

龙五? 龙舞! 分享

<http://blog.sciencenet.cn/u/DaCaiNiao>

行踪常在云霄外, 天下英豪我第一

博客首页 动态 微博 博文 相册 主题 分享 好友 留言板

博文

BMC Systems Biology没有学术不端 精选

已有 2935 次阅读 2017-8-7 10:03 | 系统分类:观点评述

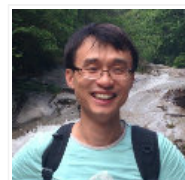
先说点儿无关的事情。去年大约是国庆期间，老马微信上转了一篇磷酸化组鉴定的文章给我，是他们领域大牛R教授做的，发表在一个很不错的期刊上。老马说，你不是一直在做磷酸化吗，这是咱领域第一篇磷酸化组的工作，没准儿你会感兴趣。文章我大约看了两分钟左右，打电话给老马，说这篇文章的组学鉴定和后面的数据分析都没有特别出彩的地方，能发到这个期刊，难道是因为这个实验的样本很难处理？老马哈哈一笑，答：说对了，这篇文章的亮点就是样本太难处理，实验技术太精细，全球就这一家能做得出来。哦，明白了，挂了电话继续读论文，又看了两分钟觉得不对劲了，因为他里面有一整张图，应该是拿我做的软件绘制出来的。深吸了一口气，又花了一分钟时间仔细的看了全文，卧靠，居然没有引用我的文章。彻底愤怒了，立马打电话给老马，说这么搞不好吧？用我的东西连个引用都没有，这是典型的学术不端啊！老马答，咳，这肯定是学生做的老板没搞清楚状况，应该不是有意的。我说那不行啊，基本的学术规范还得讲啊，我得写信骂他去。老马说，别别别，R教授是好人啊。我说这两码的事儿。

话说咱搞生信的，最痛恨的事情就是别人用了自己东西，然后在文章里只字不提装作没有看见。做生物信息学，那也是在搞科研好不好？我的东西，你用了凭什么可以不引用？当然这类事情过去十几年咱也不是第一次碰到了，历来都是发现一次写信过去骂一次。挂了电话就写信给R教授，说我最近正在读一篇您的文章，琢磨着您有个图必须是拿我做的工具画的，简单点儿，您就回答“是”还是“不是”就行了。R教授当天就回信了，主要内容是第一，的确是用了我的工具；第二，他很抱歉因为疏忽没有引用，并且接受指责；第三，这个疏忽是无意的，并不是刻意要忽略我的工作；第四，R教授提议，是否可以发表一个勘误（Erratum）来加上引用？R教授道歉，这个我是有预料的，一般来说大家做研究完全做到100%的规范是不可能的，有过失很正常。胖子有云，人是一定会犯错的，机器才不会犯错。有疏忽很正常，而且就过往的经历来看，一般咱写信过去抗议，对方都是客客气气道歉了事。不过R教授说要加个Erratum，这个就过了，第一，人家道歉了，并且还很诚恳；第二，如果真要出个Erratum，那别人会不会觉得我得理不饶人？对吧，点到为止就得了。所以客客气气给人回信，说我态度不好请您原谅，以后欢迎您来中国访问。当然信末按惯例肯定要加上诸如兄弟我研究修饰十几年，各种软件、数据库一大堆，都是搞科研居家旅行忽悠编辑+审稿人的利器，欢迎合理使用云云。这种植入当然必须的，要有专业修养。

所以这事儿不大，人家道了歉事儿也就结了。后来几个月之后跟老马聊天又谈到这个事儿，老马张嘴就是R教授是好人啊。莞尔。

=====

讲正事儿。7月21日好友转给我一篇公众号上的文章《[连载1]: 学术期刊的学术不端, 你见过吗? 》, 这是一个系列, 总共有四篇, 汇总在《从业超过10年, 未见过如此厚颜无耻之人》。写这个系列文章的作者Y同学, 个人网站上显示目前在香港大学博士在读, 主要研究方向是流感病毒的进化。这个系列的文章, 讲的事情是Y同学在2010年以共同第一作者身份在咱生信的权威期刊Bioinformatics上发表了一篇论文, 整合了当时已有的衡量GO注释条目语义学相似度的多种算法, 用R语言设计了一个开放源代码的软件包GOSemSim, 目前在Web ofScience里被引用178次, 是ESI“高被引论文”。Y同学的论文发表之后, 某一天发现有个工具ppiPre, 发表在2013年的BMC Systems Biology上, 通过融合GO注释的语义学相似性、信号通路相似性和网络拓扑相似性等多种特征建立了蛋白质-蛋白质相互作用预测的方法, 其中GO注释语义学相似性的代码使用的是GOSemSim, 既没有致谢也没有引用。问题在于, ppiPre文章的第一作者, 在论文发表之



