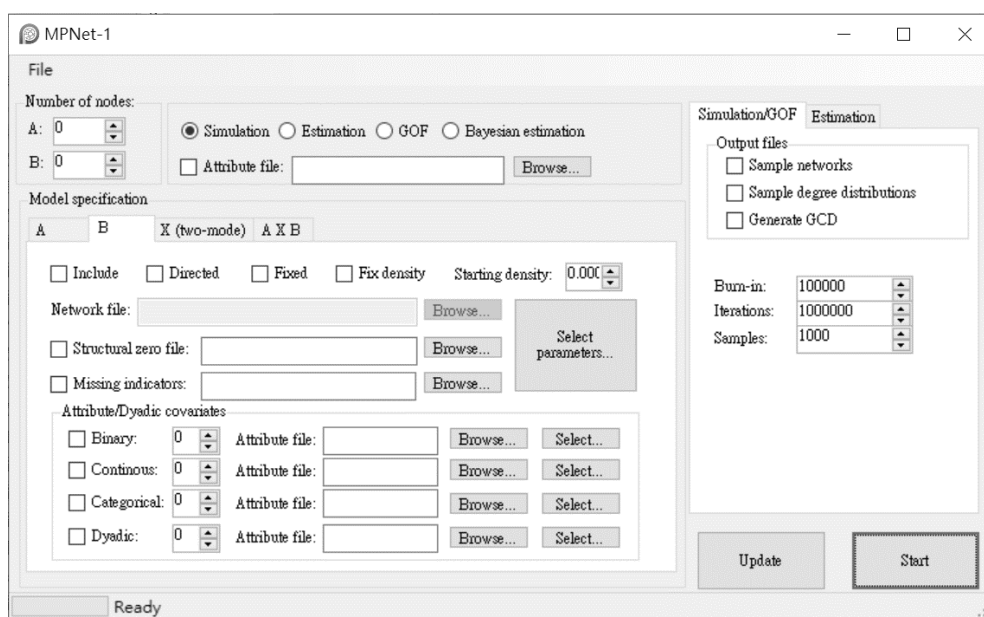


圖 3.17 MPNet 主介面操作步驟之 B 層選項



三、水稻病害研究議題與研究人才之 MLERGM 分析

本研究採用 MLERGM 分析水稻病害研究議題結構與研究人才合著關係之多層次互動機制，同時考量三個層級，包含 (1) 研究議題之單模網絡 (A—A)：節點為研究議題，邊表示兩個研究議題在同一篇文獻中共同出現；(2) 研究人才之單模網絡 (B—B)：節點為研究人才，邊表示兩位研究人才共同參與同一篇文獻的合著關係；(3) 研究議題與研究人才之雙模網絡 (A—B)：節點類型包含研究議題與研究人才，邊表示研究人才參與特定研究議題之關聯。

其中，A—B 雙模網絡作為跨層連結 (X 層)，操作介面如圖 3.18 所示，其基礎統計量根據文獻資料建構。當研究人才曾於文獻中參與某一研究議題時，即於 X 層中建立相對應之連結，並以研究人才於該研究議題之發表篇數作為連結權重，如圖 3.19 所示，以反映研究人才對該研究議題之實際投入程度與研究經驗累積情形。

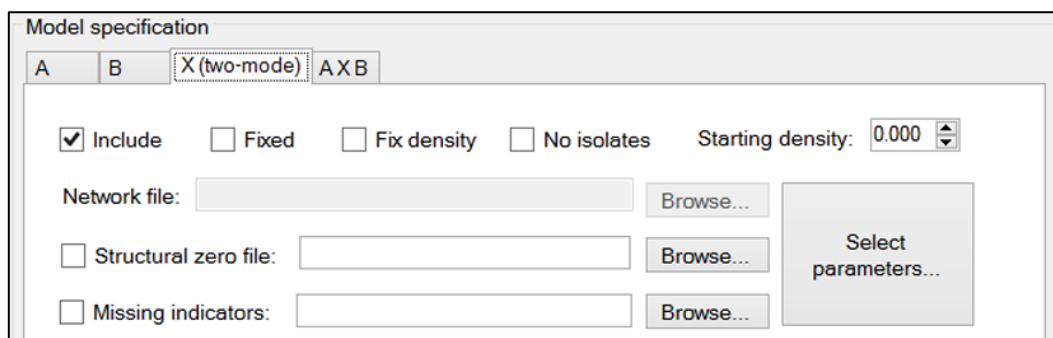



圖 3.18 MPNet 主介面操作步驟之 X 層選項

水稻病害研究議題與研究人才網絡 (18 X 1675) - 記事本							
檔案(F)	編輯(E)	格式(O)	檢視(V)	說明			
0	11	6	7	4	14	0	3
6	6	7	5	5	10	22	5
0	6	8	5	9	10	1	8
0	10	3	1	14	4	21	0
0	5	1	6	1	0	5	6
0	4	5	13	10	9	10	0
1	15	0	0	10	0	0	2
0	14	0	2	6	0	13	4

圖 3.19 水稻病害研究議題與研究人才矩陣之 MPNet 匯入格式



本研究將研究議題層（A 層）、研究人才層（B 層）及其跨層關聯（X 層）同時納入模型，以形成完整之多層次網絡架構。於模型設定中，A 層與 B 層分別納入各自之內生結構參數；而 X 層則設定跨層連結之統計量，用以檢驗不同層級網絡特性對研究人才參與研究議題關係形成之影響。在模型估計過程中，依據模型收斂結果與參數顯著性，逐步篩選適當之內生變數組合。

第肆章 研究結果



第一節 水稻病害研究議題間互相連結之特徵

本節旨在探討影響水稻病害研究領域中，影響研究議題互相連結之關鍵特徵。透過 ERGM 對「水稻病害研究議題共現網絡」(以下簡稱議題網絡)進行估計與配適度檢定，並自研究議題之內生網絡結構與外生屬性變數兩個層面，說明各項結構性指標對研究議題連結關係的影響。

此外，本節所使用之各項結構性統計量，其結構示意圖與計算公式已於第參章研究方法中第三節「ERGM 相關變數指標計算」之「一、研究議題與研究人才之內生變數計算方法」(詳見表 3.4) 中說明，以下僅針對模型配適度檢定結果與其所反映之網絡結構意涵進行討論。

一、水稻病害研究議題互相連結之內生變數特徵

為評估模型對水稻病害研究議題共現網絡結構中之擬合程度，本研究以 ERGM 之配適度檢驗模型與觀察網絡間的相似程度，比較觀察值 (Observed) 與模型模擬分布之平均值 (Mean) 與標準差 (StdDev)，並以 t -ratio 作為配適判斷依據。

由議題網絡之 ERGM 配適度檢定結果 (表 4.1) 觀察，所有統計量之 t -ratio 絕對值皆落在 2 以內，顯示模型所模擬之研究議題共現網絡在結構特徵上與實際觀察網絡高度一致，具備良好的整體配適度。

表 4.1 議題網絡之 ERGM 配適度檢定結果 (* $|t\text{-ratio}| < 2$)

No.	Variable	Statistics	Observed	Mean	StdDev	t-ratio
1	endogenous	EdgeA	51.00	51.06	4.50	-0.01*
2	endogenous	Star2A	265.00	265.69	40.81	-0.02*
3	endogenous	Star3A	407.00	408.78	82.35	-0.02*
4	endogenous	Star4A	397.00	399.81	97.83	-0.03*
5	endogenous	Star5A	248.00	250.89	75.05	-0.04*
6	endogenous	TriangleA	29.00	29.10	6.26	-0.02*
7	endogenous	Clique4A	3.00	3.07	1.89	-0.03*
8	endogenous	Clique5A	0.00	0.01	0.07	-0.07*
9	endogenous	Triange2A	2.00	1.76	4.77	0.05*
10	endogenous	Path3A	1366.00	1370.82	307.71	-0.02*
11	endogenous	Bow-tie	123.00	124.17	49.97	-0.02*
12	endogenous	ASA	135.13	135.36	16.79	-0.01*
13	endogenous	stddev_degreeA	3.42	3.39	0.16	0.18*
14	endogenous	skew_degreeA	1.19	1.20	0.09	-0.06*
15	endogenous	clusteringA	0.33	0.33	0.04	0.05*
16	exogenous	pop_EdgeA	107315.00	108535.10	20495.46	-0.06*
17	exogenous	time_EdgeA	196.28	196.56	17.51	-0.02*

在節點集中與不均勻性方面，二階星狀 (Star2A)、三階星狀 (Star3A) 與四階星狀 (Star4A) 結構之 $t\text{-ratio}$ 介於 -0.017 至 -0.029 之間，顯示模型能有效重現研究議題節點在連結數上的差異分布。其中，Star2A 可視為三研究議題共現結構，其 $t\text{-ratio}$ 僅約 -0.017，顯示模型能高度貼近實際網絡中三研究議題共現的分布情形，反映水稻病害研究議題呈現穩定且具方向性的連結模式，如表 4.2 所示，可觀察到高頻共現組合多集中於 A 類的病原與非生物逆境因子，以及 C 類的分子植物病理與遺傳研究議題之間。排名前十的三研究議題組合中，「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」與「C3.基因表現與轉殖研究、C1.病原檢測與鑑定」等研究議題反覆出現，顯示 A1.稻熱病相關研究高度依賴 C 類分子層級的研究取徑。此結果說明，在水稻病害研究領域中，單一病害研究議題往往同時結合多個分子與生理機制研究議題進行探討，使得部分研究議題在網絡中形成三點式的高密度共現結構，進一步造成研究議題連結數的集中現象。

表 4.2 三研究議題共現組合統計

排名	三研究議題共現組合	篇數	比例
1	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	962	14.26%
2	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	879	13.03%
3	C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	717	10.63%
4	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	668	9.90%
5	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	640	9.49%
6	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	620	9.19%
7	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	608	9.01%
8	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C3.基因表現與轉殖研究	567	8.40%
9	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	542	8.03%
10	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	521	7.72%

註：統計基礎為至少同時包含三項研究議題之文獻，共計 6,746 篇（100%），各組合之比例係以該類文獻總數為分母計算。

在 Star3A 方面，可視為四研究議題共現結構，其 t -ratio 為 -0.022，顯示模型成功重現實際網絡中多研究議題同時被整合於單篇研究中的結構特徵，如表 4.3 所示，Star3A 高頻組合中，A1.稻熱病往往與多個 C 類分子植物病理與遺傳研究議題同時出現，呈現特定結構模式。例如，排名首位的「A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究」與次高的「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導」，顯示 A1.稻熱病，C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究往往被同步納入分析架構中。此 Star3A 結構反映水稻病害研究逐漸由單一技術或單一機制導向，轉向整合多種不同生物機制的研究模式，使部分核心研究議題在網絡中扮演



「研究議題匯聚節點」的角色，進而形成較高階的星狀結構。

表 4.3 四研究議題共現組合統計

排名	四研究議題共現組合	篇數	比例
1	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	344	8.49%
2	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	301	7.42%
3	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	273	6.73%
4	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	264	6.51%
5	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	246	6.07%
6	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C6.分子訊號傳導	243	5.99%
7	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	211	5.20%
8	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C6.分子訊號傳導	211	5.20%
9	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	205	5.06%
10	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	201	4.96%

註：統計基礎為至少同時包含四項研究議題之文獻，共計 4,054 篇（100%），各組合之比例係以該類文獻總數為分母計算。

在五研究議題共現結構(Star4A)方面，雖然其出現頻率相對較低，但其 *t*-ratio 仍維持在-0.03 左右，顯示模型同樣能合理重現此類高度整合的研究議題連結模式。由表 4.4 可觀察，Star4A 之高頻組合多為 A1.稻熱病或 A3.細菌性病害研究議題，搭配多個 C 類分子植物病理與遺傳研究議題，且組合結構趨於固定。例如排名首位的「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C6.分子訊號傳導」，顯示部分研究議題已同時涵蓋基因表現、抗病機制與訊號調控等多個分子生物層面，呈現高度整合的研究取向。此類高複雜度

研究議題組合在網絡中形成高階星狀結構，導致研究議題連結分布明顯不均。



表 4.4 五研究議題共現組合統計

排名	五研究議題共現組合	篇數	比例
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C6.分子訊號傳導	116	5.81%
2	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	85	4.26%
3	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	85	4.26%
4	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C6.分子訊號傳導	83	4.16%
5	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	80	4.01%
6	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	74	3.71%
7	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	73	3.66%
8	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C5.抗性機制解析、C6.分子訊號傳導	66	3.30%
9	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	66	3.30%
10	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	65	3.25%

註：統計基礎為至少同時包含五項研究議題之文獻，共計 1,997 篇（100%），各組合之比例係以該類文獻總數為分母計算。



二、水稻病害研究議題之單一研究議題與研究議題對之特徵

將單一研究議題之篇數分布（表 4.5）與表 4.1 相互對照，可發現兩者所呈現之現象具有高度一致性。表 4.5 顯示部分研究議題，如 A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構，以及 C3.基因表現與轉殖研究相關議題在文獻中具有顯著較高之出現頻率，反映研究關注度存在明顯集中現象；而表 4.1 中 Star2A 至 Star5A 等星狀結構統計量之良好配適結果，則進一步驗證此類高出現頻率研究議題在網絡中並非僅為單點活躍，而是反覆與多個研究議題形成共現連結，進而成為多研究議題匯聚之核心節點。其中，「A1.稻熱病」為最主要之研究議題，相關文獻篇數達 5,407 篇，佔整體研究文獻之 52.55%，顯示 A1.稻熱病長期以來為水稻病害研究中最關鍵且持續受關注的核心研究議題；在 C 類分子植物病理與遺傳研究層面之研究議題中，C2.抗病基因鑑定與圖譜建構與 C3.基因表現與轉殖研究分別佔 43.79%與 34.59%，反映水稻病害研究已高度結合分子生物學與遺傳育種技術，並逐漸由病害描述與鑑定，轉向抗病機制解析與品種改良應用。此外，A2.非稻熱病之真菌性病害、C1.病原檢測與鑑定及 A3.細菌性病害亦均佔約四分之一，顯示水稻病害研究在病原類型與研究方法上具備多元發展趨勢，而非僅集中於單一病害或技術路徑。

表 4.5 單一研究議題之篇數分布

排名	研究議題類別	篇數	比例
1	A1.稻熱病	5,407	52.55%
2	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	4,506	43.79%
3	C3.基因表現與轉殖研究	3,559	34.59%
4	A2.非稻熱病之真菌性病害	3,041	29.55%
5	C1.病原檢測與鑑定	2,956	28.73%
6	A3.細菌性病害	2,675	26.00%
7	C4.蛋白質與酵素功能	1,976	19.20%
8	C6.分子訊號傳導	1,708	16.60%
9	A4.病毒性病害	1,395	13.56%
10	A6.非生物逆境因子	1,171	11.38%

進一步將研究議題對之共現分布結果（表 4.6）與表 4.1 相互對照，可發現兩者所呈現之結構特徵具有高度一致性。表 4.6 顯示，水稻病害研究中之研究議題對共現並非平均分布，而是高度集中於少數核心研究議題對。如排名首位的研究議題對為「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」，共出現 2,397 篇，佔非單一研究議題文獻之 26.41%，顯示 A1.稻熱病研究高度結合抗病基因定位與遺傳分析，反映此病害在抗病育種與分子標記研究中的核心地位；其次為「C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究」，篇數達 1,812 篇，佔比為 19.96%，顯示研究人才多以基因鑑定結果進一步進行功能驗證與轉殖分析，形成由基因定位至機制解析之完整研究鏈結；排名第三之研究議題對為「C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」，佔比為 19.84%，顯示病原鑑定與抗病基因研究之間具高度互補性，為建構病害防治與抗病育種策略的重要基礎。此外，「A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究」（19.46%）與「A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」（16.93%）亦為高頻共現組合，顯示不論病害類型為何，抗病基因相關研究皆為連結不同病害研究的重要樞紐研究議題。

而表 4.1 中 EdgeA 與 Star2A 等內生統計量之良好配適結果，則進一步驗證此類高頻研究議題對的形成並非隨機，而是源自議題網絡中核心研究議題反覆與多個研究議題建立連結之星狀結構特徵，反映水稻病害研究在知識建構上呈現由病原鑑定、基因定位至功能驗證之連續性發展脈絡。

表 4.6 研究議題對之篇數分布

排名	研究議題對	篇數	比例
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	2,397	26.41%
2	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	1,812	19.96%
3	C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,801	19.84%
4	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究	1,766	19.46%
5	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,537	16.93%
	非單一研究議題之總篇數	9,077	100.00%



三、水稻病害研究議題之研究議題熱門度特徵

根據表 4.1 結果得知，pop_EdgeA 之觀測值與平均值極為接近， t -ratio 約為 -0.06，顯示研究議題的發表量與關注程度確實構成研究議題連結的重要外生結構因素，且其系統性地反映於研究議題共現關係之形成。

進一步結合表 4.7 之分析結果可發現，熱門研究議題之間呈現高度重疊的研究脈絡與知識交集。在 Jaccard 值排名前十的研究議題對中，多數皆涉及發表量高且長期受關注之核心研究議題，例如 A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究以及 C6.分子訊號傳導等。其中，熱門研究議題多集中於 A 類病原與非生物逆境因子與 C 類分子植物病理與遺傳研究相關議題。其中，「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」之研究議題配對具有最高 Jaccard 值，為 0.3479，顯示此兩項研究議題在研究文獻中高度重疊，為水稻病害研究中最具代表性的核心研究議題組合。其次，「C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」，以及「C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導」等配對，亦呈現相對較高之研究議題重疊程度，反映分子與遺傳導向研究議題在水稻病害研究中高度整合，在網絡中形成穩定且集中的連結結構。

綜合表 4.1 與表 4.7 可進一步推論，pop_EdgeA 反映其於網絡中作為「核心研究議題」的結構角色，可見水稻病害研究的知識發展並非沿著孤立研究議題線性推進，而是以高熱門度研究議題為核心，逐步向分子、生理與應用層面擴散，形成高度集中的研究群聚結構。

表 4.7 研究議題熱門度之 Jaccard 值

排名	研究議題熱門度 Top10 研究議題對	Jaccard
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	0.35
2	C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	0.33
3	C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	0.31
4	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	0.30
5	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	0.29
6	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究	0.27
7	C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	0.23
8	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定	0.23
9	C1.病原檢測與鑑定、C3.基因表現與轉殖研究	0.23
10	C4.蛋白質與酵素功能、C6.分子訊號傳導	0.21

同理，由表 4.1 結合表 4.8 的分析結果可發現，研究議題熱門度同時反映於研究人才的實際參與分布。在議題網絡中，研究人才高度集中於高熱門度之研究議題對，其中「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」同時吸引 18,387 位研究人才參與，佔整體研究人才數之 51.52%，為所有研究議題對中比例最高者。其次，C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C1.病原檢測與鑑定等研究議題組合，皆吸引超過三成以上之研究人才參與，顯示熱門研究議題在不同技術與研究取向之間具有高度交叉與延伸性。

綜合表 4.1 與表 4.8 可得知，pop_EdgeA 所反映之研究議題熱門度，顯著提高其在研究議題共現網絡中形成連結的機率，並吸引研究人才同時投入多個高度相關的研究議題，進而形成以高熱門度議題為核心的集中化結構。此結果顯示，水稻病害研究議題之熱門程度不僅反映單一議題的研究量能，亦反映在多個研究議題之重疊性與共同發展特徵。

表 4.8 熱門研究議題對之研究人才分布

排名	研究議題對	人數	比例
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	18,387	51.52%
2	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	14,081	39.46%
3	C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	13,673	38.31%
4	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究	13,631	38.19%
5	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	11,826	33.14%
研究人才總數		35,688	100.00%

四、水稻病害研究議題之共現頻率特徵

根據表 4.1 中 Star 結構項之顯著結果顯示，研究議題共現網絡中存在少數高度連結的核心研究議題，特別集中於 C 類分子植物病理與遺傳相關研究議題。進一步比較各研究議題配對之共現頻率排序結果(表 4.9)，共現程度最高的研究議題對主要集中於「A 類病原與非生物逆境因子」與「C 類分子植物病理與遺傳研究」兩層級的研究議題間。其中，「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」具有最高的 Jaccard 值，顯示此對研究議題在文獻中高度同時出現，為水稻病害研究中最具代表性的共現組合。其次，「C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」，以及「C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導」等研究議題對，亦呈現較高的共現強度，反映 C 類分子植物病理與遺傳相關研究議題在研究中具高度整合性。

表 4.9 研究議題共現頻率之 Jaccard 值

排名	共現頻率 Top10 研究議題對	Jaccard
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	0.32
2	C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	0.32
3	C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	0.29
4	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	0.29
5	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	0.27
6	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究	0.25
7	C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能	0.23
8	C1.病原檢測與鑑定、C3.基因表現與轉殖研究	0.23
9	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定	0.21
10	A1.稻熱病、C4.蛋白質與酵素功能	0.20

表 4.1 中 Star2A 至 Star4A 結構項之良好配適結果顯示，部分研究議題在網絡中扮演高度連結的核心節點角色，傾向同時與多個研究議題形成穩定的共現關係。基於此結構特徵，本研究進一步依據表 4.9 選取 A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構，以及 C3.基因表現與轉殖研究三項核心研究議題作為中心節點，分析其與其它研究議題之共現分布狀況。

結果顯示，在與 A1.稻熱病共現（表 4.10）的 4,806 篇文獻中，C2.抗病基因鑑定與圖譜建構為最常同時出現之研究議題，佔比達 49.88%，其次依序為 C3.基因表現與轉殖研究及 C1.病原檢測與鑑定，佔比分別為 36.75%與 30.75%，顯示 A1.稻熱病研究多與 C 類分子植物病理與遺傳相關研究議題高度交織。

表 4.10 與「A1.稻熱病」共現之研究議題分布

排名	與 A1.稻熱病共現之研究議題	篇數	比例
1	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	2,397	49.88%
2	C3.基因表現與轉殖研究	1,766	36.75%
3	C1.病原檢測與鑑定	1,478	30.75%
4	A2.非稻熱病之真菌性病害	1,377	28.65%
5	C4.蛋白質與酵素功能	1,232	25.63%
與 A1.稻熱病共現之研究議題總篇數		4,806	100.00%

在「C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」作為核心研究議題的分析（表 4.11）中，共現文獻總數為 4,506 篇，其中與「A1.稻熱病」共同出現的比例最高（53.20%），其次為「C3.基因表現與轉殖研究」（40.21%）及「C1.病原檢測與鑑定」（39.97%）。此結果顯示抗病基因研究多同時連結至特定病害類型與實驗技術導向研究議題，形成高度集中之研究結構。

表 4.11 與「C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」共現之研究議題分布

排名	與 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構共現之研究議題	篇數	比例
1	A1.稻熱病	2,397	53.20%
2	C3.基因表現與轉殖研究	1,812	40.21%
3	C1.病原檢測與鑑定	1,801	39.97%
4	A3.細菌性病害	1,537	34.11%
5	A2.非稻熱病之真菌性病害	1,084	24.06%
與 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構共現之研究議題總篇數		4,506	100.00%

此外，以「C3.基因表現與轉殖研究」為核心研究議題之共現分析（表 4.12）顯示，其與「C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」及「A1.稻熱病」之共現比例分別為 50.91%與 49.62%，顯示基因轉殖研究在水稻病害研究中多作為連結病害問題與分子機制研究的重要樞紐研究議題。整體而言，上述三項核心研究議題在共現網絡中皆呈現高度交叉連結的特性，形成研究議題共現頻率明顯集中的核心區域。

