

# مطالعه‌ی علم‌سنجی و ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری مقالات ۲۰ نشریه‌ی برتر حوزه‌ی ژنتیک و وراثت\*

سیدحسین میرجلیلی<sup>۱</sup>، فریده عصاره<sup>۲</sup>

## چکیده

**مقدمه:** بررسی کمی تولیدات علمی، سیاست‌گذاری علمی، ارتباطات علمی دانش پژوهان، ردیابی انتشار اندیشه‌ها، ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری وغیره، برخی از موضوعات حوزه‌ی علم‌سنجی است. هدف از پژوهش حاضر مطالعه‌ی علم‌سنجی و ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری مقالات ۲۰ عنوان نشریه‌ی برتر حوزه‌ی ژنتیک و وراثت در سال‌های ۲۰۰۸-۲۰۰۰ بوده است.

**روش بررسی:** پژوهش حاضر از نوع تحقیقات علم‌سنجی بود که با استفاده از روش پیمایشی و تحلیل استنادی انجام شد. در این تحقیق، ۲۸۱۳ عنوان مقاله از ۲۰ عنوان نشریه‌ی حوزه‌ی ژنتیک و وراثت با ضریب تأثیر ۵ سال گذشته حداقل برابر با ۵ که طی سال‌های ۲۰۰۸-۲۰۰۰ منتشر شده‌اند، بررسی شدند. ابزار گردآوری داده‌ها، سیستم جست‌وجوی Web of Science بود و تحلیل داده‌ها و ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری با نرم‌افزار HistCite<sup>TM</sup> انجام شد.

**یافته‌ها:** تمامی مقالات منتشر شده به غیر از ۲ عنوان به زبان انگلیسی بودند. ایالات متحده‌ی آمریکا در تولید ۵۶/۷ درصد مقالات نقش داشت و بریتانیا، آلمان، فرانسه و ژاپن با فاصله‌ی زیاد در مرتبه‌ی دوم تا پنجم قرار داشتند. دانشگاه Harvard با ۱۱۲۱ مقاله فعال‌ترین سازمان در این حوزه بود. در مجموع، ۲۵ سازمان از ۳۰ سازمان نخست، از کشور ایالات متحده‌ی آمریکا بودند. همچنین ۶۳/۵ درصد از استنادات مربوط به مقالاتی بوده است که حداقل یک نویسنده‌ی آن از این کشور بود. مقالات مورد بررسی ۱۱۲۴۵۱۱ استناد در سطح جهانی دریافت کرده‌اند؛ اما فقط ۷/۲۷ درصد آن مربوط به این ۲۰ نشریه بوده است. همکاری بین نویسندگان در حال افزایش بود و میانگین تعداد نویسندگان مقالات از ۶/۰۳ نفر در سال ۲۰۰۰ به ۸/۰۵ نفر در سال ۲۰۰۸ رسید. ترسیم نقشه‌ی علم نگاری بر اساس ۱۴۴ مقاله‌ی برتر این حوزه نشان داد که ۴ خوشه‌ی مهم در طول سال‌های ۲۰۰۸-۲۰۰۰ شکل گرفت، که ۲ خوشه‌ی آن در حوزه‌ی تنوع ژنتیک انسانی و حوزه‌های تخصصی آن و ۲ خوشه‌ی دیگر در حوزه‌ی بیوانفورماتیک، و کاربرد روش‌های آماری جدید در تحلیل داده‌های این حوزه بود.

**نتیجه‌گیری:** همکاری بین نویسندگان این حوزه بالا و در حال افزایش بود. دانشمندان حوزه‌ی ژنتیک در تحقیقات خود دامنه‌ی وسیعی از متون علمی را بررسی می‌کنند و اتکای زیادی به آثار قدیمی‌تر دارند. همچنین موضوع بیوانفورماتیک و روش‌های آماری دارای جایگاه بالایی در تحقیقات این حوزه است.

**واژه‌های کلیدی:** نشریات ادواری؛ پایگاه‌های اطلاعاتی؛ ژنتیک؛ وراثت؛ استناد.

## نوع مقاله: تحقیقی

دریافت مقاله: ۱۹/۳/۱۶

اصلاح نهایی: ۱۹/۱۱/۱۹

پذیرش مقاله: ۱۹/۱۲/۱

**ارجاع:** میرجلیلی سیدحسین، عصاره فریده. مطالعه‌ی علم‌سنجی و ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری مقالات ۲۰ نشریه‌ی برتر حوزه‌ی ژنتیک و وراثت در سال‌های ۲۰۰۸-۲۰۰۰. مدیریت اطلاعات سلامت ۱۳۹۱؛ ۹ (۱): ۷۵-۸۹.

## مقدمه

\* این مقاله حاصل تحقیق مستقلی است که بدون حمایت مالی سازمانی انجام شده است.

۱. مربی، کتابداری و اطلاع‌رسانی، دانشگاه یزد، یزد، ایران ودانشجوی دکتری، کتابداری و اطلاع‌رسانی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران.
۲. استاد، کتابداری و اطلاع‌رسانی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران. (نویسنده‌ی مسؤل)

مقالات منتشر شده در مجلات علمی کانال اصلی و رسمی ارتباطی در علوم مختلف و علم‌سنجی یکی از متداول‌ترین روش‌های ارزیابی فعالیت‌های علمی و مدیریت پژوهش است.

Email: osareh.f@gmail.com

تنگتنگ با بیوشیمی، آمار، کشاورزی و پزشکی؛ نیاز دانشمندان ژنتیک به تأمل در دامنه‌ی وسیعی از متون علمی، اتکای زیاد جنبه‌های مختلف علم ژنتیک به آثار قدیمی‌تر در زمانی که توسعه‌ی انقلابی در بسیاری از علوم وجود داشت و همچنین حساسیت متخصصان ژنتیک به توسعه‌ی تاریخی مفاهیم رشته‌ی خود و انجام این مسؤولیت با ذکر استنادات، دلایلی بود که مؤسسه‌ی اطلاعات علمی برای تولید پایگاه‌های استنادی، حوزه‌ی ژنتیک را به صورت آزمایشی انتخاب کرد (۷). ویژگی‌های فوق و اهمیت موضوع ژنتیک و وراثت و گستره‌ی آن باعث شده است که محققان و تولیدات علمی این حوزه، همواره مورد توجه پژوهشگران حوزه‌ی علم‌سنجی باشند.

McCain (۸-۹)، Pudovkin و Garfield (۱۰) و نیز Lo (۱۱) به ترتیب محققین حوزه‌ی ژنتیک، نشریات حوزه‌ی ژنتیک و وراثت و ثبت اختراعات این حوزه را مورد تحقیق و بررسی قرار دادند. Zsindely اصطلاح «شجره شناسی» (Genealogy) و واژه‌های وابسته به آن را در عنوان، کلید واژه و چکیده‌ی مجلات علمی در سال‌های ۲۰۰۶-۱۹۷۵ از طریق WOS جست‌وجو کرد. نتایج نشان داد که از سال ۱۹۹۱ به بعد، تعداد مقالات شجره شناسی کاربردی به صورت چشم‌گیری افزایش یافته است، در حالی که شجره شناسی محض رشد چندانی نداشته است. همچنین علوم پزشکی و ژنتیک بیشترین بهره را از شجره شناسی انسانی برده‌اند و بیش از ۴۰ درصد مقالات حوزه‌ی پزشکی که با روش فوق بازیابی شده‌اند درباره‌ی عصب شناسی و تومورشناسی بوده‌اند (۱۲).

در ارتباط با به کارگیری نرم‌افزار HistCite™ در ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری تولیدات علمی، Lucio-Arias و Leydesdroff دو اصطلاح \*fullerene\* و \*nanotube\* را در عنوان مدارک نمایه شده در پایگاه WOS مورد جست‌وجو قرار دادند و به ترتیب ۷۹۹۶ و ۹۶۷۲ مدرک بازیابی کردند. سپس ۳۰ مدرک پراستناد از هر گروه و روابط درونی آن‌ها را شناسایی و با نرم‌افزار HistCite™ به تصویر کشیدند. آن‌ها در مقاله‌ی خود سعی کرده‌اند با به کارگیری نظریه‌های اطلاعاتی و تحلیل شبکه‌های اجتماعی، به نتایج

بررسی کمی تولیدات علمی، سیاست‌گذاری علمی، ارتباطات علمی دانش پژوهان، طرح نقشه‌ی معرفت‌شناختی و علمی حوزه‌های مختلف دانش، ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری علم و غیره، برخی از موضوعات این حوزه‌اند (۱). افزایش استفاده از مصورسازی‌های پیچیده شاید مهم‌ترین پیشرفت و توسعه در ارتباط کتابشناختی است، که منجر به ایجاد رشته‌ی مصورسازی حوزه‌ی دانش در درون حوزه‌ی تحقیقاتی مصورسازی اطلاعات شده است.

