J. SLIS, 17(3): 77-103, Autumn 2025 slis.scu.ac.ir

Shahid Chamran University of Ahvaz

Journal of Studies in Library and Information Science
(*JSLIS*)

https://doi.org/10.22055/slis.2026.50453.1998

Research Paper

Comparative study of scientific genealogy software in order to create special genealogy software in the field of information science and Knowledge

Zahra Doostzadeh [1], Amir Reza Asnafi[2*], Maryam Pakdaman Naeini[3]

1. M.A. Student in Library and Information Science, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran.
2. Associate Professor, Department of Library and Information Science, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran.
3. Ph.D. in Library and Information Science, Alzahra University, Tehran, Iran.

Article Info.

Received: April 1, 2025 **Accepted**: August 25, 2025

Abstract

Background and Objectives: The primary objective of this study was to introduce, analyze, and identify the most significant features of scientific genealogy software, with the ultimate aim of proposing a conceptual model for designing a specialized scientific genealogy system tailored to the field of Information Science. Scientific genealogy software has increasingly become an essential tool for mapping academic relationships, tracing intellectual lineages, and visualizing the transmission of knowledge across generations of scholars. These systems offer a structured approach to understanding how ideas, theories, and methodologies evolve through mentorship, supervision, and institutional affiliation. Despite the growing importance of such tools within the broader academic landscape, there has been limited effort to systematically evaluate their features and adapt them to the specific needs of Information Science and Knowledge Studies. This study seeks to address this gap by conducting a comprehensive analysis of existing genealogy software, identifying their core capabilities, and developing a framework to guide future development in this field. By focusing on Information Science, the research highlights the disciplinary identity of this domain and its unique requirements for documenting scholarly heritage.

Methodology: This study was applied in nature and employed a descriptive–correlational design for data collection. In the first stage, existing genealogy software systems were reviewed, and their features were categorized. In the second stage, the study population comprised experts in Information Science and Knowledge Studies. Using purposive sampling and careful identification of knowledgeable individuals, 65 specialists in scientific genealogy within the field of Information Science were selected. Data were collected through a researcher-designed questionnaire, whose content validity was confirmed by experts in the field. To establish construct validity, the results of the measurement model were examined using first-order confirmatory factor analysis. For data analysis, Smart PLS 3 software was employed, which is one of the most widely used tools for structural equation modeling. This methodological approach allowed the researchers to test hypotheses regarding the influence of different software components on overall system capabilities, ensuring that both technical and conceptual dimensions were rigorously examined.

Findings: The statistical tests indicated that several components significantly influence the capabilities of scientific genealogy software. These components include:

1. Data Entry and Registration – The ability to accurately record and input information directly impacts the

effectiveness of genealogy systems. Without reliable data entry, the integrity of the entire system is compromised.

2. Search, Storage, and Retrieval – Efficient search mechanisms, along with reliable storage and retrieval functions, are critical for enabling users to access and analyze genealogical data. These features determine how easily scholars can trace academic lineages and explore intellectual connections.
3. Auxiliary Features – Additional functionalities, such as visualization tools, export options, and integration with external databases, contribute to enhancing the software's usability. Visualization, in particular, plays a crucial role in making complex relationships more comprehensible.
4. Reporting – The ability to generate structured reports and summaries was identified as an essential feature for academic and administrative purposes, enabling institutions to document scholarly contributions and supervisory networks.
5. Help and Guidance – Built-in guidance systems, tutorials, and user manuals significantly enhance the accessibility and user-friendliness of the software, ensuring that even non-technical users can benefit from the system.
6. Financial Tariffs – The cost structure and licensing models also influenced the adoption and sustainability of genealogy systems. Affordable and transparent pricing models were found to encourage broader usage.

The findings demonstrated that the importance of these features is not uniform. Each software package, while sharing certain commonalities, possesses unique characteristics that distinguish it from the others. Consequently, the study concluded that a combination of different genealogy systems may be necessary to achieve optimal functionality within the field of Information Science. This underscores the need for a hybrid approach that integrates diverse capabilities rather than relying on a single, monolithic system.

Discussion: Unlike general-purpose genealogy tools, systems developed for Information Science must accommodate the specific requirements of academic lineage mapping, including the representation of doctoral supervision, institutional affiliations, and interdisciplinary collaborations. This study underscores the importance of integrating both technical and organizational considerations. For instance, while advanced search and retrieval functions are indispensable, factors such as cost, accessibility, and user support must also be addressed. Furthermore, the results suggest that future development should not aim for a single "perfect" system but rather adopt a modular approach that combines the strengths of different software packages. Based on these findings, the study proposes that the development of scientific genealogy software for Information Science should be guided by a hybrid model that integrates diverse capabilities. Such a model would ensure that the system is not only technically robust but also responsive to the practical needs of researchers, educators, and administrators. By emphasizing the heterogeneity of existing tools and advocating for a composite approach, this research contributes to the advancement of Information Science as a discipline. It also provides a roadmap for enhancing the visibility and impact of scholarly genealogies, thereby fostering a deeper understanding of academic heritage and intellectual continuity. Ultimately, this study demonstrates that scientific genealogy systems, when carefully designed and adapted, can serve as powerful instruments for strengthening disciplinary identity, promoting collaboration, and preserving the intellectual legacy of Information Science.

Keywords: scientific genealogy, scientific genealogy software, information science and epistemology, software capability, software report

---

***Corresponding author:** Email: aasnafi@gmail.com

How to Cite: Doostzadeh, Z., Asnafi, A., Pakdaman Naeini, M. (2025). Comparative study of scientific genealogy software in order to create special genealogy software in the field of information science and Knowledge. *Journal of Studies in Library and Information Science, 17*(3), 77-103.

Authors retain the copyright and full publishing rights.
Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. This article is an open access article licensed under the Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0)

فصلنامه
مطالعات کتابداری و علم اطلاعات. سال ۱۷، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۴

مقاله پژوهشی

مطالعه تطبیقی نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی به منظور ارائه مدلی جهت ایجاد نرم‌افزارنسب‌شناسی ویژه حوزه علم اطلاعات و دانش‌شناسی

زهرا دوست زاده[۱]، امیررضا اصنافی[۲*]، مریم پاکدامن نایینی[۳]

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد علم اطلاعات و دانش شناسی دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران
۲. دانشیار گروه علم اطلاعات و دانش شناسی دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران
۳. دکتری علم اطلاعات و دانش شناسی، دانشگاه الزهرا، تهران، ایران

اطلاعات مقاله

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۱/۱۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۶/۰۳

چکیده

هدف: هدف این پژوهش آن بود که پس از معرفی نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی، مهم‌ترین ویژگی‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی‌علمی را شناسایی کند و در نهایت به ارائه الگوی پیشنهادی به منظور ایجاد نرم‌افزار نسب‌شناسی‌علمی ویژه حوزه علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی بپردازد.

روش‌شناسی: این پژوهش از نظر هدف کاربردی، از نظر شیوه جمع‌آوری داده‌ها توصیفی از نوع همبستگی بود. جامعه مورد مطالعه در مرحله دوم شامل متخصصان علم اطلاعات ودانش‌شناسی است که در این پژوهش با نمونه گیری هدفمند و رصد افراد مطلع، تعداد ۶۵ نفر از متخصصان نسب‌شناسی علمی در علم اطلاعات و دانش‌شناسی انتخاب شدند. در پژوهش حاضر از پرسشنامه محقق ساخته استفاده شد که روایی محتوای آن تأیید گردید. در ادامه برای تعیین روایی سازه به نتایج مدل اندازه‌گیری در قالب تحلیل عاملی تأییدی مرتبه اول استناد شد. جهت تحلیل داده‌ها از نرم افزار *Smart PLS 3* که‌یکی از پرکاربردترین نرم افزارهای مدل سازی معادلات ساختاری است، استفاده شد.

یافته‌ها: نتایج آزمون نشان داد ۱) بخش ثبت و ورود اطلاعات بر قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر دارد. ۲) بخش جستجو و ذخیره و بازیابی بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر دارد. ۳) امکانات جانبی نرم‌افزارها بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر دارد. ۴) گزارش بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر دارد. ۵) بخش مربوط به راهنما بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر دارد. ۶) تعرفه‌مالی بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر دارد *[P ≤ ۰/۰۵]*.

نتیجه‌گیری: بر اساس یافته‌های پژوهش می توان نتیجه گرفت، اهمیت هر یک از قابلیت‌های موجود در نرم افزارهای نسب شناسی یکسان نبوده و هر کدام از نرم افزارهای نسب شناسی در حین اشتراکات، دارای ویژگی‌های خاص تری هستند و لازم است از ترکیبی از نرم افزارهای نسب‌شناسی استفاده شود.

کلیدواژه‌ها: *نسب‌شناسی‌علمی،نرم‌افزارنسب‌شناسی‌علمی،علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی، قابلیت نرم‌افزار، گزارش نرم‌افزار*

*نویسنده مسئول
ایمیل: aasnafi@gmail.com

استناد به این مقاله:
دوست زاده، زهرا، اصنافی، امیررضا، پاکدامن‌نایینی، مریم (۱۴۰۴). مطالعه تطبیقی نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی به منظور ارائه مدلی جهت ایجاد نرم‌افزارنسب‌شناسی ویژه حوزه علم اطلاعات و دانش‌شناسی. *مطالعات کتابداری و علم اطلاعات*، *۱۷*(۳)، ۷۷-۱۰۳.

