Journal of Shahid Sadoughi University of Medical Sciences
Vol. 25, No.4, Jul 2017
Pages: 252-263

مجله علمی پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی یزد
دوره ۲۵، شماره ۴، تیر ۱۳۹۶
صفحه: ۲۶۳-۲۵۲

شناسایی موضوعات نوظهور در حوزه ژنتیک: یک تحلیل علم‌سنجی

فاطمه مکی‌زاده [*1]، نعیمه نایب مهدی‌آبادی [2]، ابراهیم زال‌زاده [3]، محمد توکلی‌زاده راوری [4]

چکیده

مقدمه: ژنتیک، موضوع پراکنده‌ای مرتبط با تنوع و توارث در موجودات زنده است. در این حوزه پژوهش‌های زیادی انجام گرفته است. هدف از این مطالعه شناسایی زمینه‌های پژوهشی فعال این حوزه و حدود موضوعاتی است که در عرصه علمی که در چند ساله اخیر مطرح شده است.

روش بررسی: پژوهش حاضر، با رویکرد علم‌سنجی به مطالعه تحولات موضوعی حوزه ژنتیک پرداخته است. ۷۹۵۹۳ مقاله مربوط به دوره زمانی پایه (۱۹۰۹-۲۰۰۴)، ۴۰۱۸۴ مقاله مربو ط به دوره ۵ ساله (۲۰۰۹-۲۰۰۵) و ۹۷۵۱۲ مقاله دوره ۱۰ ساله (۲۰۱۴-۲۰۰۵) در حوزه ژنتیک با استفاده از نرم‌افزارهای پری‌مپ (PreMap)، اکسل (Excel) و اس‌پی‌اس‌اس (SPSS) تحلیل شد.

نتایج: روند رشد مقالات در حوزه ژنتیک در بازه زمانی پژوهش دارای سیر صعودی بود. داده‌های توالی مولکولی با فراوانی ۲۵۷۸، پروتئومیکس با فراوانی ۲۵۴۴ و اپیدمیولوژی مولکولی با فراوانی ۲۴۸۱ در رتبه اول تا سوم زمینه‌های موضوعی نوظهور در این حوزه قرار داشتند. فعال‌ترین زمینه پژوهشی در این حوزه شامل ژنومیکس، پروتئومیکس، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) و فارماکوژنتیک بود. شاخص دربردارندگی نشان داد که تحول در موضوعات بسیار بوده است و روز به روز موضوعات جدید به حوزه ژنتیک افزوده می‌شود.

نتیجه‌گیری: کشف روابط مفهومی میان مدارک یک حوزه علمی، فرایندی پیچیده است، لذا نتایج حاصل از آن نیز احتیاج به درکی عمیق دارد. رویکردهای کمی در مطالعات علمی، اگرچه کاستی‌هایی دارد و نمی‌تواند همه‌جانبه به تحلیل ابعاد مختلف موضوع بپردازد، اما بی‌فایده هم نیست و به سیاست‌گذاران و برنامه‌ریزان شناختی کلی می‌دهد تا با آگاهی از وضعیت کنونی بتوانند واقعی‌تر تصمیم بگیرند و کارآمدتر عمل کنند.

واژه‌های کلیدی: ژنتیک، موضوعات هسته، موضوعات نوظهور، علم‌سنجی

۱،۳،۴- استادیار، گروه علم اطلاعات و دانش شناسی، دانشکده علوم اجتماعی، دانشگاه یزد
۲- دانشجوی کارشناسی ارشد علم سنجی، گروه علم اطلاعات و دانش شناسی، دانشکده علوم اجتماعی، دانشگاه یزد
***(نویسنده مسئول)؛ تلفن: ۰۹۱۳۳۵۱۶۰۶۴، پست الکترونیکی:** makkizadeh@yahoo.com
تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۰/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱/۱۷

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

مقدمه

علم ژنتیک یکی از شاخه‌های علوم زیستی است. به وسیله قوانین و مفاهیم موجود در این علم می‌توانیم به تشابه یا عدم تشابه دو موجود نسبت به یکدیگر پی بریم و بدانیم که چطور و چرا چنین تشابه و یا عدم تشابه در داخل یک جامعه گیاهی و یا جامعه جانوری، به وجود آمده است. علم ژنتیک علم انتقال اطلاعات بیولوژیکی از یک سلول به سلول دیگر، از والد به نوزاد و بنابراین از یک نسل به نسل بعد است. ژنتیک با چگونگی این انتقالات که مبنای اختلالات و تشابهات موجود در ارگانیسم‌هاست، سروکار دارد. این علم در مورد سرشت فیزیکی و شیمیایی این اطلاعات نیز صحبت می‌کند (۱).

ویژگی‌هایی نظیر بین‌رشته‌ای بودن، ارتباط تنگاتنگ با بیوشیمی، آمار، کشاورزی و پزشکی، نیاز دانشمندان ژنتیک به تأمل در دامنه وسیعی از متون علمی، اتکای زیاد جنبه‌های مختلف علم ژنتیک به آثار قدیمی‌تر در زمانی که توسعه انقلابی در بسیاری از علوم وجود داشت و همچنین حساسیت متخصصان ژنتیک به توسعه تاریخی مفاهیم رشته خود و انجام این مسؤولیت با ذکر استنادات و نیز اهمیت موضوع ژنتیک و گستردگی آن موجب ظهور حوزه‌های جدید مطالعاتی در این حرفه شده است، به عبارتی افزایش حجم مقالات، ظهور تخصص‌های مختلف و همکاری‌های بین‌رشته‌ای بر تنوع، پویایی، پیچیدگی و ناهمگنی داده‌های موجود در این پایگاه‌ها افزوده است. در چنین شرایطی کاربران حوزه ژنتیک (دانشمندان، پژوهشگران، دانشجویان و ...) خود را در فضای ناآشنای رشته‌ها، موضوع‌ها و اصطلاحات می‌یابند. علاوه بر کاربران، سیاست‌گذاران و برنامه‌ریزان نیز به دلیل عدم توانایی در پردازش اطلاعات مربوطه، در بودجه‌بندی برنامه‌های آموزشی و پژوهشی خود با مشکلاتی روبه‌رو هستند، شناسایی حوزه‌های پژوهشی فعال این رشته و حدود موضوعاتی که در عرصه علمی- بین‌المللی در چند سالهٔ اخیر مطرح است و نیز ترسیم ارتباطات میان این حوزه‌ها حائز اهمیت است. یکی از راه‌حل‌هایی که سیاست‌گذاران و کاربران می‌توانند از وضعیت و موضوعات پژوهشی یک‌رشته آگاهی یابند، مطالعهٔ تحلیل‌های محتوای علمی، به‌عنوان یکی از مهم‌ترین وجوه مطالعات علم‌سنجی است که اهمیت بسیاری را در حوزه‌های مختلف کسب کرده است.