در گذشته برای تحلیل روابط کتابشناختی، دیاگرام‌های ساده از استنادات بین نویسندگان، نشریات و مقالات به صورت دستی طراحی می‌شد، اما امروزه محققان نرم‌افزارهایی را توسعه داده‌اند که به صورت خودکار این روند را انجام می‌دهند. به عنوان مثال نرم‌افزار HistCite™ تولید شده توسط Garfield استنادات بین مجموعه‌ای از مقالات را بر اساس دوره‌ی زمانی به تصویر می‌کشد (۲). این نرم‌افزار، امکانات و تسهیلات فهم پارادیم‌ها را از طریق شناسایی مهم‌ترین آثار یک حوزه‌ی موضوعی در اختیار محققان می‌گذارد، ضمن اینکه امکان تهیه‌ی هم‌زمان تصاویر و نمایش آن‌ها را بر اساس تقدم پیوندهای استنادی بین آن‌ها فراهم می‌سازد (۳). ورودی این نرم‌افزار، رکوردهای کتابشناختی به همراه استنادات آن‌ها است، که از پایگاه Web of Science (WOS) یا منابع دیگر استخراج می‌شود. خروجی آن، جداول یا تصاویری همراه با شاخص‌های اطلاع‌سنجی برای داده‌های تحت مطالعه است (۴-۵). از طریق HistCite™ امکان مصور نمودن مرتبط‌ترین متون از بین مجموعه‌ای از مدارک بازیابی شده از پایگاه‌های استنادی وجود دارد. با استفاده از این نرم‌افزار، مدل تاریخی توسعه‌ی علوم به ترتیب تقدم تاریخی و به همان صورتی که در شبکه‌های روابط استنادی متون علمی توسعه پیدا کرده‌اند، نمایش داده می‌شود (۶).

از حدود یک قرن پیش، علم ژنتیک انقلابی در حوزه‌ی زیست‌شناسی به وجود آورده است و با توجه به اهمیتی که در زندگی بشری دارد، مورد توجه جدی محققان و پژوهشگران بوده است. ویژگی‌هایی نظیر بین رشته‌ای بودن، ارتباط

کشورمان بتوانند از وضعیت چاپ مقاله در این نشریات اطلاع بیشتری به دست آورند و مقالات خود را در نشریات با ضریب تأثیر بالا منتشر کنند.

### روش بررسی

پژوهش حاضر از نوع تحقیقات علم‌سنجی است که با استفاده از روش پیمایشی و تحلیل استنادی انجام شده است. ابزار گردآوری داده‌ها، پایگاه WOS و ابزار تحلیل داده‌ها نرم‌افزار HistCite<sup>TM</sup> است که تحلیل‌های آماری آن مبتنی بر آمار توصیفی است.

ابتدا ۲۰ عنوان نشریه‌ی حوزه ژنتیک و وراثت که ضریب تأثیر ۵ سال گذشته‌ی آن‌ها حداقل برابر با ۵ بوده است، بر اساس گزارش استنادی نشریات (JCR) یا (Journal citation reports) پایگاه تامپسون علمی معروف ISI انتخاب شد. سپس از طریق پایگاه WOS عناوین هر یک از نشریات با در نظر گرفتن محدوده‌ی زمانی ۲۰۰۸-۲۰۰۰ جست‌وجو و کلیه‌ی پیشینه‌های آن‌ها بازیابی شد. آن‌گاه از طریق تحلیل‌گر WOS پیشینه‌های بازیابی شده به قالب «مقاله» محدود شد. با این راهبرد، پیشینه‌ها به ۲۸۸۱۳ مقاله کاهش یافت. به عبارتی، سایر قالب‌ها نظیر گزارش‌ها، نامه‌های سردبیر، نقد کتاب، مقالات مروری و ... مورد بررسی قرار نگرفتند. زیرا به طور معمول، دانش علمی تأیید شده به صورت مقاله‌ی نشریات ثبت و بایگانی می‌شود و مقالات، معتبرترین و رایج‌ترین ابزار ثبت اطلاعات علمی و بهترین ابزار برای فعالیت‌های علم‌سنجی و منبع اصلی برای مطالعه‌ی ساختار علم و تغییر در متون علمی، همکاری فکری، اجتماعی و یا ساختار شناختی پژوهشگران است (۱۰).

با وجود اینکه الگوریتم تاریخ نگاری، بر اساس پراستنادترین آثار در بین مجموعه‌ای از مدارک و ارتباط استنادی بین آن‌ها است (۱۵)، ولی مقالات مروری در این تحقیق، مورد بررسی قرار نگرفت. زیرا مقالات مروری با توجه به ماهیت آن‌ها که تحقیقات گذشته را بررسی و مرور می‌کنند، در پیشینه‌ی تحقیقات جدید مورد استفاده قرار می‌گیرند و در

تاریخ نگاری علم از طریق نرم‌افزار HistCite<sup>TM</sup> اعتبار بیشتری ببخشند (۶).

پشتوتنی‌زاده و عصاره تولیدات علمی حوزه‌ی کشاورزی نمایه شده در پایگاه WOS در سال‌های ۲۰۰۸-۲۰۰۰ را مورد بررسی قرار دادند. یافته‌ها بیانگر این بود که ۲۲۶۱۷ پیشینه به ۲۵ زبان زنده‌ی دنیا و با همکاری ۱۷۳ کشور و ۱۴۸۵۲ مؤسسه تولید و در ۳۲۵۶ نشریه منتشر شده‌اند. کشورهای ایالات متحده‌ی آمریکا، انگلیس، کانادا، آلمان و استرالیا بیشترین تولید را در این حوزه داشته‌اند. ۹۴/۶ درصد مدارک به زبان انگلیسی بودند و زبان‌های آلمانی و فرانسه در مرتبه‌های بعدی قرار داشتند. ترسیم ساختار علم این حوزه، با استفاده از نرم‌افزار HistCite<sup>TM</sup> نشان داد که تغییرات زیست محیطی و تنوع بیولوژیکی در سیستم، یکی از مسایل مهم این حوزه است (۱۳).

حمیدی و همکاران تولیدات علمی حوزه‌های کتاب‌سنجی، علم‌سنجی، اطلاع‌سنجی و وب‌سنجی بازیابی شده از پایگاه WOS طی سال‌های ۲۰۰۵-۱۹۹۰ را با تحلیل‌گر WOS و HistCite<sup>TM</sup> مورد تحلیل قرار دادند. نتایج نشان داد که از نظر تعداد مقالات کشورهای ایالات متحده‌ی آمریکا، انگلستان، آلمان و هلند به ترتیب در رتبه‌های اول تا چهارم قرار داشتند و ۱۶/۱ درصد از مؤسسات، تولیدکننده‌ی بخش عمده‌ای از تولیدات علمی این حوزه بوده‌اند. ۹۱/۲۶ درصد پیشینه‌ها به زبان انگلیسی و بیش از ۵۰ درصد مدارک در ۶ عنوان نشریه منتشر شده‌اند. بیشترین مقالات منتشر شده‌ی این حوزه مربوط به سال‌های ۲۰۰۴ و ۲۰۰۵ و پیدایش حوزه‌ی وب‌سنجی در سال ۱۹۹۷ از جمله نتایج جالب توجه این پژوهش بوده است (۱۴).

در تحقیق حاضر در نظر بوده است مقالات ۲۰ عنوان نشریه با ضریب تأثیر بالا در حوزه‌ی ژنتیک و وراثت با استفاده از قابلیت‌های نرم‌افزار HistCite<sup>TM</sup> بررسی و تحلیل شوند و نقشه‌ی تاریخ نگاری این حوزه ترسیم شود. همچنین با شناسایی کشورها، سازمان‌ها، مؤسسات، حوزه‌های موضوعی مهم، وضعیت همکاری نویسندگان مقالات و مشخص شدن جایگاه کشور ایران در چاپ مقاله در این نشریات، پژوهشگران

بازیابی شده زیاد نیست. به بیان دیگر، مقالات ۲۰ نشریه‌ی انتخاب شده، اغلب توسط پژوهشگرانی که مقالات آن‌ها در سایر نشریات چاپ می‌شود، مورد استناد قرار می‌گیرد.

جدول ۱ عناوین ۲۰ نشریه‌ی مورد بررسی، تعداد پیشینه‌ها، وضعیت استنادات محلی و جهانی و میانگین تعداد نویسندگان مقالات آن‌ها را نشان می‌دهد. نشریه‌ی ردیف ۱ جدول که به شکل هفته‌نامه منتشر می‌شود، دارای بیشترین تعداد مقاله است، ولی از نظر LCS در رتبه‌ی سوم و از نظر GCS در رتبه‌ی دوم قرار گرفته است. مقایسه‌ی ستون LCS و GCS نشان می‌دهد که درصد کمی از مجموع استنادات این نشریات، به مقالات جامعه‌ی پژوهش بوده است. میانگین LCS نشریات نشان می‌دهد، فقط به ۳ مقالات ۳ نشریه‌ی «American journal of human genetics»، «Nature genetics» و «Genome research» به طور میانگین بیش از ۵ بار توسط مقالات تحت بررسی استناد شده است. نشریه‌ی «Nature genetics» با بالاترین ضریب تأثیر (۲۶/۴۴۶)، با ۱۸۴۴ مقاله در مرتبه‌ی هفتم از نظر تعداد مقالات قرار گرفته است. هر مقاله‌ی این نشریه در مجموعه‌ی تحت بررسی به طور میانگین ۷/۸۱ و در کل پایگاه WOS ۱۱۵/۲ دفعه مورد استفاده قرار گرفته است. نمره‌ی استنادات محلی نشریه‌ی «Genome biology» در این مجموعه صفر است. چنانچه از نام آن نیز پیدا است، به دلیل تفاوت حوزه‌ی موضوعی آن، با ۸۴۶ مقاله در این مجموعه، به مقالات سایر نشریات استناد نکرده و خوداستنادی هم نداشته است. نشریات انتهایی جدول که دارای مقالات اندکی هستند، بیشتر دارای مقالات مروری و سایر قالب‌ها بوده‌اند که از مجموعه حذف شده‌اند. به عنوان مثال، نشریه‌ی «Nature reviews genetics» با ضریب تأثیر ۵ سال گذشته برابر با ۲۲/۳۸، در جست‌وجوی اولیه دارای ۱۷۳۰ رکورد بود، ولی پس از محدود کردن نتایج به قالب مقاله، فقط ۴ پیشینه برای آن باقی ماند.