薛宇

加为好友 给我留言
打个招呼 发送消息

扫一扫, 分享此博文

作者的精选博文 全部

- 黄金大米究竟转了几个基因?
- 科普的大锅谁来背?
- 转基因谁之过?
- 诺奖得主答《崔永元十问诺奖》
- 诺奖得主答《崔永元十问诺奖》

作者的其他最新博文 全部

- 黄金大米究竟转了几个基因?
- 科普的大锅谁来背?
- 转基因谁之过?
- 诺奖得主答《崔永元十问诺奖》
- 诺奖得主答《崔永元十问诺奖》

热门博文导读 全部

- 中国科学家造假泛滥吗?
- 这么多年的酵素你都白吃了...
- 揭秘转基因三文鱼背后的故事
- 韩春雨论文撤稿 国际出版专...
- 信仰, 万千农民进教堂!

前还专门向Y同学请教过问题，所以无论如何，即使没有引用，最起码也应该是要有致谢的。所以Y同学写信给*BMC Systems Biology*的编辑，说这是抄袭要求处理。Y同学的本意是希望制止这种行为，编辑部应该对这件事情进行处罚，理想的结果是撤稿。但后来*BMC Systems Biology*只出了一个勘误，作者致歉并注明引用，了事。所以Y同学认为期刊主编们这是在包庇抄袭，*BMC Systems Biology*学术不端。中间的一个插曲是，Y同学后来发现ppiPre的作者2015年在*PLOS ONE*上发表的另一篇文章中的工具HPOSim，其代码与哈尔滨医科大学某研究组发表的DOSim相似，并且DOSim与之前德国学者设计的GOSim代码也相似，因此这属于恶意抄袭。这里面有两件事情需要讨论，第一，*BMC Systems Biology*有没有学术不端？第二，HPOSim、DOSim和GOSim代码相似是否属于抄袭？

先说第一个问题：*BMC Systems Biology*没有学术不端。再说一遍，科学研究中100%不出错是不可能的，有错也分无意和恶意，不能一概而论。例如上面说到的R教授，用了我的东西既不引用也不致谢，如果作者是故意的，那就是学术不端了，但作者很诚恳地道了歉说这是无意的，所以撑死了也就是学术不够规范，当然无论哪种情况，如果我要求加Erratum那也是合理的。此外，2013年*Nature Biotechnology*上发表了两篇利用网络方法推断分子之间直接相互作用的论文，这两篇文章都存在学术不规范的地方，其中Barabási组用的方法，之前有爱尔兰的学者在*PNAS*发过，但没有引用也没有致谢，所以作者写信给NBT抗议，Barabási以Response to Letter of Correspondence的形式很直接就承认了未有引用的过失；Kellis组则是论文接收后上线与正式出版的内容，其补充材料里两个版本有数据不一致，有篡改数据的嫌疑，并且被人发现之后还不承认错误，但即使是这样也够不上撤稿，所以是以勘误（Corrigendum）来纠正错误。

那么ppiPre究竟属于哪种情况？答：正式的名称叫“重用他人代码没有致谢”（Unacknowledged reuse of other code），属于比较常见的学术不规范行为。生信的工具，代码有两种，一种是不开放源代码，另一种是开放源代码。不开放源代码的工具，一般工具开发完都会顺手申请软件著作权进行保护，这样没有作者的授权，你是无论什么时候都不可以使用里面的代码，不然这就不是学术的问题了，人家会请律师告你。另一种开源软件，代码允许他人重用，但也不是想怎么用就怎么用，要遵守一定的规范，例如要符合GPL等协议。那么究竟该怎样用他人的开源代码才符合学术规范？这里我举两个例子。有德国学者使用了GOSemSim的代码设计了预测蛋白质相互作用的工具IntScore，发表在2012年的*核酸研究*上，作者专门写了一节来介绍GO的语义学相似性并且标明引用，所以这篇文章符合学术规范，没有问题。我们再看看DOSim，这篇文章里注明了GO注释的分析使用的是GOSim并且加了引用，所以也没有问题。