مقدمه و بیان مسئله

آگاهی از پیشینه‌ی هر نسل و فرد امری ضروری و لازم است و این در پرتو نسب‌شناسی به دست می‌آید. نسب‌شناسی گزارشی از نسب یک خانواده یا گروه از یک اجداد و یا از اشکال قدیمی‌تر است (Anil & Others, 2018) . لغت نسب‌شناسی از دو واژه‌ی یونانی ژنئا[1] و لوگوس[2] به معنای "نسل و تبار" و "دانش و معرفت" تشکیل شده است. این کلمه در کلیت خود به معنای "دانش شناخت نسب یک پدیده" است. در علومی مانند مردم‌شناسی، قوم‌نگاری و فرهنگ‌شناسی پژوهش نسب‌شناسانه شامل فرایند اکتشاف منابع و مدارکی به منظور یافتن اطلاعاتی در مورد تاریخچه‌ی به هم پیوستگی و توسعه‌ی تبارها و نسل‌ها از طریق مطالعه‌ی اتصالات میانشان که معمولاً توسط ازدواج و هم جوشی بین گروه‌ها و اقوام مختلف شکل می‌گیرند، است (Bamdad Soofi,2018). نسب‌شناسی درواقع، علمی است که به شناسایی نسب‌های مردم می‌پردازد و هدف آن پیشگیری از خطا در تعیین نسب اشخاص است. نسب‌شناسی بنابر نیازهای دینی، سیاسی، ادبی و اجتماعی دارای فواید زیادی است (Samani & Montazer Alghaem, 2011). علاوه بر این‌ها کارکردهای مشترکی از جمله ثبت‌احوال و تراجم اشخاص، اسم‌شناسی، مزارشناسی، کارکردهای اجتماعی و کارکردهای سیاسی میان نسب‌شناسی و تاریخ وجود دارد که نیاز است به این علم پرداخت (Bigdeli , Razavi, & Shabani, 2018). همچنین نسب‌شناسی در سال‌های اخیر به عنوان یک تلاش یادگیری مادام العمر محبوبیت زیادی به دست آورده است (Herskovitz & Hardoff Jaffe, 2017) . نسب‌شناسی، می‌تواند نسل‌های زیادی را درگیر کند و حجم بسیار زیادی از داده‌ها را تولید کند. همچنین مصورسازی داده‌های نسبی‌شناسی، کمک می‌کند که افراد درک دقیق‌تری از روابط داشته باشند. با توسعه اینترنت و بهره‌گیری از قابلیت‌های مختلف آن، نسب‌شناسی شکل تازه‌ای از تغییر و گسترش را تجربه کرده است و فرصت تازه‌ای برای نسب‌شناسان به منظور گردآوری و روزآمدسازی سریع اطلاعات فراهم آورد که این قضیه باعث علاقه‌مندی بسیاری از افراد به نسب‌شناسی شد. هرچند علاقه‌مندی افراد در حوزه نسب‌شناسی به شجره‌نامه‌خانوادگی بوده است اما پژوهشگران در سال‌های اخیر، به استفاده از نسب‌شناسی در حوزه‌های علمی و دانشگاهی توجه کرده‌اند. در نسب‌شناسی‌علمی یا همان نسب‌شناسی‌دانشگاهی، تأکید روی رابطه علمی افراد مثل همکار، یا استاد–دانشجو است و همینطور داشتن اطلاعات و آگاهی درباره اینکه تکامل یک رشته علمی چگونه رخ داده است اهمیت دارد (Asnafi & Keshavarzian, 2018). نسب‌شناسی‌علمی به عنوان شاخصی برای مشخص کردن فضای بین رشته‌ای استفاده شود. نسب‌شناسی علم مطالعه ریشه و تاریخ خانواده است اما در عصر امروز، معنای آن گسترده‌تر از گذشته شده است، دانشگاهیان مدت‌هاست که جایگاه خود را در جستجوی دانش در نظر گرفته‌اند. آن‌ها از کسانی که قبل از آن‌ها آمده‌اند آگاهند و پیوسته در دانش کار می‌کنند تا جایگاه خود را بسازند. نسب‌شناسی‌علمی، دید بهتری از قدرت‌های تأثیرگذار را در زندگی و دوره تحصیلی را در اختیار مشاهده‌گر قرار می‌دهد (Russell &, Sugumito,2009) . نسب‌شناسی علمی در واقع مطالعه میراث فکری است که از طریق روابط رسمی مشاوره بین پژوهشگران برقرار می‌شود و فرصت خوبی برای ارزیابی پژوهشگران و حوزه‌های پژوهش‌های آنها ارائه می‌دهد (Damaceno and others, 2019). نسب‌شناسی علمی می‌خواهد به این سؤال پاسخ دهد که افراد تاثیرگذار در یک حوزه یا خانواده علمی خاص چه کسانی هستند و از کجا آمده‌اند و چه ارتباطاتی با دیگر افراد خانواده بزرگ علمی دارند؟ نسب‌شناسی علمی فقط به یک رشته متکی نیست و ماهیتی میان رشته‌ای دارد (Pazouki, Karbalaei-Agha Kamran, , & Ghaebi, 2020). همچنین مصورسازی داده‌های نسبی‌شناسی، کمک می‌کند که افراد درک دقیق‌تری از روابط داشته باشند. باید بیان داشت که نسب شناسی، با توسعه اینترنت و بهره‌گیری از قابلیت‌های مختلف آن، شکل تازه‌ای از تغییر و گسترش را تجربه کرده است. هرچند علاقه‌مندی افراد در حوزه نسب‌شناسی بیشتر متمرکز بر

1 - genea
2 - logos

شجره‌نامه‌خانوادگی بوده است اما پژوهشگران در سال‌های اخیر، به استفاده از نسب‌شناسی در حوزه‌های علمی و دانشگاهی توجه کرده‌اند. در نسب‌شناسی‌علمی یا همان نسب‌شناسی‌دانشگاهی، تأکید روی رابطه علمی افراد مثل همکار، یا استاد–دانشجو است و همینطور داشتن اطلاعات و آگاهی درباره اینکه تکامل یک رشته علمی چگونه رخ داده است اهمیت دارد (Asnafi & Keshavarzian, 2018).

نسب‌شناسی‌علمی، چشم انداز بهتری از قدرت‌های تأثیرگذار را در زندگی و دوره تحصیلی را در اختیار مشاهده‌گر قرار می‌دهد(Russell &, Sugumito,2009) . در حقیقت، این حوزه برای مطالعه میراث فکری است که از طریق روابط رسمی مشاوره بین پژوهشگران برقرار می‌شود و فرصت خوبی برای ارزیابی پژوهشگران و حوزه‌های پژوهش‌های آنها ارائه می‌دهد (Damaceno and others, 2019). امروزه نسب‌شناسی با کارکردی مشابه در فضای علمی/دانشگاهی نیز به کار می‌رود که با عنوان نسب‌شناسی علمی شناخته می‌شود که به مطالعه کمّی میراث فکری منتقل شده از اساتید و مشاوران (مانند ناظران، مشاوران علمی و..) و دانشجویان تعبیر می‌شود. این حوزه، می‌خواهد به این پرسش پاسخ دهد که افراد تاثیرگذار در یک حوزه یا خانواده علمی خاص چه کسانی هستند و از کجا آمده‌اند و چه ارتباطاتی با دیگر افراد خانواده بزرگ علمی دارند؟ (Pazouki, Karbalaei-Agha Kamran, , & Ghaebi, 2020). بررسی ها نشان داده است که در داخل کشور، نرم افزار ویژه نسب شناسی علمی وجود ندارد و این خلاء در عرصه مطالعات نسب شناسی علمی احساس می شود. لذا در این راستا پژوهش حاضر در نظر دارد به مطالعه مطالعه تطبیقی نرم‌افزارهای موجود غیر ایرانی نسب‌شناسی علمی به منظور ارائه الگوی نرم‌افزار ویژه نسب‌شناسی علمی در حوزه علم اطلاعات و دانش‌شناسی بپردازد.

پیشینه پژوهش

در این بخش به مطالعه پیشینه‌های پژوهش در حوزه نسب‌شناسی‌علمی پرداخته شده است و سعی شده است به مرتبط‌ترین پژوهش ها در این حوزه پرداخته شود که در دو بخش پیشینه‌های داخل کشور و پیشینه‌های خارج از کشور به ترتیب از قدیم به جدید آورده شده اند. در این بین پژوهش های بسیاری با محوریت نسب‌شناسی تاریخی یافت شد که بنا بر اختصاص این پژوهش به مبحث نسب‌شناسی‌علمی از ذکر آن موارد چشم‌پوشی شد.برای یافتن پیشینه‌های مربوط به این پژوهش از کلیدواژه‌های فارسی (علم‌انساب، نسب‌نامه، شجره‌نامه، تبارنامه، نسب‌شناسی،تبارشناسی، نسب‌شناسی علمی، نسب‌شناسی تحصیلی ، نسب‌شناسی دانشگاهی) و کلیدواژه‌های لاتین (genealogy, academic genealogy, scientific genealogy, scientific genealogy software) در پایگاه‌داده‌های مگیران، نورمگز، سیولیکا، پرتال جامع علوم انسانی، پایگاه مرکز اطلاعات جهاد دانشگاهی و گوگل اسکالر استفاده شده است. همچنین در پایگاه‌های اطلاعاتی کتابخانه مرکزی دانشگاه شهید بهشتی، دانشگاه تهران و ایرانداک نیز جستجو شده است. Asnafi & Keshavarian(2018) در پژوهش خود با عنوان " در آمدی بر نسب‌شناسی دانشگاهی" با روش مروری و براساس متون انجام شده به مفهوم نسب‌شناسی علمی و نسب‌شناسی دانشگاهی پرداخته‌اند و در ادامه به معرفی پروژه‌ها و نرم‌افزارهای مهم نسب‌شناسی علمی موجود از جمله (ایج لانگ‌تری[1]، آهنن بلات[2]، فمیلی هیستورین[3]، فمیلی‌تری می‌کر[4]، جن‌باکس‌فمیلی‌هیستوری[5]، جنوپرو[6]، هردیس[7]، دمستر جنالوژیست[8]،

1 . Age Long Tree
2 .AhnenBlatt
3 . Family Historian
4 . Family Tree Maker
5 . GenBox Family History
6 .GenoPro
7 .Heredis
8 . The Master Genealogist

اسمارت جنالوژی[1]، روتس تراست[2]، روتس می‌جیک[3]، جنالوژی جی[4] و گرامپس[5]) پرداخته اند که پژوهشگران برای مشخص کردن نسب‌شناسی علمی و ترسیم روابط علمی پژوهشگران می‌توانند از آن‌ها بهره بگیرند و همینطور به برخی از ویژگی‌های مهم و مشترک این نرم‌افزارها اشاره کرده‌اند. یافته‌های پژوهش نشان می‌دهد که پروژه‌های متعددی در خصوص نسب‌شناسی علمی عملیاتی شده که از طریق روابط علمی استاد راهنما–دانشجو ترسیم شده و می‌تواند الگویی برای اجرای پروژه‌های مشابه در ایران باشد.

Pazouki, Karbalaei-Agha Kamran, , & Ghaebi,(2020)در پژوهشی با عنوان" بازنمون روابط تبارشناختی علمی در متون درسی رشته علم اطلاعات و دانش‌شناسی" با استفاده از روش ترکیبی و با استفاده از روش‌های تحلیل استنادی و پیمایشی به بررسی روابط تبارشناختی علمی در ۳۰ کتاب درسی رشته علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی و ۱۴۵۲ رکورد استنادی پرداخته‌اند که تمامی رکوردها در قالب شناسنامه استناد مورد تجزیه و تحلیل قرارگرفتند و شناسنامه هرکتاب، شامل تحلیل استنادها و روابط نویسندگان، طی مصاحبه نیمه ساختاریافته، مورد تأیید نویسندگان قرارگرفت. نتایج پژوهش آن‌ها نشان می‌دهد که روابط علمی در خاندان علمی نویسندگان کتاب‌های درسی به روشنی قابل ردیابی است و دانشجویان برای تبیین و توضیح و توجیه و اعتباربخشی به اساتید خود استناد می‌دهند. درحالیکه بیشترین استناد به دانشجویان در مرور پیشینه‌ها است.

در سال ۱۹۸۷ روابط علمی بین دانشجویان دکتری در یک درخت‌علمی ترسیم شد. این درخت علمی، در آن زمان۲۰۰ نفر را در بر می گرفت. چند سال بعد، آنها برای نشان‌دادن این روابط علمی یک نسب‌شناسی مبتنی بر وب را ایجاد کردند. نتایج حاصل از پژوهش آن‌ها نشان داد که این پایگاه، علاوه بر ثبت مشخصاتی نظیر نام، نام استاد راهنما، درجه علمی، سال اخذ مدرک، موسسه فعلی، آدرس و رایانامه، امکان ذخیره سازی روابط با جزئیاتی نظیر موقعیت شغلی فعلی و اطلاعات تماس را نیز فراهم می‌کند.(Bennett & Lowe ,2005)

Russell &, Sugumito(2009) در پژوهش خود با عنوان" درختان خانوادگی ام پی ای سی تی[6]: کمی‌سازی نسب‌شناسی دانشگاهی در علم کتابداری و اطلاع رسانی" یک تکنیک جدید برای محاسبه نمرات شجره‌نامه برای افراد و خانواده‌های دانشگاهی ارائه می‌دهند. این تکنیک مبتنی بر داده، بستری را برای زمینه‌سازی و بینش بیشتر نسبت به میراث دانشگاهی فراهم می‌کند. این تکنیک که به طور گسترده اجرا می‌شود، می‌تواند بینش قابل توجهی در مورد مربیگری به عنوان افزودنی ارزشمند به معیارهای سنتی دانشگاهی تدریس، بورس تحصیلی و خدمات ارائه دهد. Sugimoto and others (2011) در پژوهشی با عنوان " نسب‌شناسی علمی به عنوان شاخصی میان رشته‌ای: بررسی شبکه‌های پایان‌نامه در علم کتابداری و اطلاع‌رسانی" از داده‌های شبکه تبارشناسی‌علمی از ۳۰۳۸ رساله‌های دکتری در کتابداری و علم اطلاعات در یک بازه زمانی ۸۰ ساله (۲۰۰۹–۱۹۳۰) برای توصیف تغییرات بین رشته‌ای در این رشته استفاده می‌کند. جنبه‌های شجره تحصیلی مشاوران و اعضای کمیته، مانند کشور، مدرسه، و رشته تحصیلی بالاترین درجه، تجزیه و تحلیل می‌شوند تا ویژگی‌های بین رشته‌ای کتابداری و اطلاع رسانی[7] را آشکار کنند. نتایج، نشان‌دهنده سابقه قوی مربی‌ها از رشته‌هایی مانند آموزش و روانشناسی، روند کاهشی مربی‌ها با مدرک ال آی اس ، و روند افزایشی در دریافت مدرک مربی‌ها در علوم کامپیوتر، تجارت، و ارتباطات، در میان رشته‌های

1 . Smart Genaology
2 . Roots Trust
3 . Roots Magic
4 . Genaology J
5 . Gramps
6 - MPACT
7 - LIS

دیگر است. این کار استفاده از تبارشناسی علمی را به عنوان شاخصی از بین رشته‌ای پیشنهاد و بررسی می‌کند و پژوهش‌های بیشتری در مورد نقش ترکیب کمیته دکتری درحرفه آکادمیک بعدی دانشجو می‌طلبد.