یکی از کاربردهای علم‌سنجی تعیین میزان همکاری نویسندگان است. کار گروهی در حوزه‌ی ژنتیک قابل توجه، و متوسط نویسندگان هر مقاله ۶/۹۲ نفر بود. ستون میانگین تعداد

نتیجه دارای استنادهای بالایی هستند، در حالی که تحقیقات یافته‌های جدید را در بر ندارند؛ ولی طبق برآوردهای انجام شده حدود ۳ برابر مقالات بنیادی استناد می‌گیرند (۱).

برای ورود داده‌ها به نرم‌افزار HistCite™ ابتدا رکوردهای علامت دار شده در پایگاه WOS به همراه استنادات آن‌ها به قالب TXT، در دسته‌های ۵۰۰ تایی ذخیره و به نرم‌افزار HistCite™ وارد شدند. سپس تحلیل‌های لازم انجام و نقشه‌ی علمی بر اساس پراستنادترین مقالات ترسیم شد. در این نرم‌افزار، امکان ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری بر اساس دو شاخص «نمره‌ی استنادات محلی» (LCS یا Local citation score) و «نمره‌ی استنادات جهانی» (GCS یا Global citation score) وجود دارد. علامت اختصاری به کار رفته در نرم‌افزار HistCite™ و نشان دهنده‌ی تعداد استنادات به یک مدرک، نویسنده، مؤسسه، نشریه و ... از میان مجموعه مدارک وارد شده به نرم‌افزار و GCS تعداد دفعاتی است که یک مدرک، یک نویسنده، مؤسسه، نشریه و ... توسط کل مدارک موجود در پایگاه‌های WOS مورد استناد قرار گرفته است و شامل LCS نیز می‌شود.

#### یافته‌ها

از مجموع ۲۸۸۱۳ مقاله‌ی مورد بررسی، دو عنوان آن به زبان رومانیایی و ولز و بقیه به زبان انگلیسی بود. این مقالات در مجموع دارای ۱۱۲۴۵۱۱ استناد جهانی بودند که از این تعداد، فقط ۸۱۸۰۷ (۷/۲۷ درصد) استناد آن محلی و مربوط به استنادات مجموع مقالات ۲۰ نشریه‌ی مورد بررسی بود. میانگین تعداد فهرست منابع هر مقاله، ۴۵/۴۴ پیشینه بود. میانگین استنادات جهانی مجموع مقالات، ۳۹/۰۳ و میانگین استنادات محلی آن‌ها ۲/۸۴ بود.

اطلاعات فوق نشان می‌دهد که محققینی که مقالات خود را در نشریات با ضریب تأثیر بالای حوزه‌ی ژنتیک و وراثت چاپ می‌کنند، دامنه‌ی وسیعی از نشریات و مدارک را مورد بررسی و استفاده قرار می‌دهند و خوداستنادی نشریات در مجموعه‌ی

دیده می‌شود، ولی از سال ۲۰۰۶ پیوسته دارای رشد بوده است. در مجموع، ۱۳۵ کشور در تولید مقالات مورد بررسی نقش داشته‌اند. ایالات متحدهی آمریکا با ۱۶۳۴۹ مقاله، ۵۶/۷ درصد مقالات جامعهی پژوهش را منتشر کرده است. کشورهای بریتانیا، آلمان، فرانسه و ژاپن به ترتیب در مرتبهی دوم تا پنجم قرار گرفتند. مقالات کشور ایالات متحدهی آمریکا بیش از ۳/۷ برابر بریتانیا، ۵/۴۸ برابر آلمان و ۶/۱۴ برابر فرانسه یعنی سه کشور مهم اروپایی بود. کشور ژاپن از آسیا در مرتبهی پنجم و بالاتر از سایر کشورهای اروپایی و کانادا قرار گرفت.

نویسندگان همکار هر نشریه در جدول ۱ نشان می‌دهد، نویسندگان حوزهی ژنتیک همکاری به نسبت بالایی دارند. میانگین تعداد نویسندگان ۱۰ عنوان از نشریات مورد بررسی، بیش از ۵ نفر بود و نشریهی «Nature genetics» با میانگین ۱۲/۳۷ نفر در مرتبهی نخست قرار گرفت.

نتایج نشان می‌دهد همکاری بین محققان این حوزه از سال ۲۰۰۰ تا ۲۰۰۸ رو به افزایش بوده و از میانگین ۶/۰۳ نفر در سال ۲۰۰۰ به ۸/۰۵ نفر در سال ۲۰۰۸ رسیده است. اگر چه در سال ۲۰۰۲ و ۲۰۰۵ کاهش بسیار اندکی نسبت به سال‌های قبل

جدول ۱: عناوین ۲۰ عنوان نشریه با ضریب تأثیر حداقل ۵ در حوزهی ژنتیک و وراثت

رتبه	عنوان نشریه	IF ۵ ساله	تعداد پیشینه	LCS	میانگین LCS	GCS	میانگین GCS	میانگین تعداد نویسندگان
۱	Oncogene	۶/۷۲۹	۶۹۳۱	۱۰۴۳۵	۱/۵	۱۸۵۳۰۵	۲۶/۷	۶/۵۰
۲	Human molecular genetics	۷/۵۹۳	۲۸۷۸	۸۸۵۷	۳/۰۷	۱۰۹۷۸۵	۳۸/۱	۸/۵۲
۳	Genes & development	۱۴/۴۲۸	۲۲۹۷	۷۶۵۶	۳/۳۳	۱۵۳۴۵۵	۶۶/۸	۵/۵۹
۴	American journal of humangenetics	۱۱/۳۰۶	۲۱۹۲	۱۱۱۰۹	۵/۰۶	۱۲۲۸۲۹	۵۶	۱۰/۶۸
۵	Molecular biology and evolution	۶/۸۴۶	۲۰۴۹	۶۶۵۱	۳/۲۴	۶۰۳۶۸	۲۹/۵	۳/۸۵
۶	Evolution	۵/۴۲۷	۲۰۰۶	۳۸۶۱	۱/۹۲	۴۷۶۴۷	۲۳/۷	۲/۸۴
۷	Nature genetics	۲۶/۴۴۶	۱۸۴۴	۱۴۴۱۴	۷/۸۱	۲۱۲۵۳۶	۱۱۵/۲	۱۲/۳۷
۸	Genome research	۹/۶۷۸	۱۸۱۴	۹۹۹۶	۵/۵۱	۸۶۸۷۵	۴۷/۸	۷/۷۴
۹	Molecular therapy	۵/۴۶۳	۱۷۳۹	۳۰۱۹	۱/۷۳	۴۰۲۰۷	۲۳/۱	۷/۱۳
۱۰	Human mutation	۷/۰۰۲	۱۰۴۵	۱۸۵۵	۱/۷۷	۲۱۶۷۸	۱۱/۷	۸/۵۲
۱۱	Genome biology	۷/۸۱۲	۸۴۶	۰	۰	۲۰۱۴۰	۲۳/۸۱	۶/۵۲
۱۲	DNA repair	۵/۰۰۷	۷۷۰	۷۷۸	۱/۰۱	۸۸۳۹	۱۱/۴۸	۴/۸۶
۱۳	PLOS genetics	۹/۲۰۶	۷۳۵	۱۵	۰/۰۲	۱۲۷۵۳	۱۷/۳۵	۷/۹۹
۱۴	Trends in genetics	۹/۱۲۸	۴۳۶	۱۴۵۱	۳/۳۳	۱۳۳۵۴	۳۰/۶۳	۲/۶۱
۱۵	Pharmacogenetics and genomics	۵/۳۲۹	۴۰۳	۱۶۸	۰/۴۲	۴۲۷۲	۱۰/۶	۸/۱۰
۱۶	Chromosoma	۵/۱۱۱	۳۵۰	۴۰۳	۱/۱۵	۴۹۶۴	۱۴/۱۸	۴/۶۲
۱۷	Current opinion in genetics & evelopment	۸/۵۷۸	۲۰۵	۸۶۳	۴/۲۱	۱۰۷۷۷	۵۲/۵۷	۱/۹۷
۱۸	Trends in ecology & evolution	۱۷/۱۸۸	۲۰۲	۱۸۵	۰/۹۲	۶۰۵۰	۲۹/۹۵	۲/۰۱
۱۹	Mutation research-reviews in mutation research	۶/۰۹۱	۶۷	۸۵	۱/۲۷	۲۴۷۰	۳۶/۸۷	۳/۳۱
۲۰	Nature reviews genetics	۲۲/۳۸۱	۴	۶	۱/۵۰	۲۰۷	۵۱/۵۷	۱/۷۵

۱۵۵۹۱ مقاله، در انتشار ۵۴ درصد مقالات نقش داشتند، این در حالی است که ۱۲۴۹۹ سازمان در این مجموعه هر یک دارای تنها ۱ مقاله بودند.