در این راستا یکی از ابزارهای مناسب جهت بررسی روند انجام پژوهش در حوزه‌های تخصصی، تمرکز بر مقالات علمی و پژوهشی است. در حوزه ژنتیک پژوهش‌های زیادی صورت گرفته است و تولیدات علمی در این زمینه زیاد است ولی بررسی موضوعات هسته و حوزه‌های نوظهور و به طور کلی مسئله پیش‌بینی امری جدید و نو محسوب می‌شود و در ایران تاکنون پژوهش مستقلی و جامعی در این خصوص نه تنها در حوزهٔ ژنتیک، بلکه در سایر علوم انجام نشده است و تنها مواردی را به ندرت می‌توان یافت که در کنار پژوهش خود به طور مختصر به آن اشاره نموده‌اند. ازجمله: موضوعات دیابت نوع دوم توسط مکی زاده و همکاران (۲) که نشان دادند دارودرمانی و دیابت و بیماری‌های عروقی موضوعات فعال این حوزه هستند. در پژوهشی دیگر در حوزه گرمایش جهانی موضوعات هسته عبارت بودند از: "گازهای گلخانه‌ای، تغییر اقلیم، تغییرات دمایی (۳). در بررسی موضوعات حوزه سبب‌شناسی سرطان کولون موضوعات اساسی مرتبط این حوزه «تشخیص، درمان و علائم سرطان کولون» تشخیص داده شد (۴)، پژوهشی که در حوزه افسردگی در دو دوره متفاوت توسط مکی زاده و همکاران انجام شد، یافته‌ها نشان داد که ۲۰ درصد از موضوعات دوره دوم جدید هستند و موضوعات «روانشناسی، دارودرمانی، پایبندی به درمان»، به عنوان زمینه اصلی (رانت) موضوعات معرفی شدند (۵)، زارع فراشبندی و همکاران در پژوهشی کاربردی به تحلیل محتوای اطلاعات تغذیه‌ای مرتبط با سرطان در مجلات عامه‌پسند ایران پرداختند. یافته‌های پژوهش آن‌ها نشان داد که گرایش موضوعی «پیشگیری» دارای بیشترین فراوانی و «درمان» دارای کمترین فراوانی و «انار» به عنوان ماده غذایی پیشگیری‌کننده، معرفی شده بودند (۶)، در حوزه نانو کامپوزیت‌های هادی الکتریسیته Lee و همکاران یک نقشه سه‌بعدی و یک نقشه دوبعدی این حوزه را ترسیم نمودند و از

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

آن طریق زیر حوزه‌های مهم و در حال ظهور در این زمینه را مشخص کرده‌اند (۷). آب، مواد غذایی، گیاهان از موضوعات هسته در حوزه تالاب توسط Zhi و همکاران معرفی شد (۸)، Chen و همکاران از طریق تحلیل‌های دیداری‌سازی توانستند، موضوع"سلول‌های بنیادی جنینی انسان و پیامدهای بالینی و درمانی» را به عنوان گرایش‌های موضوعی احیای پزشکی معرفی کنند (۹)، Krampen و همکاران داده‌های کتابشناختی مدارک منتشرشده در زمینه روان‌شناسی را با روش نمو هموار (Exponential Smoothing)، از سال ۱۹۷۷ تا ۲۰۰۸ مدل‌سازی و برای ده سال بعد از سال ۲۰۰۸ با توجه به فراوانی مدارک این حوزه پیش‌بینی کردند (۱۰)، شناسایی موضوعات نوظهور در علوم و فناوری توسط Small و همکاران بررسی شد. نتایج پژوهش آن‌ها نشان داد که سبب ظهور آن‌ها می‌تواند نتیجه کشفیات علمی، ابداعات فناورانه باشد (۱۱)؛ و Ravikumar و همکاران در حوزه علم‌سنجی موضوعات نوظهور را مورد بررسی قرار داند در دوره اول پژوهش‌ها بیشتر بر موضوعات «فرامتن، فراپیوند، تحلیل استنادی، تجزیه‌وتحلیل شبکه» و در دوره دوم بر موضوعات «شاخص اچ و تجزیه‌وتحلیل علم، وب‌سایت، همکاری علمی» متمرکز بودند (۱۲).

با توجه به موارد مطروح، این پژوهش سعی دارد با استفاده از تجزیه‌وتحلیل محتوایی با رویکرد علم‌سنجی به بررسی متون منتشر یافته در پایگاه مدلاین (Medline) که در ارتباط با حوزه موضوعی ژنتیک است، بپردازد و به شناسایی موضوعات هسته، نزدیک به هسته و نوظهور در آن حوزه نائل شود و به سیاست‌گذاری‌های علمی در این حوزه کمک کند. این پژوهش در راستای تحقق اهداف اصلی و فرعی زیر گام بر می‌دارد.

هدف اصلی پژوهش حاضر، شناسایی موضوعات نوظهور در حوزه ژنتیک در وب‌گاه پاب‌مد است. اهداف فرعی عبارت‌اند از: بررسی روند رشد موضوعات در پژوهش‌های انجام‌شده در حوزه ژنتیک در پاب مد؛ آگاهی از گرایش‌های موضوعی؛ تعیین موضوعات هسته و پیش‌بینی آن در دو دوره ۵ ساله و ۱۰ ساله، تعیین میزان شباهت موضوعی و تعیین شاخص‌های دربردارندگی و هم‌جواری موضوعات حوزه ژنتیک.

روش بررسی

پژوهش حاضر از نوع مطالعات توصیفی- کاربردی با رویکرد علم‌سنجی است و جامعه پژوهش شامل مقالات علمی حوزه ژنتیک در سه دوره زمانی پایه (۲۰۰۴-۱۹۰۹)، دوره ۵ ساله (۲۰۰۹-۲۰۰۵) و دوره ۱۰ ساله (۲۰۱۴-۲۰۰۵)، در عرصه بین‌المللی است که در تاریخ انجام جستجو (۹۵/۰۲/۰۴) تحت پوشش وبگاه پاب مد بوده است. در مرحله اول، با جستجوی عبارت ژنتیک (Genetics) در سرعنوان موضوعی مش (Mesh) و محدود نمودن آن به موضوعات اصلی مش (Major Topics) و سپس با انتخاب گزینه Journal Article از منوی Article type، جهت محدود نمودن داده‌ها به مقالات مجلات، کلیدواژه موردنظر (در هریک از سه دوره) در پایگاه مورد بررسی قرار گرفت. نتایج جستجو برای دوره پایه حدود ۷۹۶۰۵ مقاله، دوره ۵ ساله ۴۰۲۰۷ مقاله و برای دوره ۱۰ ساله حدود ۹۷۸۱۵ مقاله حاصل شد.