Sugimoto, NI, Russell, & Bychowski (2013) در پژوهش خود با عنوان" نسب‌شناسی دانشگاهی به عنوان شاخصی از بین رشته ای بودن: آزمون مقدماتی پایان‌نامه‌های دکتری جامعه‌شناسی" به بررسی میراث بین رشته‌ای حوزه جامعه‌شناسی با استفاده از شبکه‌های شجره‌نامه دانشگاهی براساس داده‌های پایان‌نامه دکتری از پایگاه اطلاعاتی پروکوئست پرداخت. در این پژوهش، نام مشاور ارائه‌شده توسط هر پایان‌نامه , نظم هر مشاور با تطبیق با پایگاه‌داده پروکوئست مشخص شد و مقوله‌های موضوعی اختصاص‌یافته به پایان‌نامه‌های مشاور به عنوان رشته مشاور تقریب زده شدند. نتایج نشان داد که مناطق عمده تعامل با جامعه‌شناسی دارند . رشته‌هایی مانند مدیریت کسب‌وکار , علم بهداشت و اقتصاد , روند رو به افزایش در درصد مشاوران جامعه‌شناسی را از خود نشان می‌دهند , در حالی که روند کاهشی را می‌توان در تاریخ و ادبیات یافت .

Maderia and others (2019) در پژوهشی با عنوان"درخت طلا: یک سامانه اطلاعاتی برای تجزیه و تحلیل نسب‌شناسی دانشگاهی" این پژوهش یک سامانه اطلاعاتی به نام درخت طلایی را توصیف می‌کند که هدف آن، تجسم درختان شجره‌نامه علمی ایجاد شده از مجموعه‌ای از فراداده استخراج‌شده و از منابع متعدد ادغام شده‌است. این سامانه پیشنهادی به پژوهشگر امکان می‌دهد تا در هر سطحی اطلاعاتی را در مورد مشاوران و دانشجویان کارشناسی‌ارشد خود جستجو و پی‌گیری کند. برای اعتبارسنجی سیستم از داده‌های بیش از ۵۷۰ هزار پایان‌نامه و پایان‌نامه استفاده شده‌است. نتایج حاصل از پژوهش آن‌ها نشان داد سامانه اطلاعاتی توصیف‌شده در این پژوهش می‌تواند به پژوهش در مورد روابط نسب‌شناسی دانشگاهی برای رسیدن به متنوع‌ترین اهداف کمک کند و با رابط جستجوی کاربرپسند , کاربران می‌توانند نتایج را از دیدگاه‌های مختلف درخت تجزیه و تحلیل و ترسیم کنند.

Maderia and others (2021) در پژوهش خود با عنوان " استفاده از نسب‌شناسی علمی برای انتخاب استاد راهنما" یک سامانه توصیه کننده را پیشنهاد کردند که فرد را قادر می‌سازد که یک استاد راهنما را بر اساس شجره نامه تحصیلی خود انتخاب کند. نتایج حاصل از پژوهش آن‌ها نشان می‌دهد که نظام پیشنهادی ابزار مفیدی برای دانشجویان تحصیلات تکمیلی است.

Wijsen and others (2019) در پژوهش خود با عنوان " نسب‌شناسی علمی روسای انجمن‌های روان‌سنجی" نسب‌شناس-علمی روسای انجمن روان‌سنجی را با ساختن یک درخت نسب‌شناسی ارائه کردند. نتایج حاصل از پژوهش آن‌ها نشان می دهد که اکثر رؤسای جمهور متعلق به پنج تبار متمایز هستند که می توانند به ویلهلم وونت[1]، جیمز آنجل[2]، ویلیام جیمز[3]، آلبرت میشوت[4] یا کارل فردریش گاوس[5] ردیابی شوند. روان‌سنج‌های مهم لی کرونباخ و چارلز اسپیرمن تنها نقشی حاشیه‌ای دارند. این نسب‌شناسی دانش تاریخی مهمی را نظام‌بندی می‌کند که می‌توان از آن برای اطلاع‌رسانی به مطالعات تاریخ روان‌سنجی استفاده کرد و پیشینه غنی و چند رشته‌ای انجمن روان‌سنجی را در معرض دید قرار داد.

Halder and others (2020)در پژوهش خود با عنوان " تحلیل شجره‌نامه تحصیلی آموزش و پرورش" نمودارهای نسب‌شناسی علمی درخت تحصیلی و ای جی جی اس [6]را مورد مطالعه قرار می‌دهند و ویژگی‌های اصلی درخت تحصیلی رو شناسایی کرده‌اند که شامل حوزه‌های اصلی پژوهش ، مؤسسات پیشگام و پژوهشگران با شاخص مربیگری بالا می‌شود. نتایج

1 - Wilhelm wundt
3-James Angell
4-Willam james
5-Albert Michotte
6-Carl friedrich Gauss
6 - AGGS

حاصل از پژوهش آن‌ها نشان می‌دهد که با استفاده از درخت تحصیلی می‌توان حوزه‌های پژوهش‌های محبوب و مؤسساتی را با رتبه صفحه بالا شناسایی کرد.

Cota,Laender & Prates (2021) در پژوهش خود با عنوان " درخت علم: بستری برای کاوش نسب‌شناسی دانشگاهی برزیل" به ساخت یک مخزن بزرگ برای ثبت نسب دانشگاهی برزیلی پرداختند. به همین منظور داده‌ها را از بستر لاتس[1] جمع‌آوری کرده و یک پلتفرم کاربر محور به نام درخت علم را ایجاد کردند و به منظور ارزیابی امکانات ارائه شده توسط پلتفرم درخت علم، یک ارزیابی تجربی از آن را با دو گروه از کاربران انجام داده‌اند گروه اول شامل ۲۸۶ پژوهشگر که به پرسشنامه ارزیابی پاسخ دادند و گروه دوم شامل هفت پژوهشگر با تجربه آکادمیک بسیار که در آن شرکت داشتند. نتایج حاصل از پژوهش آن‌ها نشان داد که هم ویژگی‌های اصلی ارائه شده توسط پلتفرم درخت علم تأیید شد و هم ویژگی‌های جدید آن شناسایی شد که می‌تواند در آینده به آن اضافه شود.

Brent Lievers (2022)در پژوهش خود با عنوان " تجسم فرزندان دانشگاهی با استفاده از الگوریتم اصلاح شده پاولو: نتایج بر اساس پنج پژوهشگر در بیومکانیک و زیست پزشکی" براساس الگوریتم اصلاح شده پاولو نسب‌شناسی دانشگاهی پنج پژوهشگر را در بیومکانیک و زیست پزشکی جمع‌آوری کرده است. نتایج حاصل از پژوهش او نشان می‌دهد که پژوهشگران ۱۵ تا ۳۲ فرزند دانشگاهی و در مجموع بین ۹۳ تا ۳۸۴ فرزند دانشگاهی دارند. نمودارهای ایجاد شده توسط الگوریتم اصلاح شده بیش از ۹۷ درصد کوچکتر از الگوریتم اصلی بودند.

Sabbaghi., Hassanzadeh, & Sharif (2023) در پژوهشی با عنوان " ایجاد تبارشناسی اسناد تبدیل دیجیتال با استفاده از فنون تجسم" با استفاده از روش گردآوری داده‌ها و راهبرد جستجو برای جمع‌آوری داده‌ها در حوزه موضوعی پایگاه اطلاعاتی علوم جستجو نموده‌اند .سپس به ایجاد یک تبارشناسی از تحول دیجیتال با استفاده از فنون تجسم اسناد علمی پرداختند که به لحاظ نظری به زمینه پژوهش‌های ی و عملی به تجارت کمک می کند. در ادامه برای رسیدن به شجره‌نامه، سه رابطه شامل اجداد، پدران و اولاد تعریف شد. اجداد و پدران به ترتیب با استفاده از طیف‌سنجی سال انتشار مرجع (آر پی وای اس) و تجزیه و تحلیل استنادی تعیین شدند. شناسایی نوادگان از طریق جفت کتابشناختی اسناد منتشر شده در دو سال اخیر انجام شد. تجسم اجداد، پدران و فرزندان به ترتیب از طریق تحلیل هم‌استنادی مرجع پدران، تحلیل استنادی روی اسناد و خوشه‌بندی جفت‌های کتابشناختی با استفاده از واس ویو ور انجام شد. نتایج حاصل از پژوهش آن‌ها نشان داد که اجداد تا حد زیادی مبانی نظری در تحول دیجیتال را مطالعه کرده اند. با توجه به خوشه های به دست آمده برای پدران، مدل های کسب و کار، استراتژی و نوآوری، صنعت ۴.۰ و سرویس دهی موضوعات غالب این رابطه بودند. خوشه‌های موضعی شناسایی‌شده از نوادگان شامل ماهیت تحول دیجیتال، تأثیر دیجیتالی‌سازی بر کسب‌وکار، صنعت ۴.۰ و پایداری، دوقلوهای دیجیتال و سایر فناوری‌ها در صنعت ۴.۰، تحول دیجیتال، و پزشکی، و تحول دیجیتال، شهر هوشمند، و تأثیر بر خدمات مالی و اقتصادی که تمرکز آخرین پژوهش‌های در فن‌آوری‌های خاص و نوآوری را نشان می‌دهد. شجره‌نامه تولید شده را می توان برای پیش بینی روندهای آتی و اقداماتی که باید توسط مشاغل برای تحقق تحول دیجیتال انجام شود، استفاده کرد.

با مطالعه پیشینه‌های پژوهش حاضر مشخص شد که در داخل کشور در حوزه نسب‌شناسی‌علمی به جز کار Asnafi & Keshavarzian (2018) و Pazouki, Karbalaei-Agha Kamran & Ghaebi (2020) پژوهش دیگری انجام نشده است. اکثر پژوهش‌های انجام شده نسب‌شناسی در زبان فارسی بیشتر، نسب‌شناسی سنتی با نگاه خانوادگی را مد نظر قرار داده است و این در حالی است که پیشینه موضوعی این پژوهش در خارج از کشور غنی‌تر است و بیشتر به نسب‌شناسی‌علمی، تجزیه و تحلیل

1 - lattes

روابط علمی استاد و دانشجو پرداخته شده است. در این پژوهش ها به ترسیم فضای شاگرد- استادی و شخصیت های علمی بزرگ بسیار توجه شده است و درخت علمی و نمودارهای نسب‌شناسی‌علمی ترسیم شده است تا به کمک این درختان و نمودارهای علمی بتوان در هر سطحی، اطلاعاتی را در مورد دانشجویان و روابط آن‌ها با اساتید یافت. حتی در برخی از پژوهش‌ها تلاش نموده‌اند که نسب‌شناسی را به جامعه کتابخانه دانشگاهی معرفی کنند تا هر فرد دانشگاهی بتواند به نسب علمی خود در جامعه علمی بپردازد. همچنین از این علم در رشته‌های مختلف مانند پزشکی، علوم اعصاب، زیست‌شناسی ، جامعه شناسی و... استفاده شده است.