表 4.12 與「C3.基因表現與轉殖研究」共現之研究議題分布

排名	與 C3.基因表現與轉殖研究共現之研究議題	篇數	比例
1	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,812	50.91%
2	A1.稻熱病	1,766	49.62%
3	C1.病原檢測與鑑定	1,214	34.11%
4	C6.分子訊號傳導	1,194	33.55%
5	C4.蛋白質與酵素功能	1,048	29.45%
與 C3.基因表現與轉殖研究共現之研究議題總篇數		3,559	100.00%

綜合表 4.9 至表 4.12 之分析結果可知，水稻病害研究議題之共現頻率呈現高度集中於少數核心研究議題配對，且主要圍繞於「A 類病原與非生物逆境因子」與「C 類分子植物病理與遺傳研究」層級研究方向，顯示研究議題間之實際研究連結具有明顯的重疊與整合特徵。



五、水稻病害研究議題之時間相近性特徵

根據表 4.1 之 time_EdgeA 指標顯示，其觀測值與平均值幾乎一致，且 t -ratio 為 -0.02，顯示模型在納入研究議題「時間相近性」結構後，能夠良好重現實際網絡中研究議題連結所呈現的時間分布特徵。此結果表示研究議題之間是否形成連結，並非僅由其主題內容相似度所決定，亦受到研究發展時間軸上同步性或相近成長階段的影響。進一步對照研究議題時間分布與成長趨勢表（表 4.13），可更清楚理解 time_EdgeA 所反映出時間相近性所形成的結構性聚集現象。

由表 4.13 所示，水稻病害相關研究文獻數量於研究期間呈現穩定成長，自 2005-2009 年之 4,173 篇，逐期上升至 2020-2024 年之 13,400 篇，顯示近二十年間水稻病害研究整體量能持續擴張。然而，進一步依研究議題層級觀察，如圖 4.1、圖 4.2 與圖 4.3 所示，其成長型態呈現明顯差異，顯示各研究議題在發展動能與研究成熟度上具有不同特徵，即成長期相近或研究熱度同步上升的研究議題，較容易在研究網絡中形成連結，並構成研究議題間的共現結構。



表 4.13 各研究議題之研究產出時間分布與成長趨勢

研究議題	2005-2009	2010-2014	2015-2019	2020-2024	總計	平均值	標準差	成長倍數
A1.稻熱病	823	1,065	1,465	2,054	5,407	1,351.75	465.77	1.84
A2.非稻熱病之真菌性病害	343	590	828	1,280	3,041	760.25	345.62	2.18
A3.細菌性病害	306	505	756	1,108	2,675	668.75	299.56	2.12
A4.病毒性病害	193	316	404	482	1,395	348.75	107.40	1.58
A5.線蟲與其它微生物	27	76	141	221	465	116.25	72.75	2.72
A6.非生物逆境因子	115	212	302	542	1,171	292.75	158.37	2.59
B1.化學防治與抗藥性	68	107	233	545	953	238.25	187.31	4.01
B2.生物防治與拮抗微生物	50	96	159	311	616	154.00	98.56	3.06
B3.栽培管理與防治方法	78	152	254	383	867	216.75	114.53	2.37
B4.病蟲害綜合管理	30	43	60	139	272	68.00	42.35	3.14
B5.生物農藥與天然素材	21	25	46	124	216	54.00	41.52	4.04
B6.數位科技與預測模型	20	52	77	306	455	113.75	112.82	6.16
C1.病原檢測與鑑定	517	692	806	941	2,956	739.00	155.55	1.40
C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	618	916	1,304	1,668	4,506	1,126.50	396.11	1.76
C3.基因表現與轉殖研究	469	702	1,018	1,370	3,559	889.75	338.88	1.88
C4.蛋白質與酵素功能	253	393	525	805	1,976	494.00	203.69	2.06
C5.抗性機制解析	88	159	283	380	910	227.50	112.35	2.15
C6.分子訊號傳導	154	289	524	741	1,708	427.00	224.49	2.30
總計	4,173	6,390	9,185	13,400	33,148	8,287.00		

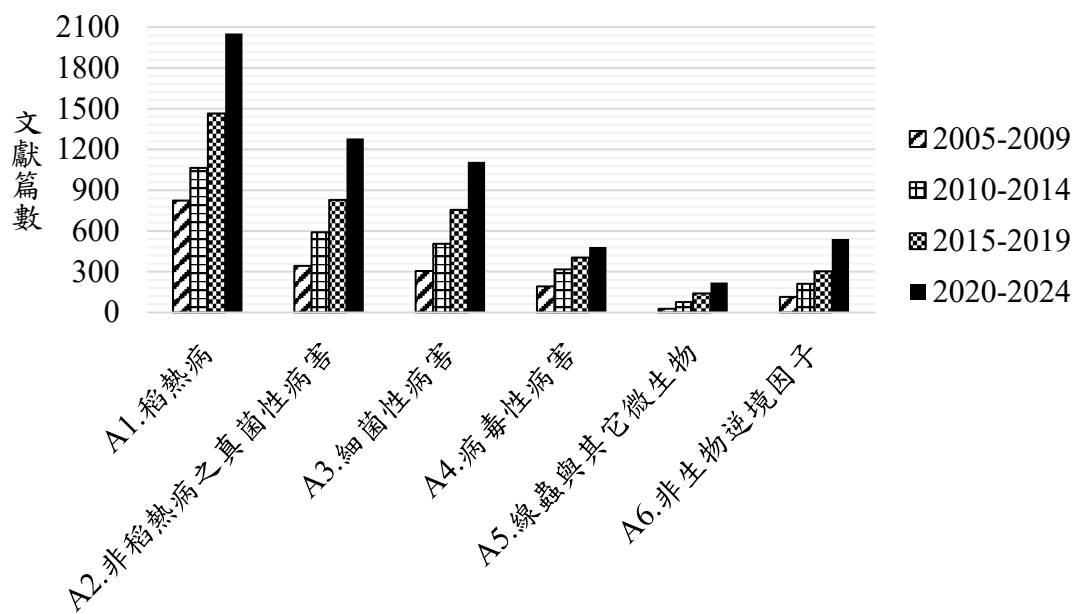


圖 4.1 A 類病原與非生物逆境因子研究議題之研究產出趨勢

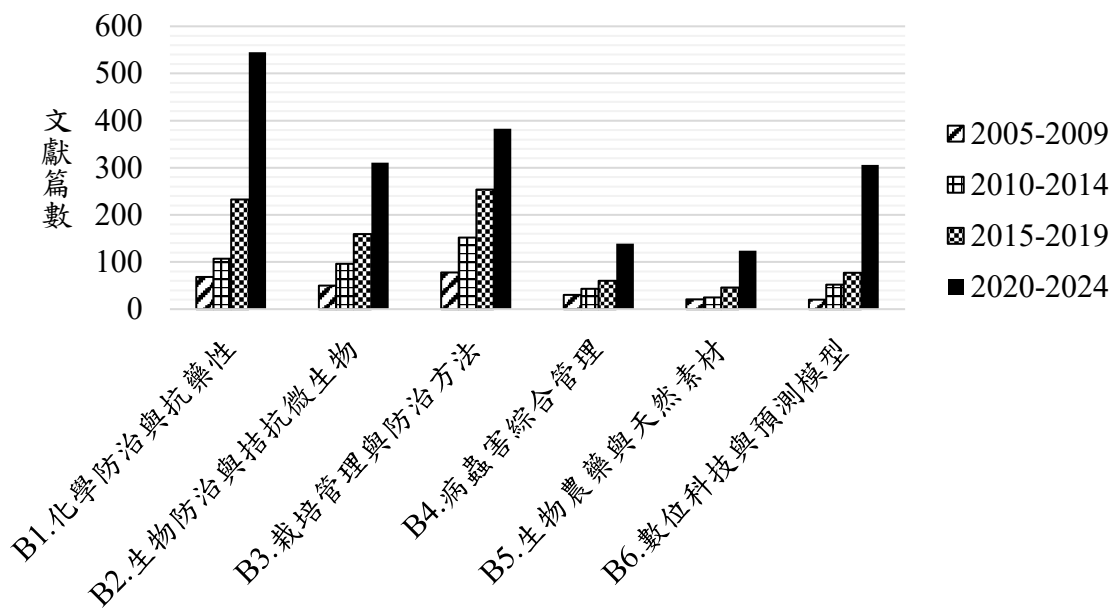


圖 4.2 B 類病害防治與監測方法研究議題之研究產出趨勢

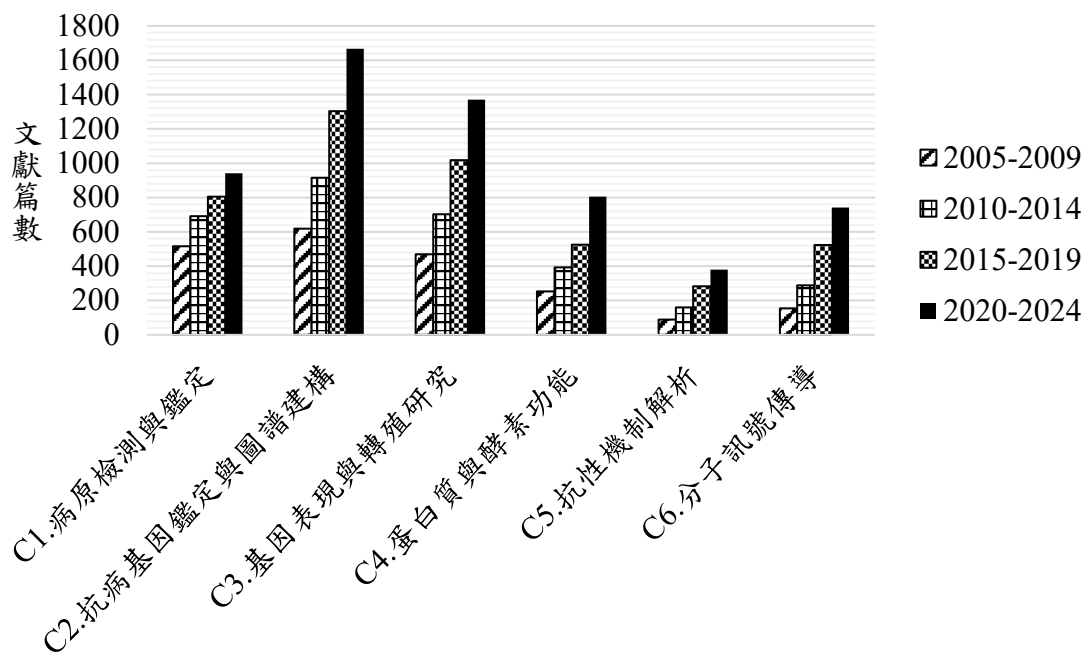



圖 4.3 C 類分子植物病理與遺傳研究議題之研究產出趨勢

以長期穩定型之研究議題而言，多數研究議題皆屬此類，顯示其研究發展具延續性且持續受學界關注。此類研究議題包括 A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、A3.細菌性病害、A4.病毒性病害、A5.線蟲與其它微生物、A6.非生物逆境因子、B3.栽培管理與防治方法、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C4.蛋白質與酵素功能、C5.抗性機制解析以及 C6.分子訊號傳導等。這些研究議題多屬水稻病害研究之基礎或關鍵方向，其研究產出隨時間穩定累積，反映出長期研究投入與知識深化的特性。

屬於近期爆發型之研究議題者，顯示其研究關注度於近十年間快速攀升，代表新興技術或研究典範的快速導入。其中，以 B6.數位科技與預測模型成長最為顯著，其研究篇數由 2005-2009 年的 20 篇，大幅增加至 2020-2024 年的 306 篇，成長倍數高達 6.16，顯示數位化分析、模型預測與智慧農業技術已成為水稻病害研究中的重要新興方向。而 B1.化學防治與抗藥性、B2.生物防治與拮抗微生物、B4.病蟲害綜合管理以及 B5.生物農藥與天然素材等研究議題亦呈現高度成長，反映出在永續農業與抗藥性壓力下，防治策略相關研究快速擴張的趨勢。



此外，屬於成長趨緩型之研究議題者，僅有 C1.病原檢測與鑑定以及 A4.病毒性病害。其中，C1.病原檢測與鑑定雖然在各期均維持相對較高的研究產出量，惟其整體成長倍數僅為 1.40，顯示該研究議題已進入較為成熟與穩定的研究階段，此類研究議題之特徵在於研究基礎已相對完備，新增研究多屬延伸或深化性質。

依據長期穩定型、近期爆發型與成長趨緩型三類成長型態，水稻病害研究議題在時間演化上呈現明確分化，涵蓋穩定累積之核心研究議題、近十年間快速成長之新興研究議題，以及已進入成熟階段之成長趨緩研究議題。此結果顯示，水稻病害研究展現出知識深化與技術轉向的動態發展特性，並為後續分析研究提供重要的時間脈絡與結構背景。

由表 4.1 之 time_EdgeA 可知，其觀測值與平均值極為接近，且 t -ratio 為 -0.02，顯示模型在納入研究議題之時間結構後，能有效重現實際研究議題共現網絡中由時間因素所形塑之邊形成特性。結合表 4.14 之研究議題對時間相近性分析可知，多數高時間相關性研究議題對之研究產出趨勢呈現高度同步，PCCs 值皆接近 1。在時間相近性最高之前十名研究議題配對中，相關係數皆高於 0.998，其中「A5.線蟲與其它微生物、B3.栽培管理與防治方法」之相關係數達 0.9999，顯示兩項研究議題在不同時期的研究發展曲線幾乎完全一致。其次，「A3.細菌性病害、B3.栽培管理與防治方法」、「A5.線蟲與其它微生物、C3.基因表現與轉殖研究」等研究議題對呈現高度時間相近性，顯示不同病害類型與防治或分子研究議題在研究發展上同步擴張。

表 4.14 研究議題對時間相近性之 PCCs 值

排名	時間相近性 Top10 研究議題對	PCCs
1	A5.線蟲與其它微生物、B3.栽培管理與防治方法	0.9999
2	A3.細菌性病害、B3.栽培管理與防治方法	0.9998
3	A5.線蟲與其它微生物、C3.基因表現與轉殖研究	0.9997
4	A2.非稻熱病之真菌性病害、C4.蛋白質與酵素功能	0.9996
5	A3.細菌性病害、A5.線蟲與其它微生物	0.9996
6	B3.栽培管理與防治方法、C3.基因表現與轉殖研究	0.9994
7	C5.抗性機制解析、C6.分子訊號傳導	0.9992
8	C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	0.9991
9	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	0.9988
10	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C5.抗性機制解析	0.9987

此外，C 類分子植物病理與遺傳研究類別之相關研究議題，例如「C5.抗性機制解析、C6.分子訊號傳導」、「C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導」等，亦呈現顯著時間相近性。可見研究議題之時間相近性不僅存在於相同研究層級之研究議題之間，也橫跨病害類型、栽培管理與分子機制等不同研究取向。綜合表 4.1 與表 4.14 分析可知，time_EdgeA 反映研究議題在發展節奏上的時間相近性，顯示成長趨勢同步之研究議題，較易於共現網絡中形成連結，驗證 time_EdgeA 作為網絡時間結構指標之合理性，並反映水稻病害研究議題的同步演進。



第二節 水稻病害研究人才間合著關係之特徵

本節旨在探討影響水稻病害研究領域中，影響研究人才形成合著關係之關鍵特徵。透過 ERGM 對「水稻病害研究人才合著網絡」(以下簡稱人才網絡)進行估計與配適度檢定，並自研究人才之內生網絡結構與外生屬性變數兩個層面，說明各項結構性指標對研究人才合著關係的影響。

此外，本節所使用之各項結構性統計量，其結構示意圖與計算公式已於第參章研究方法中第三節「ERGM 相關變數指標計算」之「一、研究議題與研究人才之內生變數計算方法」(詳見表 3.5) 中說明，以下僅針對模型配適度檢定結果與其所反映之網絡結構意涵進行討論。

一、水稻病害研究人才合著關係之內生變數特徵

為探討水稻病害研究領域中研究人才的合著網絡特性，本研究對合著網絡的內生變數進行描述性分析與模擬比較(表 4.15)。分析結果顯示，本研究網絡呈現高度異質性的合著模式及顯著的結構特徵。

在外生變數方面，包括 $age_DifferenceB$ (研究人才之研究年齡差異)、 $pub_ActivityB$ (研究人才學術發表量活躍度)、 pub_SumB (總學術發表量) 及 $pub_DifferenceB$ (學術發表量差異) 等，觀測值均與平均值接近， t -ratio 絕對值均小於 2，顯示模型成功重現研究人才合著網絡之基本分布特性。 $age_DifferenceB$ 之 t -ratio 為 -0.50，顯示研究年齡差距對研究人才形成合著關係具有顯著影響，表示研究年齡相近的研究人才較容易建立合著關係，反映學術合著中可能存在世代相近或研究生命週期同步的現象，進而降低溝通成本並提高合著意願。其次，在學術發表量方面，其中， $pub_ActivityB$ 與 pub_SumB 之 t -ratio 皆為 1.69，顯示學術發表量較高的研究人才更傾向參與合著關係，且高產研究人才之間亦較容易形成合著連結，即研究產出量較高或活躍度較大的研究人才更易成為合著網絡中的連結核心，顯示學術能量在研究合著結構中具有吸引與促進效果。

表 4.15 人才網絡之 ERGM 配適度檢定結果 ($*|t\text{-ratio}| < 2$)

No.	Variable	Statistics	Observed	Mean	StdDev	t-ratio
1	endogenous	EdgeB	5969.00	5969.00	0.00	非數值
2	endogenous	Star2B	46885.00	42514.15	213.65	20.46
3	endogenous	Star3B	141796.00	100856.20	1566.39	26.14
4	endogenous	Star4B	388524.00	179265.70	5987.05	34.95
5	endogenous	Star5B	1049713.00	254610.60	15836.42	50.21
6	endogenous	TriangleB	94.00	60.55	7.69	4.35
7	endogenous	Cycle4B	475.00	321.93	18.14	8.44
8	endogenous	ASB	17429.41	17365.00	8.25	7.81
9	endogenous	ASB2	17429.41	17365.00	8.25	7.81
10	endogenous	ATB	279.00	180.25	22.71	4.35
11	endogenous	A2PB	46416.00	42193.81	207.81	20.32
12	endogenous	AETB	544.48	353.10	44.97	4.26
13	endogenous	stddev_degreeB	5.00	4.45	0.03	19.29
14	endogenous	skew_degreeB	1.87	1.45	0.02	23.97
15	endogenous	clusteringB	0.01	0.00	0.00	3.21
16	exogenous	age_ActivityB	142820.00	144279.70	510.18	-2.86
17	exogenous	age_SumB	142820.00	144279.70	510.18	-2.86
18	exogenous	age_DifferenceB	31160.00	31306.81	295.09	-0.50*
19	exogenous	age_ProductB	854395.00	871682.60	6409.27	-2.70
20	exogenous	pub_ActivityB	146953.00	145198.70	1036.06	1.69*
21	exogenous	pub_SumB	146953.00	145198.70	1036.06	1.69*
23	exogenous	pub_DifferenceB	51205.00	51516.02	815.92	-0.38*
24	exogenous	pub_ProductB	914327.00	883634.50	14426.61	2.13
25	exogenous	sim_EdgeB	502.00	506.82	64.43	-0.07*

此外，pub_DifferenceB 之 t -ratio 為 -0.38，亦達統計顯著，顯示研究人才之間學術發表量差距會影響其合著關係形成，表示學術發表量差距較小的研究人才，更可能建立穩定的合著關係，反映合著夥伴在學術能量上的對等性，可能有助於維持合著品質與互惠關係。最後，sim_EdgeB（研究議題相似性對應的連結）觀測值為 502，與平均值 506.82 高度一致， t -ratio 為 -0.07，顯示合著關係亦受研究議題相似性影響。研究人才間若在研究議題上具有高度重疊或相似性，顯示研究議題相似性越高，對研究人才越容易形成合著關係。



二、水稻病害研究人才之學術發表量特徵

本研究樣本共包含 1,675 位研究人才，累計發表水稻病害相關研究文獻 4,519 篇。根據表 4.15 之 pub_ActivityB 與 pub_SumB 顯示，研究人才整體學術發表量水準確實構成合著關係形成的重要背景因素。此結果可與學術發表量排名前十名之研究人才（表 4.16）相互印證，表中個別發表量介於 64 至 94 篇之間，單一研究人才之發表比例約佔整體文獻的 1.42%至 2.08%。其中 Zhang, Zhengguang 與 Wang, Zonghua 各 94 篇，佔總發表量的 2.08%，並列最高；其次為 Zhang, Haifeng 與 Talbot, Nicholas J. 分別發表 86 篇，佔 1.90%。顯示該領域中已形成穩定且具代表性的高產出研究核心。

表 4.16 學術發表量排名前十名之研究人才分布

排名	研究人才	所屬機構	發表量	比例
1	Zhang, Zhengguang	Nanjing Agricultural University	94	2.08%
2	Wang, Zonghua	Fujian Agriculture and Forestry University	94	2.08%
3	Zhang, Haifeng	Nanjing Agricultural University	86	1.90%
4	Talbot, Nicholas J.	University of Exeter	86	1.90%
5	Wei, Taiyun	Fujian Agriculture and Forestry University	84	1.86%
6	Chen, Jianping	Northwest Agriculture and Forestry University; Ningbo University	81	1.79%
7	Wang, Guo-Liang	Ohio State University	81	1.79%
8	Lee, Yong-Hwan	Seoul National University	66	1.46%
9	Peng, You-Liang	China Agricultural University	65	1.44%
10	Zheng, Xiaobo	Nanjing Agricultural University	64	1.42%

然而，即使單一研究人才之發表比例皆未超過 3%，但前十名研究人才合計已佔整體研究產出 17.72%，將近兩成比重，反映研究能量高度集中於少數關鍵研究人才身上，可見核心研究人才具有高度學術產出，其合著潛力亦相對突出。

進一步檢視學術發表量排名前十名之研究人才所屬機構背景可發現，該等高產出研究人才多隸屬於以農業科學、植物病理與水稻病害研究為核心之研究型大



學與專業研究機構。其中，Zhang, Zhengguang、Zhang, Haifeng 與 Zheng, Xiaobo 皆隸屬於南京農業大學（Nanjing Agricultural University），顯示該校於水稻病害研究領域中具高度研究能量與穩定之研究產出核心；Wang, Zonghua 與 Wei, Taiyun 則分別任職於福建農林大學（Fujian Agriculture and Forestry University）及其相關之國家級病害防治研究單位，反映該校在水稻病害防治與生態病害管理研究上的重要地位。此外，Chen, Jianping 同時隸屬於西北農林科技大學與寧波大學之植物病理與病害防治相關研究機構，顯示其研究活動橫跨多個研究據點，並與國家級農業生物安全與植物保護研究體系密切連結；Peng, You-Liang 則任職於中國農業大學（China Agricultural University），該校為中國農業科學與植物病理研究之重要學術重鎮，其研究成果具高度代表性與影響力。

除中國地區之研究機構外，前十名研究人才中亦包含三位來自國際重要研究機構之學者，包括任職於英國艾希特大學（University of Exeter）的 Talbot, Nicholas J.、美國俄亥俄州立大學（Ohio State University）的 Wang, Guo-Liang，以及韓國首爾大學（Seoul National University）的 Lee, Yong-Hwan，顯示水稻病害研究之高產出核心不僅集中於單一國家，亦呈現明顯之國際分布特徵。