با توجه به این‌که داده‌های پژوهش حاضر از پایگاه پاب مد، تحت سرعنوان‌های موضوعی مش گرفته شده است، توصیف‌گرهای مورد بررسی استاندارد بوده و نیازی به اعمال تغییرات نداشته‌اند، اما ذکر این نکته ضروری است که برخی از توصیفگرها در همه مدارک تکرار شده و به‌اصطلاح در لیست کلمات غیرضروری برای انجام این پژوهش قرار داشتند. کلمات غیرضروری حذف گردید و تغییرات دیگری نیز انجام شد مانند کلمات دو جزئی که با خط تیره یا علامت هایفن از یکدیگر جدا شده بودند، به‌منظور یکدست‌سازی همه تبدیل به فاصله شدند به عنوان مثال: شکل evidence-based medicine به evidence based medicine تبدیل شد. حذف عناوین فرعی (Subheadings) مربوط به موضوع ژنتیک که در پاب‌مد مشخص‌شده است مانند: classification، immunology، chemistry. بعضی از توصیفگرها نیز فاقد معنی و بی‌مفهوم بودند که از دایره توصیف‌گرها حذف شدند به عنوان مثال: cohort studies، sampling studies ، questionnaires. بعضی از توصیف‌گرها نیز جزء برچسب کنترل (چک تگ) بودند که در

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

تحلیل‌های موضوعی چندان مؤثر نیستند، اما در اکثر مقالات حضور دارند و معمولاً در یک حوزه موضوعی دارای فراوانی بالایی می‌باشند که از دایره توصیفگرها حذف شدند. به عنوان مثال: aged،cats، female و male. اسامی مراکز، سازمان‌ها، گروه‌ها و کشورهایی که جزء جامعه آماری پژوهش‌ها به حساب می‌آمدند، از دایره توصیفگرها حذف شدند. به عنوان مثال: academic medical centers، world organization، health، united states ، ancestry group. روش‌های آماری که پژوهش‌ها با آن‌ها انجام‌شده بودند نیز از دایره توصیفگرها حذف شدند، به عنوان مثال: analysis of variance، interview، multivariate analysis. توصیف‌گرهایی که کلیدواژه « به عنوان موضوع» را همراه داشتند، یکدست شدند و این کلیدواژه از آن‌ها حذف گردید، به عنوان مثال: topic clinical trials as به clinical trials تبدیل شد. با توجه به اینکه کل مدارک بازیابی شده مربوط به موضوع ژنتیک است، توصیف‌گر ژنتیک، مفهومی عام در نظر گرفته و از مجموعه توصیف‌گرها حذف شد. در ادامه نتایج دوباره در فایل متنی ذخیره شد و این فایل در نرم‌افزار اکسل بازخوانی گردید. نتایج حاصل برای سه دوره بعد از یکدست‌سازی به ترتیب ۷۹۵۹۳، ۴۰۱۸۴، ۹۷۵۱۲ مقاله رسید.

بعد از تفکیک توصیف‌گرها و تعیین فراوانی هرکدام، موضوعات هسته یا پرکاربرد با استفاده از قاعده بردفورد شناسایی شد، قاعده بردفورد توزیع موضوعی مقاله‌ها را نشان می‌دهد. طبق قاعده بردفورد موضوعات به سه دسته تقسیم می‌شوند: هسته، نزدیک به هسته و دور از هسته. همچنین موضوعات نوظهور، موضوعاتی بودند که در سال‌های اخیر موردتوجه پژوهشگران قرار گرفته و فروانی سالانه آن‌ها بالا رفته است. با توجه به همین موضوع توصیفگرهای روزآمدی که عمر آن‌ها کم و متوسط فراوانی سالانه آن‌ها زیاد بود در گروه موضوعات نوظهور جای گرفتند.

```
=IF(AND(G2>=27;I2>=1);A2;"")
```

فرمول ۱: فرمول به دست آوردن موضوعات نوظهور

در فرمول فوق G2 عمر و I2 نشانگر متوسط فراوانی سالانه موضوعات است در صورتی که موضوعی، شرایط نوظهور بودن را داشته باشد، در سلولی مجزا نوشته می‌شود، در غیر این صورت سلول مربوطه خالی می‌ماند، در این فرمول عدد عمر شاخص ۲۰ و عدد عمر متوسط فراوانی سالانه یک است.

به طور خلاصه برای به دست آوردن زمینه‌های نوظهور در اکسل مراحل زیر بر روی داده‌ها انجام شد تا درنهایت زمینه‌هایی نوظهور تشخیص داده‌شده:

۱. محاسبه فراوانی هر زمینه موضوعی،

۲. محاسبه فراوانی اخیر هر زمینه موضوعی (منظور فراوانی ۵ سال اخیر در هر دوره است)؛

۳. محاسبه سال شروع هر زمینه موضوعی؛

۴. محاسبه سال پایان هر زمینه موضوعی؛

۵. محاسبه عمر مفید هر زمینه موضوعی (عمر مفید از کم کردن سال آغازین از سال پایانی حاصل می‌شود و منظور از عمر مفید این است که هر موضوع چند سال دوام داشته است)؛

۶. محاسبه متوسط استفاده سالانه هر زمینه موضوعی (متوسط استفاده سالانه از تقسیم فراوانی بر عمر مفید به دست می‌آید)؛

۷. شناسایی موضوعات نوظهور بر اساس فرمول نویسی در نرم‌افزار اکسل؛

سپس به پیش‌بینی موضوعات هسته، نزدیک به هسته و نوظهور در دو دوره ۵ ساله (۲۰۰۹-۲۰۰۵) و ۱۰ ساله (۲۰۱۴-۲۰۰۵) پرداخته شد بر اساس دوره مبنا یا دوره پایه (۲۰۰۴-۱۹۰۹) و میزان انطباق پیش‌بینی انجام‌شده مورد بررسی قرا ر گرفت. بدین‌صورت که موضوعات در یک ستون از نرم‌افزار اکسل وارد شد و موضوعات دوره ۵ ساله یا ۱۰ ساله نیز در همان ستون زیر آن قرار گرفت و بر اساس فرمول‌نویسی موضوعات در دو دوره پیش‌بینی شد. همچنین میزان همپوشانی موضوعات هسته دو دوره ۱۰ ساله و ۵ ساله با دوره پایه بر اساس شاخص‌های دربردارندگی نیز محاسبه شد. شاخص دربردارندگی به‌منظور بررسی کلی میزان شباهت هر حوزه نسبت به حوزه‌های دیگر بکار می‌رود و نشان می‌دهد که چه میزان از توصیف‌گرهای یک حوزه در حوزه دیگر استفاده

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

شده است. برای محاسبه شاخص دربردارندگی از فرمول زیر استفاده می‌شود (۱۳).