مقالات دانشگاه هاروارد به عنوان اولین سازمان از نظر تولید مقالات، به طور میانگین ۴/۸۶ بار در مجموعه‌ی بررسی شده و ۷۰/۱۹ دفعه توسط کلیه‌ی پیشینه‌های موجود در پایگاه WOS مورد استناد قرار گرفته‌اند. در بین ۵ سازمان اول از نظر تولید مقالات، دانشگاه واشنگتن به عنوان چهارمین سازمان پرتولید، از نظر استنادات محلی با میانگین ۶/۰۴ در مرتبه‌ی نخست و قبل از دانشگاه هاروارد و از نظر استنادات جهانی با میانگین ۶۸/۱ در مرتبه‌ی دوم و بعد از دانشگاه هاروارد قرار داشت. اما دانشگاه آکسفورد انگلستان که با تعداد مقالات کمتر در مرتبه‌ی هفتم جای گرفت، با میانگین استنادات محلی ۶/۶۵ دارای مقام اول و با میانگین استنادات جهانی ۶۹/۷۱ بعد از دانشگاه هاروارد در مرتبه‌ی دوم قرار گرفت. کمترین میانگین تعداد نویسندگان همکار مقالات ۵ سازمان نخست، مربوط به دانشگاه تگزاس با ۷/۶۴ نفر و بیشترین تعداد مربوط به مؤسسه‌ی ملی سرطان ایالات متحده‌ی آمریکا با ۹/۹۵ نفر بود که از میانگین تعداد نویسندگان کل مقالات (۶/۹۲ نفر) بیشتر بود.

تحلیل نویسندگان مقالات نشان می‌دهد که ۱۰۲۸۶۳ نویسنده در تولید مقالات نقش داشتند. از این تعداد، ۶۷۱۹۴ نفر آن‌ها در تولید فقط ۱ مقاله مشارکت داشتند. ۸۵ نویسنده با حداقل ۳۰ مقاله، در تولید ۲۷۸۵ مقاله یعنی نزدیک به ۱۰ درصد کل مقالات نقش داشتند.

یافته‌ها بیانگر این است که اکثریت نویسندگان پرتولید جامعه‌ی پژوهش از کشور ایالات متحده‌ی آمریکا بودند. اما پرتولیدترین نویسنده‌ی جامعه‌ی پژوهش Nakaumura Y با ۱۰۱ مقاله از کشور ژاپن بود. مقالات وی به طور میانگین در مجموعه‌ی تحت بررسی ۴/۲ و توسط پیشینه‌های موجود در پایگاه WOS به طور میانگین ۵۳/۴ دفعه مورد استناد قرار گرفته بود. اطلاعات مربوط به نویسندگان پرتولید نشان می‌دهد مقالات Daly MJ از کشور ایالات متحده‌ی آمریکا که با ۶۰

همانطور که گفته شد مجموع استنادات محلی و جهانی کل مقالات به ترتیب ۸۱۸۰۷ و ۱۱۲۴۵۱۱ استناد بود. مقایسه‌ی این آمار با LCS و GCS ایالات متحده‌ی آمریکا نشان می‌دهد مقالاتی که حداقل یکی از نویسندگان آمریکایی است، به ترتیب ۶۴/۲۶ و ۶۳/۵ درصد استنادات محلی و جهانی را به خود اختصاص داده‌اند. این ارقام نشان دهنده‌ی تأثیرگذاری مقالات آن کشور است. میانگین استنادات محلی و جهانی کشور ایالات متحده‌ی آمریکا به ترتیب ۳/۲۲ و ۴۲/۶۹ بود. بریتانیا با میانگین استنادات محلی ۳/۷۱ و میانگین استنادات جهانی ۴۶/۳۹ در بین ۵ کشور نخست از نظر تعداد مقاله، در مرتبه‌ی اول قرار گرفت. در بین پنج کشور نخست، میانگین تعداد نویسندگان مقالات ایالات متحده‌ی آمریکا با ۷/۰۷ نفر از همه کمتر و آلمان با میانگین ۹/۹۱ از همه بیشتر بود.

ایران با ۱۵ مقاله در مرتبه‌ی ۵۸ از بین ۱۳۵ کشور قرار داشت. ترکیه با ۱۲۸، عربستان سعودی با ۵۳، پاکستان با ۴۲، امارات متحده‌ی عربی با ۲۱ مقاله و مصر با ۱۸ مقاله بالاتر از ایران قرار داشتند. توزیع مقالات ایران مربوط به سال‌های ۲۰۰۰، ۲۰۰۱ و ۲۰۰۶ هر سال ۱ مقاله، سال ۲۰۰۵ با ۲ مقاله، سال ۲۰۰۷ با ۶ و سال ۲۰۰۸ با ۴ مقاله بود.

یافته‌های مربوط به سازمان‌های پرتولید حوزه‌ی ژنتیک و وراثت نشان می‌دهد که از ۳۰ سازمان برتر این حوزه، ۲۴ مرکز از ایالات متحده‌ی آمریکا است. دانشگاه هاروارد (با ۱۱۲۱ مقاله)، دانشگاه تگزاس (با ۸۲۳ مقاله)، مؤسسه‌ی ملی سرطان ایالات متحده‌ی آمریکا (با ۴۸۳ مقاله)، دانشگاه واشنگتن (با ۴۸۲ مقاله) و کالج پزشکی بایلور (با ۴۷۸ مقاله) به ترتیب در مرتبه‌ی اول تا پنجم قرار گرفتند. این پنج سازمان در حدود ۱۲ درصد کل مقالات را تولید کرده‌اند. دانشگاه آکسفورد انگلستان با ۴۶۴ مقاله، در مرتبه‌ی ۷، دانشگاه توکیو ژاپن با ۳۸۴ مقاله در رتبه‌ی ۱۴ و دانشگاه تورنتوی کانادا با ۳۵۵ مقاله در مرتبه‌ی ۱۶ قرار گرفتند. دانشگاه‌های UCL انگلستان، هلسینکی فنلاند و مرکز ملی تحقیقات علمی فرانسه (CNRS) به ترتیب با ۲۹۸، ۲۶۷ و ۲۶۳ مقاله در رتبه‌های ۲۳، ۲۵ و ۲۶ قرار گرفتند. در مجموع، ۱۰۰ مؤسسه با تولید

نرم افزار HistCite™ برای ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری، ۳۰ مدرک پراستناد است. در این تحقیق ۱۴۴ مدرک یا (۰/۰۵ درصد) از پراستنادترین مقالات بر اساس شاخص LCS به منظور ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری در نظر گرفته شده‌اند. زیرا انتخاب بیش از ۰/۵ درصد از مقالات موجب شلوغی نقشه می‌شد و امکان تحلیل را کاهش می‌داد. در این مطالعه از آنجا که پراستنادترین مقالات بر اساس شاخص LCS از نظر GCS نیز جزء پراستنادترین‌ها بودند و نقشه‌های تاریخ نگاری به دست آمده بر اساس این دو شاخص یکسان بودند، تنها نقشه‌ی تاریخ نگاری بر اساس LCS ترسیم و تحلیل شد.

شکل ۱ نمایانگر خوشه‌های اصلی تشکیل شده بر مبنای نیم درصد مدارک است، برای کوچک شدن تصویر، مدارکی که هیچ پیوندی برقرار نکرده و در درون خوشه‌ها قرار نگرفته بودند، از تصویر حذف شدند. اندازه‌ی دایره‌ها بستگی به تعداد استنادات محلی آن‌ها دارد و دایره‌های بزرگ‌تر به معنی دریافت استنادات محلی بیشتر از میان ۲۸۸۱۳ مقاله‌ی تحت بررسی است. دایره‌های کوچک‌تر به معنی دریافت استنادات محلی کمتر است، اگر چه ممکن است دارای استنادات جهانی یا GCS بالا باشند. شکل ۱ به ۴ خوشه‌ی جزئی‌تر تقسیم گردید که مرز بین آن‌ها با علامت فلش مشخص شده است.

خوشه‌ی ۱ مربوط به موضوع تنوع ژنتیکی انسان و پلی‌مورفیسم است. مقاله‌ی شماره‌ی ۵۴۲۲ از Snijders و همکاران (Snijders AM, et al. 2001, NAT) با موضوع معرفی یک روش میکروآرای (GENET, V29) برای اندازه‌گیری تعداد کپی‌های DNA به طور گسترده در ژنوم و مقاله‌ی شماره‌ی ۳۶۵۵ از Giglio و همکاران (Giglio S, et al. 2001, AMER J HUM GENET, V68) در موضوع بررسی پلی‌مورفیسم‌های ایجاد شده در اثر واژگونی و نوتریبی‌های معمول در دسته‌ای از ژن‌ها، منشأ تشکیل این خوشه به ویژه از سال ۲۰۰۴ تا ۲۰۰۶ بوده‌اند. تأثیرگذارترین مقاله‌ی این خوشه (مقاله‌ی شماره‌ی ۱۴۴۶۵) با دایره‌ی بزرگ‌تر مشخص شده است و توسط Iafate و همکاران (Iafate AJ, et al.)

مقاله در مرتبه‌ی هشتم قرار گرفته بود، از نظر استنادات محلی و جهانی در مرتبه‌ی نخست قرار داشت. مقالات این نویسنده در مجموعه‌ی تحت بررسی به طور میانگین ۱۲/۹ بار و در پایگاه WOS به طور میانگین ۱۳۶/۵۳ دفعه استناد شده است. Peltonen L از فنلاند با ۶۶ مقاله به عنوان ششمین نویسنده‌ی پرتولید از این نظر در مرتبه‌ی دوم قرار گرفت. ستون میانگین تعداد نویسندگان همکار نشان می‌دهد که محققان پرکار این حوزه، به کار گروهی توجه داشته‌اند. میانگین تعداد همکاران در مقالات پژوهشگر ژاپنی ۱۴/۵۷ و در مقالات محقق فنلاندی ۱۴/۵۹ نویسنده بود. اما بالاترین میزان همکاری گروهی مربوط به Daly MJ هشتمین نویسنده‌ی پرتولید از ایالات متحده‌ی آمریکا بود که میانگین تعداد نویسندگان مقالات وی ۱۸/۷۵ نفر بود.