讲到这可能您就有疑问了，难道加个引用别人的代码就可以直接拿来用？答：必须的，但仅限开源代码。因为开源代码就是鼓励他人共享、重用、改进和完善已有代码，并且基于开源代码设计的工具对他人也必须得是开源的。所以，要使用别人的代码，首先要看清楚代码是开源还是不开源的；其次是用开了源代码，论文中要引用，致谢里最好要有体现，如果还不放心，最好在代码里加注释，把别人的代码标注出来。当然如果还不放心的话，可以再给作者写封信问代码能不能用以及怎么用。当然如果还是不放心的话，最好是论文接收之后proof之前再给作者写封信问这么引用是否合适。安全第一，学术规范我们得遵守，即使是无心之过也应当尽力避免。

*BMC Systems Biology*对ppiPre的认定就是“重用他人代码没有致谢”，这个认定是准确的，处理方式就是作者需要道歉，补发一个Erratum来说明情况并且加上引用。这个不光是*BMC Systems Biology*会这么做，其他杂志也会是一样的处理。学术期刊上的论文，并不是我们想发就可以发，发表后想撤也不是那么容易就可以撤的，即使是作者要求撤稿，编辑们也得仔细衡量，该怎么处理会怎么处理。

这样第二个问题就很容易回答了：**HPOSim、DOSim和GOSim**代码相似不属于抄袭。其中DOSim在方法学部分引用了GOSim的文章，所以符合学术规范，没有任何问题。而HPOSim只是在介绍部分引用DOSim和GOSim，方法学部分没有说明也没有致谢，因此仍然属于“重用他人代码没有致谢”。

最后，这个系列文章里讲的事情，事实上从一开始的处理就不合适。处理学术研究中的各种问题和纠纷，这里面要讲个方式方法。第一，GOSemSim这篇文章，除了Y同学以外还有一位共同第一作者，并且还有两位共同通讯作者，所以一般得先向通讯作者汇报，最后由通讯作者代表所有的作者写信给对方或者编辑部。为什么要这样？这是因为论文发表，杂志社都会要求通讯作者签署版权或者协议（Copyright or license），这样以后出现与这篇文章相关的问题，通讯作者有责任也有义务来解决。第二，一般通讯作者会更有经验，对问题把握会更准确，出手也会比较注意尺度和力度，这样编辑看了会觉得有说服力，而且通讯作者一般也大致会对处置的结果有比较准确的预判。例如，用了我的东西没有引用也没有致谢，不管是我学生还是我发现的，最后都是我去写信批评人家。比方说我给R教授写信，就只是问有没有用我的工具。都是聪明人，话不需要说的那么透，点到为止就得了。那您要问，如果人家不回信或者耍赖说没用呢？很简单，三天不回信我会立马写信杂志社，说作者用了我的东西并且刻意没有引用也没有致谢，态度极其恶劣建议撤稿，并且把我三天前发的信抄给编辑作为证据。当然即使是这样，编辑也不可能撤稿，不过会逼着作者老老实实道歉发

Erratum。可惜的是，这么多年来，我从来没有碰到这种情况，几乎发信过去24小时内必然收到道歉。第三，Y同学写信给编辑部之后，编辑部必然要给ppiPre的作者写信要求解释。收到编辑部的来信，正确的处理方式，应该是由ppiPre论文的通讯作者写信给GOSemSim的两位通讯作者，首先要道歉，承认有错误，学术不够规范；其次是请求对方的谅解，并询问应该如何处理。HPOSim的处理方式与此同。所以这件事情，无论如何论文的通讯作者之间都需要有充分的沟通和商讨。显然，之前这个环节处理的不够好，所以后面才会整出来这么多事情。

最后，学术研究中碰到的问题，应该有合理的解决方法。科学家应当自律，我们做研究一定要严谨，失误虽然不能避免，但有错就应该及时道歉和纠正。

相关专题：[学术不端](#)