در واقع روابط مطرح در خاندان و تبار علمی ازجمله روابط نسبی و غیر نسبی دارای اهمیت هستند و ضرورت دارد که این نوع روابط در بازنمون وضعیت یک جامعه علمی موردنظر و خدماتی در راستای رصد وضعیت شکل گیری یک فکر و اندیشه بر مبنای این روابط طراحی و عرضه گردد(Pazouki, Karbalaei-Agha Kamran & Ghaebi, 2020). همچنین نسب‌شناسی علمی حوزه‌ای است که هنوز در پژوهش‌های داخل کشور به خصوص در زمینه علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی مورد توجه قرار نگرفته است و پژوهشگران میتوانند این روش را برای ترسیم روابط علمی بین استادان راهنما و دانشجویان به کار گیرند. به این ترتیب میتوان درخت علمی رشته علم اطلاعات و دانش شناسی را در داخل کشور ترسیم نمود(Asnafi & Keshavazian,2018). از این رو پژوهش حاضر قصد دارد به نسب‌شناسی‌علمی و نرم‌افزارهای نسب‌شناسی موجود در این رشته بپردازد که این فهرست در بخش روش شناسی پژوهش ذکر شده است.

روش شناسی پژوهش

پژوهش حاضر، پژوهش پیمایشی از نوع توصیفی است. در این پژوهش به مطالعه و بررسی نرم‌افزارهای نسب‌شناسی‌علمی پرداخته‌شده است و براساس، سیاهه‌وارسی تهیه شده، یک الگوی پیشنهادی از این نوع نرم‌افزارها برای استفاده کاربران داخلی ارائه داده است که این روند با همراهی متخصصان درحوزه علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی انجام گرفته است. لازم به ذکر است که فهرست نرم افزارهای مورد مطالعه، از طریق جستجو در موتورهای کاوش و نیز پرسش از متخصصان و خبرگان این حوزه به دست آمده است. جامعه مورد مطالعه شامل متخصصان علم‌اطلاعات ودانش‌شناسی است که در این پژوهش با نمونه‌گیری هدفمند، تعداد ۶۵ نفر از متخصصان نسب‌شناسی‌علمی و آگاه به حوزه های علم سنجی نظیر سنجش‌های همکاری‌های علمی و هم‌تالیفی و... در علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی انتخاب شدند. ابزار گردآوری اطلاعات پرسشنامه بود. قابلیت‌های به دست آمده از نرم‌افزارها در قالب طیف لیکرت (از کاملا موافقم تا کاملا مخالفم) در اختیار متخصصان قرار گرفت و از آنها خواسته شد که میزان موافقت خود را با ضرورت وجود هر یک از این قابلیت‌ها مشخص نمایند. پرسشنامه اولیه که استخراج قابلیت ها بود جهت بررسی روایی در اختیار ۱۰ نفر از خبرگان رشته علم اطلاعات و دانش‌شناسی قرار گرفت. سپس، نظرات آنان به صورت تغییراتی جزئی در پرسشنامه اعمال شد. در مرحله دوم پرسشنامه در اختیار ۶۵ نفر از پژوهشگر ان این حوزه قرار گرفت. برای تعیین روایی پرسشنامه‌ی مورد استفاده به روایی صوری و روایی محتوا استناد شد. نتایج روایی صوری مورد تایید خبرگان قرار گرفت. به منظور تعیین پایایی پرسشنامه‌ها به نتایج مدل اندازه‌گیری استناد شد به این منظور از شاخص‌هایی چون ضریب آلفای کرونباخ و پایایی مرکب استفاده شد. روش آلفای کرونباخ برای محاسبه هماهنگ درونی ابزار اندازه‌گیری از جمله پرسشنامه‌ها یا آزمون‌هایی که خصیصه‌های مختلف را اندازه‌گیری می‌کنند، بکار می‌رود. در اینگونه ابزار، پاسخ هر سئوال می‌تواند مقادیر عددی مختلفی اختیار کند. برای محاسبه آلفای کرونباخ، ابتدا می‌بایست واریانس نمرات هر زیر مجموعه سوالات پرسشنامه و واریانس کل را محاسبه نمود. نتایج بررسی ضرایب آلفای کرونباخ و پایایی مرکب نشان داد که مقدار

آلفای کرونباخ، بیشتر از ۰.۷ است و بنابراین پایایی ابزار اندازه‌گیری با استفاده از این شاخص تأیید شد. داده‌های حاصل از پیمایش در ابتدا با استفاده از نرم‌افزار اس‌پی‌اس‌اس تجزیه و سپس با استفاده از نرم‌افزار اسمارت پی‌ال‌اس تحلیل شد.

یافته های پژوهش

به منظور ارائه دیدگاهی مناسب در مورد ویژگی‌های جامعه مورد مطالعه، در این بخش آمار توصیفی داده‌های پژوهش ارائه گردیده است.

جدول شماره -۱ : قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی

Table 1. Features of Scientific Genealogy Software

نام نرم افزار Software	رایگان یا اشتراکی License Type	سیستم‌عامل مورد استفاده Operator Systmes	قابلیت‌ها Capabiliets	سازنده Producer	وب سایت اینترنتی Website
گرامپس Gramps	رایگان Free	سولاریس- فری بی اس دی- لینوکس- مک او اس- ویندوز Solaris; FreeBSD; Linux; macOS; Windows	پشتیبانی کامل یونی کد- نمایش فرد- نقشه نمایی- نمودار- نمایش گاه شماری- پشتیبانی از چندین تقویم- فهرست -مناسبت‌ها- فهرست مکان‌ها Full Unicode support; individual view; map visualization; charts; timeline view; multiple calendars; events and places lists	دان آلینگهام Don Allingham	https://gramps-project.org/blog/
جنالوژی جی GenealogyJ	رایگان Free	ویندوز- لینوکس- مک او اس Windows; Linux; macOS	پشتیبانی از یونی کد- ساخت شجره نامه- نمایش فرد- نقشه نمایی- نمودار - دارای تقویم- نمایش گاه شماری- رابط کاربری آسان Unicode support; family tree creation; individual view; map visualization; charts; calendar; timeline; user-friendly interface	نیلزمایر Nils Meier	https://sourceforge.net/projects/genj/
روتس‌مجیک RootsMagic	رایگان Free	مک او اس- آی او اس- اندروید macOS; iOS; Android	پشتیبانی کامل از یونی کد- نمایش افراد - نمایش گاه شماری، ساخت شجره نامه- نقشه نمایی- تولید نمودار – تقویم رویدادها- دارای ویرایشگر داخلی- اشتراک گذاری Full Unicode support; individual and timeline views; family tree creation; map visualization; chart generation; event calendar; built-in editor; sharing	شرکت آتاووس Attavus company	https://rootsmagic.com/
اسمارت- جنالوژی‌جی SmartGenealogyJ	رایگان Free	ویندوز Windows	پشتیبانی از یونی‌کد- نمایش فرد- نمایش گاه شماری - ساخت شجره نامه- نقشه نمایی- نمودار - دارای تقویم - ثبت رویدادهای زندگی- امکان وارد کردن فایل اکسل- امکان جستجو Unicode support; individual and timeline views; family tree creation; map visualization; charts; calendar; life-event recording; Excel import; search	آلنلکومت Alain Lecomte	https://smartgenealogy.informer.com/
ایج‌لانگ‌تری Agelong Tree	اشتراکی Commercial	ویندوز – لینوکس- مک او اس Windows; Linux; macOS	پشتیبانی کامل از یونی کد- نمایش فرد- ساخت شجره نامه- تولید نمودار- دارای نسخه پشتیبان اطلاعات- تقویم رویداد- امکان تبادل با سایر نرم‌افزارهای نسب شناسی Full Unicode support; individual view; family tree creation; chart generation; data backup; event calendar; interoperability	جنری Genery	https://en.wikipedia.org/wiki/Agelong_Tree
آهنن‌بلات Ahnenblatt	اشتراکی Commercial	ویندوز Windows	پشتیبانی کامل از یونی کد- نمایش فرد- ساخت شجره نامه- تولید نمودار- تقویم رویدادها- نمایش گاه شماری- رابط کاربری آسان Full Unicode support; individual view; family tree creation; chart generation; event calendar; timeline; user-friendly interface	دیرک بوچر Dirkbottcher	http://www.ahnenblatt.com/
فمیلی- هیستورین Family Historian	اشتراکی Commercial	ویندوز- لینوکس Windows-Linux	پشتیبانی از یونی کد- نمایش فرد- ساخت شجره نامه- دارای تقویم دارای نمودارها و دیاگرام‌های متنوع نمودارهای درختی هوشمند Unicode support; family tree creation; calendars; advanced charts; intelligent tree diagrams; web search; timeline and maps; website and book creation; powerful search engine	شرکت کالیسی پیس Calicipiec ltd	https://www.family-historian.co.uk/

نام نرم افزار Software	رایگان یا اشتراکی License Type	سیستم‌عامل مورد استفاده Operator Systmes	قابلیت‌ها Capabiliets	سازنده Producer	وب سایت اینترنتی Website
فمیلی‌تری- هیستورین Family tree-Historian	اشتراکی Commercial	ویندوز- لینوکس- آی اوس – اندروید Wondows-Linux-IOS-Android	پشتیبانی کامل از یونی کد- نمایش فرد- نمایش گاه شماری- تولید نمودار- سازماندهی رسانه‌ها- نقشه نمایی- راهنمای همراه- ساخت شجره نامه- اشتراک گذاری- رابط کاربری آسان- دارای تقویم Full Unicode support; individual view; timeline display; chart generation; media organization; map visualization; built-in guide; family tree creation; sharing capabilities; user-friendly interface; integrated calendar	مکیو MacQ	https://familytreehistorian.org/
جن‌باکس- فمیلی- هیستورین Genbox Family History	اشتراکی Commercial	ویندوز Windows	پشتیبانی کامل از یونی کد- نمایش فرد- نمایش گاه شماری- پشتیبانی چند رسانه‌ای برای تصاویر و صدا و ویدئو- سازماندهی پروژه- پشتیبانی از ذخیره سازی داده‌ها و رسانه‌ها- استناد به منابع- ساخت شجره نامه- تولید نمودارها- دارای تقویم Full Unicode support; individual and timeline views; multimedia support; project organization; source citation; chart generation; calendar	پرواز ویلیام تی William T. Flight	https://en.wikipedia.org/wiki/Genbox_Family_History
جنوپرو GenoPro	اشتراکی Commercial	ویندوز Windows	پشتیبانی کامل از یونی کد- نمایش فرد- نمایش گاه شماری – ساخت شجره نامه- تولید نمودار – دارای تقویم- امکان افزودن تصاویر برای هر فرد یا رویداد- رابط کاربری آسان Full Unicode support; individual and timeline views; family tree creation; chart generation; calendar; image attachment; user-friendly interface	دانیل مورین Daniel Morin	https://genopro.com/
هردیس Heredis	اشتراکی Commercial	ویندوز- آی او اس- اندروید Windows, IOS, Android	پشتیبانی از یونی کد- نمایش فرد- نمایش گاه شماری- ساخت شجره نامه- نقشه نمایی- دارای تقویم استاندارد- ثبت و نگهداری سوابق- نمایش شاخص ها-امکان باز کردن فایل از نرم افزارهای نسب شناسی دیگر Unicode support; individual and timeline views; family tree creation; map visualization; standard calendar; record management; index display; file compatibility		https://www.heredis.com/en/
دمستر- جنالوژیست The Master Genealogist	اشتراکی Commercial	ویندوز Windows	ساخت شجره نامه- نقشه نمایی- نمودار سازی دقیق- دارای تقویم- رابط کاربری آسان- پشتیبانی از فایل‌های رسانه‌ای- پشتیبانی هوشمند از فایل‌های شجره نامه Family tree creation; map visualization; precise charting; calendar; media file support; intelligent genealogy file management	باب‌ولکه Bob Velke	https://en.wikipedia.org/wiki/The_Master_Genealogist

در جدول ۱، قابلیت‌های نرم‌افزارهای‌نسب‌شناسی‌علمی ارائه‌شده است. این نرم افزارها همه نرم افزارهای موجود در حوزه نسب شناسی علمی هستند که از طریق جستجو در موتورهای کاوش به دست آمده اند. برای دستیابی به این قابلیت‌ها به مطالعه منابع تحقیقاتی مرتبط(Asnafi & Keshavazian,2018)، از طریق مطالعه راهنمای ارائه‌شده توسط شرکت سازنده هر نرم‌افزار و وبسایت‌های شرکت‌های ارائه‌دهنده و بررسی امکانات نسخه دمو هر نرم‌افزار، قابلیت ها و شاخص‌های نرم افزارها استخراج گردید. سپس، داده‌های جمع‌آوری شده به ۶ دسته اصلی(امکانات جانبی نرم‌افزار، بخش ثبت و ورود اطلاعات، بخش جستجو و ذخیره و بازیابی ، بخش مربوط به راهنما، تعرفه مالی و گزارش‌ها)دسته‌بندی شد و بنابر شاخص های احصا شده کد f1تاf9 را برای بخش ثبت و ورود اطلاعات، کد f10تا f16 برای بخش جستجو وذخیره و بازیابی، کد f17 تا f32 برای بخش امکانات جانبی‌نرم‌افزار، کد f33 تا f35 برای بخش گزارش‌ها، کد f36 تا f37 برای بخش مربوط به راهنما و کد f38 برای تعرفه مالی درج شده است.