根據研究人才的發表篇數分布（表 4.17），232 位研究人才發表 5 篇文獻，佔總人數的 13.85%；786 位研究人才發表 6 至 10 篇，佔比 46.93%，累計達 60.78%，說明大多數研究人才的學術產出集中於中等篇數區間；發表 11 至 20 篇的研究人才共有 440 人，佔比 26.27%，累計達 87.04%；至於發表 21 篇以上之高發表量研究人才比例明顯偏低，僅佔 12.96%，其中發表量超過 50 篇的核心研究人才僅 17 人，佔總人數 1.01%，顯示該領域存在少數具高度學術影響力之核心研究人才。整體而言，研究人才之發表量呈現高度不均衡的分布特徵，多數研究人才集中於中低發表量區間，僅少數研究人才具有極高的發表產出，呼應表 4.15 之 pub_SumB 與 pub_ActivityB 對合著關係形成具有正向影響，說明高產出研究人才不僅學術能量突出，也更容易成為合著網絡的連結核心。

由此可見，水稻病害研究領域之學術發表量結構呈現典型的「長尾分布」現象，



符合科學研究社群中常見之累積優勢 (cumulative advantage) 與菁英集中化特徵，說明人才網絡之合著關係並非單純由菁英研究人才所壟斷，而是在累積優勢機制下，形成兼具集中化與開放性的研究合著結構。

表 4.17 學術發表篇數與研究人才數之分布

篇數	人數	比例
5	232	13.85%
6-10	786	46.93%
11-20	440	26.27%
21-30	130	7.76%
31-40	53	3.16%
41-50	17	1.01%
51-94	17	1.01%
總人數	1,675	100.00%

為進一步理解 ERGM 中學術發表量相關變數的結構意涵，本研究進一步檢視高學術發表量研究人才之實際合著情形 (表 4.18)。表 4.15 之 pub_SumB 與 pub_ActivityB 顯示學術產出規模較大的研究人才配對，在整體網絡中更容易形成合著關係。藉由表 4.18 所列之高發表量研究人才配對可反映此一趨勢，例如 Zhang, Zhengguang 與 Zhang, Haifeng、Zhang, Zhengguang 與 Zheng, Xiaobo 等配對，不僅具備高發表量總和，亦累積大量合著次數，顯示核心研究人才在合著網絡中兼具高學術產出與高度合著活躍度，成為網絡中關鍵的連結節點。

進一步從所屬機構背景觀察高學術發表量研究人才之合著配對情形，可發現合著次數較高之研究人才對，多集中於同一研究機構或具長期合著關係之研究單位。例如，Zhang, Zhengguang 與 Zhang, Haifeng、Zhang, Zhengguang 與 Zheng, Xiaobo 等配對，皆隸屬於南京農業大學，其合著次數分別達 78 次與 62 次，顯示共同機構背景有助於促進研究人才之持續與高頻合著關係形成。相較之下，跨機構之高發表量研究人才配對，如 Wang, Zonghua 與 Zhang, Zhengguang、Talbot, Nicholas J. 與 Wang, Guo-Liang，即使雙方學術產出水準相近，其實際合著次數多僅為個位



數，可見高學術發表量本身並不足以保證緊密之合著關係，研究環境與機構脈絡仍扮演關鍵影響角色。

表 4.18 高學術發表量研究人才配對之合著次數分布

No.	研究人才對	發表量	合著次數
1	Wang, Zonghua; Zhang, Zhengguang	94; 94	1
2	Zhang, Haifeng; Zhang, Zhengguang	86; 94	78
3	Talbot, Nicholas J.; Wang, Zonghua	86; 94	4
4	Wang, Guo-Liang; Wang, Zonghua	81; 94	1
5	Wang, Guo-Liang; Zhang, Zhengguang	81; 94	1
6	Talbot, Nicholas J.; Wang, Guo-Liang	86; 81	3
7	Wang, Guo-Liang; Zhang, Haifeng	81; 86	1
8	Zhang, Zhengguang; Zheng, Xiaobo	94; 64	62
9	Wang, Ping; Zhang, Zhengguang	57; 94	50
10	Peng, You-Liang; Talbot, Nicholas J.	65; 86	2

為進一步詮釋 ERGM 中學術發表量相關外生變數之結構意涵，本研究進一步分別以學術發表量高、中、低之研究人才，分析其合著次數前五名之主要合著夥伴。首先，從學術發表量前三名之研究人才（表 4.19）得知，Wang, Zonghua 與 Zhang, Zhengguang 兩人主要合著關係集中於少數長期合著夥伴，且合著次數顯著高於其它配對，顯示高產出研究人才不僅具備較高的合著活躍度，亦傾向與具相當研究能量之研究人才形成穩定合著。此現象亦呼應表 4.15 之 pub_SumB 所反映的學術產出規模，確實在實際合著行為中發揮促進作用。

然而，高發表量研究人才並未僅限於與同等產出者合著，其主要合著對象同時涵蓋發表量與研究年齡相對較低之研究人才，顯示合著關係並未呈現明顯的學術產出階層化。此結果與表 4.15 之 pub_DifferenceB 相互呼應，說明學術產出差距並未構成合著形成的主要阻礙，高產出研究人才在合著網絡中仍扮演促進跨層級合著與知識擴散的關鍵角色。整體而言，研究人才之學術發表量不僅反映個人研究能量，其合著關係亦多集中於研究年齡相近或長期合著之研究夥伴，並形成穩定且高強度的合著連結。

表 4.19 高學術發表量之研究人才與其合著次數前五名合著者

研究人才	發表量	研究 年齡	排 名	合著 次數	合著者	發表量	研究 年齡
Wang, Zonghua	94	18	1	37	Lu, Guodong	45	19
			2	22	Chen, Meilian	22	12
			3	19	Norvienyeku, Justice	19	10
			4	18	Tang, Wei	31	14
			5	17	Zhou, Jie	31	18
Zhang, Zhengguang	94	16	1	78	Zhang, Haifeng	86	16
			2	62	Zheng, Xiaobo	64	16
			3	50	Wang, Ping	57	16
			4	39	Liu, Xinyu	42	10
			5	35	Liu, Muxing	39	10
Talbot, Nicholas J.	87	19	1	20	Yan, Xia	21	15
			2	19	Ryder, LaurenS.	19	13
			3	18	Soanes, DarrenM.	18	19
			4	16	Kershaw, MichaelJ.	16	18
			5	14	Oses-Ruiz, Miriam	14	11

再者，由介於約 40 篇發表量之中等學術發表量研究人才（表 4.20）可知，以 Jia, Dongsheng 與 Chen, Hongyan 為例，其已累積足夠之學術能見度，得以與特定核心合著夥伴建立長期且高密度之合著關係，顯示中等學術發表量研究人才已能在研究團隊中扮演穩定成員之角色。此結果亦與表 4.15 中 pub_ActivityB 與 pub_SumB 所反映之學術發表量對合著關係形成之正向結構效果相互呼應。

另一方面，pub_DifferenceB 亦可由表 4.20 中 Zhou, Xueping 之合著網絡加以說明，其合著對象之學術發表量橫跨不同層級，顯示中等發表量研究人才不僅可與高發表量核心研究人才合著，亦能與較低發表量研究人才建立合著關係。

綜合而言，表 4.15 與表 4.20 共同分析指出，學術發表量主要透過累積與吸引效果影響研究人才在合著網絡中的結構位置，而非形成嚴格之發表量同質配對。中等學術發表量研究人才多位處於核心與邊陲之間，合著關係以少數穩定夥伴為主，並具備向外延伸之潛力，因而在人才網絡中扮演次核心或橋接型節點，可見學術發

表量不僅影響研究人才之學術能見度，亦與其合著關係之集中程度及網絡結構位置密切相關。



表 4.20 中學術發表量之研究人才與其合著次數前五名合著者

研究人才	發表量	研究 年齡	排 名	合著 次數	合著者	發表量	研究 年齡
Jia, Dongsheng	42	16	1	41	Wei, Taiyun	84	19
			2	30	Chen, Hongyan	41	19
			3	29	Chen, Qian	44	14
			4	19	Mao, Qianzhuo	28	13
			5	12	Wu, Wei	29	13
Chen, Hongyan	41	19	1	41	Wei, Taiyun	84	19
			2	30	Jia, Dongsheng	42	16
			3	27	Chen, Qian	44	14
			4	18	Mao, Qianzhuo	28	13
			5	11	Wu, Wei	29	13
Zhou, Xueping	40	17	1	26	Wu, Jianxiang	26	17
			2	17	Xu, Yi	17	15
			3	11	Fu, Shuai	12	13
			4	9	Zhou, Yijun	64	17
			5	7	Li, Chenyang	15	11

最後，表 4.21 所呈現之低學術發表量研究人才合著樣態，可進一步呼應表 4.15 中 pub_ActivityB 與 pub_SumB 所顯示之趨勢，亦即研究人才之合著參與程度與累積發表量，對合著關係形成具有促進效果。相對而言，發表量介於 20 至 22 篇之研究人才，其合著關係多呈現低強度或小規模集中型態，顯示在學術發表量尚未累積至一定門檻之前，研究人才較難形成穩定且高頻率之合著連結，因而在合著網絡中多位處於邊陲位置。

此外，pub_DifferenceB 所反映之發表量差距，亦可由表 4.21 中之合著配對加以佐證，多數合著關係發生於發表量與研究年齡相近之研究人才之間，顯示低學術發表量研究人才之合著多侷限於相近學術能量之小型研究群體，而較少與高發表量核心研究人才形成高強度連結。整體而言，表 4.15 與表 4.21 共同指出，學術發



表量對合著結構具有明顯的累積性與門檻性影響，惟其並非唯一決定因素，低發表量研究人才之合著結構仍呈現一定程度之異質性。

表 4.21 低學術發表量之研究人才與其合著次數前五名合著者

研究人才	發表量	研究年齡	排名	合著次數	合著者	發表量	研究年齡
DeWaele, Dirk	22	18	1	12	Kumar, Arvind	28	13
			2	6	Kyi, PyonePyone	6	12
			3	6	Maung, ZinThuZar	7	12
			4	6	Win, PaPa	6	12
			5	5	Bellafiore, Stephane	16	11
Ronald, PamelaC.	21	19	1	6	Chern, Mawsheng	16	14
			2	5	Chen, Xuewei	29	19
			3	5	Canlas, PatrickE.	5	16
			4	4	Wang, Jing	49	16
			5	3	He, Min	23	13
Zhu, Lihuang	20	19	1	11	Wang, Jing	49	16
			2	10	Zhou, Zhuangzhi	12	18
			3	8	Chen, Xuewei	29	19
			4	8	Li, Shigui	14	19
			5	8	Zhao, Xianfeng	8	19

綜合表 4.19、表 4.20 與表 4.21 之分析結果，可歸納出學術發表量對研究人才合著結構呈現累積性與門檻性影響。學術發表量愈高，研究人才愈可能形成穩定且高強度之合著關係，並佔據合著網絡之核心位置；中等發表量研究人才則多位處核心與邊陲之間，具備橋接潛力；而低發表量研究人才則多處於網絡邊陲。惟合著結構亦受研究年齡、研究議題相似性與團隊脈絡等因素共同影響。

綜觀本節「水稻病害研究人才之學術發表量特徵」，水稻病害研究領域之學術發表量呈高度不均衡的長尾分布，少數高產出研究人才雖佔比極低，卻貢獻大量研究成果並形成網絡核心；中等發表量研究人才多位於核心與邊陲之間，具橋接潛力；低發表量研究人才則多處於邊陲，合著連結強度與穩定性相對較低。學術發表量對合著結構具有累積性與門檻性影響，發表量愈高者愈可能形成穩定且高強度的合



著關係，但合著模式亦受研究年齡、研究議題相似性及團隊脈絡等因素共同影響，形塑出水稻病害研究合著網絡中「少數核心、高度集中」與「多數邊陲、低度連結」並存的典型網絡結構特徵。

三、水稻病害研究人才之研究年齡特徵

針對表 4.15 之 age_DifferenceB 所示，研究年齡差異在合著連結生成中具有結構性影響，研究人才之合著關係並非隨機跨越研究年齡差距，而是呈現特定差距區間較為集中，此結果可與表 4.22 中研究人才研究年齡分布進一步對應分析。本研究樣本共涵蓋 1,675 位研究人才，其研究年齡分布呈現相對均衡但略偏中高研究年齡區間之特徵。其中，研究年齡介於 11-15 年之研究人才數最多，共 552 人，佔 32.96%；其次為 16-20 年，共 495 位研究人才，佔比 29.55%，顯示水稻病害研究領域中具有相當比例之研究人才已累積中長期研究經驗；相較之下，研究年齡介於 1-5 年之新進研究人才僅 149 人，佔總人數的 8.90%，比例明顯偏低。

整體而言，水稻病害研究領域的研究社群主要由中生代與資深研究人才組成。表 4.15 結果顯示，即使研究人才研究年齡分布偏向中高年資，研究年齡差異並非合著關係形成的主要限制因素，合著網絡受其他外生變數影響。

表 4.22 研究人才之研究年齡分布

研究年齡	人數	比例
1-5	149	8.90%
6-10	479	28.60%
11-15	552	32.96%
16-20	495	29.55%
總人數	1,675	100.00%

同理，針對表 4.15 之 age_DifferenceB 所示，研究年齡差異在合著連結生成中具有結構性影響，研究人才之合著關係並非隨機跨越研究年齡差距，而是呈現特定差距區間較為集中。進一步從研究人才對層級觀察研究年齡差異與合著關係之分布（表 4.23）可發現，在 14,104 組研究人才對中，研究年齡差介於 1-3 年之配對比例最高，共 5,169 對，佔比 36.65%，其次為 4-6 年研究人才 3,461 對，佔比 24.54%。此外，研究年齡差為 0，即研究年齡完全相同的研究人才合著對數達 2,200 對，佔比 15.60%，顯示研究年齡相近之研究人才較容易形成合著關係。相對而言，研究年齡差距較大之配對比例隨差距增加而逐漸下降，當研究年齡差達 10-17 年時，僅佔 8.32%。

表 4.23 研究人才配對之研究年齡差分布

研究年齡差	對數	比例
0	2,200	15.60%
1-3	5,169	36.65%
4-6	3,461	24.54%
7-9	2,101	14.90%
10-17	1,173	8.32%
總對數	14,104	100.00%

將表 4.23 結合表 4.15 觀察分布可知，age_DifferenceB 達顯著水準，顯示研究人才之合著關係在研究年齡差距上具有系統性偏好，合著連結較集中於研究年齡相近之研究人才配對，呈現年齡同質性特徵。

此外，觀察研究年齡合計較高之研究人才對（表 4.24）可發現，部分研究年齡皆達 19-20 年之研究人才對，其合著次數明顯高於平均水準。例如，Song, Fengming 與 Zheng, Zhong 的研究年齡均為 20 年，其合著次數達 9 次；而 Jia, M.H. 與 Jia, Y. 的研究年齡分別為 19 與 20 年，其合著次數達 11 次，顯示長期投入該研究領域之研究人才，較可能形成持續且穩定的合著關係。

表 4.24 研究人才對之研究年齡與合著次數前十名

排名	研究人才對	研究年齡	研究年齡和	合著次數
1	Song, Fengming; Zheng, Zhong	20; 20	40	9
2	Jia, M.; Jia, Y.	20; 20	40	5
3	Mayama, S; Tosa, Y	20; 20	40	5
4	Jia, M. H.; Jia, Y.	19; 20	39	11
5	Jia, Y.; Mcclung, A.	20; 19	39	8
6	Fjellstrom, R.; Jia, Y.	19; 20	39	5
7	Rathour, R.; Variar, M.	19; 20	39	5
8	Fjellstrom, R.; Jia, M.	19; 20	39	2
9	Deng, Yiwen; Song, Fengming	19; 20	39	1
10	Groth, D. E.; Nandakumar, R.	19; 20	39	1

然而，亦可觀察到部分研究年齡相近或合計偏高之研究人才對，其合著次數仍相對有限，顯示研究年齡雖有助於合著關係之形成，但並非唯一決定因素，仍可能受到研究分工模式或既有合著歷史等其它條件影響。綜合表 4.15 與表 4.24 的觀察結果得知，研究年齡差異對整體網絡結構影響有限，但對特定高年資核心研究人才而言，年資累積仍可能促進合著關係的持續性與穩定性。

四、水稻病害研究人才之研究議題相似性特徵

針對表 4.15 之 `sim_EdgeB` 結果可知，研究議題相似性在合著連結生成過程中具有結構性影響，顯示合著行為並非隨機發生，而是與研究議題重疊程度相關。進一步觀察表 4.25 之分布，在 14,104 組研究人才對中，研究議題相似度主要集中於中高區間。`TopicSim` 介於 0.60-0.69 的研究人才對比例最高，共 3,674 對，佔比 26.05%；其次為 0.70-0.79 者 3,075 對，佔比 21.80%；以及 0.50-0.59 者 2,572 對，佔比 18.24%。相較之下，研究議題相似度低於 0.50 的研究人才對僅佔 10.68%，顯示多數合著關係建立於研究議題具有一定重疊程度的基礎之上。此外，`TopicSim` 為 1，即研究議題完全相同的研究人才對共有 548 對，雖然佔比 3.89% 並不高，但仍反映出該研究領域中存在高度研究議題重疊且分工密切的合著群體。



表 4.25 研究人才對之研究議題相似度分布

TopicSim	研究人才對對數	比例
1	548	3.89%
0.90-0.99	660	4.68%
0.80-0.89	2,068	14.66%
0.70-0.79	3,075	21.80%
0.60-0.69	3,674	26.05%
0.50-0.59	2,572	18.24%
<0.50	1,507	10.68%
總對數	14,104	100.00%

結合表 4.15 與表 4.25 分布得知，合著行為多集中於研究議題具有一定重疊的研究人才對。雖然高研究議題相似度並非唯一形成合著關係的因素，但表 4.25 的分布顯示研究議題重疊在合著網絡形成中扮演重要角色，且網絡中邊的生成與研究議題結構相關。再進一步觀察表 4.26 中研究議題完全相同 (TopicSim=1) 的研究人才對，可見其合著次數多數高於平均水準，且往往呈現高度穩定的合著關係。例如，Chen, Jianping 與 Yang, Yong 及 Chen, Jianping 與 Li, Bin 之合著次數皆達 17 次，而 Ahmed, Temoor 與 Li, Bin 的合著次數更高達 22 次，顯示研究議題高度一致有助於形成長期且高頻率的合著關係。然而，亦可觀察到部分研究議題完全相同的研究人才對，其合著次數仍相對有限，如 Tharreau, Didier 與 Wang, Zonghua 僅有 1 次合著紀錄，說明即使研究議題高度重疊，合著關係的形成仍可能受研究年齡、學術發表量等因素影響。

表 4.26 研究人才對之研究議題相似度與其相關屬性

研究人才對	合著 次數	學術 發表量	研究 年齡	交集/ 聯集	TopicSim
Chen, Jianping; Yang, Yong	17	81; 26	15; 13	16/16	1
Tharreau, Didier; Wang, Zonghua	1	46; 94	18; 18	16/16	1
Chen, Jianping; Li, Bin	17	81; 40	15; 14	16/16	1
Ahmed, Temoor; Chen, Jianping	14	23; 81	5; 15	16/16	1
Ahmed, Temoor; Li, Bin	22	23; 40	5; 14	16/16	1
Ahmed, Temoor; Yang, Yong	6	23; 26	5; 13	16/16	1
Li, Bin; Yang, Yong	6	40; 26	14; 13	16/16	1
Li, Wei; Yang, Jun	1	27; 52	17; 15	16/16	1

最後，從研究議題完全相同之研究議題數分布（表 4.27）可見，重疊於 1-9 個研究議題之研究人才對佔多數，共 323 對，顯示即使研究議題數量不多，只要研究方向高度一致，仍有助於形成合著關係；相對而言，研究議題數量達 12 個以上且完全重疊之研究人才對雖然數量較少，但其合著強度通常較高，反映當研究專長高度重合時，合著關係更可能呈現長期且穩定的特徵。整體而言，研究議題相似度越高，研究人才之間形成合著關係的可能性亦隨之提高，顯示研究議題相似性在水稻病害研究合著網絡中，對於合著關係之形成具有關鍵影響。

表 4.27 研究人才對之共同研究議題數分布

共同研究議題數	研究人才對對數
16	8
15	5
14	23
13	8
12	30
11	107
10	44
1-9	323
合計	548

綜合表 4.15、表 4.26 與表 4.27 之結果可知，研究議題相似性在研究人才合著

關係中具有關鍵結構作用。當研究議題高度重疊，甚至完全一致時，研究人才對更可能形成高頻率且穩定的合著關係；而隨共同研究議題數增加，合著關係的出現機率與合著強度亦隨之提升。惟表 4.26 亦顯示，即使研究議題完全相同，合著強度仍存在差異，顯示合著關係並非單一因素所決定，而是在研究議題相似性基礎上，進一步受研究年齡與學術發表量等因素共同調節。

五、水稻病害研究人才之合著次數特徵

針對表 4.15 之內生變數統計量所示，Star2B 至 Star5B、TriangleB 及 Cycle4B 等指標的 *t*-ratio 絕對值均遠大於 2，顯示網絡呈現高度集中與聚集結構，並且合著關係並非隨機分布，而是受研究人才連結偏好及網絡結構因素影響。

結合表 4.28 的合著次數分布觀察可見，在 14,104 組研究人才對中，合著次數呈現高度偏態分布。僅合著 1 次者佔 44.14%；合著 2 至 10 次者佔 52.16%；而合著超過 10 次者僅佔約 3.70%。顯示大多數研究人才間的合著關係為低頻或一次性合著，僅少數核心研究人才對能建立長期且高度穩定的合著關係。

表 4.28 研究人才對之合著次數分布

合著次數	對數	比例
1	6,226	44.14%
2-10	7,356	52.16%
11-20	427	3.03%
21-30	74	0.52%
31-40	11	0.08%
41-50	7	0.05%
51-78	3	0.02%
總對數	14,104	100.00%

結合表 4.29 的觀察可見，合著次數達 50 次以上的研究人才對僅 3 對，佔總研究人才對的 0.02%，其中 Zhang, Haifeng 與 Zhang, Zhengguang 的合著次數高達 78 次，為所有研究人才對中的最高值；其餘合著次數居前者多介於 41-62 次。這些高

頻率合著對通常具有相近研究年齡，介於 16 至 19 年，且皆具至少 40 篇之學術發表量，顯示長期研究歷程與高度學術投入，有助於形成穩定且重複的合著關係。然而，即便個別研究人才學術發表量甚高，並非所有高發表量研究人才皆會形成高頻合著，顯示合著關係的深化仍需仰賴長期合著基礎與研究分工的穩定性。


表 4.29 合著次數前十名研究人才對之發表量與研究年齡

排名	研究人才對	合著次數	發表量	研究年齡
1	Zhang, Haifeng; Zhang, Zhengguang	78	86; 94	16; 16
2	Zhang, Haifeng; Zheng, Xiaobo	62	86; 64	16; 16
3	Zhang, Zhengguang; Zheng, Xiaobo	62	94; 64	16; 16
4	Wang, Ping; Zhang, Haifeng	50	57; 86	16; 16
5	Wang, Ping; Zhang, Zhengguang	50	57; 94	16; 16
6	Li, Xianghua; Wang, Shiping	49	50; 61	19; 19
7	Lin, Fu-Cheng; Liu, Xiao-Hong	49	61; 51	18; 18
8	Chen, Hongyan; Wei, Taiyun	41	41; 84	19; 19
9	Jia, Dongsheng; Wei, Taiyun	41	42; 84	16; 19
10	Chen, Qian; Wei, Taiyun	41	44; 84	14; 19

結合表 4.30 觀察可見，僅 60 對研究人才的合著次數與個別學術發表量完全匹配，比例極低，顯示即使研究人才學術發表量相近，也不必然形成高頻率合著關係，說明學術發表量並非決定合著強度的唯一因素。