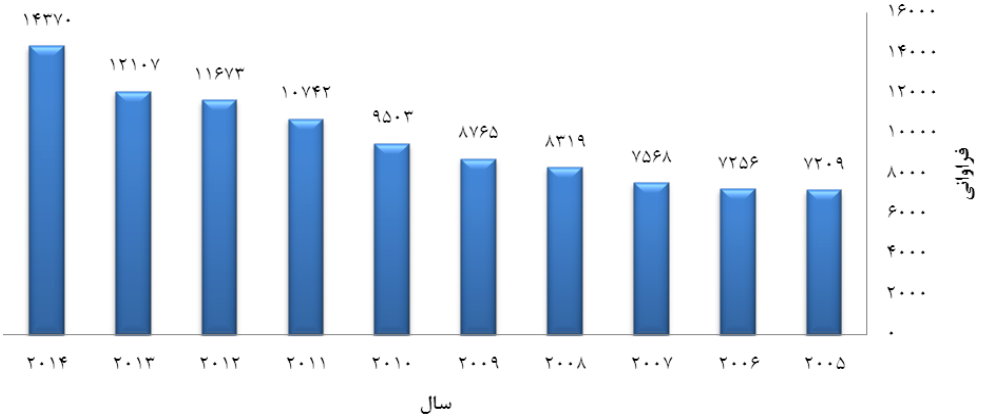
$$inc_{B,C} = ۱۰۰\frac{A}{M}$$

فرمول ۲: فرمول شاخص دربردارندگی جهت بررسی میزان همپوشانی موضوعی در بین دوره‌ها

در این فرمول A برابر تعداد اصطلاحات مشترک بین دو مجموعه است و M نماینده تعداد اصطلاحاتی است که در مجموعه B وجود دارد ولی در مجموعه C نیست.

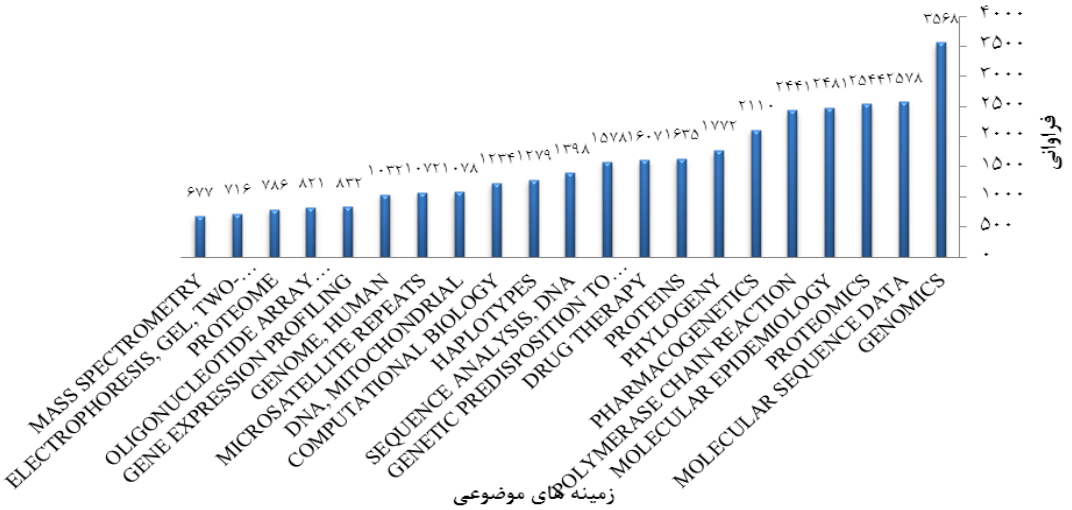
نتایج

نتایج حاصل از تحلیل داده‌ها نشان داد، روند رشد مقالات در حوزه ژنتیک در وب‌گاه پاب‌مد در فاصله سال‌های ۲۰۰۵ تا ۲۰۱۴ دارای سیر صعودی بوده است. به نحوی که تعداد مقالات در این بازه زمانی به حدود دو برابر خود رسیده است (نمودار ۱).



نمودار ۱: روند رشد مقالات در حوزه ژنتیک در بازه زمانی ۲۰۱۴-۲۰۰۵

در ادامه بر اساس محاسبه داده‌ها، زمینه‌های موضوعی پرکاربرد یا هسته (موضوعاتی که به لحاظ فراوانی استفاده بر اساس قاعده بردفورد در دسته اول اهمیت قرار گرفته‌اند) در این حوزه شناسایی و در نمودار چند مورد از زمینه‌های موضوعی با بیشترین فراوانی نمایش داده شده است (نمودار ۲).

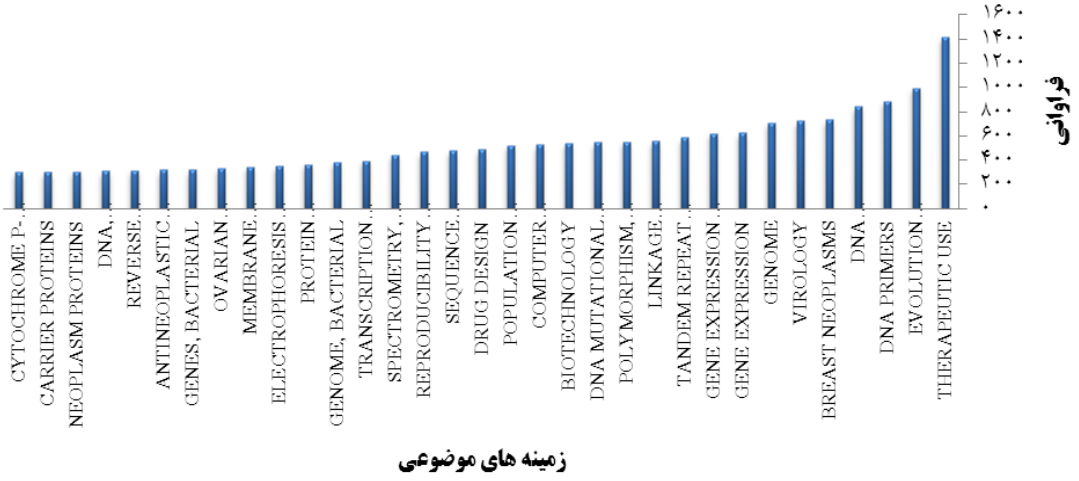


نمودار ۲: زمینه‌های موضوعی پرکاربرد یا هسته در حوزه ژنتیک

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

همان‌طور که در نمودار ۲ مشخص است موضوعات ژنومیکس (علم مطالعه ژن‌ها و عملکردشان) با فراوانی ۳۵۶۸، داده‌های توالی مولکولی با فراوانی ۲۵۷۸، پروتئومیکس (علم مطالعه پروتئوم) با فراوانی ۲۵۴۴، پس از آن واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) با فراوانی ۲۴۴۱، فارماکوژنتیک با فراوانی ۲۱۱۰ و فیلوژنی یا تکامل نژادی با فراوانی ۱۷۷۲، به ترتیب از پرکاربردترین موضوعات هستند.