نسخه‌های جدید نرم‌افزار HistCite™ امکان تحلیل واژه‌های عنوان را با به کارگیری یک لیست بازدارنده (StopList) دارد و لیست واژه‌ها را بر اساس بسامد آن‌ها در عنوان ارائه می‌دهد. با این پیش فرض که در حوزه‌های علوم و فنی و مهندسی کلمات عنوان با احتمال بیشتری نشان دهنده‌ی محتوای متن است، با تحلیل کلمات عنوان می‌توان حوزه‌ی پژوهشی محققان را شناسایی کرد. تحلیل جمع و مفرد کلمات موجود در عنوان مقالات و میزان استنادات جهانی و محلی به مقالات حاوی این کلمات، نشان می‌دهد که تمرکز محققان این حوزه بر روی مطالعه‌ی DNA و کروموزم‌ها، سرطان‌ها و تومورها، جهش‌های ژنتیکی و تکامل و به طور کلی ژنتیک انسانی است.

### ترسیم نقشه‌ی تاریخ نگاری مبتنی بر پراستنادترین مقالات:

نرم‌افزار HistCite™ ابزاری است که قادر است پراستنادترین آثار را میان مجموعه‌ای از مدارک شناسایی و ماتریس استنادات میان آن‌ها را ترسیم نماید. این نرم‌افزار مرتبط‌ترین مدارک و روابط میان آن‌ها را به تصویر می‌کشد و می‌تواند برای بازسازی تاریخی توسعه‌ی علوم مفید باشد (۱۶، ۵، ۳). پیش فرض

سال‌های ۲۰۰۳-۲۰۰۵ مورد استناد قرار گرفته است. پراستنادترین مقاله‌ی این خوشه (مقاله‌ی شماره‌ی ۶۶۳۴) اثر kent (Kent WJ, 2002, GENOME RES, V12) بود که در سال ۲۰۰۲ به چاپ رسیده و به معرفی نرم‌افزار BLAT- که نظیر نرم‌افزار BLAST جهت بررسی هم‌خوانی توالی‌ها است- پرداخته است. این مقاله در سطح جهانی ۱۳۱۰ و در سطح محلی ۲۲۲ استناد دریافت کرده است. این نویسنده و همکاران در مقاله‌ی شماره‌ی ۷۱۳۸ (Kent WJ, 2002, GENOME RES, V12) در همان سال به معرفی مرورگر ژنوم انسان در دانشگاه کالیفرنیا سانتا کراز (University of Santa Cruz/UCSC) پرداختند، که دارای ۹۷۱ استناد جهانی و ۱۷۸ استناد محلی بود. با استفاده از این مرورگر، می‌توان به بررسی ژن‌ها و پلی‌مورفیسم‌ها پرداخت.

در مقالات سال‌های بعد، ژنوم گونه‌های مشابه مقایسه شده‌اند که تمام این بررسی‌های موردی جهت یافتن تشابه (همولوژی) توالی (سکانس)‌ها در موجودات و بررسی سیر تکاملی آن‌ها بود. برای این بررسی‌ها به ابزارها و نرم‌افزارهایی نظیر BLAST نیاز بود، در نتیجه تعداد زیادی از مقالات به مقالاتی که این ابزار را مورد استفاده قرار داده بودند، استناد کرده‌اند. این ارجاعات خود باعث تشکیل خوشه‌ی مشخصی در داخل خوشه‌ی دوم شده است.

در سال ۲۰۰۲ مقاله‌ی پراستناد دیگری توسط Kong و همکاران (Kong A, 2002, NAT GENET, V31) (شماره‌ی ۷۴۰۰) با موضوع بررسی نقشه‌ی نو ترکیبی ژنوم انسان، در نشریه‌ی «Nature genetics» به چاپ رسید که دارای ۸۱۵ استناد جهانی و ۲۱۱ استناد محلی بود. این مقاله باعث اتصال دو خوشه‌ی ۲ و ۳ گردید.

Hardison RC, 2003, ) و همکاران (GENOME RES, V13) و نیز Schwartz و همکاران (Schwartz S, 2003, GENOME RES, V13) در مقاله‌های شماره‌ی ۸۹۶۴ و ۸۹۷۴ در سال ۲۰۰۳، و kent و همکاران در مقالات شماره‌های ۱۳۱۱۹ (Blanchette M, ) و ۱۷۳۰۷ (2004, GENOME RES, V14)

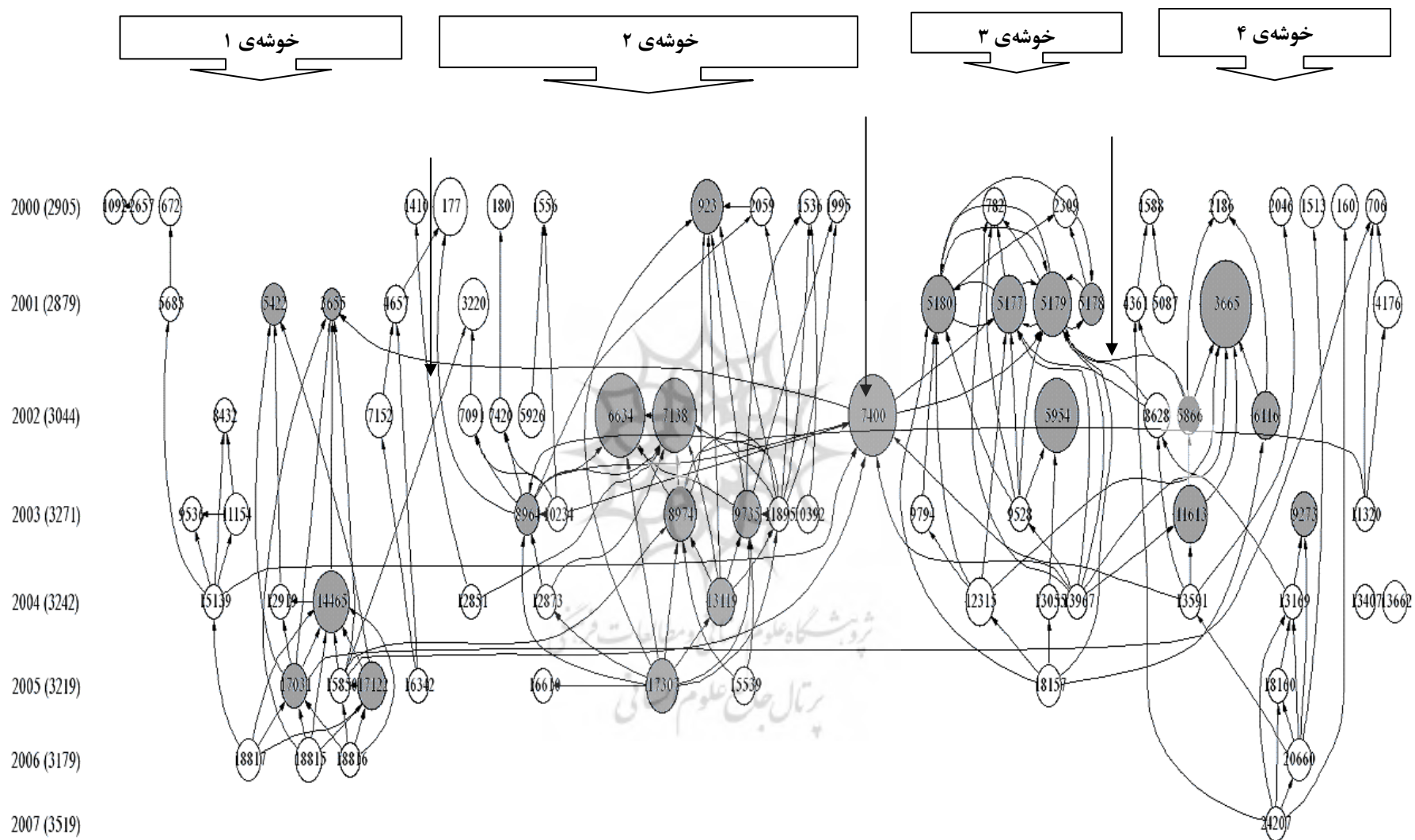
در سال ۲۰۰۴ منتشر شده است. این مقاله با موضوع بررسی حذف‌ها در بعد وسیع در ژنوم انسان، دارای ۶۶۷ استناد جهانی و ۱۲۱ استناد محلی بود.

در دو مقاله‌ی مهم سال ۲۰۰۵ بررسی اثر رخدادهایی چون مضاعف شدگی و تعداد کپی‌ها در ژنوم انسانی (مقاله‌ی شماره‌ی ۱۷۰۳۱) (Sharp AJ, 2005, AMER J HUM GENET, V77) و تغییرات ساختاری ریز در ژنوم انسان (مقاله‌ی شماره‌ی ۱۷۱۲۲) (Tuzun E, 2005, NAT GENET, V37) مورد بحث قرار گرفته است. این دو مقاله و تمامی مقالات سال ۲۰۰۶ این خوشه به مقاله‌ی شماره‌ی ۱۴۴۶۵ استناد کرده‌اند. در مقاله‌ی شماره‌ی ۱۵۸۵ (Stefansson H, 2005, NAT GENET, V37, ) و مقالاتی که در سال ۲۰۰۶ به چاپ رسیده‌اند، تنوع ژنتیکی به صورت موضوعی بررسی شده است و اثر رخدادهایی چون واژگونی و حذف که در ایجاد تنوع دخیل‌اند، مورد مطالعه قرار گرفته است. در این خوشه، سیر تاریخی مقالات به این ترتیب است که ابتدا مباحث پایه‌ای و کلی بررسی شده‌اند و سال‌های پس از آن، محققان بر اساس تحقیقات انجام شده در سال‌های قبل، جزئیات موضوع را مورد پژوهش قرار داده‌اند.