表 4.30 合著次數與個別發表量完全匹配之研究人才對分布

合著次數 (亦為發表量)	研究人才對 對數
12	1
10	6
9	1
8	5
7	9
6	16
5	22
總對數	60



綜合表 4.15、表 4.28、表 4.29 與表 4.30 可知，水稻病害研究合著網絡呈現典型的「核心—邊陲」結構：少數核心研究人才對形成高頻且穩定的合著關係，承擔網絡中大量連結；大多數研究人才對則以低頻或一次性合著為主，且仍保有大量未合著成果，顯示合著形成受研究人才學術發表量、研究年齡及既有合著網絡位置等多因素共同影響，並維持核心與邊陲的網絡特徵。

第三節 水稻病害研究議題共現與研究人才合著關係的連結

本節旨在探討水稻病害研究領域中，研究議題與研究人才二者間的連結特徵。透過 MLERGM 對「水稻病害研究議題與研究人才所構成之多層次網絡」（以下簡稱「議題與人才網絡」）進行估計與配適度檢定，並進一步檢視不同研究議題間的結構特徵是否會影響研究人才形成合著關係之機率，以說明各項結構性指標對研究議題與研究人才連結關係形成的影響。

此外，本節所使用之各項結構性統計量，其結構示意圖與計算公式已於第參章研究方法中第三節「ERGM 相關變數指標計算」之「一、研究議題與研究人才之內生變數計算方法」（詳見表 3.6）中說明，以下僅針對模型配適度檢定結果與其所反映之網絡結構意涵進行討論。

一、議題與人才網絡之 XStar3A 及 XStar3B 結構特徵

透過 MLERGM 的分析（表 4.31）結果可見，研究人才與研究議題間的連結呈現明顯的結構性特徵，反映出合著關係受研究議題與研究人才層面因素共同影響。在研究人才參與多個研究議題的結構特徵方面，三階星狀結構指標（XStar3A）用以衡量單一研究人才同時連結三個研究議題之集中程度，反映其在研究網絡中扮演多研究議題之關鍵連結角色。

為進一步具體說明此結構特徵之實際分布情形，表 4.32 呈現研究人才參與研究議題三元組之組數分布。結果顯示，研究人才在多個研究議題參與程度上呈現明顯差異，僅有少數研究人才累積較多研究議題三元組組合，其中 Talbot, Nicholas J.、Chen, Jianping 與 Zhang, Zhengguang 分別以 19 組、16 組與 15 組為代表。此結果與 XStar3A 所反映之結構性特徵相互呼應，顯示水稻病害研究領域中，研究人才於多個研究議題之參與程度存在差異，且多研究議題參與程度較高之研究人才，較容易在議題網絡中形成多重連結，並扮演研究議題間的重要匯聚節點。

表 4.31 議題與人才網絡之 MLERGGM 配適度檢定結果 (* $|t\text{-ratio}| < 2$)

No	Variable	Statistics	Observed	Mean	StdDev	t-ratio
1	endogenous	XEdge	6025.00	6025.00	0.00	非數值
2	endogenous	XStar2A	11256.00	10615.87	246.33	2.60
3	endogenous	XStar2B	11685.00	301786.10	138535.60	-2.09
4	endogenous	XStar3A	14164.00	12568.56	797.73	1.99*
5	endogenous	XStar3B	16330.00	19840260.00	11937061.00	-1.66*
6	endogenous	X3Path	83912.00	2015765.00	911372.50	-2.12
7	endogenous	X4Cycle	2452.00	33950.46	23587.79	-1.34*
8	endogenous	XECA	17150.00	216764.70	149443.70	-1.34*
9	endogenous	XECB	19309.00	14036519.00	11170622.00	-1.25*
10	endogenous	XASA	6551.41	6372.99	50.77	3.51
11	endogenous	XASB	6587.82	7919.99	504.41	-2.64
12	endogenous	XACA	10124.50	7791.68	1437.56	1.62*
13	endogenous	XACB	10542.00	285435.00	127584.60	-2.15
14	endogenous	XAECA	8105.75	108231.80	75443.77	-1.33*
15	endogenous	XAECB	8234.52	135347.00	94577.52	-1.34*
16	endogenous	stddev_degreeX_A	2.03	1.82	0.08	2.51
17	endogenous	skew_degreeX_A	0.47	0.67	0.05	-4.13
18	endogenous	stddev_degreeX_B	2.15	18.03	5.12	-3.10
19	endogenous	skew_degreeX_B	0.77	9.45	0.22	-39.70
20	endogenous	clusteringX	0.12	0.06	0.02	2.55

表 4.32 參與最多研究議題三元組之研究人才前十名

排名	研究人才	三元組組數
1	Talbot, Nicholas J.	19
2	Chen, Jianping	16
3	Zhang, Zhengguang	15
4	Wang, Jing	13
5	Lin, Fu-Cheng	12
6	Wang, Guo-Liang	12
7	Wang, Zonghua	12
8	Yang, Song	12
9	Zhang, Haifeng	12
10	Liu, Hao	11

由表 4.32 之 XStar3A 進一步結合研究議題三元組之組成結構（表 4.33）進行觀察，可發現研究人才之多研究議題連結高度集中於特定研究議題組合中。具體而言，高頻出現之研究議題三元組多以重大病害研究議題與分子層級研究議題為核心，其中以「A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」及「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究」之參與研究人才數量為最多與次多。此結果顯示，XStar3A 所反映之多重星狀結構，主要建立於「A1.稻熱病」、「病原鑑定」與「抗病基因等分子機制」等核心研究議題組合之上，進而使研究議題間之連結呈現明顯的結構化特徵。

表 4.33 研究人才參與度最高之研究議題三元組前十名

排名	研究議題三元組	研究人才數
1	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	381
2	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究	210
3	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	130
4	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	124
5	A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	120
6	A1.稻熱病、A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	118
7	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害、C3.基因表現與轉殖研究	110
8	A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定、C3.基因表現與轉殖研究	107
9	A2.非稻熱病之真菌性病害、C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	101
10	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究、C6.分子訊號傳導	87

註：統計基礎為曾於其研究成果中同時涉及三項研究議題之不重複研究人才，共計 1,522 人（100%）。各研究議題三元組之研究人才數係指曾參與該特定三元組之不重複研究人才人數，其比例係以全體三元組研究人才總數為分母計算。另，本研究共辨識出 234 組研究議題三元組。

在研究議題端之結構特徵方面，三階星狀結構指標 (XStar3B) 用以衡量單一研究議題是否傾向吸引多位研究人才，形成以研究議題為中心之星狀連結結構。由表 4.32 可見，XStar3B 顯示研究議題在吸引研究人才方面存在一定程度之集中趨勢。進一步結合單一研究議題吸引研究人才之組數分布 (表 4.34) 觀察，可發現水稻病害研究中，不同病害研究議題在吸引研究人才方面呈現不均衡現象。其中，「A1.稻熱病」形成之單一研究議題結構組數最多，其次為「A4.病毒性病害」與「A2.非稻熱病之真菌性病害」，顯示部分水稻病害研究議題對研究人才具有較高之聚集效果。此分布情形可作為 XStar3B 所反映研究議題集中趨勢之具體說明。

表 4.34 單一研究議題吸引研究人才之組數分布

單一研究議題	組數
A1.稻熱病	29
A2.非稻熱病之真菌性病害	16
A3.細菌性病害	15
A4.病毒性病害	22
A5.線蟲與其它微生物	5
合計	87

整體而言，單一研究議題共形成 87 組，涉及文獻篇數達 990 篇，顯示特定病害研究議題具明顯吸引力，並能聚集研究人才。此現象亦反映於表 4.31 中，XStar3B 指標之 t -ratio 為 -1.66，表明研究議題端之星狀集中結構並未過度擴張，研究人才在研究議題選擇上仍具聚焦性，較傾向深耕特定研究議題，而非廣泛分散。

綜合上述結果，水稻病害研究合著網絡呈現「研究議題端集中吸引、研究人才端選擇性參與」的結構特徵，研究議題塑造合著連結的核心，而研究人才則在集中與分化間取得平衡。



二、議題與人才網絡之 X4Cycle、XACA 及 XECA 結構特徵

本研究透過四階閉環結構 (X4Cycle) 衡量網絡中是否存在特定研究人才對，圍繞相同研究議題組合進行合著，形成穩定閉環互動模式。表 4.31 顯示，X4Cycle 的 *t*-ratio 為-1.33 達統計顯著水準，顯示閉環結構具有系統性存在，並非隨機生成，反映水稻病害研究領域中研究人才與研究議題的互動，逐步由一次性合著發展為重複且穩定的結構關係。

進一步觀察研究議題對及其對應之研究人才對數分布(表 4.35)可知，X4Cycle 高度集中於特定研究議題對。其中，「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」最具代表性，其所對應之 X4Cycle 結構共出現 46 次，亦即涉及 46 對研究人才對。顯示該研究議題對不僅在研究議題共現層面高度關聯，亦於研究人才合著層面形成穩定重複互動。至於「A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害」與「A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定」亦為高頻研究議題，顯示不同病害類型與病原研究方法之間已形成固定研究團隊與長期合著關係。

表 4.35 研究人才對參與度最高之研究議題對分布前十名

排名	研究議題對	研究人才對對數
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	46
2	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害	20
3	A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定	14
4	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定	13
5	A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	13
6	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	13
7	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究	10
8	A1.稻熱病、C5.抗性機制解析	8
9	A2.非稻熱病之真菌性病害、A3.細菌性病害	8
10	A3.細菌性病害、C3.基因表現與轉殖研究	8
總研究人才對對數		278

此外，C2.抗病基因鑑定與圖譜建構與多項病害類型的組合多次出現於


X4Cycle 中，凸顯分子與遺傳研究議題在連結不同病害團隊中的樞紐角色。整體而言，共 278 組研究議題對形成 X4Cycle，反映水稻病害研究合著網絡中專業知識累積與合著持續性的結構特徵。具體而言，X4Cycle 的集中分布反映研究網絡中存在「長期合著的固定團隊」，而這些團隊多以病害類型為核心，並透過分子遺傳與病原檢測等連結不同病害研究。相較於三階星狀結構所呈現之多研究議題連結，X4Cycle 揭示研究人才與研究議題關係由連結走向穩定互動的深化過程，顯示研究領域具明顯的知識累積與研究傳承。

本研究透過 XACA 指標分析研究人才在特定研究議題對中，是否反覆參與相同研究議題組合，形成穩定的交錯閉環結構。表 4.31 顯示，XACA 之 *t*-ratio 為 1.62，達統計顯著水準，說明具關聯性的研究議題更容易透過研究人才形成間接連結，反映研究議題之知識延續及研究團隊的形成基礎。

由表 4.36 可知，交錯閉環結構高度集中於少數核心研究議題組合，其中「A1. 稻熱病、C2. 抗病基因鑑定與圖譜建構」最具代表性，共吸引 200 位研究人才參與。其它高頻研究議題對如「A1. 稻熱病、A2. 非稻熱病之真菌性病害」、「A4. 病毒性病害、C3. 基因表現與轉殖研究」及「A3. 細菌性病害、C2. 抗病基因鑑定與圖譜建構」亦匯聚大量研究人才，顯示分子與基因層級研究議題在連結不同水稻病害研究中具有樞紐作用。

表 4.36 研究人才參與度最高之研究議題對分布前十名

排名	研究議題對	研究人才數
1	A1. 稻熱病、C2. 抗病基因鑑定與圖譜建構	200
2	A1. 稻熱病、A2. 非稻熱病之真菌性病害	76
3	A4. 病毒性病害、C3. 基因表現與轉殖研究	69
4	A3. 細菌性病害、C2. 抗病基因鑑定與圖譜建構	60
5	A2. 非稻熱病之真菌性病害、C2. 抗病基因鑑定與圖譜建構	57
6	A4. 病毒性病害、C1. 病原檢測與鑑定	57
7	A1. 稻熱病、C1. 病原檢測與鑑定	41
8	A1. 稻熱病、C3. 基因表現與轉殖研究	40
9	A3. 細菌性病害、C1. 病原檢測與鑑定	36
10	A3. 細菌性病害、C3. 基因表現與轉殖研究	36



整體而言，XACA 中共計 51 組研究議題對形成交錯閉環，涵蓋 1,126 位研究人才，顯示水稻病害合著網絡已具規模且穩定的研究議題合著框架。相較於 X4Cycle 所揭示的小型閉環，XACA 反映以研究議題對為核心的較大尺度穩定合著模式，說明網絡中同時存在小型團隊與大型研究議題社群所構成的多層次結構，進一步揭示研究議題在長期研究人才合著關係形成與維繫中的關鍵角色。

本研究利用 XECA 指標分析特定研究議題對對應研究人才之合著模式及多研究議題參與情形，反映研究人才是否因特定研究議題形成結構性集中，並檢驗多研究議題合著的分布均衡性。表 4.31 顯示 XECA 之 *t*-ratio 為 -1.34，說明研究議題在合著網絡中扮演核心節點角色，能持續吸引研究人才參與，形成穩定跨層級連結。

由表 4.37 可見，部分核心研究議題對匯聚大量研究人才，並促成多研究議題合著。例如，「A1.稻熱病、A6.非生物逆境因子」研究議題對吸引 Soriano, Lourdes 與 Monzo, Jose 合著，後者亦參與「C4.蛋白質與酵素功能」研究議題；「A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」研究議題對則聚集多對研究人才，如 Fukuta, Yoshimichi 與 Kawasaki-Tanaka, Akiko 以及 Jia, Y.與 Jia, M.，後者皆跨足「A2.非稻熱病之真菌性病害」研究議題。類似情形亦見於 A5.線蟲及其它微生物研究議題，研究人才在不同研究議題間形成交錯連結。

整體而言，XECA 結果顯示部分研究議題具有顯著吸引力，持續匯聚研究人才並促成多研究議題合著，反映核心研究議題節點及跨足多個研究議題之研究人才在知識流動中的關鍵角色。

表 4.37 特定研究議題對之研究人才合著與單一研究人才參與分布

編號	研究議題對	研究人才 1	研究人才 2	研究人才 2 之額外研究議題
1	A1.稻熱病、A6.非生物逆境因子	Soriano, Lourdes	Monzo, Jose	C4.蛋白質與酵素功能
2	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Fukuta, Yoshimichi	Kawasaki-Tanaka, Akiko	C1.病原檢測與鑑定
3	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Jia, Y.	Jia, M.	A2.非稻熱病之真菌性病害
4	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Hasegawa, Morifumi	Toshima, Hiroaki	A2.非稻熱病之真菌性病害
5	A1.稻熱病、C5.抗性機制解析	Donofrio, N.M.	Huang, K.	B6.數位科技與預測模型
6	A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Correll, J.C.	Jia, M.	A1.稻熱病
7	A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定	Pinel-Galzi, A.	Fargette, D.	B3.栽培管理與防治方法
8	A5.線蟲與其它微生物、A6.非生物逆境因子	Togashi, Katsumi	Hoshino, Shigeru	B3.栽培管理與防治方法
9	A5.線蟲與其它微生物、B3.栽培管理與防治方法	Hoshino, Shigeru	Togashi, Katsumi	A6.非生物逆境因子

註：「研究議題對」為研究人才 1 與研究人才 2 共同合著之研究議題對；「研究人才 2 之額外研究議題」則列出該人才在該合著關係外，額外參與之研究議題。

三、議題與人才網絡之 XAECA、XECB 及 XAECB 結構特徵

XAECA 指標用以分析研究議題對應研究人才的合著模式，並衡量研究人才是否跨足多個議題，形成議題間的連結橋樑。表 4.31 顯示 XAECA 之 *t*-ratio 為 -1.33，表明研究人才在多研究議題合著中呈現選擇性參與，較少廣泛跨越多個研究議題，有助於形成明確分工與研究議題聚焦，避免網絡過度分散。

由表 4.38 可見，A1.稻熱病相關研究議題仍為核心，例如「A1.稻熱病、C2.抗

病基因鑑定與圖譜建構」形成 40 對研究人才合著，「A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害」則形成 18 對，而其它研究議題對如「A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定」、「A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」等亦呈現小規模合著模式。此結果顯示，研究人才雖有限度跨足多研究議題，但核心研究議題仍能聚集穩定合著團隊，維持合著網絡的專業化與效率。

表 4.38 研究議題對對應之研究人才對對數前十名

排名	研究議題對	研究人才對對數
1	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	40
2	A1.稻熱病、A2.非稻熱病之真菌性病害	18
3	A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定	13
4	A2.非稻熱病之真菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	12
5	A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定	11
6	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	11
7	A1.稻熱病、C3.基因表現與轉殖研究	10
8	A2.非稻熱病之真菌性病害、A3.細菌性病害	8
9	A3.細菌性病害、C3.基因表現與轉殖研究	8
10	A1.稻熱病、A6.非生物逆境因子	6

註：總研究議題對對數為 56 對，而研究人才對對數共計為 247 對。

具體觀察研究議題對與研究人才之多研究議題合著，如表 4.39 所示，A1.稻熱病相關研究議題仍為核心，與多個研究議題形成連結，並吸引研究人才進行合著。其中，Deng, Qingchao 與 Fang, Shouguo 於「A1.稻熱病、A4.病毒性病害」研究議題對之合著，且 Fang 亦涉及 C1.病原檢測與鑑定與 C3.基因表現與轉殖研究等分子層面議題，顯示其研究團隊具有跨病害的分子技術平台與整合能力。此類跨議題合著反映水稻病害研究中，部分研究人才透過可跨病害應用之分子方法，將水稻病害與分子機制研究連結，進而形成跨團隊合著橋樑。換言之，這類研究人才在合著網絡中扮演「跨議題整合者」角色，促進不同病害與分子研究議題間的知識流動與合著延續。其它研究議題如「A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定」、「A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」亦呈現多研究議題互動模式，但合著規模較小。

表 4.39 研究議題對與研究人才多研究議題合著對應關係

編號	研究議題對	研究人才 1	研究人才 2	研究人才 2 其它研究議題
1	A1.稻熱病、A4.病毒性病害	Deng, Qingchao	Fang, Shouguo	C1.病原檢測與鑑定、C3.基因表現與轉殖研究
2	A1.稻熱病、A6.非生物逆境因子	Monzo, Jose	Soriano, Lourdes	B3.栽培管理與防治方法、C4.蛋白質與酵素功能
3	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Kawasaki-Tanaka, Akiko	Fukuta, Yoshimichi	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定
4	A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Tran Dang Khanh	Tran Dang Xuan	A6.非生物逆境因子、C1.病原檢測與鑑定
5	A1.稻熱病、C4.蛋白質與酵素功能	Font, Alba	Soriano, Lourdes	A6.非生物逆境因子、B3.栽培管理與防治方法
6	A2.非稻熱病之真菌性病害、B1.化學防治與抗藥性	Li, Junkai	Wu, Qinglai	C5.抗性機制解析、C6.分子訊號傳導
7	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Behera, Lambodar	Meher, Jitendriya	A6.非生物逆境因子、C1.病原檢測與鑑定
8	A4.病毒性病害、C1.病原檢測與鑑定	Fargette, D.	Pinel-Galzi, A.	B3.栽培管理與防治方法、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構
9	A4.病毒性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Pinel-Galzi, A.	Silue, D.	A3.細菌性病害、C1.病原檢測與鑑定
10	A3.細菌性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	Sirithunya, P.	Toojinda, T.	A1.稻熱病、B1.化學防治與抗藥性、B3.栽培管理與防治方法

雖然議題網絡中的 Star2A-4A 結構已顯示 A1.稻熱病與 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構研究議題共現頻繁，代表該研究議題對在文獻層面具有高度關聯性；然而 XAECA 結構的顯著集中則進一步表明，該議題對並非僅在議題層面熱門，而是在「研究人才層面」形成穩定的跨議題合著橋接。換言之，A1.稻熱病與 C2.抗病基



因鑑定與圖譜建構的高 XAECA 代表大量研究人才在稻熱病研究中同時具備或整合抗病基因鑑定的研究能力，並在不同研究團隊間反覆合作，使研究議題之間的知識流動與合著關係得以持續維繫。

比較 X4Cycle 與 XAECA 之前十名研究議題對可發現，兩者並未完全重疊，例如 X4Cycle 中排名第八之「A1.稻熱病、C5.抗性機制解析」，並未出現在 XAECA 前十名；相對地，XAECA 中排名第十之「A1.稻熱病、A6.非生物逆境因子」亦未出現在 X4Cycle 前列。此差異顯示，不同研究議題對在研究流程、方法需求與合著型態上具有結構差異，部分議題對較適合形成長期穩定之閉環合著，而部分議題則較常透過研究人才的策略性跨議題參與形成橋接關係。雖然 A1.稻熱病與 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構為水稻病害研究中之核心研究議題組合，但比較不同結構指標下之高頻研究議題對，有助於揭示水稻病害研究合著網絡中多元合著型態與議題分工特徵。

整體而言，水稻病害研究的合著網絡並非僅由議題熱門度驅動，而是由少數核心研究人才的跨議題整合能力所塑造，呈現專精化團隊與跨議題橋接的雙重結構特徵，即以核心研究人才為主導的專精化分工結構，研究人才多數集中於特定病害類型或研究方法，並在既有議題團隊內維持穩定合著，而非廣泛跨議題整，形成穩定的團隊合著模式。此結構有助於形成明確的研究分工與深度累積，但也可能造成議題間知識流動較低、跨議題創新較少。換言之，水稻病害研究網絡的整體結構偏向「專精型團隊」而非「跨領域整合型團隊」。綜合而言，XAECA 與表 4.39 結果共同顯示，水稻病害研究人才的多研究議題參與呈現選擇性與策略性，少數核心研究人才扮演橋接角色，促進研究議題之間知識流動與合著網絡整合。

表 4.31 中的 XECB 用以檢視研究人才與研究議題之間是否形成閉環結構；XAECB 則衡量研究議題與研究人才的跨層延伸連結，反映研究人才在不同研究議題間的橋接作用。XECB 指標 t -ratio 為-1.25，達統計顯著水準，表明研究人才與研究議題間逐步形成結構穩定的閉環關係，反映研究團隊的合著基礎與合著關係的持續性。XAECB 指標 t -ratio 為-1.34，亦達顯著水準，顯示研究議題—研究人才

—研究議題的跨層延伸結構呈現負向效應，研究人才較少同時跨越多個研究議題成為橋接節點，顯示跨研究議題合著具有選擇性，形成明確分工與研究議題聚焦。

表 4.40 進一步呈現研究議題與研究人才的配對關係，顯示水稻病害研究中存在核心—擴散式的跨研究議題合著模式。具體而言，第一研究議題如 A5.線蟲與其它微生物由少數核心研究人才，如 Gheysen, Godelieve、Kyndt, Tina 等進行研究，而第二研究議題，如 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構則涉及大量研究人才，形成數百至上千人的連結網絡。而 Gheysen 與 Kyndt 在「A5.線蟲與其它微生物、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」之間的配對，對應 1,398 位研究人才，反映第一研究議題核心研究人才對第二研究議題的橋接作用。此模式表明，少數核心研究人才在特定研究議題中扮演橋接角色，能將其合著網絡延伸至其它高人數研究議題群體，促進知識流動與技術整合。同時，也凸顯第二研究議題的研究人才高度分散且集中於該研究議題，呈現「研究議題端吸引—研究人才端選擇性參與」的結構特徵，與 XECB 與 XAECB 指標的顯著效應一致。


同時，表 4.41 統計每對研究議題中僅研究其一之研究人才數量，揭示水稻病害研究中研究議題吸引力與研究人才分布的不對稱性。以「A5.線蟲與其它微生物、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構」為例，共有 1,398 位研究人才專注於 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構，而未同時參與 A5.線蟲與其它微生物研究。此結果顯示，部分研究議題如 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究、C1.病原檢測與鑑定等具高度吸引力，能集聚大量專門研究人才；而前者研究議題，如 A5.線蟲與其它微生物則主要由少數核心研究人才維持跨研究議題連結功能。此結構呈現典型的「研究議題端集中、研究人才端選擇性參與」特徵，符合 XECB 與 XAECB 指標說明研究人才多跨研究議題合著上，多採策略性參與，而非廣泛分散。