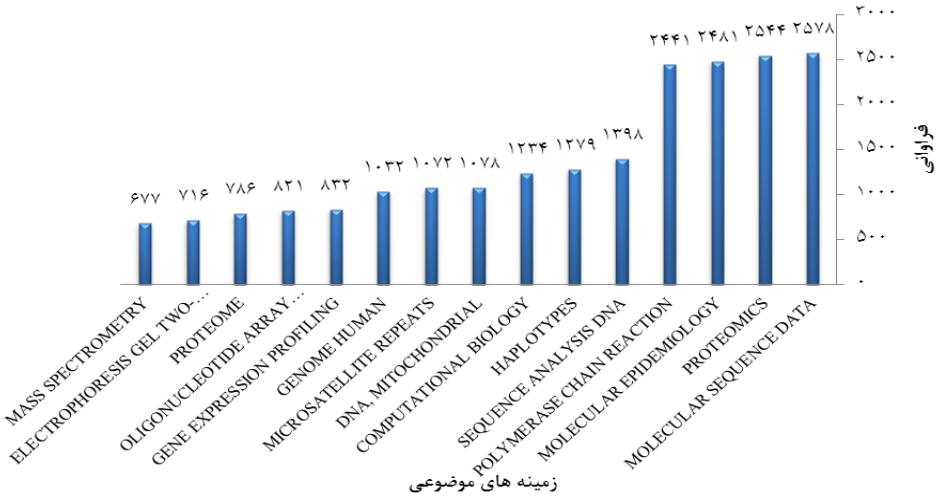
زمینه‌های موضوعی نزدیک به هسته، (موضوعاتی که به لحاظ فراوانی استفاده بر اساس قاعده بردفورد در دسته دوم اهمیت قرار گرفته‌اند) که می‌توان آن‌ها را نیز جزو موضوعات پرکاربرد حساب نمود، بر اساس بیشترین فراوانی در نمودار ۳ نشان داده شده است:



نمودار ۳: زمینه‌های موضوعی نزدیک به هسته در حوزه ژنتیک

بر اساس نمودار فوق، زمینه‌های موضوعی نزدیک به هسته شامل: استفاده درمانی، نئوپلاسمز پستان، تنظیم بیان ژن، تجزیه‌وتحلیل جهش دی‌ان‌ای (DNA)، طراحی دارو، عوامل یا فاکتورهای رونویسی، پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی، فارماکوکینتیک، ایمونوهیستوشیمی و ... است.

در ادامه زمینه‌های موضوعی نوظهور در حوزه مقالات مرتبط با ژنتیک، بر اساس فراوانی آورده شده است (نمودار ۴). این زمینه‌ها، موضوعاتی بودند که فراوانی سالانه بالایی داشته و اخیراً مورد توجه پژوهشگران قرارگرفته‌اند و به نظر می‌رسد بخش عمده‌ای از پژوهش‌های آینده این حوزه را به خود اختصاص دهند.



نمودار ۴: زمینه‌های موضوعی نوظهور (برجسته) در حوزه ژنتیک

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

همان‌گونه که در نمودار ۴ مشخص است، زمینه‌های موضوعی داده‌های توالی مولکولی، پروتئومیکس، اپیدمیولوژی مولکولی با فراوانی ۲۵۷۸، ۲۵۴۴، ۲۴۸۱ در رتبه اول تا سوم زمینه‌های موضوعی نوظهور در این حوزه قرار دارند. همچنین زمینه‌های موضوعی واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)، تجزیه‌وتحلیل توالی دی‌ان‌ای (DNA)، هاپلوتیپ، زیست‌شناسی محاسباتی، میتوکندری دی‌ان‌ای (DNA)، تکرار ریزماهواره، ژنوم بشر، بیان ژن، تجزیه‌وتحلیل توالی‌های الیگونوکلئوتیدی، پروتئوم، الکتروفورز ژل دوبعدی و طیف‌سنجی جرمی، به ترتیب دیگر زمینه‌های نوظهور را تشکیل می‌دهند.

در ادامه به پیش‌بینی موضوعات حوزه ژنتیک، با توجه به فراوانی و مدت عمر برای دوره ۵ ساله و ۱۰ ساله بر اساس موضوعات دوره پایه (۲۰۰۴-۱۹۰۹) پرداخته شد. یافته‌ها ۲۱ موضوع قابل پیش‌بینی را نشان داد. با توجه به ۲۰ موضوع مشترک در دوره ۵ ساله ۹۵ درصد (۲۰ موضوع از ۲۱ موضوع) پیش‌بینی به وقوع پیوست. همچنین در انطباق پیش‌بینی انجام‌شده با دوره ۱۰ ساله نیز مانند دوره قبل، ۱۸ موضوع از ۲۱ موضوع (۸۵/۷ درصد) پیش‌بینی به وقوع پیوست.

مقایسه موضوعات نزدیک به هسته دوره پایه (۲۰۰۴-۱۹۰۹) با داده‌های موضوعی دوره ۵ ساله ۵۶ موضوع از ۵۷ مورد پیش‌بینی شده حاصل شد، به عبارتی ۹۸/۲ درصد از پیش‌بینی به وقوع پیوست. به همین ترتیب برای دوره ۱۰ ساله ۴۱ موضوع از ۵۷ موضوع پیش‌بینی‌شده حاصل شد، به عبارتی ۷۱/۹ درصد پیش‌بینی تحقق یافت.

در بررسی میزان همپوشانی موضوعات هسته دو دوره ۱۰ ساله و ۵ ساله با دوره پایه، بنا بر فرمول شاخص دربردارندگی، مشخص شد، دوره ۵ ساله ۴۵/۴ درصد و دوره ۱۰ ساله ۲۱/۴ درصد به دوره پایه شباهت دارد.