转载本文请联系原作者获取授权，同时请注明本文来自薛宇科学网博客。

链接地址：<http://blog.sciencenet.cn/blog-404304-1069933.html>

上一篇：[黄金大米究竟转了几个基因？](#)

[更多](#)

[举报](#)

[分享](#)

[收藏](#)

当前推荐数：**17** 推荐人：[古槿](#) [吴耿](#) [栗茂腾](#) [沈律](#) [许海](#) [邱越](#) [丁广进](#) [王春艳](#) [曾杰](#) [孟佳](#) [岳东晓](#) [蔡小宁](#) [李由](#) [zhjq2016](#) [dachong99](#) [biofans](#) [xlsd](#)

[推荐到博客首页](#)

评论 (14 个评论)

该博文允许注册用户评论 [请点击登录](#)



[14] [马省伟](#) 2017-8-7 19:32

贴一下作者对本文的回应<http://mp.weixin.qq.com/s/RhR-UI6ohQsr0DYhHWLkg>



[13] [彭晓宁](#) 2017-8-7 17:21

薛老师这篇文章不错，赞一个！

韩春雨的实验 真相如何？楼主有空点评点评，谢~~



[12] [李由](#) 2017-8-7 16:22

外行的我居然仔细读完了？

我们学术上的某些问题，好像已经不只是学术研究上是否严谨、规范的技术性问题，而是故意、恶意违反学术规范，违反学术之外的法律规范，损人利己，损公肥私，甚至明目张胆、死不悔改了。

我们以全世界最多的人口基数，相当大的科研人员数量和科研投入，60多年的时间，但科研上的成果、创新或效率并不高，废品相当多，产生这种系统性、长期性问题的原因何在？



[11] [liangzx](#) 2017-8-7 16:00

写得很好。受益了。👍👍



[10] [马省伟](#) 2017-8-7 14:38

终于出来了



[9] [岳东晓](#) 2017-8-7 13:21

确实如此。论文用他人成果而不注明，试图据为己有，发在未流刊物上可能还不被察觉。



[8] [曾杰](#) 2017-8-7 12:34

总之，国内学术与国际接轨，仍然没有深入到实质的层面，形式（比如期刊因子）大于内容（是否得到了验证），而且，宗教、政治和文学类的语言因素，时常与科学、学术评价的混杂，比如，“大师”、“诺贝尔级”等，与功利主义和商业的广告文化等背景有一定关系。



[7] [xlsd](#) 2017-8-7 12:24

“做研究一定要严谨”👍



[6]曾杰 2017-8-7 12:21

“2013年Nature Biotechnology上发表了两篇利用网络方法推断分子之间直接相互作用的论文，这两篇文章都存在学术不规范的地方，其中Barabási组用的方法，之前有爱尔兰的学者在PNAS发过，但没有引用也没有致谢，所以作者写信给NBT抗议，Barabási以Response to Letter of Correspondence的形式很直接就承认了未有引用的过失”👍

- 但是，这类现象常常容易发生，Barabási的这个存在直接关系，但很多情况下存在的是非直接关系 - 比如，在Barabási之前生物系统的网络拓扑学分析等，这个文献引用的详尽难度比较大；因而，一般来说科学-技术的规范就是以A) 时间的优先权才确定，引用与致谢等则多属于B) 期刊出版的规范。
也就是A与B存在区别 - 但在国内的情况是，过于强调B)，尤其欠缺考察A对一个领域发展的后续影响，即学术贡献，以A预测诺奖，往往就不如以B预测的准确。

[5]吴耿 2017-8-7 12:13

重出江湖

[4]dachong99 2017-8-7 12:10

好! 好! 好!

[3]王春艳 2017-8-7 12:02

好认真啊，就此看来我的确从各个方面是自愧不如啦。

[2]丁广进 2017-8-7 11:59

蛰伏了整整一年，这是要重出江湖啊 😊

[1]沈律 2017-8-7 11:35

<http://blog.sciencenet.cn/blog-38450-1067806.html> 👍

1/1 | 总计:14 | 首页 | 上一页 | 下一页 | 末页 | 跳转

[返回顶部](#)