表 4.40 研究人才對研究議題連結及研究議題 2 之連接研究人才數

排名	研究人才對	研究議題 1	研究議題 2	與研究議題 2 連接之研究人才數
1	Gheysen, Godelieve; Kyndt, Tina	A5.線蟲與其它 微生物	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,398
2	Gheysen, Godelieve; Lahari, Zobaida	A5.線蟲與其它 微生物	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,398
3	DeWaele, Dirk; Kumar, Arvind	A5.線蟲與其它 微生物	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,398
4	Peng, Deliang; Peng, Huan	A5.線蟲與其它 微生物	C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,398
5	Ellur, RanjithK.; Singh, AshokKumar	A5.線蟲與其它 微生物	C3.基因表現與轉殖研究	1,331
6	Gheysen, Godelieve; Peng, Deliang	A5.線蟲與其它 微生物	C3.基因表現與轉殖研究	1,331
7	Rao, Uma; Somvanshi, VishalSingh	A5.線蟲與其它 微生物	C1.病原檢測與鑑定	1,321
8	Mondal, Sandip; Mukherjee, Abhishek	A5.線蟲與其它 微生物	A1.稻熱病	1,203
9	Gheysen, Godelieve; Kyndt, Tina	A5.線蟲與其它 微生物	C6.分子訊號傳導	1,085
10	Liu, Ying; Peng, Huan	A5.線蟲與其它 微生物	C6.分子訊號傳導	1,085

表 4.41 單向參與研究議題對之研究人才數分布

排名	研究議題對	只研究後者研究議題之研究人才數
1	A5.線蟲與其它微生物、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,398
2	A5.線蟲與其它微生物、C3.基因表現與轉殖研究	1,331
3	A5.線蟲與其它微生物、C1.病原檢測與鑑定	1,321
4	A5.線蟲與其它微生物、A1.稻熱病	1,203
5	A5.線蟲與其它微生物、C6.分子訊號傳導	1,085
6	B2.生物防治與拮抗微生物、A1.稻熱病	1,044
7	B6.數位科技與預測模型、A1.稻熱病	1,037
8	A4.病毒性病害、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構	1,009
9	A5.線蟲與其它微生物、A2.非稻熱病之真菌性病害	1,006
10	A4.病毒性病害、A1.稻熱病	937



綜合 NetworkX 中八項結構指標之 t -ratio 均達顯著，顯示水稻病害研究議題共現網絡與研究人才合著關係呈現明顯的多層次結構特徵。XStar3A 與 XStar3B 兩個三階星狀結構揭示，以 A1.稻熱病、C1.病原檢測與鑑定及抗病基因等核心研究議題組合為基礎，研究議題形成集中節點，研究人才在多研究議題參與上呈選擇性與策略性，使合著連結呈現「研究議題端集中、研究人才端分化」的平衡結構。

閉環指標 X4Cycle 顯示研究人才與研究議題互動逐步穩定，反映小型團隊在合著網絡中形成與維繫。以研究議題對為核心的 XACA 與 XECA 分析則指出，部分核心研究議題持續吸引研究人才，促成多研究議題合著與跨層知識流動，形成大型研究議題社群與小型研究人才團隊共存的多層次結構。

多研究議題橋接指標 XAECA、XECB 與 XAECB 表明，少數核心研究人才在多研究議題合著中扮演橋接角色，透過有限而策略性的參與促進研究議題間知識整合，而大部分研究人才則維持單一或少數研究議題聚焦。綜合而言，本網絡呈現典型「研究議題端集中、研究人才端選擇性參與」特徵，既維持合著專業化與效率，又支撐核心研究議題的知識流動與多研究議題整合，充分反映水稻病害研究領域中研究議題與研究人才間的結構性互動機制及長期發展趨勢。

第五章 結論與建議



第一節 研究結論

一、近二十年水稻病害研究議題主要集中於 A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究等三項研究議題。

水稻病害研究呈現明顯的「核心—邊陲」結構，少數核心研究議題高度集中，形成研究網絡的知識核心。其中，A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構及 C3.基因表現與轉殖研究經常同步出現，在研究議題熱門度與共現頻率之 Jaccard 值皆位居前列，反映這些研究議題在病害鑑定、抗病基因定位與分子機制解析中扮演核心角色，也吸引最多研究人才參與。其它病原類型與防治方法研究議題則呈多元分布，顯示研究兼具核心集中與多元探索特性。

本研究亦發現，水稻病害研究議題在過去二十年間呈現明顯的階段性發展特徵。長期穩定型研究議題如 A1.稻熱病與 C2.抗病基因鑑定與圖譜建構持續受到關注；近期爆發型研究議題如 B2.生物防治與拮抗微生物及 B6.數位科技與預測模型，則呈現快速增長的研究熱度；至於成長趨緩型研究議題，如 A4.病毒性病害與 C1.病原檢測與鑑定，其研究熱度增長相對有限，顯示該類議題可能已進入相對成熟或研究重心轉移之階段。

二、近二十年水稻病害研究人才主要集中於高學術發表量與高研究議題相似性的合著群體

水稻病害研究合著網絡呈現典型的「核心—邊陲」結構：少數高學術發表量研究人才雖佔比極低，卻形成網絡核心，承擔大量高頻且穩定的合著關係；中等發表量研究人才多位於核心與邊陲之間，具橋接潛力；低學術發表量研究人才多處於邊陲，合著次數低且關係不穩定。學術發表量對合著結構具有累積性與門檻性影響，發表量越高者越可能形成穩定且高強度的合著關係，但合著模式亦受研究年齡、研



究議題相似性及團隊脈絡等因素共同影響。


而研究年齡對合著具有部分調節作用，研究人才傾向與研究年齡相近的夥伴建立合著關係，呈現明顯年齡同質性；長期投入該領域之核心研究人才則更可能形成持續穩定的合著。而研究議題相似性是合著形成的重要結構因素，研究議題高度重疊可顯著提升合著強度與穩定性。綜合而言，水稻病害研究人才合著關係呈現少數核心高強度、多數邊陲低強度的典型結構特徵。

三、近二十年水稻病害研究議題與研究人才高度集中於 A1.稻熱病與 C 類分子植物病理與遺傳研究類之研究議題組合，並由少數核心研究人才主導多研究議題連結與合著網絡

綜合 MLERGM 各項結構結果可知，近二十年水稻病害研究中，研究議題與研究人才之互動關係呈現高度集中但具功能分化之網絡特徵。雖然 A1.稻熱病結合 C 類分子植物病理與遺傳研究，如 C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究等，在文獻層級與結構層級上皆為最核心之研究主軸，然而，不同研究議題組合在理論可共現性與研究人才實際採用模式之間，仍存在明顯差異。

由 XAECA 結構（表 4.39）觀察可知，研究人才在實務研究中傾向選擇具高度方法相容性與研究流程連續性的研究議題組合，例如病原檢測、抗病基因鑑定與基因表現分析等分子層級研究議題，形成穩定且可重複之合著模式；相對而言，部分在研究議題共現網絡中具備閉環潛力之議題組合，未必能在研究人才層級中形成對應的高頻合著，顯示研究設計門檻與研究資源配置仍對合著形成具有實質影響。

進一步由 XACA、XECB 與 XAECB 結構可知，研究人才與研究議題之間的連結呈現明顯不對稱性與橋接分工現象。C1.病原檢測與鑑定、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構、C3.基因表現與轉殖研究等部分高吸引力研究議題，可匯聚大量研究人才，形成大規模研究社群；相對而言，如 A5.線蟲與其它微生物等特定病害研究議題則主要由少數核心研究人才維持，並透過跨研究議題參與扮演連結不同研究社群之



橋接角色。整體而言，議題與人才網絡呈現「核心研究議題高度集中、研究人才功能分化明確」之結構特徵，反映水稻病害研究在研究議題選擇與研究人才配置上，兼具集中化發展與跨研究議題延伸的雙重特性。整體而言，水稻病害研究之發展趨勢不僅呈現研究議題之集中化現象，亦顯示研究人才在研究議題選擇與合著配置上，逐步形成「核心深化、邊陲延伸」之雙軌發展模式。

第二節 研究建議與限制




一、研究建議

本研究整合研究議題共現網絡與研究人才合著網絡之分析結果，發現水稻病害研究在研究議題選擇與研究人才配置上，呈現高度結構化且不均衡的發展特徵。整體而言，研究議題與研究人才高度集中於 A1.稻熱病與 C 類分子植物病理與遺傳研究相關議題，並由少數核心研究人才主導多研究議題連結與合著關係，顯示該領域同時具備集中化發展與跨議題延伸的雙重特性。

就研究議題層面而言，建議未來研究可持續聚焦於 A1.稻熱病、C2.抗病基因鑑定與圖譜建構及 C3.基因表現與轉殖研究等核心研究議題，並進行更細緻與深入的理論與實證探索。此外，針對不同成長型態之研究議題，長期穩定型研究議題宜持續深化基礎研究，並促進跨研究議題之知識互動與理論延伸；近期爆發型研究議題則可加強方法與技術導入，以促進研究成果之快速累積與轉化；而成長趨緩型研究議題，則需審慎評估研究策略與資源配置，避免重複投入，並轉向應用場景導向之研究優化。

進一步比較 X4Cycle 與 XAECA 兩類結構指標後可發現，部分研究議題對僅出現在 X4Cycle 中，而未對應於 XAECA 之高頻組合，顯示研究議題在「知識結構層級」與「研究人才行為層級」之間存在顯著差異。X4Cycle 所呈現之研究議題對，多屬於研究流程高度完整且專業門檻較高之研究組合，反映其在研究設計與理論建構上具有高度閉合性。此類研究議題一旦投入，研究者往往需長期聚焦於該研究主軸，較難同時兼顧其他研究議題，因此即使在研究議題共現網絡中具備穩定閉環結構，亦未必在研究人才層級中形成多研究議題延伸之合著模式。

相對而言，XAECA 結構所呈現者，則為研究人才實際參與多研究議題之行為結果。透過 XAECA 可進一步觀察，當研究人才同時投入某一研究議題對時，其後續往往會再延伸至其他特定研究議題，形成具擴散性的研究組合模式。此一結果顯



示，部分研究議題組合在實務研究上具有較高的延展彈性，能作為跨研究議題合著與研究路徑拓展之基礎。因此，本研究建議，對於主要聚焦於 X4Cycle 中高度閉合研究議題對之研究人才，宜專注深化原有研究領域，以確保研究品質與專業累積；而對於已同時投入 XAECA 中高頻研究議題對之研究人才，則可進一步考慮延伸至 XAECA 所顯示之其他關聯研究議題，以提升合著機會與研究能量擴散效果。

就研究人才合著行為而言，本研究觀察到水稻病害研究人才合著網絡呈現明顯之「核心—邊緣」結構，核心研究人才兼具高發表量、多研究議題涉獵與高度合著吸引力。合著傾向亦高度集中於研究議題相似與學術年資相近之研究人才。基於此，建議學術單位與政策制定者可透過設計跨研究議題或跨年資之合著計畫，鼓勵不同研究背景之研究人才共同參與研究，以促進知識交流並降低網絡孤島化現象，進而平衡整體合著網絡結構。

在方法層面，表 4.15 之 ERGM 配適度檢定結果顯示，Star2-Star5、Triangle 及 Cycle4 等內生變數之 *t*-ratio 仍偏高，反映模型對高中心節點與緊密合著群聚之擬合能力尚有改進空間。後續研究可考慮進一步調整模型結構或引入其他結構性統計量，以更精準呈現研究人才合著網絡之實際運作模式。

最後，未來研究可透過時間序列或動態網絡分析，探討水稻病害研究人才合著關係隨時間之演化過程，並納入跨國合著、研究資源可得性、政策支持與學術評價制度等外部因素，以全面理解合著形成之驅動機制。同時，結合多層次網絡分析，將研究人才、研究議題與研究成果納入統一分析框架，將有助於深化對水稻病害研究領域學術合作結構與演化規律之理解，並為科研政策與研究策略制定提供更具體之實證依據。

二、研究限制

本研究資料來源主要依賴 Web of Science 資料庫，雖涵蓋全球主要期刊，但受限於該資料庫可能未完全收錄地方性期刊或非英文文獻，導致部分研究議題與研究人才貢獻未被納入分析；而研究期間設定為過去二十年，未涵蓋更早期或最新研

究進展，對時間演化觀察存在一定侷限性。雖然 ERGM 可揭示網絡結構與合著模式，但在大規模網絡中估計精度可能受限，部分非顯著結果需謹慎解讀。

此外，本研究僅分析合著次數至少五次的研究人才，因 MPNet 節點數上限而必須進行樣本篩選。此限制可能導致低頻合著研究人才未納入網絡分析，進而影響網絡結構指標的全面性與研究議題分布的完整性。再者，本研究僅考慮研究人才的研究年齡、學術發表量、研究議題相似性與合著次數等屬性，未納入所屬機構、政策支持、資源可得性等外部因素，可能限制對合著形成機制的全面理解。

參考文獻



- 王海花、孫芹、郭建傑、杜梅 (2021)。長三角城市群協同創新網絡演化動力研究：基於指數隨機圖模型。科技進步與對策，38(14)，45-53。
<https://doi.org/10.6049/kjjbydc.2021010538>
- 李文娟、牛春華 (2012)。社會網絡分析在合著網絡中的實證研究：以《中國圖書館學報》為例。現代情報，32(10)，153-158。
- 周明燕、阮明淑、蔡瑜卿、黃少鵬、楊佐琦 (2011)。植物種苗檢測技術文獻回顧。植物種苗，13(4)，1-25。<https://doi.org/10.30077/SN.201112.0001>
- 周泳成、林駿奇、黃德昌 (2010)。水稻主要病害之發生與防治。植物保護通報，(24)，4-15。[https://doi.org/10.6714/PPN.201010_\(24\).0002](https://doi.org/10.6714/PPN.201010_(24).0002)
- 林頌堅 (2010)。以詞語共現網絡分析探勘資訊傳播學領域的研究議題與關係。圖書資訊學研究，4(2)，123-148。
<https://www.airitilibrary.com/Article/Detail?DocID=19909128-201006-201006300007-201006300007-123-148>
- 林靜宜、黃巧雯、楊宏仁、蔡佳欣、許淑麗、倪蕙芳 (2016)。由 *Dickeya zeae* 引起之水稻細菌性基腐病。台灣農業研究，65(2)，207-217。
<https://doi.org/10.6156/JTAR/2016.06502.10>
- 林駿奇 (2012)。水稻紋枯病之生態與田間防治。臺東區農業專訊，(81)，13-16。<https://doi.org/10.29555/ZHWHGX.201209.0005>
- 張郁蔚 (2011)。從共同作者之學科組合探討跨學科合作：以高分子學研究為例。圖書與資訊學刊，(8)，42-62。<https://doi.org/10.6575/JoLIS.2011.78.03>
- 陳任芳 (1999)。生物技術應用於作物病害之檢測。花蓮區農業專訊，30，20-21。<https://doi.org/10.29579/ZHWHGX.199912.0007>
- 楊嘉凌、鄭佳綺、王柏蓉、吳以健 (2016)。臺灣多樣化的水稻品種及硬秈稻米生產現況。臺中區農業專訊，(94)，4-11。



<https://www.airitilibrary.com/Article/Detail?DocID=P20130930005-201609->

[201610190016-201610190016-4-11](https://www.airitilibrary.com/Article/Detail?DocID=P20130930005-201609-201610190016-201610190016-4-11)

葉淑慧、蔡明月 (2019)。圖書資訊學領域「作者群研究」主題之英文學術論文探析。《教育資料與圖書館學》，56(2)，135-162。

[https://doi.org/10.6120/JoEMLS.201907_56\(2\).0029.RS.AM](https://doi.org/10.6120/JoEMLS.201907_56(2).0029.RS.AM)

農業部農糧署 (2025)：《稻米生產量調查報告民國 113 年第 2 期作》。

Abbasi, A., Altmann, J., & Hossain, L. (2011). Identifying the effects of co-authorship networks on the performance of scholars: A correlation and regression analysis of performance measures and social network analysis measures. *Journal of informetrics*, 5(4), 594-607. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2011.05.007>

Abd-Elsalam, K. A., & Mohamed, H. I. (Eds.). (2022). *Cereal diseases: Nanobiotechnological approaches for diagnosis and management*. Springer.

<https://doi.org/10.1007/978-981-19-3120-8>

Abramo, G., Apponi, F., & D'Angelo, C. A. (2022). The geographic proximity effect on domestic cross-sector vis-à-vis intra-sector research collaborations. *Scientometrics*, 127(6), 3505-3521. <https://doi.org/10.1007/s11192-022-04404-8>

Abramo, G., D'angelo, C. A., & Di Costa, F. (2012). Identifying interdisciplinarity through the disciplinary classification of coauthors of scientific publications. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 63(11), 2206-2222. <https://doi.org/10.1002/asi.22647>

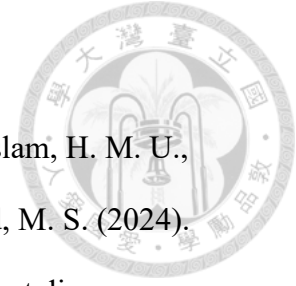
Abt, H. (2007). The frequencies of multinational papers in various sciences. *Scientometrics*, 72(1), 105-115. <https://doi.org/10.1007/s11192-007-1686-z>

Adams, J. (2012). The rise of research networks. *Nature*, 490(7420), 335-336.

<https://doi.org/10.1038/490335a>

Agrios, G. N. (2005). *Plant pathology*. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/C2009-0->

02037-6



- Akhtar, H., Usman, M., Binyamin, R., Hameed, A., Arshad, S. F., Aslam, H. M. U., Khan, I. A., Abbas, M., Zaki, H. E. M., Ondrasek, G., & Shahid, M. S. (2024). Traditional strategies and cutting-edge technologies used for plant disease management: A comprehensive overview. *Agronomy*, *14*(9), 2175. <https://doi.org/10.3390/agronomy14092175>
- Ali, N. I. M., Aiyub, K., Lam, K. C., & Abas, A. (2022). A bibliometric review on the inter-connection between climate change and rice farming. *Environmental Science and Pollution Research*, *29*(21), 30892-30907. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-18880-1>
- Ali, S., Shakeel, M. H., Khan, I., Faizullah, S., & Khan, M. A. (2021). Predicting attributes of nodes using network structure. *ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology*, *12*(2), 1-23. <https://doi.org/10.1145/3442390>
- An, W., & Ding, Y. (2018). The landscape of causal inference: Perspective from citation network analysis. *The American Statistician*, *72*(3), 265-277. <https://doi.org/10.1080/00031305.2017.1360794>
- Andargie, M., Abera, M., Tesfaye, A., & Demis, E. (2024). Occurrence, distribution, and management experiences of rice (*Oryza sativa* L.) major diseases and pests in Ethiopia: A review. *Cogent Food & Agriculture*, *10*(1), 2300558. <https://doi.org/10.1080/23311932.2023.2300558>
- Ardon, S., Bagchi, A., Mahanti, A., Ruhela, A., Seth, A., Tripathy, R. M., & Triukose, S. (2013, October). *Spatio-temporal and events based analysis of topic popularity in twitter*. In Proceedings of the 22nd ACM International Conference on Information & Knowledge Management (pp. 219-228). <https://doi.org/10.1145/2505515.2505525>
- Arif, M., Jan, T., Riaz, M., Fahad, S., Arif, M. S., Shakoor, M. B., & Rasul, F. (2019).



Advances in rice research for abiotic stress tolerance: Agronomic approaches to improve rice production under abiotic stress. In *Advances in rice research for abiotic stress tolerance* (pp. 585-614). Woodhead Publishing.

<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-814332-2.00029-0>

Atique-ur-Rehman, M., Farooq, A., Rashid, F., Nadeem, S., Stürz, F. A., & Bel, R. W.

(2018). Boron nutrition of rice in different production systems: A review.

Agronomy for Sustainable Development, 38, 25. <https://doi.org/10.1007/s13593-018-0504-8>

Baker, B. P., Green, T. A., & Loker, A. J. (2020). Biological control and integrated pest

management in organic and conventional systems. *Biological Control*, 140,

104095. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2019.104095>

Barabási, A. L., & Albert, R. (1999). Emergence of scaling in random networks.

Science, 286(5439), 509-512. <https://doi.org/10.1126/science.286.5439.509>

Belkhiria, J., Lo, M. M., Sow, F., Martínez-López, B., & Chevalier, V. (2019).

Application of exponential random graph models to determine nomadic herders' movements in Senegal. *Transboundary and emerging diseases*, 66(4), 1642-1652.

<https://doi.org/10.1111/tbed.13198>

Bertaccini, A., Paltrinieri, S., & Contaldo, N. (2019). Standard detection protocol: PCR

and RFLP analyses based on 16S rRNA gene. *Phytoplasmas: Methods and*

Protocols, 83-95. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8837-2_7

Bhadoriya, N., & Dixit, A. (2024). A bibliometric analysis of talent management: Co-

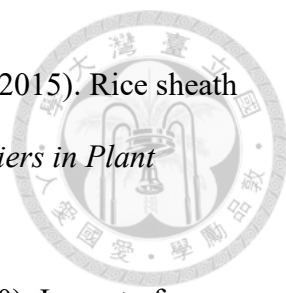
citation and cluster perspectives. *Shodhkosh: Journal of Management Research*,

5(4). <https://doi.org/10.29121/shodhkosh.v5.i4.2024.2232>

Bhuyan, M. H., Bhattacharyya, D. K., & Kalita, J. K. (2015). An empirical evaluation of

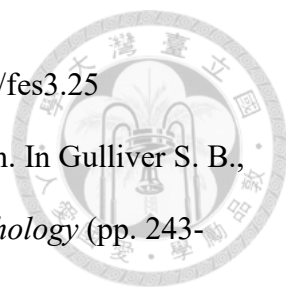
information metrics for low-rate and high-rate DDoS attack detection. *Pattern*

Recognition Letters, 51, 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2014.07.019>

- 
- Bigirimana, V. D. P., Hua, G. K., Nyamangyoku, O. I., & Höfte, M. (2015). Rice sheath rot: An emerging ubiquitous destructive disease complex. *Frontiers in Plant Science*, 6, 1066. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.01066>
- Borba, V. S. D., Paiva Rodrigues, M. H., & Badiale-Furlong, E. (2020). Impact of biological contamination of rice on food safety. *Food Reviews International*, 36(8), 745-760. <https://doi.org/10.1080/87559129.2019.1683745>
- Bozeman, B., & Corley, E. (2004). Scientists' collaboration strategies: implications for scientific and technical human capital. *Research policy*, 33(4), 599-616. <https://doi.org/10.1016/j.respol.2004.01.008>
- Bruce, J. A., & Ricketts, K. G. (2008). Where's all the teamwork gone? A qualitative analysis of cooperation between members of two interdisciplinary teams. *Journal of Leadership Education*, 7(1), 65-76. <https://doi.org/10.12806/V7/I1/RF3>
- Burns, D. S. (2014). Gaining perspectives and momentum: The value of team science. *Journal of Music Therapy*, 51(3), 207-210. <https://doi.org/10.1093/jmt/thu021>
- Caimo, A., & Friel, N. (2014). Bergm: Bayesian exponential random graphs in R. *Journal of Statistical Software*, 61, 1-25. <https://doi.org/10.18637/jss.v061.i02>
- Callon, M., Courtial, J. P., Turner, W. A., & Bauin, S. (1983). From translations to problematic networks: An introduction to co-word analysis. *Social science information*, 22(2), 191-235. <https://doi.org/10.1177/053901883022002003>
- Chakraborty, M., Byshkin, M., & Crestani, F. (2020). Patent citation network analysis: A perspective from descriptive statistics and ERGMs. *Plos one*, 15(12), e0241797. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0241797>
- Chakraborty, S., & Newton, A. C. (2011). Climate change, plant diseases and food security: An overview. *Plant pathology*, 60(1), 2-14. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2010.02411.x>
- Chauhan, B. S., Jabran, K., & Mahajan, G. (Eds.). (2017). *Rice production worldwide*.



- Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-47516-5>
- Chellappandi, P., & Vijayakumar, C. S. (2018). Bibliometrics, scientometrics, webometrics/cybermetrics, informetrics and altmetrics: An emerging field in library and information science research. *Shanlax International Journal of Education*, 7(1), 5-8. <https://doi.org/10.5281/zenodo.2529398>
- Chen, C. (2006). CiteSpace II: Detecting and visualizing emerging trends and transient patterns in scientific literature. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 57(3), 359-377. <https://doi.org/10.1002/asi.20317>
- Cho, W. K., Lian, S., Kim, S. M., Park, S. H., & Kim, K. H. (2013). Current insights into research on *Rice stripe virus*. *The plant pathology journal*, 29(3), 223. <https://doi.org/10.5423/PPJ.RW.10.2012.0158>
- Cho, W. K., Lian, S., Kim, S. M., Seo, B. Y., Jung, J. K., & Kim, K. H. (2015). Time-course RNA-Seq analysis reveals transcriptional changes in rice plants triggered by *Rice stripe virus* infection. *PLoS One*, 10(8), e0136736. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0136736>
- Choi, O., Lim, J. Y., Seo, Y. S., Hwang, I., & Kim, J. (2012). Complete genome sequence of the rice pathogen *Pantoea ananatis* strain PA13. *Journal of Bacteriology*, 531. <https://doi.org/10.1371/10.1128/JB.06450-11>
- Choi, S., Yang, J. S., & Park, H. W. (2015). The triple helix and international collaboration in science. *Journal of the Association for Information Science and Technology*, 66(1), 201-212. <https://doi.org/10.1002/asi.23165>
- Cranmer, S. J., & Desmarais, B. A. (2011). Inferential network analysis with exponential random graph models. *Political analysis*, 19(1), 66-86. <https://doi.org/10.1093/pan/mpq037>
- Cruz, R. P. D., Sperotto, R. A., Cargnelutti, D., Adamski, J. M., de Freitas Terra, T., & Fett, J. P. (2013). Avoiding damage and achieving cold tolerance in rice plants.

- 
- Food and Energy Security*, 2(2), 96-119. <https://doi.org/10.1002/fes3.25>
- Cukier, S., Klyachko, E., & Spring, B. (2020). Team science in health. In Gulliver S. B., & Cohen, L. M. (Eds.), *The Wiley Encyclopedia of Health Psychology* (pp. 243-252). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119057840.ch207>
- Cummings, J. N., & Kiesler, S. (2005). Collaborative research across disciplinary and organizational boundaries. *Social studies of science*, 35(5), 703-722. <https://doi.org/10.1177/0306312705055535>
- Curiac, C. D., Doboli, A., & Curiac, D. I. (2022). Co-occurrence-based double thresholding method for research topic identification. *Mathematics*, 10(17), 3115. <https://doi.org/10.3390/math10173115>
- da Silva Mattos, V., Mulet, K., Cares, J. E., Gomes, C. B., Fernandez, D., de Sá, M. F. G., Carneiro, R. M. D. G., & Castagnone-Sereno, P. (2019). Development of diagnostic SCAR markers for *Meloidogyne graminicola*, *M. oryzae*, and *M. salasi* associated with irrigated rice fields in Americas. *Plant disease*, 103(1), 83-88. <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-17-2015-RE>
- Dar, M. H., Bano, D. A., Waza, S. A., Zaidi, N. W., Majid, A., Shikari, A. B., Ahangar, M. A., Hossain, M., Kumar, A., & Singh, U. S. (2021). Abiotic stress tolerance-progress and pathways of sustainable rice production. *Sustainability*, 13(4), 2078. <https://doi.org/10.3390/su13042078>
- Dayeen, F. R., Sharma, A. S., & Derrible, S. (2020). A text mining analysis of the climate change literature in industrial ecology. *Journal of Industrial Ecology*, 24(2), 276-284. <https://doi.org/10.1111/jiec.12998>
- De Bolle, C. (2020). The role of Europol in international interdisciplinary European cooperation. *European Law Enforcement Research Bulletin*, 19, 17. <https://heinonline.org/HOL/Page?handle=hein.journals/elerb19&id=19>
- Deng, Y., Ning, Y., Yang, D. L., Zhai, K., Wang, G. L., & He, Z. (2020). Molecular basis



of disease resistance and perspectives on breeding strategies for resistance improvement in crops. *Molecular plant*, 13(10), 1402-1419.

<https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.09.018>

- Desmarais, B. A., & Cranmer, S. J. (2012). Micro-level interpretation of exponential random graph models with application to estuary networks. *Policy Studies Journal*, 40(3), 402-434. <https://doi.org/10.1111/j.1541-0072.2012.00459.x>
- Dey, S. R., Das, R., & De, M. (2024). A brief review on present status of rice tungro disease: Types of viruses, vectors, occurrence, symptoms, control and resistant rice varieties. *International Journal of Advancement in Life Sciences Research*, 7(3), 15-23. <https://doi.org/10.31632/ijalsr.2024.v07i03.002>
- Dhand, A., Luke, D. A., Carothers, B. J., & Evanoff, B. A. (2016). Academic cross-pollination: The role of disciplinary affiliation in research collaboration. *PLoS One*, 11(1), e0145916. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0145916>
- Ding, Y. (2011). Topic-based PageRank on author cocitation networks. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 62(3), 449-466. <https://doi.org/10.1002/asi.21467>
- Ding, Y., & Cronin, B. (2011). Popular and/or prestigious? Measures of scholarly esteem. *Information Processing & Management*, 47(1), 80-96. <https://doi.org/10.1016/j.ipm.2010.01.002>
- Fan, F. A. N., Roy, T., & Roy, K. (2020). Classification and detection rice leaf diseases using information and communication technology (ICT) tools. *International Journal of Advanced Engineering Research and Science*, 7(6), 460-470. <https://doi.org/10.22161/ijaers.76.56>
- Fontanarosa, P., Bauchner, H., & Flanagan, A. (2017). Authorship and team science. *The Journal of the American Medical Association*, 318(24), 2433-2437.



<https://doi.org/10.1001/jama.2017.19341>

Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO]. (2024). *The state of food and agriculture 2024: Value-driven transformation of agrifood systems.*

<https://doi.org/10.4060/cd2616en>

Frank, O., & Strauss, D. (1986). Markov graphs. *Journal of the American Statistical Association*, 81(395), 832-842. <https://doi.org/10.2307/2289017>

Freeman, L. C. (1979). Centrality in social networks: Conceptual clarification. *Social Networks*, 1(3), 215-239. [https://doi.org/10.1016/0378-8733\(78\)90021-7](https://doi.org/10.1016/0378-8733(78)90021-7)

Fuad, M. M., Junaidi, A. B., Habibah, A., Hamzah, J., Toriman, M. E., Lyndon, N., Er, A. C., Selvadurai, S., & Azima, A. M. (2012). The impact of pesticides on paddy farmers and ecosystem. *Advances in Natural and Applied Sciences*, 6(1), 65-70.

Gallardo-Gallardo, E., Arroyo Moliner, L., & Gallo, P. (2017). Mapping collaboration networks in talent management research. *Journal of Organizational Effectiveness: People and Performance*, 4(4), 332-358. <https://doi.org/10.1108/JOEPP-03-2017-0026>

Garg, K. C., & Tripathi, H. K. (2014). Scientometrics of Indian crop science research as reflected by the coverage in Scopus, CABI and ISA databases during 2008-2010. *Annals of Library and Information Studies*, 61(1), 41-48.


Ge, M., & Tang, Y. (2023). The influence of proximity on the scientific collaboration network in African countries based on co-authored papers. *World Regional Studies*, 32(5), 46. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1004-9479.2023.05.2021298>

Ghafouri, S., & Khasteh, S. H. (2020). A survey on exponential random graph models: An application perspective. *PeerJ Computer Science*, 6, e269.

<https://doi.org/10.7717/peerj-cs.269>

Giabelli, A., Malandri, L., Mercurio, F., Mezzanzanica, M., & Nobani, N. (2022).

Embeddings evaluation using a novel measure of semantic similarity. *Cognitive*

- 
- Computation*, 14(2), 749-763. <https://doi.org/10.1007/s12559-021-09987-7>
- Glänzel, W. (2002). Co-authorship patterns and trends in the sciences (1980-1998): A bibliometric study with implications for database indexing and search strategies. *Library Trends*, 50(3), 461-473.
<https://api.semanticscholar.org/CorpusID:38273437>
- Glänzel, W., & Schubert, A. (2004). Analysing scientific networks through co-authorship. In H. F. Moed, W. Glänzel, & U. Schmoch (Eds.), *Handbook of quantitative science and technology research* (pp. 257-276). Springer.
https://doi.org/10.1007/1-4020-2755-9_12
- Goleǳinowski, W., & Błocki, W. (2023). Social network analysis: From graph theory to applications. *Social Communication*, 24(1), 151-164. <https://doi.org/10.57656/sc-2023-0012>
- Goodreau, S. M., Kitts, J. A., & Morris, M. (2009). Birds of a feather, or friend of a friend? Using exponential random graph models to investigate adolescent social networks. *Demography*, 46(1), 103-125. <https://doi.org/10.1353/dem.0.0045>
- Gopika, K., Jagadeeshwar, R., Rao, V. K., & Vijayalakshmi, K. (2016). An overview of stem rot disease of rice (*Sclerotium oryzae* Catt.) and its comprehensive management. *International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology*, 7(1), 111-124. <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:165152248>
- Grubbs, J. C., Glass, R. I., & Kilmarx, P. H. (2019). Coauthor country affiliations in international collaborative research funded by the US National Institutes of Health, 2009 to 2017. *Journal of the American Medical Association Network Open*, 2(11), e1915989. <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2019.15989>.
- Gulati, R. (1995). Social structure and alliance formation patterns: A longitudinal analysis. *Administrative Science Quarterly*, 40(4), 619-652.
<https://doi.org/10.2307/2393756>



- Haefele, S. M., Nelson, A., & Hijmans, R. J. (2014). Soil quality and constraints in global rice production. *Geoderma*, 235, 250-259.
<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2014.07.019>
- Hall, K. L., Vogel, A. L., Huang, G. C., Serrano, K. J., Rice, E. L., Tsakraklides, S. P., & Fiore, S. M. (2018). The science of team science: A review of the empirical evidence and research gaps on collaboration in science. *American Psychologist*, 73(4), 532-548. <https://doi.org/10.1037/amp0000319>
- Hallinger, P., & Chatpinyakoo, C. (2019). A bibliometric review of research on higher education for sustainable development, 1998–2018. *Sustainability*, 11(8), 2401. <https://doi.org/10.3390/su11082401>
- Hamilton, C. A., Vacca, R., & Stacciarini, J. M. R. (2017). The emergence of team science: Understanding the state of adoption research through social network analysis. *Adoption & fostering*, 41(4), 369-390.
<https://doi.org/10.1177/0308575917714714>
- He, Q. (1999). *Knowledge discovery through co-word analysis*. In Proceedings of the 7th International Conference on Scientometrics and Informetrics (pp. 491-498). <http://hdl.handle.net/2142/8267>
- Hellard, M., Rolls, D. A., Sacks-Davis, R., Robins, G., Pattison, P., Higgs, P., Aitken, C., & McBryde, E. (2014). The impact of injecting networks on hepatitis C transmission and treatment in people who inject drugs. *Hepatology*, 60(6), 1861-1870. <https://doi.org/10.1002/hep.27403>
- Huang, H., Tang, J., Liu, L., Luo, J., & Fu, X. (2015). Triadic closure pattern analysis and prediction in social networks. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 27(12), 3374-3389. <https://doi.org/10.1109/TKDE.2015.2453956>
- Huang, S., Wang, L., Liu, L., Fu, Q., & Zhu, D. (2014). Nonchemical pest control in China rice: A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 34, 275-291.



<https://doi.org/10.1007/s13593-013-0199-9>

Huang, Y., Liu, X., Li, R., & Zhang, L. (2023). The science of team science (SciTS): An emerging and evolving field of interdisciplinary collaboration. *Profesional de la información*, 32(2), e320204. <https://doi.org/10.3145/epi.2023.mar.04>

Hunter, D. R., Handcock, M. S., Butts, C. T., Goodreau, S. M., & Morris, M. (2008). ERGM: A package to fit, simulate and diagnose exponential-family models for networks. *Journal of Statistical Software*, 24(3), 1-29.

<https://doi.org/10.18637/jss.v024.i03>

Hussain, S., Huang, J., Huang, J., Ahmad, S., Nanda, S., Anwar, S., Shakoor, A., Zhu, C., Zhu, L., Cao, X., Jin Q., & Zhang, J. (2020). Rice production under climate change: Adaptations and mitigating strategies. *Environment, climate, plant and vegetation growth*, 659-686. https://doi.org/10.1007/978-3-030-49732-3_26

Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC]. (2023). Contribution of working groups I, II and III to the sixth assessment report of the intergovernmental panel on climate change. In H. Lee, & J. Romero (Eds.), *Climate change 2023: Synthesis report* (pp. 35-115). IPCC. <https://www.ipcc.ch/report/ar6/syr/>

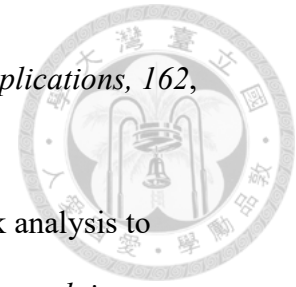
IRRI. (2012, October 1). *Where rice pests and diseases do the most damage*. Rice Today. https://ricetoday.irri.org/where-rice-pests-and-diseases-do-the-most-damage/?utm_source=chatgpt.com

Islam, W., Tayyab, M., Khalil, F., Hua, Z., Huang, Z., & Chen, H. Y. (2020). Silicon-mediated plant defense against pathogens and insect pests. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 168, 104641. <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2020.104641>

Jia, C., Li, Y., Carson, M. B., Wang, X., & Yu, J. (2017). Node attribute-enhanced community detection in complex networks. *Scientific Reports*, 7(1), 2626. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-02751-8>

Jung, H., & Lee, B. G. (2020). Research trends in text mining: Semantic network and

main path analysis of selected journals. *Expert Systems with Applications*, 162, 113851. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2020.113851>



Kacanski, S., & Lusher, D. (2017). The application of social network analysis to accounting and auditing. *International Journal of Academic Research in Accounting, Finance and Management Sciences*, 7(3), 182-197. <https://doi.org/10.6007/IJARAFMS/v7-i3/3286>

Katsouyanni, K. (2008). Collaborative research: Accomplishments & potential. *Environmental Health*, 7(1), 3. <https://doi.org/10.1186/1476-069X-7-3>

Katz, J. S., & Martin, B. R. (1997). What is research collaboration?. *Research policy*, 26(1), 1-18. [https://doi.org/10.1016/S0048-7333\(96\)00917-1](https://doi.org/10.1016/S0048-7333(96)00917-1)

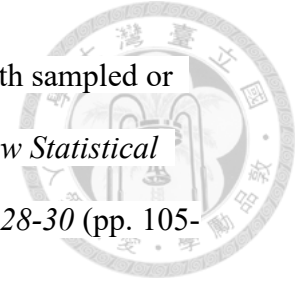
Kemeç, A., & Altınay, A. T. (2023). Sustainable energy research trend: A bibliometric analysis using VOSviewer, RStudio bibliometrix, and CiteSpace software tools. *Sustainability*, 15(4), 3618. <https://doi.org/10.3390/su15043618>

Khokhar, M. K., Kumar, R., Kumar, A., Sehgal, M., Singh, S. P., Meena, P. N., Singh, N., Acharya, L. K., Birah, A., Singh, K., Bana, R. S., Gurjar, M. S., Chander, S., & Choudhary, M. (2024). Impact of IPM practices on microbial population and disease development in transplanted and direct-seeded rice. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1388754. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1388754>

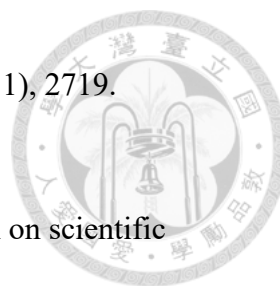
Khoury, W. E., & Makkouk, K. (2010). Integrated plant disease management in developing countries. *Journal of Plant Pathology*, 92(4), 35-42. <https://www.jstor.org/stable/41998886>

Kini, K., Agnimonhan, R., Dossa, R., Silué, D., & Koebnik, R. (2021). Genomics-informed multiplex PCR scheme for rapid identification of rice-associated bacteria of the genus *Pantoea*. *Plant Disease*, 105(9), 2389-2394. <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-20-1474-RE>


Koskinen, J., Broccatelli, C., Wang, P., & Robins, G. (2019). Bayesian analysis of ERG



- models for multilevel, multiplex, and multilayered networks with sampled or missing data. In A. Petrucci, F. Racioppi, & R. Verde (Eds.), *New Statistical Developments in Data Science: SIS 2017, Florence, Italy, June 28-30* (pp. 105-117). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-030-21158-5_9
- Kossinets, G., & Watts, D. J. (2006). Empirical analysis of an evolving social network. *Science*, *311*(5757), 88-90. <https://doi.org/10.1126/science.1116869>
- Koudamiloro, A., Nwilene, F. E., Togola, A., & Akogbeto, M. (2015). Insect vectors of rice yellow mottle virus. *Journal of Insects*, *2015*(1), 721751. <https://doi.org/10.1155/2015/721751>
- Krivitsky, P. N., Koehly, L. M., & Marcum, C. S. (2020). Exponential-family random graph models for multi-layer networks. *Psychometrika*, *85*(3), 630-659. <https://doi.org/10.1007/s11336-020-09720-7>
- Kumar, A., Mallick, S., & Swarnakar, P. (2020). Mapping scientific collaboration: A bibliometric study of rice crop research in India. *Journal of Scientometric Research*, *9*(1), 29-39. <https://doi.org/10.5530/jscires.9.1.4>
- Kwiek, M., & Roszka, W. (2021). Gender-based homophily in research: A large-scale study of man-woman collaboration. *Journal of Informetrics*, *15*(3), 101171. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2021.101171>
- Lamichhane, J. R., Dürr, C., Schwanck, A. A., Robin, M. H., Sarthou, J. P., Cellier, V., Messéan, A., & Aubertot, J.-N. (2017). Integrated management of damping-off diseases: A review. *Agronomy for Sustainable Development*, *37*, 1-25. <https://doi.org/10.1007/s13593-017-0417-y>
- Laudel, G. (2001). Collaboration, creativity and rewards: Why and how scientists collaborate. *International Journal of Technology Management*, *22*(7-8), 762-781. <https://doi.org/10.1504/IJTM.2001.002990>
- Lebrini, Y., & Ayerdi Gotor, A. (2024). Crops disease detection, from leaves to field:



- What we can expect from artificial intelligence. *Agronomy*, 14(11), 2719.
<https://doi.org/10.3390/agronomy14112719>
- Lee, S., & Bozeman, B. (2005). The impact of research collaboration on scientific productivity. *Social Studies of Science*, 35(5), 673-702.
<https://doi.org/10.1177/0306312705052359>
- Leydesdorff, L., & Persson, O. (2010). Mapping the geography of science: Distribution patterns and networks of relations among cities and institutes. *Journal of the American Society for information Science and Technology*, 61(8), 1622-1634.
<https://doi.org/10.1002/asi.21347>
- Leydesdorff, L., Bornmann, L., Marx, W., & Milojević, S. (2014). Referenced publication years spectroscopy applied to iMetrics: Scientometrics, journal of informetrics, and a relevant subset of JASIST. *Journal of Informetrics*, 8(1), 162-174. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2013.11.006>
- Li, R., Chen, S., Matsumoto, H., Gouda, M., Gafforov, Y., Wang, M., & Liu, Y. (2023). Predicting rice diseases using advanced technologies at different scales: Present status and future perspectives. *Abiotech*, 4(4), 359-371.
<https://doi.org/10.1007/s42994-023-00126-4>
- Li, Y., Xiao, J., Chen, L., Huang, X., Cheng, Z., Han, B., Zhang, Q., & Wu, C. (2018). Rice functional genomics research: Past decade and future. *Molecular plant*, 11(3), 359-380. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2018.01.007>
- Liao, P., Bell, S. M., Chen, L., Huang, S., Wang, H., Miao, J., Qi, Y., Sun, Y., Liao, B., Zeng, Y., Wei, H., Gao, H., Dai, Q., & Zhang, H. (2023). Improving rice grain yield and reducing lodging risk simultaneously: A meta-analysis. *European Journal of Agronomy*, 143, 126709. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2022.126709>
- Linnenluecke, M. K., Marrone, M., & Singh, A. K. (2020). Conducting systematic literature reviews and bibliometric analyses. *Australian journal of management*,

- 
- 45(2), 175-194. <https://doi.org/10.1177/0312896219877678>
- Liu, M., Lang, B., Gu, Z., & Zeeshan, A. (2017). Measuring similarity of academic articles with semantic profile and joint word embedding. *Tsinghua Science and Technology*, 22(6), 619-632. <https://doi.org/10.23919/TST.2017.8195345>
- Liu, Q.-G., Zhang, Q., & Wei, C.-D. (2013). Advances in research of rice bacterial foot rot. *Scientia Agricultura Sinica*, 46(14), 2923-2931.
<https://www.chinaagrisci.com/EN/10.3864/j.issn.0578-1752.2013.14.008>
- Liu, S., & Chen, C. (2012). The proximity of co-citation. *Scientometrics*, 91(2), 495-511. <https://doi.org/10.1007/s11192-011-0575-7>
- Liu, W., Cui, J., Ran, C., Zhang, Y., Liang, J., Shao, X., Zhang, Q., Geng, Y., & Guo, L. (2024). Paclobutrazol enhanced stem lodging resistance of direct-seeded rice by affecting basal internode development. *Plants*, 13(16), 2289.
<https://doi.org/10.3390/plants13162289>
- Lomi, A., & Pattison, P. (2006). Manufacturing relations: An empirical study of the organization of production across multiple networks. *Organization science*, 17(3), 313-332. <https://doi.org/10.1287/orsc.1060.0190>
- Lu, Y., Yi, S., Zeng, N., Liu, Y., & Zhang, Y. (2017). Identification of rice diseases using deep convolutional neural networks. *Neurocomputing*, 267, 378-384.
<https://doi.org/10.1016/j.neucom.2017.06.023>
- Lubbers, M. J., & Snijders, T. A. (2007). A comparison of various approaches to the exponential random graph model: A reanalysis of 102 student networks in school classes. *Social networks*, 29(4), 489-507.
<https://doi.org/10.1016/j.socnet.2007.03.002>
- Luchi, N. (2022). *Plant pathology: Method and protocols*. Springer Nature.
<https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2517-0>
- Lusher, D., Koskinen, J., & Robins, G. (Eds.). (2013). *Exponential random graph*

models for social networks: Theory, methods, and applications. Cambridge

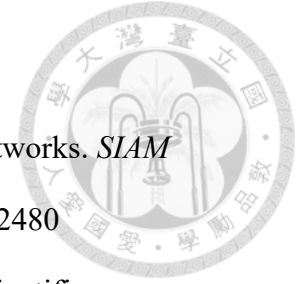
University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511894701>