جدول۲- شاخص های مرکزی، پراکندگی و توزیع عوامل

Table 2. Central Tendency, Dispersion, and Distribution of Factors

کشیدگی Kurtosis	چولگی Skewness	واریانس Variance	انحراف معیار Standard Deviation	میانگین Mean	شاخص Indicator	مفاهیم Concepts	
4.963	-0.387	0.255	0.50543	4.2161	امکان ورود اطلاعات مشخصات افراد { اساتید، دانشجویان، دانشمندان و...} Ability to enter personal information (professors, students, scholars, etc.)		*F1*
6.607	-0.382	0.226	0.47539	4.1683	امکان ورود اطلاعات به صورت چندزبانه {انگلیسی، آلمانی، فرانسوی و...} Ability to enter information in multiple languages (English, German, French, etc.)		*F2*
0.099	0.803	0.204	0.45198	4.2150	امکان افزودن تصاویر، فایل‌های چندرسانه‌ای و ... Ability to add images, multimedia files, and more		*F3*
3.419	-0.039	0.230	0.47960	4.2075	امکان دریافت اسناد و گزارش ها از سایر نرم- افزارهای‌نسب‌شناسی‌علمی Ability to import documents and reports from other genealogy software	بخش ثبت و ورود اطلاعات	*F4*
1.594	0.774	0.189	0.43470	4.1975	راهبری آسان نرم‌افزار Easy software navigation and usability	Data Entry and Registration Section	*F5*
4.403	-0.794	0.287	0.53541	4.1075	امکان افزودن، روزآمد کردن، ویرایش و حذف اطلاعات Ability to add, update, edit, and delete information		*F6*
2.732	0.540	0.192	0.43870	4.1950	امکان وارد کردن یادداشت-های متنی Ability to enter textual notes		*F7*
7.161	-0.331	0.217	0.46533	4.1775	امکان افزودن یادداشت به هر شخص،مکان و.. Ability to attach notes to each person, place, etc.		*F8*
4.592	-0.094	0.209	0.45771	4.1450	امکان تغییر فونت متن، رنگ و... Ability to change text font, color, and more		*F9*
1.825	0.705	0.190	0.43551	4.1825	دارای موتور جستجو Equipped with a search engine		*F10*
2.851	0.343	0.196	0.44327	4.1775	یافتن سریع افراد با استفاده از قابلیت جستجو Quick identification of individuals using search functionality		*F11*
3.530	0.061	.213	0.46155	4.1500	امکان جستجو آنلاین اسناد مربوط به شجره‌نامه Ability to search online for genealogy-related documents	بخش جستجو و ذخیره و بازیابی Search, Storage, and Retrieval Section	*F12*
0.686	1.289	0.166	0.40766	4.1850	توانایی جستجو در وب‌سایت های ساخت شجره‌نامه Capability to search genealogy websites		*F13*
3.479	-0.780	0.306	0.55318	4.0475	امکان ذخیره نتایج جستجوها Ability to save search results		*F14*
0.537	0.923	0.189	0.43517	4.1900	امکان‌جستجوی‌مدارک بر اساس کلیه اطلاعات وارد شده Ability to search records based on all entered information		*F15*
2.010	0.594	0.193	0.43961	4.1650	ذخیره سازی داده‌ها و فایل‌های چندرسانه‌ای Data and multimedia file storage		*F16*
6.688	-1.043	0.274	0.52314	4.0975	پشتیبانی از یونی‌کد Unicode support		*F17*
6.050	-0.711	0.259	0.50867	4.1300	نمایش فرد Individual display	امکانات جانبی نرم افزارها Software Auxiliary Features	*F18*
6.300	-0.694	0.255	0.50459	4.1450	نمایش‌شجره‌نامه Genealogy tree display		*F19*
8.887	-1.238	0.292	0.54021	4.1625	نمایش فهرستی از تمام یادداشت‌های متنی موجود در سوابق Display of a list of all textual notes in records		*F20*
6.053	-0.966	0.289	0.53788	4.1375	دارای تقویم استاندارد		*F21*

					Equipped with a standard calendar امکان نقشه نمایی {نقشه تعاملی مکان‌های مرتبط با		
5.913	-1.175	0.314	0.56016	4.0975	یک فرد، گروهی از افراد یا تمام افراد} Mapping functionality (interactive maps of places related to an individual, group, or all individuals)		*F22*
6.689	-0.412	0.225	0.47414	4.1525	امکان نمایش فهرستی از هر مکان با نام مکان و جزئیات مکان Ability to display a list of each location with name and details		*F23*
8.232	-1.005	0.267	0.51637	4.1550	نمایش گاهشناسی Chronology display		*F24*
3.694	0.064	0.209	0.45771	4.1450	امکان نمایش نمودارها Ability to display charts		*F25*
4.337	-0.295	0.233	0.48279	4.1500	امکان نمایش فهرستی از رویدادها، تاریخ‌ها و مکان‌ها Ability to display a list of events, dates, and places		*F26*
2.571	0.377	0.205	0.45244	4.18250	امکان ارسال داده ها به سایر برنامه های نرم افزاری نسب شناسی Ability to export data to other genealogy software		*F27*
3.824	-0.058	0.223	0.47240	4.1800	امکان دریافت داده ها از سایر برنامه‌های‌نرم‌افزاری- نسب‌شناسی Ability to import data from other genealogy software		*F28*
3.577	-0.205	0.236	0.48523	4.1325	وجود رابطه بصری به شکل نمودار درختی Visual relationships displayed in tree diagram format		*F29*
5.926	-1.107	0.308	0.55457	4.115	میزان تعامل بستر نرم افزار با شبکه های اجتماعی و پویاتر کردن آن با قابلیت های فضای مجازی Integration with social networks and enhancement through interactive online features		*F30*
6.081	-1.045	0.297	0.54496	4.1275	توجه به مخاطب ، کاربران و نمایش محتوا Attention to audience, users, and content presentation		*F31*
3.409	0.205	0.208	0.45592	4.1875	امکان استخراج خودکار اطلاعات از پروفایل های رسمی افراد و روز آمدسازی خودکار Ability to automatically extract information from official profiles and update records automatically		*F32*
4.469	-0.950	0.332	0.57602	4.0950	گزارش فهرستی از رسانه‌ها در پایگاه‌داده Report listing of media in the database	بخش گزارشها Reports Section	*F33*
3.092	-0.120	0.232	0.48117	4.1075	گزارش فهرستی از مکان‌های موجود در پایگاه داده Report listing of locations in the database		*F34*
6.328	-1.140	0.299	0.54649	4.1100	گزارش شجره‌نامه Genealogy report generation		*F35*
4.796	-0.501	0.239	0.48917	4.1175	مفید و گویا وبودن محتوای راهنمای نرم افزار Clear and user-friendly software help content	بخش مربوط به راهنما Help Section	*F36*
4.588	0.087	0.192	0.43786	1.1275	دارای یک نسخه راهنما به همراه نرم افزار Equipped with a help manual included with the software		*F37*
6.923	-0.475	0.222	0.47095	4.1275	دارای نسخه دمو Availability of a demo version	تعرفه مالی *Financial Tariff*	*F38*

در جدول ۲، برخی از مفاهیم آمار توصیفی متغیرها شامل میانگین، انحراف معیار، چولگی و کشیدگی ارائه‌شده است. در این میان، پارامترهای مرکزی، دسته‌ای از پارامترهای توصیف‌کننده‌ی یک توزیع آماری هستند که ویژگی داده‌ها را نسبت به مرکز توزیع بیان می‌کنند. میانگین به عنوان نقطه تعادل و مرکز ثقل یک توزیع آماری، یکی از شاخص‌های مرکزی مناسب

برای نشان دادن مرکزیت داده‌ها است. برای مثال، میانگین امکان ورود اطلاعات مشخصات افراد{ اساتید، دانشجویان، دانشمندان و...} برابر است با ۲۱.۴ که نشان می‌دهد بیشتر داده‌های مربوط به این متغیر حول این نقطه تمرکز یافته‌اند.

دسته‌ای دیگر از پارامترهای توصیف‌کننده‌ی جامعه، پارامترهای پراکندگی هستند. پارامترهای پراکندگی، معیاری برای تعیین میزان پراکندگی داده‌ها از یکدیگر یا میزان پراکندگی آن‌ها نسبت به میانگین است. از جمله مهم‌ترین پارامترهای پراکندگی، انحراف معیار است. هرچقدر میزان انحراف معیار یک توزیع آماری بیشتر باشد، نشان‌دهنده‌ی این است که این داده‌ها، دارای پراکندگی بیشتری هستند. چولگی بیانگر عدم تقارن منحنی فراوانی است. اگر ضریب چولگی صفر باشد جامعه کاملاً متقارن است و چنانچه ضریب مثبت باشد، چولگی به راست و اگر منفی باشد، چولگی به چپ وجود دارد. در حالت کلی چنانچه چولگی و کشیدگی در بازه‌ی (۲، ۲-) نباشند داده‌ها از توزیع نرمال بسیار دور است. (البته ممکن است بعضی از آمار دانان این بازه را کوچکتر یا بزرگتر در نظر بگیرند). مقدار چولگی مشاهده شده برای متغیرهای مورد مطالعه در بازه (۲، ۲-) قرار دارد. یعنی از لحاظ کجی متغیرهای پژوهش نرمال بوده و توزیع آن متقارن است. مقدار کشیدگی متغیرها نیز در بازه (۲، ۲-) قرار دارد. این نشان می‌دهد توزیع متغیرها از کشیدگی نرمال برخوردار است.