جدول ۱: میزان شباهت موضوعات، بین دو دوره ۵ ساله (۲۰۰۹-۲۰۰۵) و ۱۰ ساله (۲۰۱۴-۲۰۰۵)

	تعداد کل موضوعات	موضوعات مشترک	شاخص دربردارندگی (درصد)
دوره ۵ ساله (۲۰۰۹-۲۰۰۵)	۴۴	۳۳	۳۹
۱۰ ساله (۲۰۱۴-۲۰۰۵)	۸۴	۳۳	۷۵

همچنین در انطباق موضوعات هسته در دو دوره ۵ ساله و ۱۰ ساله بر اساس فرمول شاخص دربردارندگی، این نتیجه حاصل شد که میزان شباهت موضوعات دوره ۵ ساله نسبت به دوره ۱۰ ساله، ۷۵ درصد و میزان شباهت دوره ۱۰ ساله به ۵ ساله ۳۹ درصد به دست آمد (جدول ۱). به عبارتی دوره ۵ ساله، ۷۵ درصد از موضوعات دوره ۱۰ ساله را شامل می‌شود و موضوعات دوره ۱۰ ساله ۳۹ درصد موضوعات دوره ۵ ساله را در بر می‌گیرد.

بحث

پیشرفت‌ها و تحولات علم ژنتیک و پزشکی مولکولی که همواره به‌طور پیوسته در کتب و مقالات می‌آید، ژن‌های جدیدی که روزانه کشف می‌شود، فناوری‌های مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی مولکولی که سالیانه صدها میلیارد دلار درآمد تولید می‌کند، توجه و علاقه فوق‌العاده‌ای را به خود جلب می‌کند. در پزشکی، این امر نه تنها به دلیل اهمیت و کاربرد آن در حوزه پیشگیری، تشخیص و درنهایت درمان بیماری‌های ژنتیکی است، بلکه به خاطر آنچه از این تحولات در مورد بشر می‌آموزیم، نیز هست.

Price در سال ۱۹۶۳ در کتاب علم کوچک، علم بزرگ که اثری پایه در علم اطلاع‌رسانی است، خاطرنشان می‌کند که تعداد مقاله‌های علمی هر پانزده سال دو برابر می‌شود. چنین میزان رشدی را نمی‌توان تنها به یک عامل نسبت داد و می‌توان نتیجه گرفت که این رشد بخشی از ماهیت علم است (۱۴). بررسی نتایج به دست آمده نیز نشان می‌دهد که روند تولیدات علمی در حوزه ژنتیک دارای سیر صعودی بوده است. نتایج این پژوهش همسو با نتایج پژوهش توکلی‌زاده راوری (۱۵) و اسدی و همکاران در حوزه فنی و مهندسی (۱۶)، پاپی و همکاران در حوزه سم‌شناسی (۱۷)، دولانی و همکاران در حوزه پزشکی

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

(۱۸)، مختاری و همکاران در حوزه نانو (۱۹)، مکی‌زاده و همکاران در حوزه دیابت (۲۰) و Hou و همکاران در سال ۲۰۱۵ در حوزه ارزیابی چرخه حیات (۲۱) است.

کشف زمینه‌های موضوعی هسته و نزدیک به هسته و تعیین موضوعاتی نوظهور در حوزه ژنتیک حائز اهمیت است و کمک شایانی برای سیاست‌گذاران و برنامه‌نویسان، پژوهشگران و به طور کلی کاربران، در شناسایی این حوزه خواهد بود. همان‌طور که در روش انجام کار گفته شده است، طبق فرمول‌های مختلف و با محاسبات انجام شده، سعی شده است زمینه‌های موضوعی پرکاربرد و موضوعاتی که به نظر می‌رسد در سال‌های آینده بخش عمده‌ای از تحقیقات و پژوهش‌ها را در حوزه ژنتیک تشکیل دهند، شناسایی و معرفی شوند.

زمینه موضوعی «داده‌های توالی مولکولی» با بیشترین فراوانی، زمینه موضوعی مهم در سال‌های آینده برای این حوزه است. مزیت استفاده از داده‌های مولکولی مشخص و روشن است. اطلاعات مولکولی فراوان‌تر از فسیل‌های ثبت شده هستند و دسترسی به آن‌ها نیز ساده‌تر است و به ترمیم شکاف‌های موجود در پیشینه فسیل‌های واقعی کمک می‌کند و همچنین درخت‌های فیلوژنتیک بزرگ‌تر و قوی‌تر را می‌توان با کمک داده‌های مولکولی به‌وجود آورد؛ بنابراین، این اطلاعات بسیار مورد توجه دانشمندان قرار گرفته‌اند و گاهی اوقات تنها اطلاعات در دسترس محققان، برای بازسازی تاریخچه تکاملی هستند (۲۲).

موضوع پروتئومیکس، علم مطالعه گسترده پروتئوم شامل مطالعه بیان، تغییرات پس از ترجمه و مطالعه برهم‌کنش پروتئین‌ها با سایر موکول‌ها است (۲۳). پروتئومیکس یک شاخه نوپا در ژنومیکس کاربردی است که هم‌زمان با اتمام پروژه توالی‌یابی ژنوم برخی موجودات مهم و برای پاسخ‌گویی به سؤالات پیش‌آمده در اثر توالی‌یابی ژنوم مانند «وظیفه پروتئین‌های بیان شده چیست؟» به وجود آمده است (۲۴).

از موضوعات نوظهور دیگری که معرفی شد، موضوع اپیدمیولوژی مولکولی بود. دانش اپیدمیولوژی مولکولی از جمله دانش‌های نوینی است که به بررسی ابعاد اپیدمیولوژیک بیماری‌ها با استفاده از روش‌های مولکولی می‌پردازد. در شاخه‌ای از این علم تحت عنوان اپیدمیولوژی ژنتیک، نحوه توارث بیماری‌ها و تداخل بین ژن و محیط بحث می‌شود. علاوه بر آن، اپیدمیولوژی مولکولی یکی از بهترین روش‌های پاسخ به بعضی سؤالات در حیطه‌های زیر است: ۱. بررسی چگونگی گسترش بیماری‌ها مانند HIV.AIDS در بین کشورهای دنیا و در سطح جهانی؛ ۲. بررسی چرخه انتقال بیماری‌ها در جوامع و نحوه توزیع آن‌ها در جامعه؛ ۳. بررسی میزان شدت بیماری‌ها با شاخص‌های مولکولی آن‌ها و مرتبط نمودن آن‌ها با شاخص‌های اپیدمیولوژیک مانند میزان بروز و میزان شیوع بیماری‌ها (۲۵).