خوشه‌ی ۱ به طور عمده در نشریه‌ی «Nature genetics» با ضریب تأثیر ۲۶/۴۴۶ شکل گرفت و تنها دو مقاله‌ی آن مربوط به نشریه‌ی «American journal of human genetics» با ضریب تأثیر ۱۱/۳۰۶ بود.

در خوشه‌ی ۲، عمده‌ی مقالات اصلی در مورد معرفی یا به کارگیری نرم‌افزارها و پایگاه داده‌ها برای تحلیل داده‌های ژنتیکی یا به طور کلی بیوانفورماتیک بود و سیر تاریخی گسترش استفاده از آن‌ها در موضوعات مختلف نشان داده شده است. مقالات سال ۲۰۰۰ اغلب به بررسی فرآیندهای مؤثر در ایجاد و تغییر در ژنوم، پرداخته است. در این سال Schwartz S. & et al, 2000, ) و همکاران (GENOME RES, V10) (مقاله‌ی شماره‌ی ۹۲۳) به معرفی وب سرور Pipmaker برای ردیف کردن دو توالی ژنومیک DNA پرداخته‌اند که مقاله‌ی ایشان در مقالات





شکل ۱: نقشه‌ی علم نگاشت ۱۴۴ پراستناد بر اساس شاخص LCS

محلی دریافت داشته است. مقاله‌ی تأثیرگذار دیگر اثر Jeffreys AJ, et al.2001, ( ) و همکاران ( NAT GENET, V29 (شماره‌ی ۵۱۷۷) درباره‌ی نوترکیبی میوزی (meiotic) در ژن MHCII است و به همراه مقاله‌ی شماره‌ی ۵۱۸۰ نقش اساسی در تشکیل این خوشه داشته‌اند.

مقاله‌ی شماره‌ی ۵۱۷۹ اثر Daly (هشتمین نویسنده‌ی پرتولید) و همکاران ( ) Daly MJ, 2001, NAT GENET, (V29) با ۸۹۰ استناد جهانی و ۱۳۷ استناد محلی و با عنوان تفکیک با وضوح بالای ساختار هاپلوتیپ در ژنوم انسان، دیگر مقاله‌ی پراستناد این سال بود. مقاله‌ی پراستناد دیگر این سال که Daly نیز یکی از نویسندگان آن است (شماره‌ی ۵۱۷۸) (Rioux JD, 2001, NAT GENET, V29)، به بررسی تنوع ژنتیکی در یک ژن خاص که در ابتلا به بیماری Crohn دخالت دارد، پرداخته است؛ اما در مقالات پس از خود در این خوشه تأثیری نداشته است. در سال ۲۰۰۲ دو مقاله‌ی پراستناد منتشر شده است که یکی مقاله‌ی شماره‌ی ۷۴۰۰ اثر Kong و همکاران بود و در تحلیل خوشه‌ی ۲ به آن اشاره شد. مقاله‌ی دیگر، اثر Abecasis و همکاران ( ) Abecasis GR, et al.2002, NAT GENET, (V30) با ۱۲۳۶ استناد جهانی و ۱۷۷ استناد محلی بود. این مقاله به معرفی روشی برای تحلیل تراکم نقشه‌های ژنتیکی برای جریان ژن پرداخته است، اما نقش اساسی در تشکیل این خوشه نداشته است. سایر مقالاتی که در سال‌های بعد منتشر شده‌اند، موضوعات مطرح شده در مقالات پراستناد این خوشه را از جنبه‌های مختلف مورد بررسی قرار داده‌اند. این خوشه به طور عمده از مقالات نشریه‌ی «Nature genetics» تشکیل شده است. بنابراین خوشه‌ی ۳ نیز بر اساس خوداستنادی مقالات نشریه‌ی خاص شکل گرفته است.

در خوشه‌ی ۴ می‌توان ۲ زیر خوشه‌ی فرعی را مشاهده کرد. یکی از این زیر خوشه‌ها به اهمیت و کاربرد روش‌های آماری در این رشته اشاره دارد. این خوشه‌ی فرعی با مقاله‌ی پراستناد شماره‌ی ۳۶۶۵ اثر Stephens و همکاران

(Siepel A, 2005, GENOME RES, V15) در سال ۲۰۰۴ و ۲۰۰۵ با استناد به مقالات قبلی خود، نرم‌افزارها، مرورگرها و وب سرورهای ذکر شده را در موضوعات مختلف مورد استفاده قرار داده‌اند، که هر یک از این مقالات نیز جزء مقالات پراستناد این حوزه بودند. مقاله‌ی دیگری نیز که در این خوشه به معرفی ابزار پرداخته است، مقاله‌ی شماره‌ی ۹۷۳۵ اثر Brundo و همکاران ( ) Brudno M, 2003, ( GENOME RES, V13) در سال ۲۰۰۳ بود. این مقاله به معرفی LAGAN و Multi-LAGAN به عنوان ابزاری مؤثر برای تطبیق چندگانه‌ی ژنومیک DNA در مقیاس بزرگ پرداخته است.

در مقاله‌های سمت چپ خوشه‌ی ۲ که به خاطر تفاوت موضوعی ارتباط چندانی با خوشه‌ی اصلی برقرار نکرده است، نام Yang ZH دیده می‌شود که یکی از نویسندگان مقالات شماره‌های ۱۷۷، ۱۵۵۶، ۴۶۵۷، ۷۱۵۲ و ۱۶۳۴۲ است. این نویسنده دارای ۲۴ مقاله در مجموعه‌ی تحت بررسی بود که ۲۱ عنوان آن در نشریه‌ی «Molecular biology and evolution» به چاپ رسیده است. اغلب مقالات این خوشه مربوط به نشریه‌ی «Genome research» با ضریب تأثیر ۹/۶۷۸ بود. می‌توان گفت خوشه‌ی اصلی در خوشه‌ی ۲ بر اساس خوداستنادی این نشریه به وجود آمده است.

در خوشه‌ی ۳ چند مقاله‌ی پراستناد و تأثیرگذار در سال ۲۰۰۱ وجود دارد که همگی در اکتبر سال ۲۰۰۱ در نشریه‌ی «Nature genetics» به چاپ رسیده‌اند و به طور متقابل به یکدیگر استناد کرده‌اند. به غیر از مقاله‌ی شماره‌ی ۵۱۷۹ که ۴ نویسنده از ۵ نویسنده‌ی آن با مقاله‌ی شماره‌ی ۵۱۷۸ مشترک بود، بقیه‌ی این مقالات، نویسنده‌ی مشترک نداشتند. این نکته نشان می‌دهد که نویسندگان این مقالات از موضوع تحقیقات یکدیگر اطلاع و با همدیگر ارتباط داشته‌اند.

مقاله‌ی شماره‌ی ۵۱۸۰ اثر Johnson و همکاران ( ) Johnson GCL, et al.2001, NAT GENET, (V29) با عنوان برچسب زنی هاپلوتیپ برای شناسایی ژن‌های بیماری‌های عمومی است و ۷۱۸ استناد جهانی و ۱۰۶ استناد

چه در سال ۲۰۰۷ منتشر شده است، ولی با توجه به کاربردی بودن آن تا زمان استخراج داده‌ها، ۵۶۳ استناد در پایگاه WOS دریافت کرده است. مقالات سال‌های بالاتر به ویژه مقالات سال ۲۰۰۰ که توسط مقالات این زیر خوشه مورد استناد قرار گرفته است، در زمینه‌ی مطالعات همراهی بود. عمده‌ی مقالات این خوشه در نشریه‌ی «American journal of human genetics» و پس از آن در نشریه‌ی «Nature genetics» به چاپ رسیده است.

### بحث

در این پژوهش ۲۸۸۱۳ مقاله از ۲۰ عنوان نشریه با ضریب تأثیر حداقل ۵ در حوزه‌ی ژنتیک و وراثت بر اساس گزارش استنادی نشریات پایگاه تامپسون علمی معروف به ISI انتخاب و مقالات آن‌ها از طریق پایگاه WOS در محدوده‌ی سال‌های ۲۰۰۸-۲۰۰۰ بازیابی و تحلیل شد. نتایج نشان داد به غیر از دو مقاله، بقیه‌ی مقالات به زبان انگلیسی است. این مسأله می‌تواند یکی از دلایل بالا بودن ضریب تأثیر این نشریات باشد، زیرا زبان انگلیسی زبان علمی دنیا است و مقالات این زبان بیشتر مورد مشاهده و در نتیجه مورد استناد قرار می‌گیرند.

در مجموع ۱۳۵ کشور در تولید مقالات مشارکت داشته‌اند و ایالات متحده‌ی آمریکا در تولید ۵۶/۷ درصد مقالات نقش داشته است. کشورهای انگلستان، آلمان، فرانسه و ژاپن با فاصله‌ی زیاد در مرتبه‌ی دوم تا پنجم قرار داشتند. نتایج این پژوهش درباره‌ی زبان و کشور با تحقیق پشتوتنی‌زاده و عصاره (۷)، و حمیدی و همکاران (۱۴) مطابقت دارد. دانشگاه هاروارد با ۱۱۲۱ مقاله فعال‌ترین سازمان بوده است.