جدول۳- نتایج مقادیر بارهای عاملی متغیرهای مشاهده‌پذیر

Table 3 – Results of Factor Loadings for Observed Variables

	مفاهیم Concepts	گویه‌ها Itmes	بار عاملی Factor Loading	انحراف استاندارد Standard Deviation	آماره t t-Statistic	ضریب معناداری P Values
F۱	بخش ثبت و ورود اطلاعات Data Entry Section	امکان ورود اطلاعات مشخصات افراد{ اساتید، دانشجویان، دانشمندان و...} Ability to enter personal information (professors, students, scholars, etc.)	0.666	0.053	12.564	0.000
F۲		امکان ورود اطلاعات به صورت چندزبانه {انگلیسی، آلمانی، فرانسوی و...} Ability to enter information in multiple languages (English, German, French, etc.)	0.795	0.037	21.660	0.000
F۳		امکان افزودن تصاویر، فایل‌های چندرسانه‌ای و... Ability to add images, multimedia files, and more	0.841	0.029	29.085	0.000
F۴		امکان دریافت اسناد و گزارش ها از سایر نرم‌افزارهای‌نسب‌شناسی‌علمی Ability to import documents and reports from other genealogy software	0.839	0.0.4	24.758	0.000
F۵		راهبری آسان نرم‌افزار Easy software navigation and usability	0.844	0.031	27.146	0.000
F۶		امکان افزودن، روزآمد کردن، ویرایش و حذف اطلاعات Ability to add, update, edit, and delete information	0.659	0.069	9.477	0.000
F۷		امکان وارد کردن یادداشت‌های متنی Ability to enter textual notes	0.835	0.025	34.018	0.000
F۸		امکان افزودن یادداشت به هر شخص،مکان و... Ability to attach notes to each person, place, etc.	0.793	0.053	14.946	0.000
F۹		امکان تغییر فونت متن، رنگ و...	0.749	0.039	19.043	0.000

	مفاهیم Concepts	گویه‌ها Itmes	بار عاملی Factor Loading	انحراف استاندارد Standard Deviation	آماره t t-Statistic	ضریب معناداری P Values
F۱۰	بخش جستجو و ذخیره و بازیابی Search, Storage, and Retrieval Section	Ability to change text font, color, and more دارای موتور جستجو Equipped with a search engine یافتن سریع افراد با استفاده از قابلیت جستجو	۰.۸۰۳ 0.803	۰.۰۳۳ 0.033	۲۴.۲۵۳ 24.253	۰.۰۰۰ 0.000
F۱۱		Quick identification of individuals using search functionality	0.833	0.025	33.813	0.000
F۱۲		امکان جستجو آنلاین اسناد مربوط به شجره‌نامه Ability to search online for genealogy-related documents	0.798	0.037	21.782	0.000
F۱۳		توانایی جستجو در وب‌سایت های ساخت شجره‌نامه Capability to search genealogy websites	0.852	0.025	33.490	0.000
F۱۴		امکان ذخیره نتایج جستجوها Ability to save search results	0.583	0.070	8.306	0.000
F۱۵		امکان جستجوی مدارک بر اساس کلیه اطلاعات وارد شده Ability to search records based on all entered information	0.758	0.057	13.315	0.000
F۱۶		ذخیره سازی داده‌ها و فایل های چند رسانه ای Data and multimedia file storage	0.773	0.047	16.529	0.000
f۱۷		پشتیبانی از یونی‌کد Unicode support	0.601	0.070	8.585	0.000
F۱۸		نمایش فرد Individual display	0.674	0.043	15.794	0.000
F۱۹		نمایش شجره‌نامه Genealogy tree display	0.691	0.042	16.335	0.000
F۲۰		نمایش فهرستی از تمام یادداشت‌های متنی موجود در سوابق Display of a list of all textual notes in records	0.715	0.036	20.037	0.000
F۲	امکانات جانبی نرم افزارها Software Auxiliary Features	دارای تقویم استاندارد Equipped with a standard calendar	0.691	0.037	18.834	0.000
F۲۲		امکان نقشه نمایی {نقشه تعاملی مکان‌های مرتبط با یک فرد، گروهی از افراد یا تمام افراد} Mapping functionality (interactive maps of places related to an individual, group, or all individuals)	0.679	0.039	17.310	0.000
F۲۳		امکان نمایش فهرستی از هر مکان با نام مکان و جزئیات مکان Ability to display a list of each location with name and details	0.660	0.085	7.788	0.000
F۲۴		نمایش گاهشناسی Chronology display	0.653	0.055	11.862	0.000
F۲۵		امکان نمایش نمودارها Ability to display charts	0.729	0.041	17.874	0.000
F۲۶		امکان نمایش فهرستی از رویدادها، تاریخ‌ها و مکان‌ها	0.719	0.044	16.424	0.000

مفاهیم Concepts		گویه‌ها Itmes	بار عاملی Factor Loading	انحراف استاندارد Standard Deviation	آماره t t-Statistic	ضریب معناداری P Values
		Ability to display a list of events, dates, and places امکان ارسال داده ها به سایر برنامه های نرم افزاری نسب شناسی	0.726	0.036	20.069	0.000
		Ability to export data to other genealogy software امکان دریافت داده ها از سایر برنامه‌های نرم-افزاری‌نسب‌شناسی	0.717	0.037	19.344	0.000
		Ability to import data from other genealogy software وجود رابطه بصری به شکل نمودار درختی	0.715	0.038	18.643	0.000
		Visual relationships displayed in tree diagram format میزان تعامل بستر نرم افزار با شبکه های اجتماعی و پویاتر کردن ان با قابلیت های فضای مجازی	0.708	0.038	18.562	0.000
		Integration with social networks and enhancement through interactive online features توجه به مخاطب ، کاربران و نمایش محتوا	0.629	0.046	13.602	0.000
		Attention to audience, users, and content presentation امکان استخراج خودکار اطلاعات از پروفایل های رسمی افراد و روز آمدسازی خودکار	0.703	0.039	18.012	0.000
		Ability to automatically extract information from official profiles and update records automatically گزارش فهرستی از رسانه‌ها در پایگاه‌داده	0.846	0.027	31.193	0.000
گزارش‌ها Reports		Report listing of media in the database گزارش فهرستی از مکان‌های موجود در پایگاه داده	0.891	0.019	45.821	0.000
		Report listing of locations in the database گزارش شجره‌نامه	0.836	0.027	31.473	0.000
		Genealogy report generation مفید و گویا وبودن محتوای راهنمای نرم افزار	0.891	0.025	35.962	0.000
بخش مربوط به راهنما Help Section		Clear and user-friendly software help content دارای یک نسخه راهنما به همراه نرم افزار	0.889	0.024	36.768	0.000
تعرفه مالی Financial Tariff		Equipped with a help manual included with the software نسخه دمو	1.000	1.000	1.000	0.000
		Demo verstion				

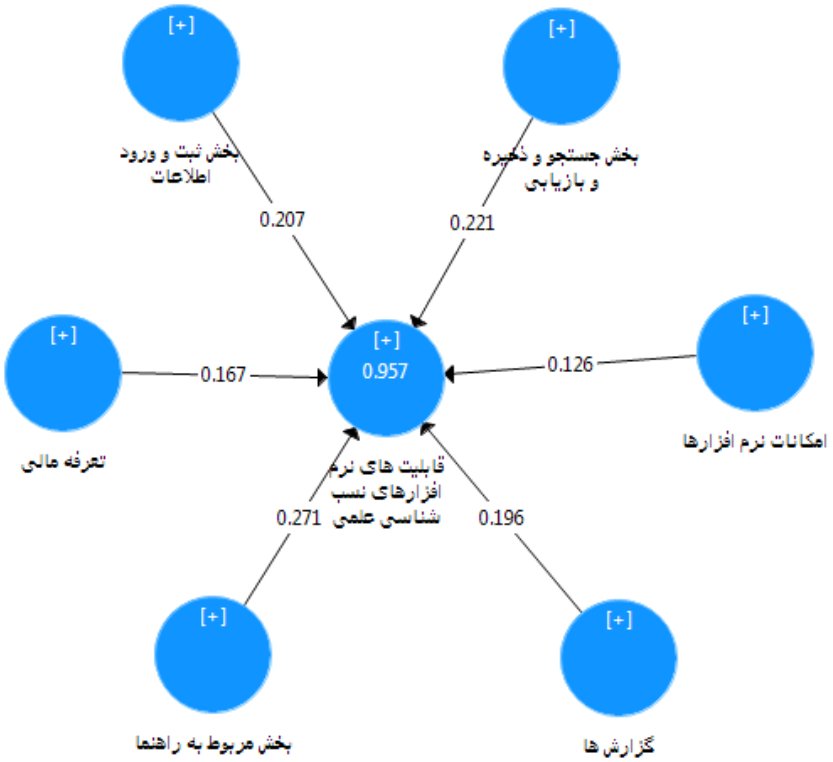
همانطور که نتایج جدول ۳ نشان می‌دهد، مقادیر بار عاملی تمام گویه‌ها بیشتر از ۰.۴ است و بنابراین مدل اندازه‌گیری، مدلی همگن است و مقادیر بار عاملی، مقادیر قابل قبولی هستند.

جدول۴-میانگین واریانس استخراج شده

Table4- Average Variance Extracted

متغیر Variables	میانگین واریانس استخراج شده Average Variance Extracted (AVE)
بخش ثبت و ورود اطلاعات Data Entry Section	0.613
بخش جستجو و ذخیره و بازیابی Search, Storage, and Retrieval Section	0.602
امکانات جانبی نرم افزارها Software Auxiliary Features	0.575
گزارش ها Reports Section	0.736
بخش مربوط به راهنما Help Section	0.793
تعرفه مالی Financial Tariff	0.913

همانطور که در جدول ۴ملاحظه می‌شود، نتایج بررسی مقادیر واریانس استخراج شده متغیرهای پنهان پژوهش نشان داد که همه متغیرها مقادیری بیش از ۰.۵ به خود اختصاص دادند.



شکل۱- نمودار ضرایب مسیر استاندارد

Figure 1 – Diagram of Standardized Path Coefficient

شکل۱ با عنوان نمودار ضرایب مسیر، به بررسی ضریب مسیر متغیرها و میزان تأثیر هریک از متغیرهای مستقل بر متغیر وابسته می‌پردازد. مقدار ضریب مسیر در بازه ۱- و ۱ قرار دارد. هر چه این مقدار بصورت مثبت بیشتر باشد، نشان دهنده تأثیرگذاری بیشتر متغیر مستقل بر متغیر وابسته است.

ضریب تعیین میزان تبیین واریانس متغیر وابسته توسط متغیرهای مستقل را نشان می‌دهد. از مشکلات ضریب تعیین[1] این است که میزان موفقیت مدل را بیش از اندازه برآورد می‌کند و کمتر تعداد متغیرهای مستقل و حجم نمونه را در نظر می‌گیرد، از این رو بعضی از پژوهشگران ترجیح می‌دهند از شاخص دیگری تحت عنوان ضریب تعیین تعدیل شده[2] استفاده کنند.

جدول۵- ضریب تعیین

Table 5. Coefficient of Determination

متغیر Variable	ضریب تعیین Coefficient of Determination	ضریب تعیین تعدیل شده Normalized Coefficient of Determination
قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Capabilities of Scientific Genealogy Software	0.957	0.956

ضریب تعیین تعدیل شده قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی ۰.۹۵۷ است که این عدد بیان می‌کند که ۹۵ درصد از تغییرات قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی تحت تأثیر متغیرهای پژوهش است و مابقی عواملی هستند که در مدل در نظر گرفته نشده است. معیار دیگر بررسی مدل ساختاری اندازه اثر می‌باشد. کوهن (۱۹۸۸) مقادیر ۰.۰۲؛ ۰.۱۵ و بیشتر ۰.۳۵ را به ترتیب مقادیر ضعیف، متوسط و قوی ارزیابی کرده‌اند.