از دیگر مباحث مهم و نوظهور بحث فارماکوژنتیک است، فارماکوژنتیک علم مطالعه داروها و بررسی اثر متقابل داروها و ژنوتیپ افراد است، مبحثی است که امروزی مورد توجه بسیار است، در این مقوله داروهای واحد اثرات متفاوتی در افراد مختلف دارند، برخی افراد برای دستیابی به اثر درمانی مشابه با دیگران به دوز کمتر یا بیشتری از دارو نیاز دارند. گاهی یک دارو هیچ اثر درمانی در برخی ندارد، گاهی دارویی که بیشتر مردم بدون مشکل مصرف می‌کنند برای اندکی از بیماران سبب واکنش‌های مضر می‌شود، گروهی از این واکنش‌های مضر دارویی و عدم پاسخ به یک دارو درنتیجه سرعت‌های متفاوت متابولیسم داروهایی است که وارد بدن می‌شوند (۲۶). به عبارتی ژن‌های ما در چگونگی جذب دارو در بدن و استفاده بدن از دارو و دفع آن دخالت دارند. این مطلب موضوع مورد مطالعه رشته‌ای است که فارماکوژنتیک نام دارد. «فارماکو» اشاره به دارو دارد و «ژنتیک» اشاره به صفت‌هایی دارد که فرد به ارث می‌برد. این رشته هنوز عملاً در مرحله تحقیق است و پا به میدان عمل ننهاده است، ولی آن روزی را مژده می‌دهد که پزشک می‌تواند از هر بیمار «کارنامه‌ای» تهیه کند که واکنش او را در برابر هر دارویی نشان دهد و بر اساس آن درمانی با حداکثر کارایی و حداقل خطرهای احتمالی اتخاذ کند (۲۷).

بررسی نتایج مربوط به شباهت موضوعات دو دوره بر اساس شاخص دربردارندگی، نشان داد که تحول در موضوعات بسیار بوده است و روزبه‌روز موضوعات جدید به حوزه ژنتیک افزوده می‌شود.

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

نتیجه‌گیری

بنابراین با توجه به نتایج به دست آمده، می‌توان گفت: رویکردهای کمی در مطالعات علمی، با توجه به کاستی‌هایی که دارد، نمی‌تواند همه‌جانبه به تحلیل ابعاد مختلف موضوع بپردازد، ولی به سیاست‌گذاران و برنامه‌ریزان، شناختی کلی می‌دهد تا به وضعیت کنونی، اشراف پیدا کرده و بتوانند واقعی‌تر تصمیم بگیرند و کارآمدتر عمل کنند. این‌گونه تحلیل‌ها قادرند به ما بگویند که توجهات جامعه علمی بیشتر به چه موضوعات، مسائل و مقالات و نظریاتی است؛ حوزه‌ها و زیر حوزه‌های مختلف علمی کدامند و تا چه حد دانشمندان در هریک مشغول به فعالیت و پژوهش‌اند؛ حوزه‌ها و موضوعات مختلف چه سیر تطوری را پشت سر گذاشته‌اند و احتمالاً در آینده نزدیک چه موضوعاتی در کانون توجه دانشمندان قرار خواهد گرفت. روند ادامه این نوع پژوهش‌ها که با هدف ارزیابی یک حوزه علمی انجام می‌گیرند درنهایت سبب تقویت مدیریت آن حوزه می‌گردد.

مطالعه کمی در عرصه سیاست‌گذاری و برنامه‌ریزی علم و پژوهش نیز علاوه بر موارد یاد شده قابل‌استفاده هستند؛ اما استفاده از این نتایج در عرصه سیاست‌گذاری دارای نکته ظریفی است، در پژوهش‌های کمی، علل پدید آمدن وضعیت موجود، موانع پیشروی پیشرفت علم، دلایل افزایش یا کاهش استفاده از موضوعات در هر حوزه، راهکارهای بهبود وضعیت موجود و ... مورد بررسی قرار نمی‌گیرد و تصمیم‌گیری در مورد هریک، نیازمند پژوهش‌های جداگانه است.

بر اساس موارد فوق می‌توان گفت:

- با توجه به اهداف علم‌سنجی که ارتباط بین موضوعات را نشان می‌دهد، این پژوهش نیز منجر به شناسایی ارتباط و میزان قدرت اصطلاحات در حوزه ژنتیک شد.

- موضوعات هسته و نزدیک به آن، به عبارتی موضوعات پرکاربرد، در حوزه ژنتیک که نقش مهمی در عرصه سیاست‌گذاری و برنامه‌ریزی علم در این حوزه دارد، مشخص گردید.

- موضوعات در حال ظهور یا نوظهور شناسایی شد که نوعی آینده‌نگری است و احتمالاً در آینده نزدیک این موضوعات مورد توجه پژوهشگران این حوزه قرار خواهد گرفت.

پیشنهادها

برای شناخت کامل حوزه ژنتیک، پژوهش‌هایی با استفاده از دیگر روش‌های علم‌سنجی مانند تحلیل استنادی، هم‌نویسندگی و ترسیم نقشه علمی و همچنین با استفاده از داده‌های دیگر پایگاه‌های معتبر در جهان می‌تواند تکمیل‌کننده این پژوهش باشد. پیشنهاد می‌شود در پژوهش مشابهی به مقالات حوزه ژنتیک پرداخته شود که پژوهشگران ایرانی در متون فارسی منتشر نموده‌اند و نتایج آن با پژوهش حاضر مقایسه شود. پیشنهاد می‌شود که متغیرهای فراوانی و طول عمر استفاده در مدارک مربوط به موضوعات دیگر مورد مطالعه قرار گیرد تا معلوم گردد که این متغیرها تا چه میزان تعمیم‌پذیر و قابل‌اتکا هستند.

سپاسگزاری

این مقاله حاصل پایان‌نامه تحت عنوان «مطالعه نقش فراوانی و مدت استفاده از اصطلاحات موضوعی، در تشخیص مفاهیم اصلی حوزه ژنتیک» در مقطع کارشناسی ارشد در سال ۹۵-۹۶ است که با حمایت دانشگاه یزد اجرا شده است.

References:

1- Mirmohammadi meybodi A, Mirlohi A. ***Genetics, history and branches, Library archives and copies Studies.*** The Mah book Science and Technology 2010; 134: 3-5. [Persian]

2- Makkizadeh F, Hazeri A, Keikhaee F. ***The Study of Thematic Structure of Documents related to the***

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

Treatment of Diabetes Mellitus, Type 2 in PubMed from 2005-2014. Modiriat Salamat 2016; 19(64): 43-55. [Persian]

3- Dana M. ***Check semantic relationships among topics covered in Persian scientific evidence in the field of global warming.*** Master of Science thesis surveys, Faculty of Social Sciences, Yazd University 2015. [Persian]

4- Mokhtari M, Tavakolizadeh-Ravari M, Zalzadeh E, Baghbanian M. ***Predicting Basic Concepts of a Field, Based on the Factors of Oldness and Frequency Use of Subject Terms: A Case Study on Colon Cancer.*** Iranian J of Health Information Management 2016; 13(5): 354-359. [Persian]

5- Makkizadeh F, Hazeri A, Hosininasab SH, Soheili F. ***Thematic Analysis and Scientific Mapping of Papers related to Depression Therapy in PubMed.*** Modiriat Salamat 2016; 19(65): 51-63. [Persian]

6- Zare Farashbandi F, Hovsepyan O, Askari G. ***Content analysis of cancer related nutritional information in Popular Iranian magazines.*** Payesh 2014; 14(1): 121- 130. [Persian]

7- Lee PC, Su HN. ***Quantitative mapping of scientific research-the case of electrical conducting polymer nanocomposite.*** Tech forecasting and social change 2010; 78(1): 132-151.