- Makhoul, N. (2022). Review of data quality indicators and metrics, and suggestions for indicators and metrics for structural health monitoring. *Advances in Bridge Engineering*, 3(1), 17. <https://doi.org/10.1186/s43251-022-00068-9>
- Makino, S., Sugio, A., White, F., & Bogdanove, A. J. (2006). Inhibition of resistance gene-mediated defense in rice by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 19(3), 240-249. <https://doi.org/10.1094/MPMI-19-0240>
- Maltseva, D., & Batagelj, V. (2020). Towards a systematic description of the field using keywords analysis: Main topics in social networks. *Scientometrics*, 123(1), 357-382. <https://doi.org/10.1007/s11192-020-03365-0>
- Mariano, C. (1989). The case for interdisciplinary collaboration. *Nursing Outlook*, 37(6), 285-288. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2682537/>
- McAllister, R. R. J., Robinson, C. J., Brown, A., Maclean, K., Perry, S., & Liu, S. (2017). Balancing collaboration with coordination: Contesting eradication in the Australian plant pest and disease biosecurity system. *International Journal of the Commons*, 11(1), 330-354. <https://doi.org/10.18352/ijc.701>
- McAllister, R. R., Robinson, C. J., Maclean, K., Guerrero, A. M., Collins, K., Taylor, B. M., & De Barro, P. J. (2015). From local to central: A network analysis of who manages plant pest and disease outbreaks across scales. *Ecology and Society*, 20(1). <https://doi.org/10.5751/ES-07469-200167>
- Mew, T. W., Leung, H., Savary, S., Vera Cruz, C. M., & Leach, J. E. (2004). Looking ahead in rice disease research and management. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 23(2), 103-127. <https://doi.org/10.1080/07352680490433231>
- Miah, G., Rafii, M. Y., Ismail, M. R., Puteh, A. B., Rahim, H. A., Asfaliza, R. & Latif,

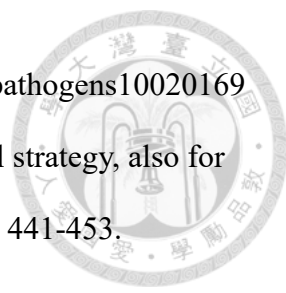



- M. A. (2013). Blast resistance in rice: A review of conventional breeding to molecular approaches. *Molecular Biology Reports*, 40(3), 2369-2388.
<https://doi.org/10.1007/s11033-012-2318-0>
- Mirc, N., Rouzies, A., & Teerikangas, S. (2017). Do academics actually collaborate in the study of interdisciplinary phenomena? A look at half a century of research on mergers and acquisitions. *European Management Review*, 14(3), 333-357.
<https://doi.org/10.1111/emre.12110>
- Mishra, B., Kumar, N., & Mukhtar, M. S. (2021). Network biology to uncover functional and structural properties of the plant immune system. *Current Opinion in Plant Biology*, 62, 102057. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2021.102057>
- Molina-Morales, F. X., Belso-Martínez, J. A., Más-Verdú, F., & Martínez-Cháfer, L. (2015). Formation and dissolution of inter-firm linkages in lengthy and stable networks in clusters. *Journal of Business Research*, 68(7), 1557-1562.
<https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2015.01.051>
- Nahar, S., Kalita, J., Sahoo, L., & Tanti, B. (2016). Morphophysiological and molecular effects of drought stress in rice. *Annals of Plant Sciences*, 5(9), 1409-1416.
<http://dx.doi.org/10.21746/aps.2016.09.001>
- Narong, D. K., & Hallinger, P. (2023). A keyword co-occurrence analysis of research on service learning: Conceptual foci and emerging research trends. *Education Sciences*, 13(4), 339. <https://doi.org/10.3390/educsci13040339>
- Nazarov, P. A., Baleev, D. N., Ivanova, M. I., Sokolova, L. M., & Karakozova, M. V. (2020). Infectious plant diseases: Etiology, current status, problems and prospects in plant protection. *Acta naturae*, 12(3), 46.
<https://doi.org/10.32607/actanaturae.11026>
- Newman, M. E. (2001). Scientific collaboration networks. I. Network construction and fundamental results. *Physical review E*, 64(1), 016131.



<https://doi.org/10.1103/PhysRevE.64.016131>

- Newman, M. E. J. (2003). The structure and function of complex networks. *SIAM Review*, 45(2), 167-256. <https://doi.org/10.1137/S003614450342480>
- Newman, M. E. J. (2004). Coauthorship networks and patterns of scientific collaboration. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(Suppl. 1), 5200-5205. <https://doi.org/10.1073/pnas.0307545100>
- Newman, M. E. J. (2006). Modularity and community structure in networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(23), 8577-8582. <https://doi.org/10.1073/pnas.0601602103>
- Niño-Liu, D. O., Ronald, P. C., & Bogdanove, A. J. (2006). *Xanthomonas oryzae* pathovars: Model pathogens of a model crop. *Molecular Plant Pathology*, 7(5), 303-324. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2006.00344.x>
- Nourollah, A. (2016). Genetic diversity, genetic erosion, and conservation of the two cultivated rice species (*Oryza sativa* and *Oryza glaberrima*) and their close wild relatives. In M. Ahuja, & S. Jain (Eds.), *Genetic diversity and erosion in plants* (pp. 35-73). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-319-25954-3_2
- Nurjayadi, M. Y., Munif, A., & Suastika, G. (2015). Identifikasi nematoda puru akar, *Meloidogyne graminicola*, pada tanaman padi di Jawa Barat. *Jurnal Fitopatologi Indonesia*, 11(4), 113. <https://doi.org/10.14692/jfi.11.4.113>
- Okello, W. O., Amongi, C. A., Muhanguzi, D., MacLeod, E. T., Waiswa, C., Shaw, A. P., & Welburn, S. C. (2021). Livestock network analysis for rhodesiense human African trypanosomiasis control in Uganda. *Frontiers in Veterinary Science*, 8, 611132. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.611132>
- Ong, S., Jonson, G. B., Calassanzio, M., Rin, S., Chou, C., Oi, T., Sato, I., Takemoto, D., Tanaka, T., Choi, I., Nign, C., & Chiba, S. (2021). Geographic distribution, genetic variability and biological properties of rice orange leaf phytoplasma in

- 
- Southeast Asia. *Pathogens*, 10(2), 169. <https://doi.org/10.3390/pathogens10020169>
- Otte, E., & Rousseau, R. (2002). Social network analysis: A powerful strategy, also for the information sciences. *Journal of information Science*, 28(6), 441-453. <https://doi.org/10.1177/016555150202800601>
- Ou, S. Q., Gao, J., Peng, D. L., Qi, C. Y., Zhang, J. H., Meng, Y., & Lu, B. H. (2014). First report of *Aphelenchoides besseyi* causing white tip disease of rice in Jilin Province, China. *Plant Disease*, 98(8), 1165-1165. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-14-0020-PDN>
- Pan, X., Guo, X., Zhai, T., Zhang, D., Rao, W., Cao, F., & Guan, X. (2023). Nanobiopesticides in sustainable agriculture: Developments, challenges, and perspectives. *Environmental Science: Nano*, 10(1), 41-61. <https://doi.org/10.1039/D2EN00605G>
- Panda, D., & Barik, J. (2021). Flooding tolerance in rice: Focus on mechanisms and approaches. *Rice Science*, 28(1), 43-57. <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2020.11.006>
- Pandit, M. A., Kumar, J., Gulati, S., Bhandari, N., Mehta, P., Katyal, R., Rawat, C. D., Mishra V., & Kaur, J. (2022). Major biological control strategies for plant pathogens. *Pathogens*, 11(2), 273. <https://doi.org/10.3390/pathogens11020273>
- Pascual, M. L. D., Decraemer, W., De Ley, I. T., Vierstraete, A., Steel, H., & Bert, W. (2014). Prevalence and characterization of plant-parasitic nematodes in lowland and upland rice agro-ecosystems in Luzon, Philippines. *Nematropica*, 44(2), 166-180. <https://journals.flvc.org/nematropica/article/view/84290>
- Passas, I. (2024). Bibliometric analysis: The main steps. *Encyclopedia*, 4(2). 1014-1025. <https://doi.org/10.3390/encyclopedia4020065>
- Patel, V. M., Panzarasa, P., Ashrafian, H., Evans, T. S., Kirresh, A., Sevdalis, N., Darzi, A., & Athanasiou, T. (2019). Collaborative patterns, authorship practices and scientific success in biomedical research: A network analysis. *Journal of the Royal*

- 
- Society of Medicine*, 112(6), 245-257. <https://doi.org/10.1177/0141076819851666>
- Patil, R. R., & Kumar, S. (2021). Predicting rice diseases across diverse agro-meteorological conditions using an artificial intelligence approach. *PeerJ Computer Science*, 7, e687. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.687>
- Patil, R. R., Kumar, S., Rani, R., Agrawal, P., & Pippal, S. K. (2023). A bibliometric and word cloud analysis on the role of the internet of things in agricultural plant disease detection. *Applied System Innovation*, 6(1), 27. <https://doi.org/10.3390/asi6010027>
- Peters, R. D., Sturz, A. V., Carter, M. R., & Sanderson, J. B. (2003). Developing disease-suppressive soils through crop rotation and tillage management practices. *Soil and Tillage Research*, 72(2), 181-192. [https://doi.org/10.1016/S0167-1987\(03\)00087-4](https://doi.org/10.1016/S0167-1987(03)00087-4)
- Poolkhet, C., Makita, K., Thongratsakul, S., & Leelehapongsathon, K. (2018). Exponential random graph models to evaluate the movement of backyard chickens after the avian influenza crisis in 2004-2005, Thailand. *Preventive veterinary medicine*, 158, 71-77. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.07.015>
- Porter, A., & Rafols, I. (2009). Is science becoming more interdisciplinary? Measuring and mapping six research fields over time. *Scientometrics*, 81(3), 719-745. <https://doi.org/10.1007/s11192-008-2197-2>
- Pu, X. M., Zhou, J. N., Lin, B. R., & Shen, H. F. (2012). First report of bacterial foot rot of rice caused by a *Dickeya zae* in China. *Plant Disease*, 96(12), 1818. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-12-0315-PDN>
- Rafols, I., Porter, A. L., & Leydesdorff, L. (2010). Science overlay maps: A new tool for research policy and library management. *Journal of the American Society for information Science and Technology*, 61(9), 1871-1887. <https://doi.org/10.1002/asi.21368>

Ramesh, S., & Vydeki, D. (2018). Rice-blast disease monitoring using mobile app.

International Journal of Engineering and Technology, 7(3.6), 400-402.

<https://doi.org/10.14419/ijet.v7i3.6.16011>



Reddy, C. A., Oraon, S., Bharti, S. D., Yadav, A. K., & Hazarika, S. (2024). Advancing disease management in agriculture: A review of plant pathology techniques. *Plant Science Archives*, 9, 16-18. <https://doi.org/10.5147/PSA.2024.9.1.16>

Relun, A., Grosbois, V., Alexandrov, T., Sánchez-Vizcaíno, J. M., Waret-Szkuta, A., Molia, S., Etter, E. M. C., & Martínez-López, B. (2017). Prediction of pig trade movements in different European production systems using exponential random graph models. *Frontiers in Veterinary Science*, 4, 27.

<https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00027>

Ristaino, J. B., Anderson, P. K., Bebbler, D. P., Brauman, K. A., Cunniffe, N. J., Fedoroff, N. V., Finegold, C., Garrett, K. A., Gilligan, C. A., Jones, C. M., Martin, M. D., MacDonald, G. K., Neenan, P., Records, A., Schmale, D. G., Tateosian, L., & Wei, Q. (2021). The persistent threat of emerging plant disease pandemics to global food security. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(23), e2022239118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2115792118>

Robins, G., & Lusher, D. (2013). Illustrations: Simulation, estimation, and goodness of fit. In D. Lusher, J. Koskinen, & G. Robins (Eds.), *Exponential random graph models for social networks: Theory, methods, and applications* (pp. 167-185).

Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511894701.015>

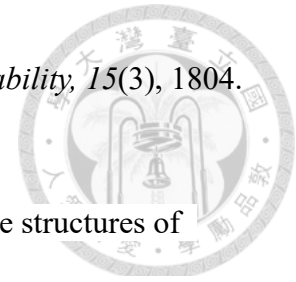
Robins, G., Pattison, P., Kalish, Y., & Lusher, D. (2007). An introduction to exponential random graph (p^*) models for social networks. *Social networks*, 29(2), 173-191.

<https://doi.org/10.1016/j.socnet.2006.08.002>

Rodríguez Coca, L. I., García González, M. T., Gil Unday, Z., Jiménez Hernández, J., Rodríguez Jáuregui, M. M., & Fernández Cancio, Y. (2023). Effects of sodium

salinity on rice (*Oryza sativa* L.) cultivation: A review. *Sustainability*, 15(3), 1804.

<https://doi.org/10.3390/su15031804>



Saheb, T., & Saheb, M. (2019). Analyzing and visualizing knowledge structures of health informatics from 1974 to 2018: A bibliometric and social network analysis.

Healthcare informatics research, 25(2), 61-72.

<https://doi.org/10.4258/hir.2019.25.2.61>

Salassi, M. E., Deliberto, M. A., Linscombe, S. D., Wilson Jr, C. E., Walker, T. W.,

McCauley, G. N., & Blouin, D. C. (2013). Impact of harvest lodging on rough rice milling yield and market price. *Agronomy Journal*, 105(6), 1860-1867.

<https://doi.org/10.2134/agronj2013.0238>

Salka, T. D., Hanafi, M. B., Rahman, S. M. S. A. A., Zulperi, D. B. M., & Omar, Z.

(2025). Plant leaf disease detection and classification using convolution neural networks model: A review. *Artificial Intelligence Review*, 58(10), 322.

<https://doi.org/10.1007/s10462-025-11234-6>

Sangaiah, A. K., Yu, F. N., Lin, Y. B., Shen, W. C., & Sharma, A. (2024). UAV T-

YOLO-rice: An enhanced tiny YOLO networks for rice leaves diseases detection in paddy agronomy. *IEEE Transactions on Network Science and Engineering*, 11(6),

5201-5216. <https://doi.org/10.1109/TNSE.2024.3350640>

Sangare, M., Tekete, C., Bagui, O. K., Ba, A., & Zoueu, J. T. (2015). Identification of

bacterial diseases in rice plants leaves by the use of spectroscopic imaging. *Applied*

Physics Research, 7(6), 61. <https://doi.org/10.5539/apr.v7n6p61>


Sasaya, T. (2014). Detection methods for rice viruses by a reverse-transcription loop-

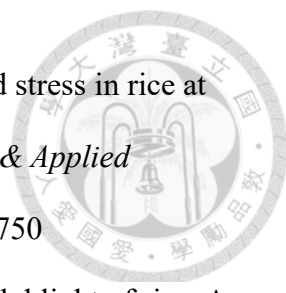
mediated isothermal amplification (RT-LAMP). In I. Uyeda, & C. Masuta (Eds.),

Plant Virology Protocols: New Approaches to Detect Viruses and Host Responses

(pp. 49-59). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1743-3_5

Savary, S., Willocquet, L., Pethybridge, S. J., Esker, P., McRoberts, N., & Nelson, A.

- 
- (2019). The global burden of pathogens and pests on major food crops. *Nature ecology & Evolution*, 3(3), 430-439. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0793-y>
- Schäfermeier, B., Hirth, J., & Hanika, T. (2023). Research topic flows in co-authorship networks. *Scientometrics*, 128(9), 5051-5078. <https://doi.org/10.1007/s11192-022-04529-w>
- Sebo, P. (2021). Using Genderize.io to infer the gender of first names: How to improve the accuracy of the inference. *Journal of the Medical Library Association*, 109(4), 609-612. <https://doi.org/10.5195/jmla.2021.1252>
- Seneviratne, M., Rajakaruna, N., Rizwan, M., Madawala, H. M. S. P., Ok, Y. S., & Vithanage, M. (2019). Heavy metal-induced oxidative stress on seed germination and seedling development: A critical review. *Environmental geochemistry and health*, 41, 1813-1831. <https://doi.org/10.1007/s10653-017-0005-8>
- Sethy, P. K., Barpanda, N. K., Rath, A. K., & Behera, S. K. (2020). Image processing techniques for diagnosing rice plant disease: A survey. *Procedia Computer Science*, 167, 516-530. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2020.03.308>
- Shan, S., Li, Y., Su, J., Yang, Y., Wang, Y., & Wang, Z. (2025). Why does the US dominate the digital economy? A strategic analysis based on the policy–coordination–talent framework and the policy implications for China. *Systems*, 13(5), 392. <https://doi.org/10.3390/systems13050392>
- Sharma, S., Kaur, I., & Nagpal, A. K. (2021). Contamination of rice crop with potentially toxic elements and associated human health risks: A review. *Environmental Science and Pollution Research*, 28, 12282-12299. <https://doi.org/10.1007/s11356-020-11696-x>
- Sheng, J., Liang, B., Wang, L., & Wang, X. (2023). Evolution of scientific collaboration based on academic ages. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 624, 128846. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2023.128846>

- 
- Singh, B. K., Sutradhar, M., Singh, A. K., & Mandal, N. (2017). Cold stress in rice at early growth stage: An overview. *International Journal of Pure & Applied Bioscience*, 5(2), 407-419. <http://doi.org/10.18782/2320-7051.2750>
- Singh, P., Mazumdar, P., Harikrishna, J. A., & Babu, S. (2019). Sheath blight of rice: A review and identification of priorities for future research. *Planta*, 250, 1387-1407. <https://doi.org/10.1007/s00425-019-03246-8>
- Slaughter, A. J., & Koehly, L. M. (2016). Multilevel models for social networks: Hierarchical Bayesian approaches to exponential random graph modeling. *Social Networks*, 44, 334-345. <https://doi.org/10.1016/j.socnet.2015.11.002>
- Small, H. (2006). Tracking and predicting growth areas in science. *Scientometrics*, 68(3), 595-610. <https://doi.org/10.1007/s11192-006-0132-y>
- Snijders, T. A., Pattison, P. E., Robins, G. L., & Handcock, M. S. (2006). New specifications for exponential random graph models. *Sociological Methodology*, 36(1), 99-153. <https://doi.org/10.1111/j.1467-9531.2006.00176.x>
- Stephens, B., & Cummings, J. N. (2021). Knowledge creation through collaboration: The role of shared institutional affiliations and physical proximity. *Journal of the Association for Information Science and Technology*, 72(11), 1337-1353. <https://doi.org/10.1002/asi.24491>
- Stokols, D., Hall, K. L., Taylor, B. K., & Moser, R. P. (2008). The science of team science: Overview of the field and introduction to the supplement. *American Journal of Preventive Medicine*, 35(2), 77-89. <https://doi.org/10.1016/j.amepre.2008.05.002>
- Su, D., Lei, B.-T., Li, Z.-W., Cao, Z.-Z., Huang, F.-D., Pan, G., Ding, Y., & Cheng, F.-M. (2014). Influence of high temperature during filling period on grain phytic acid and its relation to spikelet sterility and grain weight in non-lethal low phytic acid mutations in rice. *Journal of Cereal Science*, 60(2), 331-338.

<https://doi.org/10.1016/j.jcs.2014.04.010>

Sun, W., Fan, J., Fang, A., Li, Y., Tariqjaveed, M., Li, D., Hu, D., & Wang, W.-M.

(2020). *Ustilaginoidea virens*: Insights into an emerging rice pathogen. *Annual review of phytopathology*, 58(1), 363-385. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-010820-012908>

Sun, Z., Zhang, H., Xie, K., Tan, X., Zhang, H., & Chen, J. (2017). Rice black-streaked dwarf virus preparation and infection on rice. *Bio-protocol*, 7(24), 1-12.

<https://doi.org/10.21769/BioProtoc.2651>

Suvi, W. T., Shimelis, H., & Laing, M. (2019). Breeding rice for rice yellow mottle virus resistance in Sub-Saharan Africa: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science*, 69(2), 181-188.

<https://doi.org/10.1080/09064710.2018.1523454>

Swetha, R. N., & Shravani, V. (2020). Monitoring of rice plant for disease detection using machine learning. *International Journal of Engineering and Advanced Technology*, 9(3), 851-853. <https://doi.org/10.35940/ijeat.c5308.029320>

Tang, Y., He, G., He, Y., & He, T. (2022). Plant resistance to fungal pathogens: Bibliometric analysis and visualization. *Toxics*, 10(10), 624.

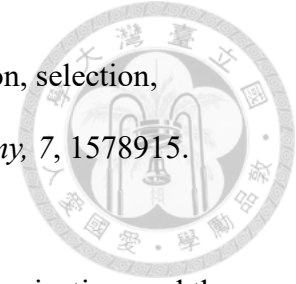
<https://doi.org/10.3390/toxics10100624>

Uehara-Ichiki, T., Shiba, T., Matsukura, K., Ueno, T., Hirae, M., & Sasaya, T. (2013). Detection and diagnosis of rice-infecting viruses. *Frontiers in Microbiology*, 4, 289. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00289>

Valarmathi, P., Rabindran, R., Velazhahan, R., Suresh, S., & Robin, S. (2013). First report of rice orange leaf disease phytoplasma (16 SrI) in rice (*Oryza sativa*) in India. *Australasian Plant Disease Notes*, 8, 141-143.

<https://doi.org/10.1007/s13314-013-0117-7>

Villavicencio-Vásquez, M., Espinoza-Lozano, F., Espinoza-Lozano, L., & Coronel-



- León, J. (2025). Biological control agents: Mechanisms of action, selection, formulation and challenges in agriculture. *Frontiers in Agronomy*, 7, 1578915. <https://doi.org/10.3389/fagro.2025.1578915>
- Wagner, C. S., & Leydesdorff, L. (2005). Network structure, self-organization, and the growth of international collaboration in science. *Research Policy*, 34(10), 1608-1618. <https://doi.org/10.1016/j.respol.2005.08.002>
- Wagner, C. S., Whetsell, T. A., & Leydesdorff, L. (2017). Growth of international collaboration in science: Revisiting six specialties. *Scientometrics*, 110(3), 1633-1652. <https://doi.org/10.1007/s11192-016-2230-9>
- Wang, P., Robins, G., Pattison, P., & Koskinen, J. (2014). *Program for the simulation and estimation of (p^*) exponential random graph models for multilevel networks: User manual*. Melbourne School of Psychological Sciences, The University of Melbourne. <https://www.melnet.org.au/s/MPNetManual.pdf>
- Wang, P., Robins, G., Pattison, P., & Lazega, E. (2013). Exponential random graph models for multilevel networks. *Social networks*, 35(1), 96-115. <https://doi.org/10.1016/j.socnet.2013.01.004>
- Wang, P., Sharpe, K., Robins, G. L., & Pattison, P. E. (2009). Exponential random graph (p^*) models for affiliation networks. *Social Networks*, 31(1), 12-25. <https://doi.org/10.1016/j.socnet.2008.08.002>
- Wang, W., Yu, S., Bekele, T. M., Kong, X., & Xia, F. (2017). Scientific collaboration patterns vary with scholars' academic ages. *Scientometrics*, 112(1), 329-343. <https://doi.org/10.1007/s11192-017-2388-9>
- Wasserman, S., & Faust, K. (1994). *Social network analysis: Methods and applications*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511815478>
- Watts, D. J., & Strogatz, S. H. (1998). Collective dynamics of 'small-world' networks. *Nature*, 393(6684), 440-442. <https://doi.org/10.1038/30918>



- Williamson-Benavides, B. A., & Dhingra, A. (2021). Understanding root rot disease in agricultural crops. *Horticulturae*, 7(2), 33.
<https://doi.org/10.3390/horticulturae7020033>
- Wonni, I., Ouedraogo, L., & Verdier, V. (2011). First report of bacterial leaf streak caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* on rice in Burkina Faso. *Plant Disease*, 95(1), 72. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-10-0566>
- Wormell, I. (1998). Informetrics: An emerging subdiscipline in information science. *Asian Libraries*, 7(10), 257-268. <https://doi.org/10.1108/10176749810241838>
- Wu, N., Zhang, L., Ren, Y., & Wang, X. (2020). Rice black-streaked dwarf virus: From multiparty interactions among plant-virus-vector to intermittent epidemics. *Molecular Plant Pathology*, 21(8), 1007-1019. <https://doi.org/10.1111/mpp.12946>
- Xu, J., Wang, X., Ding, Y., Mu, Q., Cai, H., Ma, C., & Saddique, Q. (2020). Effects of irrigation and nitrogen fertilization management on crop yields and long-term dynamic characteristics of water and nitrogen transport at deep soil depths. *Soil and Tillage Research*, 198, 104536. <https://doi.org/10.1016/j.still.2019.104536>
- Yadav, A., & Yadav, K. (2025). Portable solutions for plant pathogen diagnostics: Development, usage, and future potential. *Frontiers in Microbiology*, 16, 1516723. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1516723>
- Yan, E. (2014). Research dynamics: Measuring the continuity and popularity of research topics. *Journal of Informetrics*, 8(1), 98-110.
<https://doi.org/10.1016/j.joi.2013.10.010>
- Yang, F., Xie, J., Zhang, M., Wu, H., Peng, Y., & Ji, H. (2023a). Dynamics of *Aphelenchoides besseyi* in different rice cultivars. *Nematology*, 25(9), 1033-1043.
<https://doi.org/10.1163/15685411-bja10274>
- Yang, Q., Du, T., Li, N., Liang, J., Javed, T., Wang, H., Guo, J., & Liu, Y. (2023b). Bibliometric analysis on the impact of climate change on crop pest and disease.