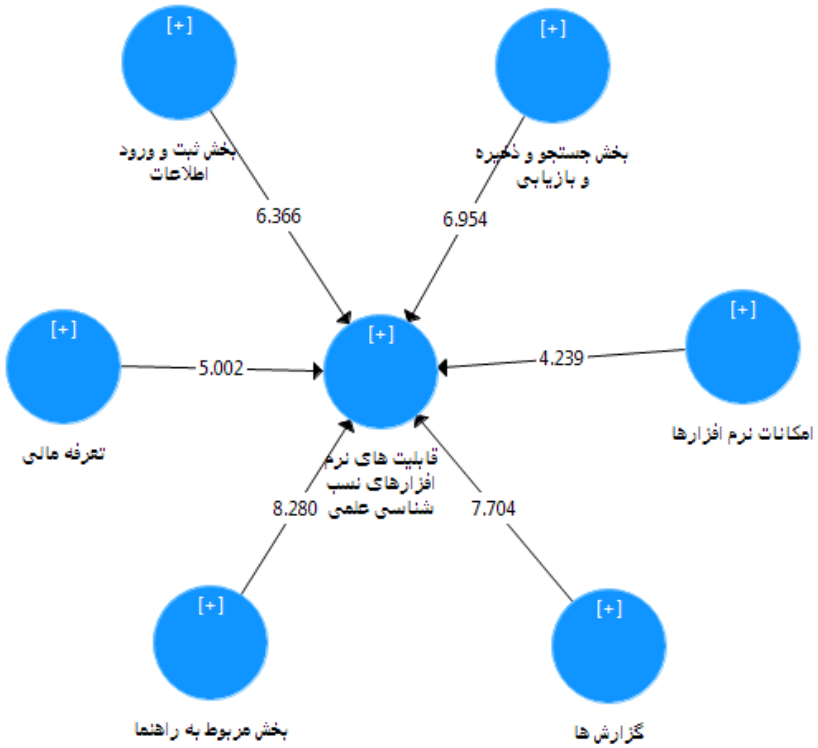
جدول۶- اندازه اثر

Table 6 – Effect Size

متغیرها Variables	قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Capabilities of Scientific Genealogy Software
بخش ثبت و ورود اطلاعات Data Entry Section	0.339
بخش جستجو و ذخیره و بازیابی **Search, Storage, and Retrieval Section**	0.314
امکانات جانبی نرم افزارها Software Auxiliary Features	0.103
گزارش ها **Reports Section**	0.426
بخش مربوط به راهنما Help Section	0.801
تعرفه مالی **Financial Tariff**	0.353

1 R Square
2R Square Adjusted

نتایج بررسی مقادیر اندازه اثر در جدول ۶نشان داد که این مقدار برای اثرات قوی گزارش شد. معناداری ضرایب مسیر (بتا): یکی از شاخص‌های تایید روابط در مدل ساختاری معنادار بودن ضرایب مسیر می‌باشد. معناداری ضرایب مسیر مکمل بزرگی و جهت علامت ضریب بتای مدل می‌باشد. چنانچه مقدار بدست آمده بالای حداقل آماره در سطح مورد اطمینان در نظر گرفته شده باشد، آن رابطه یا فرضیه تایید می‌شود. در سطح معناداری ۹۰ درصد، ۹۵ درصد و ۹۹ درصد این مقدار به ترتیب با حداقل آماره t ۱/۹۶، ۱/۶۴، ۲/۵۸ مقایسه می شود.



شکل۲- معناداری ضرایب مسیر

Figure2 – Significance of Path Coefficients

شکل۲ معناداری ضرایب مسیر را نشان می‌دهد. نتایج بدست آمده از این نمودار در نتایج فرضیات تشریح شده است. قدرت پیش‌بینی مدل یا اشتراک افزونگی[1] معیار دیگری برای بررسی مدل ساختاری است. هدف این شاخص بررسی توانایی مدل ساختاری در پیش‌بینی کردن به روش چشم‌پوشی[2] می‌باشد. معروفترین و شناخته‌شده‌ترین معیار اندازه‌گیری این توانایی، شاخص Q^2است که بر اساس این ملاک مدل باید نشانگرهای متغیر مکنون درونزای انعکاسی را پیش‌بینی کند. مقادیر بدست آمده از این آزمون مثبت است که نشان دهنده کیفیت مناسب مدل ساختاری است (هنسرلر و همکاران، [3] ۲۰۱۰). در مورد قدرت پیش‌بینی مدل در مورد متغیرهای پنهان درونزا سه مقدار ۰.۰۲، ۰.۱۵ و ۰.۳۵ به ترتیب به عنوان مقادیر ضعیف، متوسط و قوی برای این شاخص معرفی شده‌اند (هنسلر و همکاران، ۲۰۱۰).

جدول۷- توان پیش‌بینی مدل

Table 7 – Model Predictive Power

Q^2 (=1-SSE/SSO)	SSE	SSO

1 CV Red
2 Blindfolding
3 Henseler et al

قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Capabilities of Scientific Genealogy Software	4.400.000	2.554.870	0.419

نتایج جدول ۴-۱۴ نشان داد که توان پیش‌بینی مدل قوی گزارش شد. مدل‌هایی که با رویکرد واریانس محور از طریق نرم‌افزارهای واریانس محور مانند Smart PLS مورد بررسی قرار می‌گیرند فاقد شاخصی کلی برای نگاه به مدل به صورت یکجا هستند. یعنی شاخصی برای سنجش کل مدل شبیه به رویکرد کواریانس محور وجود ندارد. اما در پژوهش‌های مختلف در این حوزه پیشنهاد شد که از شاخصی به نام GOF توسط تننهاوس[1] و همکاران (۲۰۰۵) پیشنهاد شد که می‌توان به جای شاخص‌های برازشی که در رویکردهای کواریانس محور وجود دارد، استفاده نمود. این شاخص هر دو مدل ساختاری و اندازه‌گیری را به صورت یکجا در نظر گرفته و کیفیت آنها را مورد آزمون قرار می‌دهد. این شاخص بصورت میانگین R^2 و میانگین مقادیر اشتراکی بصورت دستی محاسبه می‌شود.

$$GOF = \sqrt{\overline{communalities}} \times \overline{R^2}$$

این شاخص مجذور ضرب دو مقدار متوسط مقادیر اشتراکی و ضریب تعیین است. از آنجا که این مقدار به دو شاخص مذکور وابسته است، حدود این شاخص بین صفر و یک بوده و وتزلس و همکاران (۲۰۰۹) سه مقدار ۰.۰۱؛ ۰.۲۵ و ۰.۳۶ را به ترتیب به عنوان مقادیر ضعیف؛ متوسط و قوی برای GOF معرفی نمودند.

جدول۸- نتایج برازش مدل کلی

Results of Overall Model Fit

مفاهیم Concepts	ضریب تعیین Coefficient of Determination (R^2)	ضریب تعیین√ square Root of the Coefficient of Determination (√R^2)	مقادیر اشتراکی Communalities	مقادیر اشتراکی√ Square Root of Communalities (√Communalities)	GOF
بخش ثبت و ورود اطلاعات Data Entry Section			0.613		
بخش جستجو و ذخیره و بازیابی Search, Storage, and Retrieval Section			0.602		
امکانات جانبی نرم افزارها Software Auxiliary Features			0.575		
گزارش ها Reports Section					
بخش مربوط به راهنما Help Section			0.793		
تعرفه مالی Financial Tariff			1.000		
قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی	0.957				

2 Tenenhaus

Capabilities of Scientific Genealogy Software	
ریشه دوم میانگین مربعات باقیمانده استاندارد شده (SRMR) Standardized Root Mean Square Residual (SRMR)	0.063

با توجه به مقدار بدست آمده برای GOF به میزان ۰.۶۷۰ بوده که نزدیک به مقدار پیشنهادی وتزلس و همکاران (۲۰۰۹) یعنی ۰.۳۶ که قوی بودن مدل را نشان می‌دهد، می‌باشد و بنابراین برازش مناسب مدل کلی تأیید می‌شود.

مقدار مطلوب برای شاخص ریشه دوم میانگین مربعات باقیمانده استاندارد شده حداکثر ۰.۱ است. نتایج بدست آمده از این شاخص نشان داد که مقدار آن برابر با ۰.۰۶۳ گزارش شد که مقداری مطلوب است و بنابراین برازش مناسب مدل کلی تأیید می‌شود. پس از بررسی پیشینه پژوهش و نرم‌افزارهای فعلی نسب‌شناسی علمی ، تمام شاخصه‌ها و قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی‌علمی بررسی شد. مشاهدات نشان داد که تعداد ۳۴ قابلیت تخصصی در اکثر آنها رویت شد. چولگی مشاهده شده برای متغییرهای مورد مطالعه در بازه(۲-۲-) قرار دارد، به این معنی است که متغییرهای پژوهش نرمال بوده و توزیع آن متقارن است.

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که بخش ثبت و ورود اطلاعات بر قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۲۰۷, t =۶/۳۶۶, *P –Value* ≤ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در بخش ثبت و ورود اطلاعات، قابلیت‌های نرم افزارهای نسب‌شناسی علمی معادل ۰/۲۰۷ انحراف استاندارد افزایش پیدا می کند.

جدول۹-شاخص های بخش ثبت و ورود اطلاعات

Table 9 – Indicators of the Data Entry Section

پرسش Question	ضریب مسیر Path Coefficient	آماره t t-Statistic	سطح معنی داری P-Value	نتیجه Resutl
بخش ثبت و ورود اطلاعات -> قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Data Entry Section → Capabilities of Scientific Genealogy Software	0.207	6.366	0.000	Approved

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که بخش جستجو و ذخیره و بازیابی بر قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۲۲۱, t =۶/۹۵۴, *P –Value* ≤ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در بخش جستجو و ذخیره و بازیابی، قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی معادل ۰/۲۲۱ انحراف استاندارد افزایش پیدا می کند.

جدول۱۰- شاخص های بخش جستجو، ذخیره و بازیابی

Table 10 – Indicators of the Search, Storage, and Retrieval Section

پرسش Question	ضریب مسیر Path Coefficient	آماره t t-Statistic	سطح معنی داری P-Value	نتیجه Resutl
بخش جستجو و ذخیره و بازیابی -> قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی	0.221	6.954	0.000	Approved

				Search, Storage, and Retrieval Section → Capabilities of Scientific Genealogy Software

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که امکانات جانبی نرم‌افزارها بر قابلیت‌های نرم افزارهای نسب‌شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (۰/۰۵ .(β =126/0, t =239/4 ≤ P –Value, لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در امکانات جانبی نرم افزارها، قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی معادل ۰/۱۲۶ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند.

جدول۱۱- شاخص‌های امکانات جانبی نرم افزارها

Table 11 – Indicators of Software Auxiliary Features

نتیجه Resutl	سطح معنی داری P-Value	آماره t t-Statistic	ضریب مسیر Path Coefficient	پرسش Question
Approved	0.000	4.039	0.126	امکانات جانبی نرم افزارها -> قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Software Auxiliary Features → Capabilities of Scientific Genealogy Software

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که گزارش ها بر قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (۰/۰۵ ,≤ P –Value ۷/۷۰۴, t =۰/۱۹۶ =β). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در گزارش ها، قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی معادل ۰/۱۹۶ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند.

جدول۱۲- شاخص های بخش گزارش ها

Table 12 – Indicators of the Reports Section

نتیجه Resutl	سطح معنی داری P-Value	آماره t t-Statistic	ضریب مسیر Path Coefficient	پرسش Question
Approved	0.000	7.704	0.196	گزارش ها -> قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Reports → Capabilities of Scientific Genealogy Software

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که بخش مربوط به راهنما بر قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (۰/۰۵ ≤ *P –Value*, ۸/۲۸۰, t =۰/۲۷۱ =β). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در بخش مربوط به راهنما، قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی معادل ۰/۲۷۱ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند.

جدول۱۳-شاخص بخش مربوط به راهنما

Table 13 – Indicators of the Help Section

نتیجه Resutl	سطح معنی داری P-Value	آماره t t-Statistic	ضریب مسیر Path Coefficient	پرسش Question

بخش مربوط به راهنما -> قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Help Section → Capabilities of Scientific Genealogy Software	0.271	8.280	0.000	Approved

تجزیه و تحلیل داده‌ها نشان می‌دهد که تعرفه مالی بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =-۰/۱۶۷, t =۵/۰۰۲, $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به منفی بودن ضریب همبستگی رابطه معکوس بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در تعرفه مالی، قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی معادل ۰/۱۶۷ انحراف استاندارد کاهش پیدا می‌کند.