8- Zhi W, Ji G. ***Constructed wetlands, 1991- 2011: a review of research development, current trends, and future directions.*** Sci Total Environ 2012; 441: 19-27.

9- Chen C, Hu Z, Liu S, Tseng H. ***Emerging trends in regenerative medicine: a scientometric analysis in CiteSpace.*** Expert Opin Biol Ther 2012; 12(5): 593-608.

10- Krampen G, Von Eye A, Schui G. ***Forecasting trends of development of psychology from a bibliometric perspective.*** Scientometrics 2011; 87(3): 687-694.

11- Small, H, Boyack, Kevin W, Klavans, R. ***Identifying emerging topics in science and technology.*** Res Policy 2014; 43(8): 1450-1467.

12- Ravikumar S, Agrahari A, Singh SN. ***Mapping the intellectual structure of Scientometrics: a coword analysis of the journal Scientometrics (2005-2010).*** Scientometrics 2015; 102(1): 929-955.

13- Qin J. ***Semantic similarities between a keyword database and acontrolled vocabulary database: An investigation in the antibiotic resistance literature.*** J of the American Soc for Inf Sci 2000; 51(2): 166-180.

14- Price, D.J.D. ***Little science, big science.*** New York: Columbia University Press 1963; 314-316.

15- Tavakolizadeh Ravari M, Makkizadeh F, Abedi Khorasgani Z, Soheili F. ***Study co-authorship process and its relationship with Persian journal impact factor in the field of Iranian technical and engineering during the years 1380- 1389.*** Acad Librarianship and Inf Res 2015; 48(4): 583-603. [Persian]

16- Asadi M, saghafi S. ***A Study of co-authorship among the Iranian researchers in the field of engineering during 1990-2010.*** Iranian J of Eng Edu 2012; 14(55): 111-134. [Persian]

17- Papi Z, Nooshinfard F. ***Iranian researchers in the field of toxicology co-authorship of scientific information***

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

base from 1991 to 2011. Institute of Health Information Management 2014; 11 (1): 49-59. [Persian]

18- Dolani A, Haji-Mohammedan M, Rashidi A, Nazari H, Khosroshahi S, MotazakkerM. ***Production of Urmia University of Medical Sciences based databases WOS, SCOPUS and PUB MED.*** Urmia Med J 2012; 23 (5): 531-538. [Persian]

19- Mokhtari M, Moradi M. ***Most articles published ISI nanotechnology Persia who limitations?*** Nanotechnology 2010; 9 (6): 10-16. [Persian]

20- Makkizadeh F, Hosaininasab SH, Zalzadeh E, Hazeri A. ***The Thematic Structure of Papers on Depression Treatment in PubMed from 2005 to 2014.*** Health In Manage 2016; 13(5): 347-53.

21- Hou, Q, Mao G, Zhao L, Du H. ***Mapping the scientific research on life cycle assessment: a bibliometric analysis.*** Int J Life Cycle Assess 2015; 20: 541-555.

22- Ericson PGP, Anderson CL, Britton T, Elzanowski A, Johansson Ulf S. ***Diversification of Neoaves: integration of molecular sequence data and fossils.*** Biology Letters 2006; 2: 543-547.

23- Palzkill T. ***Proteomics.*** Boston: Kluwer Academic Publishers, 2002: 211-230.

24- Samaj J, Thelen J. ***Plant proteomics.*** Springer Verlag Berlin Heidelberg New York, 2007:128-139.

25- Haghdoost A. ***Understanding the molecular epidemiology.*** J of Kerman Med Sci 2005; 15(1): 511-514. [Persian]

26- Dehbozorgi M. ***Gene polymorphisms CYP2C19*3 in the ethnics iranians.*** Master's Thesis Biology Genetics. School of Life Sciences. University of Sistan and Baluchestan 2013. [Persian]

27- Wathiqzadeh Ansari H. ***Pharmacogenetics.*** Pharmacogenetics.Retrieved on 2016. [Persian]

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]

Identifying Emerging Topics in the Field of Genetics: A Scientometrics Analysis

Fatemeh Makkizadeh *[1], Naeimeh Nayeb Mahdiabadi [2], Ebrahim Zalzadeh [3], Mohammad Tavakolizadeh Ravari [4]

[1] Faculty of Social Sciences, Yazd University
[2] MA Student in Scientometrics Course-- Social Sciences Department, Yazd University
[3,4] Faculty of Social Sciences, Yazd University

Received: 14 Jan 2017 **Accepted:** 6 Apr 2017

Abstract

Introduction: Genetics is a scattered subject of diversity and inheritance in living organisms. There has been a lot of research in this area. The purpose of this study was identifying the active research in this field and the range of topics that have been addressed in the field of science in the recent years.

Methods: The present study was conducted to study the genetic changes in the field of scientism. 79593 articles related to the basic period (2004-1909), 40184 articles for the period of 5 years (2009-2005) and 97512 articles of the 10 year period (2014-2005) in the field of genetics using PreMap software, Excel and SPSS.

Results: The growth trends of articles in the field of genetics in the study period was upward. Molecular sequence data with the frequency of 2578, proteomics with 2544, and molecular epidemiology with 2481 were ranked first to third of the emerging thematic areas in this field. The most active research in this field included genomics, proteomics, polymerase chain reaction (PCR) and pharmacokinetics. The inclusive index showed that there has been a lot of development in the topics, and new topics are being added to genetic field day by day.

Conclusion: The discovery of conceptual relationships between the documents of a scientific domain is a complex process, so the results of this also need a deep understanding. The quantitative approaches to scientific studies, although they have shortcomings and cannot be immersive in analyzing different dimensions of the subject, are not useful either, and policy makers and planners with knowing the current situation can make a more realistic decision and act more effectively.

Keywords: Genetics, Core subjects, Emerging Topics, Scientometrics

This paper should be cited as:
Makkizadeh F, Nayeb Mahdiabadi N, Zalzadeh E, Tavakolizadeh Ravari M. **Identifying Emerging Topics in the Field of Genetics: A Scientometrics Analysis.** J Shahid Sadoughi Univ Med Sci 2017; 25(4): 252-63.

***Corresponding author: Tel: 09133516064, email: makkizadeh@yazd.ac.ir**

[Downloaded from jssu.ssu.ac.ir on 2026-11-25]