Agronomy, 13(3), 920. <https://doi.org/10.3390/agronomy13030920>

Yu, F., El-Zaatari, H. M., Kosorok, M. R., Carnegie, A., & Dave, G. (2024). The application of exponential random graph models to collaboration networks in biomedical and health sciences: A review. *Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics*, 13(1), 5. <https://doi.org/10.1007/s13721-023-00439-w>

Zahra, N., Hafeez, M. B., Al Shukaily, M., Al-Sadi, A. M., Siddique, K. H., & Farooq, M. (2023). Influence of abiotic stresses on disease infestation in plants. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 127, 102125. <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2023.102125>

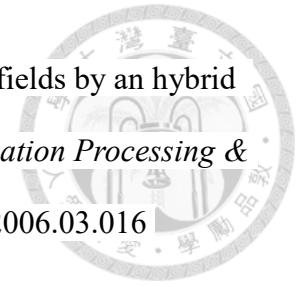
Zhang, X., Wang, X., & Zhou, G. (2008). A one-step real time RT-PCR assay for quantifying rice stripe virus in rice and in the small brown planthopper (*Laodelphax striatellus* Fallen). *Journal of Virological Methods*, 151(2), 181-187. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2008.05.024>

Zhang, Y., Chen, H., Lu, J., & Zhang, G. (2017). Detecting and predicting the topic change of knowledge-based systems: A topic-based bibliometric analysis from 1991 to 2016. *Knowledge-Based Systems*, 133, 255-268. <https://doi.org/10.1016/j.knosys.2017.07.011>

Zhao, C., Chen, M., Li, X., Dai, Q., Xu, K., Guo, B., Hu, Y., Wang, W., & Huo, Z. (2021). Effects of soil types and irrigation modes on rice root morphophysiological traits and grain quality. *Agronomy*, 11(1), 120. <https://doi.org/10.3390/agronomy11010120>

Zheng, Q., Huang, W., Xia, Q., Dong, Y., Ye, H., Jiang, H., Chen, S., & Huang, S. (2023). Remote sensing monitoring of rice diseases and pests from different data sources: A review. *Agronomy*, 13(7), 1851. <https://doi.org/10.3390/agronomy13071851>

Zitt, M., & Bassecouard, E. (2006). Delineating complex scientific fields by an hybrid lexical-citation method: An application to nanosciences. *Information Processing & Management*, 42(6), 1513-1531. <https://doi.org/10.1016/j.ipm.2006.03.016>



附錄



附錄一、Excel 工作表收錄的 73 項資料集欄位

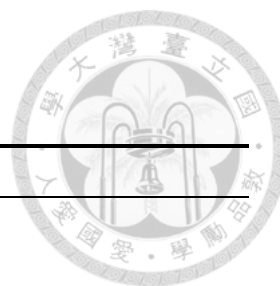
編號	英文	中文釋義
1	Publication Type	出版品類型
2	Authors	作者
3	Book Authors	書籍作者
4	Book Editors	書籍編輯
5	Book Group Authors	書籍團體作者
6	Author Full Names	作者全名
7	Book Author Full Names	書籍作者全名
8	Group Authors	團體作者
9	Article Title	文章標題
10	Source Title	來源標題
11	Book Series Title	書籍系列標題
12	Book Series Subtitle	書籍系列副標題
13	Language	語言
14	Document Type	文件類型
15	Conference Title	會議標題
16	Conference Date	會議日期
17	Conference Location	會議地點
18	Conference Sponsor	會議贊助商
19	Conference Host	會議主辦方
20	Author Keywords	作者關鍵字
21	Since 2013 Usage Count	自 2013 年以來使用計數
22	180 Day Usage Count	180 天使用計數
23	Usage Count	使用計數
24	Publisher	出版商
25	Publisher City	出版商城市
26	Publisher Address	出版商地址
27	ISSN	ISSN
28	eISSN	eISSN
29	ISBN	ISBN
30	Journal Abbreviation	期刊縮寫
31	Journal	期刊
32	Journal ISO Abbreviation	期刊 ISO 縮寫
33	Publication Date	出版日期

編號	英文	中文釋義
34	Publication Year	出版年份
35	Volume	卷
36	Issue	期
37	Part Number	部件號
38	Supplement	附錄
39	Special Issue	特刊
40	Meeting Abstract	會議摘要
41	Start Page	開始頁
42	End Page	結束頁
43	Article Number	文章編號
44	DOI	DOI
45	DOI Link	DOI 連結
46	Hot Paper Status	熱門論文狀態
47	Date of Export	匯出日期
48	UT (Unique WOS ID)	唯一 WOS ID (UT)
49	Web of Science Record	Web of Science 記錄
50	Keywords Plus	關鍵字補充
51	Addresses	地址
52	Abstract	摘要
53	Affiliations	所屬機構
54	Reprint Addresses	重印地址
55	Email Addresses	電子郵件地址
56	Researcher Ids (ORCID)	研究人才 ID (ORCID)
57	Funding Orgs	資助機構
58	Funding Name Preferred	首選資助名稱
59	Funding Text	資助文本
60	Cited References	引用參考文章
61	Cited Reference Count	引用參考計數
62	Times Cited, WoS Core	WoS 核心被引用次數
63	Times Cited, All Databases	所有資料庫被引用次數
64	Book DOI	書籍 DOI
65	Early Access Date	提前發表日期
66	Number of Pages	頁數
67	WoS Categories	WoS 類別
68	Web of Science Index	Web of Science 索引
69	Research Areas	研究領域
70	IDS Number	IDS 編號



編號	英文	中文釋義
71	PubMed ID	PubMed ID
72	Open Access Designations	開放取用名稱
73	Highly Cited Status	高引用狀態





附錄二、文獻關鍵字分類整理表

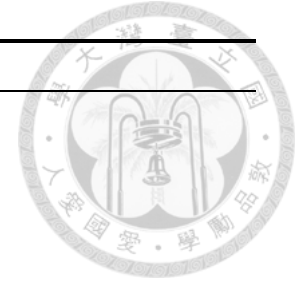
編號	代號	關鍵字	中文
1	A1	blast	稻熱病
2	A1	<i>M. oryzae</i>	稻熱病菌
3	A1	<i>Magnaporthe grisea</i>	稻熱病菌
4	A1	<i>Magnaporthe oryzae</i>	稻熱病菌
5	A1	<i>P. oryzae</i>	稻熱病菌
6	A1	<i>Pyricularia grisea</i>	稻熱病菌
7	A1	<i>Pyricularia oryzae</i>	稻熱病菌
8	A2	ascomycete	子囊菌
9	A2	conidia	分生孢子
10	A2	sheath brown rot	水稻葉鞘腐敗病
11	A2	hemibiotrophic	半生物營養型
12	A2	<i>Rhizoctonia solani</i>	立枯絲核菌
13	A2	bakanae	徒長病
14	A2	narrow brown spot	水稻褐條葉枯病
15	A2	leaf scald	紋枯病
16	A2	sheath blight	紋枯病
17	A2	false smut	假黑穗病
18	A2	stem rot	莖腐
19	A2	phytopathogenic fungi	植物病原真菌
20	A2	hyphae	菌絲
21	A2	mycelium	菌絲體
22	A2	<i>Curvularia lunata</i>	新月彎孢黴
23	A2	<i>Ustilaginoidea virens</i>	稻麴病菌
24	A2	brown spot	褐斑病
25	A2	basidiomycete	擔子菌
26	A2	sheath rot	鞘腐
27	A2	"panicle blast"	穗枯病
28	A2	<i>Bipolaris</i>	雙孔孢菌屬
29	A2	necrotrophic	壞死營養型
30	A2	<i>Gibberella fujikuroi</i>	藤倉赤霉菌
31	A2	<i>Fusarium</i>	镰刀菌
32	A3	hrp genes	hrp 基因
33	A3	type III secretion system	III 型分泌系統
34	A3	<i>Xanthomonas oryzae</i> *	水稻黃單胞菌
35	A3	biofilm	生物膜

編號	代號	關鍵字	中文
36	A3	"BLB"	白葉枯病
37	A3	bacterial*blight	白葉枯病
38	A3	leaf*blight	白葉枯病
39	A3	<i>Xanthomonas</i> *	白葉枯病菌
40	A3	"EPS"	胞外多醣
41	A3	exopolysaccharides	胞外多醣
42	A3	gram-negative bacteria	革蘭氏陰性細菌
43	A3	bacterial leaf streak	細菌性葉條病
44	A3	<i>Burkholderia glumae</i>	細菌性穀枯病菌
45	A3	<i>Pseudomonas glumae</i>	細菌性穀枯病菌
46	A3	bacterial grain rot	細菌性穀枯病
47	A3	quorum sens*	群體感應
48	A3	leaf streak	葉紋
49	A3	foot rot	基腐病
50	A3	<i>Pantoea ananatis</i>	擬白葉枯病之潛在病原
51	A3	panicle blight	穗枯病
52	A4	RGSV	水稻草狀矮縮病毒
53	A4	Rice grassy stunt virus	水稻草狀矮縮病毒
54	A4	rice stripe virus	水稻條紋病毒
55	A4	RSV	水稻條紋病毒
56	A4	rice yellow mottle virus	水稻黃斑駁病毒
57	A4	RYMV	水稻黃斑駁病毒
58	A4	RDV	水稻矮縮病毒
59	A4	rice dwarf virus	水稻矮縮病毒
60	A4	RGDV	水稻瘤矮病毒
61	A4	Rice gall dwarf virus	水稻瘤矮病毒
62	A4	Rice ragged stunt virus	水稻皺縮矮化病毒
63	A4	RRSV	水稻皺縮矮化病毒
64	A4	coat protein	外殼蛋白
65	A4	systemic infection	全身感染
66	A4	tungro	東格羅
67	A4	Rice tungro bacilliform virus	東格羅桿狀病毒
68	A4	RTBV	東格羅桿狀病毒
69	A4	Rice tungro spherical virus	東格羅球狀病毒
70	A4	RTSV	東格羅球狀病毒
71	A4	virus	病毒
72	A4	grassy stunt	草狀矮縮





編號	代號	關鍵字	中文
73	A4	stripe virus	條紋病毒
74	A4	vector transmission	媒介傳播
75	A4	yellow mottle virus	黃斑駁病毒
76	A4	blackstreaked dwarf virus	黑條矮縮病毒
77	A4	BSRDV	黑條矮縮病毒
78	A4	dwarf virus	矮病毒
79	A4	movement protein	運動蛋白
80	A4	ragged stunt	皺縮矮化
81	A5	white*tip	白尖病
82	A5	<i>Aphelenchoides besseyi</i>	貝西滑刃線蟲
83	A5	<i>Meloidogyne</i>	根結線蟲
84	A5	root-knot nematode	根結線蟲
85	A5	<i>Ditylenchus</i>	莖線蟲
86	A5	mollicutes	軟體動物
87	A5	phytoplasma	植原體
88	A5	phytonematode	植絲蟲病
89	A5	<i>Pratylenchus</i>	短體線蟲
90	A5	<i>Hirschmanniella oryzae</i>	稻穿根線蟲
91	A5	nematode	線蟲
92	A5	spiroplasma	螺旋原體
93	A6	CO ₂	二氧化碳
94	A6	soil pH	土壤 pH 值
95	A6	soil texture	土壤質地
96	A6	organic matter	有機物
97	A6	cold stress	冷應激
98	A6	heavy metals	重金屬
99	A6	climate change	氣候變遷
100	A6	oxidative stress	氧化壓力
101	A6	arsenic	砷
102	A6	water deficit	缺水
103	A6	high temperature	高溫
104	A6	drought	乾旱
105	A6	desiccation	乾燥
106	A6	chill*	寒
107	A6	nitrogen	氮
108	A6	NaCl	氯化鈉
109	A6	UV-B	紫外線



編號	代號	關鍵字	中文
110	A6	temperature extremes	極端溫度
111	A6	potassium	鉀
112	A6	heat stress	熱壓力
113	A6	nutrient deficiency	營養缺乏
114	A6	phosphorus	磷
115	A6	frost	霜
116	A6	cadmium	鎘
117	A6	salinity	鹽度
118	A6	salt stress	鹽脅迫
119	B1	chemical spray	化學噴霧
120	B1	methyl bromide	甲基溴
121	B1	resistance to fungicide	抗殺菌劑
122	B1	chemical resistance	耐化學性
123	B1	fungicide	殺菌劑
124	B1	nematicide	殺線蟲劑
125	B1	agrochemical	農業化學品
126	B1	pesticide	農藥
127	B1	copper-bas* compound	銅鹼化合物
128	B2	endophyte	內生菌
129	B2	<i>Trichoderma</i> spp.	木黴屬
130	B2	biological suppression	生物抑制
131	B2	biological control	生物防治
132	B2	biocontrol agent	生物防治劑
133	B2	<i>Bacillus subtilis</i>	枯草桿菌
134	B2	rhizobacteria	根際細菌
135	B2	microbial antagonist	微生物拮抗劑
136	B2	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	螢光假單胞菌
137	B3	soil fertility*	土壤肥力
138	B3	plant* strategy*	種植策略
139	B3	water control*	水控制
140	B3	row spac*	行距
141	B3	tillage*	耕作
142	B3	cultural method*	耕作方法
143	B3	density adjustment*	密度調整
144	B3	field management*	田間管理
145	B3	field hygiene*	田間衛生
146	B3	plant* method*	種植方法



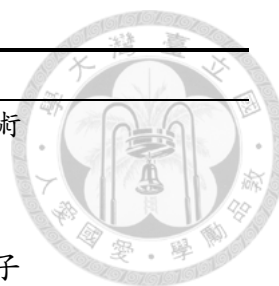
編號	代號	關鍵字	中文
147	B3	residue management*	殘留物管理
148	B3	intercrop*	間作
149	B3	agronomic practice*	農藝實務
150	B3	sanit*	衛生
151	B3	crop rotation*	輪作
152	B3	mulch*	覆蓋物
153	B3	irrigation management*	灌溉管理
154	B4	"IPM"	IPM
155	B4	sustainable pest control	永續害蟲防治
156	B4	ecosystem-bas* control	生態系基礎控制
157	B4	decision support system	決策支援系統
158	B4	pest scout*	害蟲偵察
159	B4	economic threshold*	經濟閾值
160	B4	monitor*	監測
161	B4	integrated pest management	綜合蟲害管理
162	B5	natural compound*	天然化合物
163	B5	bioactive compound*	生物活性化合物
164	B5	biopesticide*	生物農藥
165	B5	neem*	印度楝
166	B5	plant extract*	植物萃取物
167	B5	botanical pesticide*	植物源農藥
168	B5	chitosan	殼聚醣
169	B5	essential oil*	精油
170	B6	RGB image*	RGB 影像
171	B6	SEIR model*	SEIR 模型
172	B6	"ANN"	人工神經網路
173	B6	Artificial Neural Network	人工神經網路
174	B6	AI prediction	人工智慧預測
175	B6	AI detection*	人工智慧檢測
176	B6	classification algorithm	分類演算法
177	B6	"SVM"	支持向量機
178	B6	automat* spray*	自動噴霧器
179	B6	real-time monitor*	即時監控
180	B6	"CNN"	卷積神經網路
181	B6	Convolutional Neural Network	卷積神經網路
182	B6	IoT farm*	物聯網農場
183	B6	epidemic model*	流行病模型

編號	代號	關鍵字	中文
184	B6	epidemic simulation	流行病模擬
185	B6	disease forecast*	病害預測
186	B6	disease prediction*	病害預測
187	B6	outbreak prediction	病情預測
188	B6	train* dataset	訓練資料集
189	B6	hyperspectral*	高光譜
190	B6	NDVI	常態性植生指標
191	B6	deep learn*	深度學習
192	B6	"RNN"	循環神經網路
193	B6	Recurrent Neural Network	循環神經網路
194	B6	smart farm*	智慧農場
195	B6	smart agriculture*	智慧農業
196	B6	UAV	無人機
197	B6	drone*	無人機
198	B6	transmission model*	傳動模型
199	B6	infection rate	感染率
200	B6	sensor*	感應器
201	B6	leaf scanner*	葉片掃描儀
202	B6	computer vision*	電腦視覺
203	B6	precision agricultur*	精準農業
204	B6	remote sens*	遙感
205	B6	image classification*	影像分類
206	B6	digital farm*	數位農場
207	B6	simulation	模擬
208	B6	thermal image*	熱像
209	B6	satellite image*	衛星圖像
210	B6	robotic agriculture*	機器人農業
211	B6	machine vision*	機器視覺
212	B6	machine learn*	機器學習
213	B6	random forest	隨機森林
214	C1	DNA barcode	DNA 條碼
215	C1	DNA amplification	DNA 擴增
216	C1	molecular detection	分子檢測
217	C1	sequenc*	序列
218	C1	"qPCR"	定量 PCR
219	C1	"RT-PCR"	逆轉錄聚合酶連鎖反應
220	C1	diagnostic marker	診斷標記





編號	代號	關鍵字	中文
221	C1	"PCR"	聚合酶連鎖反應
222	C1	Polymerase Chain Reaction	聚合酶連鎖反應
223	C1	"ELISA"	酵素連結免疫吸附試驗
224	C1	"LAMP"	環介導等溫擴增
225	C1	Loop-mediated Isothermal Amplification	環介導等溫擴增
226	C2	QTL-seq	QTL 序列
227	C2	"GWAS"	全基因組關聯分析
228	C2	bacterial*blight resistance	抗白葉枯病
229	C2	Xa21	抗白葉枯病的抗病基因
230	C2	resistance loci*	抗性基因位點
231	C2	R gene	抗病基因
232	C2	Resistance gene	抗病基因
233	C2	gene map*	基因圖譜
234	C2	introgression	基因滲入
235	C2	alien addition lines	異源附加系
236	C2	"SNP"	單一核苷酸多型性
237	C2	Single Nucleotide Polymorphism	單一核苷酸多型性
238	C2	disease*susceptibility gene	感病基因
239	C2	Pi-ta	與抗稻熱病有關的抗病基因
240	C2	QTL	數量性狀基因座
241	C2	quantitative trait loci	數量性狀基因座
242	C2	marker-assist* selection	標記輔助選擇
243	C2	genetic marker	遺傳標記
244	C2	"SSR"	簡單重複序列
245	C2	Simple Sequence Repeat	簡單重複序列
246	C2	hybrid	雜交種
247	C2	identification	鑑定
248	C3	expression	(基因)表現
249	C3	RNA-seq	RNA 定序
250	C3	"T-DNA"	土壤農桿菌的轉移 DNA
251	C3	RT-qPCR	定量反轉錄聚合酶鏈式反應
252	C3	expression cassette	表現構築體
253	C3	gene silenc*	基因沉默
254	C3	knockdown	基因表現下調
255	C3	overexpression	基因過度表現
256	C3	gene edit*	基因編輯



編號	代號	關鍵字	中文
257	C3	"CRISPR"	基因編輯技術
258	C3	transformation	基因轉殖
259	C3	Agrobacterium-mediat*	農桿菌介導
260	C3	inducible promoter	誘導型啟動子
261	C3	sucrose transporter	蔗糖轉運蛋白
262	C3	dsRNA	雙股 RNA
263	C4	antioxidant enzyme	抗氧化酶
264	C4	"PAL"	苯丙氨酸解氨酶
265	C4	Phenylalanine Ammonia-Lyase	苯丙氨酸解氨酶
266	C4	PR protein	病程相關蛋白
267	C4	lipoxygenase	脂氧合酶
268	C4	protease	蛋白酶
269	C4	kinase	蛋白質激酶
270	C4	protein profil*	蛋白質譜分析
271	C4	proteomics	蛋白質體學
272	C4	chitinase	幾丁質酶
273	C4	"SOD"	超氧化物歧化酶
274	C4	SOD	超氧化物歧化酶
275	C4	Superoxide Dismutase	超氧化物歧化酶
276	C4	glucanase	葡聚醣酶
277	C4	peroxidase	過氧化物酶
278	C4	catalase	過氧化氫酶
279	C4	laccase	漆酶
280	C5	immunity activation	免疫活化
281	C5	"SAR"	系統獲得抗性
282	C5	systemic acquired resistance	系統獲得抗性
283	C5	defense prim*	防禦原始
284	C5	"ROS"	活性氧
285	C5	reactive oxygen species	活性氧
286	C5	"ETI"	效應觸發免疫
287	C5	effector-triggered immunity	效應觸發免疫
288	C5	oxidative burst	氧化爆發
289	C5	callose deposition	胼氫質沉積
290	C5	cell death	細胞死亡
291	C5	"HR"	過敏反應
292	C5	hypersensitive response	過敏反應
293	C5	pattern recognition	模式識別

編號	代號	關鍵字	中文
294	C5	"PTI"	模式觸發的免疫
295	C5	Pattern-triggered immunity	模式觸發的免疫
296	C5	vesicle traffick*	囊泡運輸
297	C6	AP2/ERF	AP2/乙烯反應因子家族
298	C6	"MYB"	MYB 轉錄因子
299	C6	RNA silenc*	RNA 沉默
300	C6	"WRKY"	WRKY 轉錄因子家族
301	C6	ethylene	乙烯
302	C6	salicylic acid	水楊酸
303	C6	receptor-like kinase	受體樣激酶
304	C6	jasmonic acid	茉莉酸
305	C6	second messenger	第二信使
306	C6	"ABA"	脫落酸
307	C6	Abscisic Acid	脫落酸
308	C6	MAPK cascade	蛋白激酶級聯反應
309	C6	Mitogen-Activated Protein Kinase	蛋白激酶級聯反應
310	C6	hormone signal*	激素訊號
311	C6	transcription factor	轉錄因子
312	C6	TAL effector*	類轉錄活化因子效應蛋白
313	C6	Transcription Activator-Like effector	類轉錄活化因子效應蛋白
314	C6	"Bzip"	鹼性亮氨酸拉鍊轉錄因子