در کل ۵ سازمان برتر در تولید مقالات و ۲۴ سازمان از ۳۰ سازمان نخست از کشور ایالات متحده‌ی آمریکا هستند. مقالات مورد بررسی ۱۱۲۴۵۱۱ بار در پایگاه WOS مورد استناد قرار گرفته‌اند و میانگین تعداد فهرست منابع آن‌ها ۴۵/۴۴ مدرک است. این مسأله دیدگاه‌های مؤسسه‌ی اطلاعات علمی در مورد نیاز دانشمندان ژنتیک به تأمل در دامنه‌ی

( Stephens M, 2001, AMER J HUM GENET, ) V68 که به معرفی یک روش آماری جدید برای بازسازی هاپلوتیپ‌ها از طریق داده‌های جمعیتی می‌پردازد، شروع می‌شود. این مقاله، دارای ۲۳۱۲ استناد جهانی و ۲۳۳ استناد محلی بود و از نظر استنادات جهانی در مرتبه‌ی دوم و از نظر استنادات محلی در مرتبه‌ی اول قرار گرفت. مقالات استناد کننده به این مقاله در خوشه‌ی ۴، همگی تکیه بر یک روش آماری خاص در تحلیل داده‌های خود دارند. مقاله‌ی شماره‌ی ۵۸۶۶ ( Niu TH, 2002, AMER J HUM GENET, ) V70 به موضوع استنباط بایزی (Bayesian) هاپلوتیپ برای پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئیدی چندگانه‌ی مرتبط، و مقاله‌ی شماره‌ی ۱۱۶۱۳ ( Stephens M, 2003, AMER J HUM GENET, ) V73 به مقایسه‌ی روش بایزی برای بازسازی هاپلوتیپ‌ها از داده‌های ژنوتیپ‌های جمعیتی پرداخته است. مقاله‌ی شماره‌ی ۶۱۱۶ ( Schaid DJ, 2002, AMER J HUM GENET, ) V70 نمرات آزمون‌ها برای همراهی خصیصه‌ها و هاپلوتیپ‌ها را زمانی که مرحله‌ی پیوستگی مبهم است، بررسی نموده است. در خوشه‌ی ۴، زیر خوشه‌ی کوچک‌تری با محوریت مقالات نشریه‌ی «Nature Genetics» در حال شکل‌گیری است که با مقاله‌ی شماره‌ی ۹۲۷۳ سال ۲۰۰۳ آغاز می‌شود. موضوع این خوشه «مطالعات همراهی» (Association studies) به معنی ارتباط یک ژن یا توالی با بیماری‌ها است. این مقاله در موضوع آنالیز مطالعات همراهی و نقش متغیرها در ایجاد حساسیت در بیماری‌های عمومی، اثر Lohmueller KE, و همکاران ( Lohmueller KE, et al. 2003, NAT GENET, ) V33 و دارای ۹۰۲ استناد جهانی و ۶۹ استناد محلی بود.

سایر مقالات این خوشه نیز به بحث مطالعات همراهی از جنبه‌های مختلف پرداخته‌اند. آخرین مقاله‌ی این خوشه (شماره‌ی ۲۴۲۰۷) به معرفی مجموعه ابزار PLINK پرداخته است. مقاله‌ی Purcell S, و همکاران ( Purcell S, et al. 2007, AMER J HUM GENET, ) V81 اگر

مورد توجه محققان است و کاربرد شجره‌شناسی در دو حوزه‌ی عصب‌شناسی و تومورشناسی بیش از ۴۰ درصد مقالات بازیابی شده را در بر داشته است (۱۲).

مطالعه‌ی McCain نشان داد که توجه به ژنتیک عصبی بیشتر شده است (۸). نتایج تحقیق LO در مورد ثبت اختراعات حوزه‌ی مهندسی ژنتیک در سه کشور ژاپن، کره‌ی جنوبی و تایوان از ۲۵۸ مورد در سال ۱۹۹۱ به ۱۹۹۸ مورد در سال ۲۰۰۱، نیز نشانه‌ی توجه به ژنتیک کاربردی است (۱۱). نقشه‌ی تاریخ نگاری بر اساس ۱۴۴ مقاله‌ی پراستناد نشان می‌دهد که ۴ خوشه‌ی تشکیل شده به طور کلی در مورد تنوع ژنتیکی در انسان است، اما در خوشه‌ی اول عمده‌ی مقالات پراستناد به بررسی رخدادهایی چون واژگونی و حذف که در ایجاد تنوع دخیل‌اند، پرداخته‌اند. در خوشه‌ی دوم مقالات پراستنادی قرار گرفته است که به معرفی و یا استفاده از نرم‌افزارها، پایگاه داده‌ها و یا وب سرورهای پرداخته‌اند که در تحلیل داده‌های این حوزه کاربرد دارند. این مقالات نشان می‌دهد که این ابزارها و یا به طور کلی حوزه‌ی بیوانفورماتیک جایگاه بالایی در تحقیقات ژنتیک دارد. در خوشه‌ی سوم اغلب مقالات به بررسی هاپلوتیپ‌ها و همراهی چند ژن و اثر هاپلوتیپ‌ها بر میزان SNP پلی‌مورفیسم‌ها پرداخته‌اند. خوشه‌ی چهارم نشان دهنده‌ی نقش آمار و روش‌های آماری در تحقیقات حوزه‌ی ژنتیک است. موضوعات ۱۰ مقاله‌ی پراستناد این مجموعه بر اساس استنادات جهانی نشان می‌دهد که ۶ مقاله‌ی آن در مورد معرفی و به کارگیری ابزارها و یا روش‌های آماری است.

نتایج مربوط به ایران نشان می‌دهد که ایران با ۱۵ مقاله از ترکیه با ۱۲۸ مقاله، فاصله‌ی زیادی دارد. در این حوزه، ایران حتی از کشورهایی نظیر عربستان سعودی، پاکستان، امارات متحده‌ی عربی و مصر که در تولید علم نسبت به ایران در مرتبه‌ی پایین‌تری هستند، دارای مقالات کمتری است. بنابراین پژوهشگران این حوزه در کشورمان باید تلاش بیشتری برای نشر مقالات خود در نشریات معتبر بین‌المللی و به خصوص در نشریات برتر این حوزه داشته باشند.

وسیع‌ی از متون علمی و اتکای زیاد جنبه‌های مختلف علم ژنتیک به آثار قدیمی‌تر را تأیید می‌کند (۷).

مجموع استنادات محلی، ۸۱۸۰۷ معادل ۷/۲۷ درصد استنادات جهانی است. این موضوع نشان می‌دهد که متخصصان ژنتیک که در ۲۰ عنوان نشریه‌ی مورد بررسی دارای مقاله هستند، تنها از این نشریات استفاده نمی‌کنند و دامنه‌ی وسیعی از متون و نشریات را مورد بررسی و استفاده قرار می‌دهند. این امر نیز منطبق با دیدگاه‌های مؤسسه‌ی اطلاعات علمی است (۷).

تحلیل استنادات نشان می‌دهد که ۶۳/۵ درصد استنادات جهانی و ۶۴/۲۶ درصد استنادات محلی مربوط به مقالاتی است که حداقل یکی از نویسندگان آن‌ها از کشور ایالات متحده‌ی آمریکا هستند. پرتولیدترین نویسنده‌ی این مجموعه، Nakamura Y از کشور ژاپن، پنجمین کشور فعال در این حوزه است.

نکته‌ی مهمی که متخصصان ژنتیک کشورمان نیز باید به آن توجه کنند، بحث همکاری گروهی بالا در تحقیقات این حوزه است. میانگین تعداد نویسندگان همکار مقالات ۸ نفر از ۱۰ نویسنده‌ی پرتولید این مجموعه بین ۱۰ تا ۱۸ نفر است. میانگین نویسندگان مقالات مؤسسات پرتولید نیز بیش از ۷ نفر است. میزان همکاری دانشمندان این حوزه سال به سال در حال افزایش بوده است و از ۶/۰۳ نفر در سال ۲۰۰۰ به ۸/۰۵ نفر در سال ۲۰۰۸ رسیده است. این امر نشان دهنده‌ی تخصصی شدن هر چه بیشتر حوزه‌ی ژنتیک و وراثت و ضرورت همکاری و حضور متخصصان در تخصص‌های مختلف در تحقیقات این حوزه است.

تحلیل بسامد واژگان عنوان مقالات و مقالات نویسندگان پرتولید و همچنین اطلاعات خوشه‌ها نشان می‌دهد که مطالعه‌ی DNA و کروموزم‌ها، سرطان و تومورها و جهش‌های ژنتیکی و تکامل و به طور کلی حوزه‌ی ژنتیک انسانی و ژنتیک کاربردی، موضوعاتی هستند که مورد توجه پژوهشگران این حوزه می‌باشند. تحقیق Zsindely هم نشان داد که شجره‌شناسی کاربردی بیش از شجره‌شناسی محض

## نتیجه‌گیری

دانشمندان حوزه‌ی ژنتیک و وراثت در تحقیقات خود دامنه‌ی وسیعی از متون علمی را بررسی می‌کنند و اتکای زیادی به آثار قدیمی‌تر دارند. بنابراین دسترسی به منابع جدید و گذشته برای پژوهشگران این حوزه اهمیت اساسی دارد. با توجه به ماهیت این حوزه برای رشد تحقیق و پژوهش، دسترسی به منابع اصلی و پایه‌ی این حوزه در هر گرایشی ضروری است.

میانگین تعداد نویسندگان کل مقالات (۶/۹۲ نفر) و میانگین همکاران نویسندگان برتر این حوزه اغلب بالای ۱۰ نفر است. همچنین همکاری دانشمندان این حوزه از ۶/۰۳ نفر در سال ۲۰۰۰ به ۸/۰۵ نفر در سال ۲۰۰۸ رسیده است. این امر نشان دهنده‌ی تخصصی شدن هر چه بیشتر حوزه‌ی ژنتیک و وراثت و ضرورت همکاری تخصص‌های مختلف در تحقیقات این حوزه جهت ارایه‌ی راه حل مسأله‌ای واحد است. از این رو همکاری در تألیفات این حوزه و حوزه‌های مشابه، از مواردی است که باید به آن توجه بیشتری شود و همکاری بین محققان این حوزه بیش از پیش مورد حمایت و تشویق قرار گیرد.

بررسی موضوعات نشان می‌دهد حوزه‌ی ژنتیک کاربردی بیش از ژنتیک محض مورد توجه پژوهشگران این حوزه است. در حوزه‌ی ژنتیک انسانی مطالعات بیشتر بر روی مطالعه‌ی DNA و کروموزوم‌ها، سرطان و تومورها و جهش‌های ژنتیکی متمرکز است. همچنین متخصصین بیوانفورماتیک و آمار اغلب در تیم‌های پژوهشی محققان این حوزه حضور دارند.

طبق یافته‌های پژوهش، تعداد مقالات کشور ایران در حوزه‌ی ژنتیک و وراثت حداقل در سطح نشریات برتر این حوزه کمتر از حد انتظار و از بسیاری از کشورهایی که از نظر تولید علم در سطح بین‌المللی در مرتبه‌ی پایین‌تری نسبت به ایران قرار دارند کمتر است.

## پیشنهادها

۱. یافته‌ها نشان دهنده‌ی تخصصی شدن هر چه بیشتر حوزه‌ی ژنتیک و وراثت و ضرورت همکاری و حضور متخصصان با تخصص‌های مختلف در تحقیقات این حوزه است. بنابراین پیشنهاد می‌شود پژوهشگران این حوزه در کشورمان با برقراری ارتباط و همکاری بیشتر با سایر رشته‌های مرتبط، اقدام به تشکیل گروه‌های پژوهشی کنند و دست‌اندرکاران تحقیقات کشور نیز تشکیل گروه‌های پژوهشی را تشویق نمایند. به عنوان مثال همکاری گروهی را به عنوان یکی از شاخص‌های ارزیابی تحقیقات و مقالات منظور کنند.

۲. همکاری گروهی در بین محققان حوزه‌ی ژنتیک در سطح بالایی می‌باشد و در حال افزایش است. پیشنهاد می‌شود که پژوهشگران کشور به کارهای گروهی و تیمی توجه بیشتری داشته باشند. دانشگاه‌ها و مراکز آموزشی و تحقیقاتی کشورمان نیز باید با ایجاد تمهیدات و ساز و کارهایی زمینه‌ی همکاری بین پژوهشگران را فراهم و سیاست‌های تشویقی را اعمال کنند.

۳. میانگین تعداد فهرست منابع مقالات (۴۵/۴۴) نشان می‌دهد که محققان این حوزه در تألیف مقالات خود، حجم زیادی از منابع را مورد بررسی قرار می‌دهند. بنابراین پیشنهاد می‌شود دانشگاه‌ها و مراکز آموزشی و پژوهشی کشور با توجه به ماهیت این حوزه، با تخصیص بودجه‌ی بیشتر علاوه بر خرید منابع و پایگاه اطلاعاتی متنوع و جدید، امکان دسترسی به منابع قدیمی‌تر این حوزه را نیز میسر کنند و بدینوسیله زمینه‌ی لازم برای پژوهش بیشتر در این حوزه را فراهم نمایند.

## تشکر و قدردانی

بدینوسیله از آقای دکتر علی محمد فروغمند مدیر گروه و خانم پریچهر دارابی دانشجوی کارشناسی ارشد رشته‌ی ژنتیک دانشگاه شهید چمران اهواز که در تبیین موضوع‌های مقالات، پژوهشگران را یاری نمودند، قدردانی و سپاس‌گزاری می‌گردد.

## References

- Osareh F, Heydari GH, Zareh Farashbandi F, Hajizinalabedini M. From Bibliometrics to Webometrics: An Analysis to Theories, Attitudes, laws and Indicators. Tehran: Ketabdar Publication; 2009. p. 79, 109.

2. Thelwall M. Bibliometrics to Webometrics. *Journal of Information Science* 2008; 34(4): 605-21.
3. Garfield E, Poudovkin AI, Istomin VS. Why Do We Need Algorithmic Histography? *Journal of the American Society for Information Science and Technology* 2003; 54(5): 400-12.
4. Garfield E, Paris SW, Stock WG. HistCite™: A Software Tool for Informetric Analysis of Citation Linkage. *Information - Wissenschaft & Praxis* 2006; 57(6): 391-400.
5. Garfield E, Poudovkin AI, Istomin VS. Mapping the Output of Topical Search in the Web of Knowledge and Case of Watson -Crick. *Information Technology and Libraries* 2003; 22(4): 183-7.
6. Lucio-Arias D, Leydesdorff L. Main-path analysis and path-dependent transitions in HistCite™ -based historiograms. *Journal of the American Society for Information Science and Technology* 2009; 59(12): 1-28.
7. Institute for Scientific Information, Garfield E, Sher IH. Genetic citation Index: Experimental Citation Index to Genetics with Special Emphasis on Human Genetics. *Essays of an Information Scientists* 1984; 17: 515-22.
8. McCain KW. The Paper Trials of scholarship: Mapping the Literature of Genetics. *The Library Quarterly* 1986; 56(3): 258-71.
9. McCain KW. Mapping Authors in Intellectual Space Population Genetics in the 1980s. *Communication Research* 1989; 16(5): 667-81.
10. Pudovkin AL, Garfield E. Algorithmic Procedure for Finding Semantically Related Journals. *Journal of the American Society for Information Science and Technology* 2002; 53(13): 1113-9.
11. Lo SC. Patent analysis of genetic engineering research in Japan, Korea and Taiwan. *Scientometrics* 2007; 70(1): 183-200.
12. Zsindely S. From vanity fair to scientific research: The place of genealogy in contemporary science. A scientometric approach. *Scientometrics* 2008; 77(1): 197-206.
13. Pashootani zadeh M, Osareh F. Citation Analysis and Histogramic Outline of Scientific Output in Agriculture Using Science Citation Index (2000-2008). *Information Sciences & Technology* 2009; 25(1): 23-52.
14. Hamidi A, Asnafi AR, Osareh F. Analytical Survey and Mapping Structure of Scientific Publication in the Bibliometrics, Scientometrics, Infometrics and Webometrics Fields in Web of Science Database during 1990-2005. *Library and Information Science* 2008; 11(2): 161-82.
15. McCain KW. Assessing an author's influence using time series historiographic mapping: The oeuvre of conrad hal waddington (1905-1975). *Journal of the American Society for Information Science and Technology* 2008; 59(4): 510-25.
16. Garfield E, Poudovkin AI, Istomin VS. Algorithmic Citation-Linked Historiography-Mapping the Literature of Science. *Proceedings of the 65<sup>th</sup> Annual Meeting of ASIST; 2002 Nov 18-21; Philadelphia, USA; 2002.*

پژوهشگاه علوم انسانی و مطالعات فرهنگی  
پرتال جامع علوم انسانی

## Scientometric Analysis and Scientific Mapping of Articles Published in Twenty Top Journals in the Field of Genetics and Heredity\*

Seyed Hossein Mirjalili<sup>1</sup>; Farideh Osareh, PhD<sup>2</sup>

### Abstract

**Introduction:** The quantitative analysis of scientific output, scientific policy making, scientific relationships of researchers, and drawing historiographic outlines are all parts of scientometric discipline. This paper was designed for scientometric analysis of 20 top journals in the field of genetics and heredity in 2000-2008 and to map the scientific structure of their papers.

**Methods:** This research utilized scientometric methods and procedures to analyze the data from 28813 papers published in 20 journals in the field of genetics and heredity with a minimum impact factor of 5 during the past 5 years. The Web of Science database was used to collect the data and HistCite™ was used to draw the historiographic outline.

**Results:** All papers, except for 2, have been published in English. The United States, with 56.7% of all published papers, came first while Britain, Germany, France, and Japan stood the second to the fifth, respectively with a large gap. Harvard University was the most active organization in this field by publishing 1121 papers. Of the first 30 organizations, 25 were American. Moreover, 63.5% of the citations were from papers with at least one American author. Although the papers used in this study have been cited 1124511 times internationally, only 7.27% of the citations belonged to the 20 journals evaluated in this study. Cooperation had a rising trend amongst authors and the average number of co-authors increased from 6.03 in 2000 to 8.05 in 2008. The scientific outline drawn based on the top 144 papers within this discipline showed that 4 clusters had been formed during 2000-2008 of which 2 clusters covered human genetics diversity and its various sub disciplines. The other two clusters covered bioinformatics or software and database applications and utilizing advanced statistical methods in analyzing data in this field.

**Conclusion:** The cooperation amongst researchers in publishing papers was high and increasing. The scientists in the field of genetics covered a vast number of papers in their literature review which relied extensively on old and historical publications. Bioinformatics and statistical methods were also found to be of great importance in this field.

**Keywords:** Periodicals; Databases; Genetics; Heredity; Citation.

**Type of article:** Original article

Received: 6 Jun, 2010

Accepted: 20 Feb, 2011

**Citation:** Mirjalili SH, Osareh F. *Scientometric Analysis and Scientific Mapping of Articles Published in Twenty Top Journals in the Field of Genetics and Heredity*. Health Information Management 2012; 9(1): 89.

\* This was an independent article with no financial support by any institution.

1. Lecturer, Library and Information Science, Yazd University, Yazd, Iran And PhD Student, Library and Information science, Shahid Chamran University of Ahwaz, Ahwaz, Iran.

2. Professor, Library and Information science, Shahid Chamran University of Ahwaz, Ahwaz, Iran. (Corresponding Author) Email: osareh.f@gmail.com