جدول۱۴- شاخص های بخش تعرفه مالی

Table 14 – Indicators of the Financial Tariff Section

پرسش Question	ضریب مسیر Path Coefficient	آماره t t-Statistic	سطح معنی داری P-Value	نتیجه Resutl
تعرفه مالی -> قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی Financial Tariff → Features of Scientific Genealogy Software	-0.167	5.002	0.000	Approved

نرم‌افزار مطلوب نسب‌شناسی علمی ویژه حوزه علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی دارای بعد ۶گانه بخش ثبت و ورود اطلاعات، بخش جستجو و ذخیره و بازیابی ، امکانات جانبی نرم‌افزارها، گزارش ها، بخش مربوط به راهنما و تعرفه مالی است که هر یک از این ابعاد به چندین قابلیت تقسیم می شوند که در پیوست ب در پیوست‌ها به آن اشاره شده است. بر اساس یافته‌های بخش تجزیه و تحلیل پرسشنامه در همین فصل، داده‌ها نشان داد که تمامی قابلیت‌های تخصصی نرم‌افزارها از نظر متخصصان لازم و ضروری است.

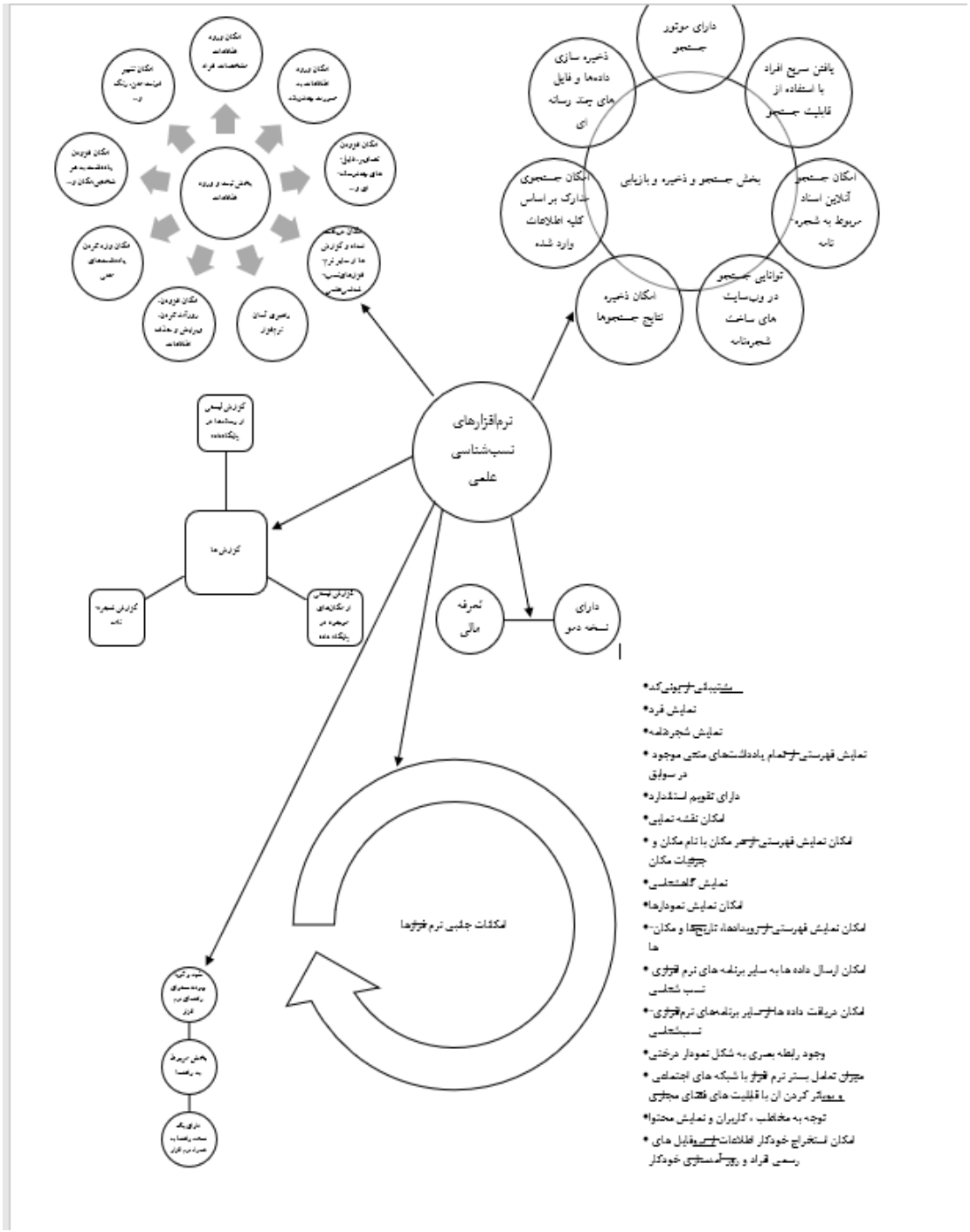
بحث و نتیجه‌گیری

در دنیا پژوهش‌های بسیاری در رابطه با نسب‌شناسی‌علمی انجام شده‌است اما در داخل کشور بحث همکاری‌های علمی را بیشتر در بستر علم‌سنجی مشاهده می‌کنیم، شناسایی ارتباطات علمی دانشگاهیان به شیوه‌های گوناگونی امکانپذیر است لیکن به منظور تسهیل و تسریع دسترسی به اطلاعات روابط بین دانشگاهیان نیازمند است از نرم‌افزارهای ویژه نسب‌شناسی علمی استفاده شود. با توجه به کارکرد مشابه و فواید فراوانی که علم نسب‌شناسی در فضای علمی و دانشگاهی دارد، نرم‌افزار نسب‌شناسی علمی می‌تواند دریچه‌ای برای پی بردن به روابط علمی بین افراد باشد و تاریخچه تبار علمی را به کمک آن مشخص کرد. پژوهش حاضر با هدف مطالعه تطبیقی نرم‌افزارهای نسب‌شناسی علمی به منظور ارائه الگوی ایجاد نرم‌افزار نسب‌شناسی ویژه حوزه علم اطلاعات و دانش‌شناسی، انجام گرفت. در همین راستا با طرح سوال و تهیه پرسشنامه های مرتبط با موضوع اقدام به گردآوری داده ها شد. برای پاسخ به سوالات پژوهش از مدلسازی معادلات ساختاری با رویکرد حداقل مربعات جزئی استفاده شد. خلاصه نتایج سوالت به شرح زیر است:

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که امکانات جانبی نرم‌افزارها بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۱۲۶, t =۴/۲۳۹, $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در امکانات جانبی نرم‌افزارها، قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی معادل ۰/۱۲۶ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند.

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که بخش ثبت و ورود اطلاعات بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۲۰۷, t =۶/۳۶۶, $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در بخش ثبت و ورود اطلاعات، قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی معادل ۰/۲۰۷ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند. بررسی ها نشان داد بخش جستجو و ذخیره و بازیابی بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۲۲۱, t =۶/۹۵۴, $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در بخش جستجو و ذخیره و بازیابی، قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی معادل ۰/۲۲۱ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند.

تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق ضریب مسیر در مدل معادلات ساختاری (SEM) نشان می‌دهد که بخش مربوط به راهنما بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۲۷۱, t =۸/۲۸۰, $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در بخش مربوط به راهنما، قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی معادل ۰/۲۷۱ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند. یافته ها نشان داد که تعرفه مالی بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =-۰/۱۶۷, t =۵/۰۰۲, $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به منفی بودن ضریب همبستگی رابطه معکوس بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در تعرفه مالی، قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی معادل ۰/۱۶۷ انحراف استاندارد کاهش پیدا می‌کند. پژوهش حاضر نمایان ساخت که گزارش ها بر قابلیت های نرم افزارهای نسب شناسی علمی تاثیر معنی‌داری دارد، (β =۰/۱۹۶, t =۷/۷۰۴ $P-Value \leq$ ۰/۰۵). لذا پرسش پژوهش با ۹۵ درصد اطمینان تایید می‌شود. با توجه به مثبت بودن ضریب همبستگی رابطه مستقیم بین این دو متغیر وجود دارد و بر اساس ضریب مسیر (β) می‌توان گفت به ازای یک واحد افزایش در گزارش ها، قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب شناسی علمی معادل ۰/۱۹۶ انحراف استاندارد افزایش پیدا می‌کند. بر اساس مرور منابع مربوط به این حوزه می توان گفت که نرم‌افزارهای موجود در این حوزه از نظر برخی ویژگیها و فاکتورها، مشابه و برخی دیگر متفاوت هستند. می توان گفت: هیچکدام از نرم افزارها، تمام ویژگی‌ها را بطور کامل ندارند و در بهترین حالت، ۸۰ درصد ویژگی‌ها را شامل می شوند. نرم‌افزار مطلوب نسب‌شناسی‌علمی ویژه حوزه علم‌اطلاعات و دانش‌شناسی دارای بعد ۶گانه امکانات جانبی نرم‌افزار، بخش ثبت و ورود اطلاعات، بخش جستجو و ذخیره و بازیابی، بخش مربوط به راهنما، تعرفه مالی و گزارش‌ها است که هر یک از این ابعاد به چندین قابلیت تقسیم می‌شوند که در پیوست ب به آن اشاره شده است.



شکل۲ .الگوی مفهومی نرم‌افزار نسب‌شناسی علمی

در پژوهش حاضر سعی شد تا تاثیر هریک از موارد ششگانه را بر قابلیت‌های نرم افزارهای نسب شناسی علمی، مورد مطالعه و واکاوی قرار داده شود. یافته‌ها نشان داد که بخش مربوط به راهنما بیشترین تاثیر را بر قابلیت‌های نرم افزارهای نسب‌شناسی‌علمی دارد. بخش جستجو، ذخیره و بازیابی نیز در مرتبه دوم از لحاظ تأثیرگذاری بود. سایر ابعاد نیز مقادیر قابل قبول و معناداری را بر قابلیت‌های نرم‌افزارهای نسب شناسی‌علمی گزارش کردند. اگرچه پژوهش‌های در این حوزه در خارج از کشور از تعدد و تنوع قابل قبولی برخوردار است و پژوهشگران متعددی به انحاء مختلف نسب‌شناسی را مورد واکاوی و تحلیل قرار دادند. Sugimoto and others (2011), David & hsyden, (2012), Herskovitz (2012) و

نیز برخی پژوهشگران داخلی مانند Asnafi & Keshavarzian (2018) و Pazouki, Karbalaei-Agha Kamran & Ghaebi (2020) هم گریزی بر پژوهش در این حوزه داشته اند.

بررسی‌ها نشان می‌دهد حوزه مطالعاتی پژوهش حاضر در پژوهش‌های قبلی تقریباً مغفول مانده و بر این اساس امکان مقایسه و بررسی همسویی یا عدم همسویی یافته‌های پژوهش حاضر با پژوهش‌های قبلی دشوار به نظر می رسد. با این حال در تبیین نتایج بدست امده از پژوهش حاضر می توان گفت: آنچه که از نظر کارشناسان این حوزه حائز اهمیت به نظر می رسد، امکان راهنمایی برای کاربر است. به این معنا که نرم‌افزارها باید این قابلیت را داشته باشند که کاربر برای استفاده از نرم‌افزار علیرغم آشنایی کم با آن به مشکل خاصی مواجه نشده و درصورت مشاهده مشکل، راهنمای مناسبی برای رفع مشکل و استفاده از نرم‌افزار تعبیه شده باشد. قابلیت با اهمیت دیگر در این حوزه بخش جستجو و بازایابی و ذخیره است که به نظر خبرگان این حوزه حائز اهمیت گزارش شد. این قابلیت برای مراجعه مجدد کاربر و استفاده از اطلاعات ذخیره شده حائز اهمیت است. سایر بخش‌ها و قابلیت‌های دیگر در ارتباط با نرم افزارهای نسب‌شناسی نیز هر کدام به تناسب کاربری که از آن استفاده خواهد کرد، دارای مزایایی که هست که باید در طرحی نرم‌افزارها مورد نظر قرار گیرد.

سپاسگزاری

نویسندگان مقاله از کتابدارانی که دسترسی به پایگاه های اطلاعاتی را برای انجام این پژوهش فراهم کردند سپاسگزاری می کنند.

تعارض منافع

نویسندگان فاقد هر گونه تعارض منافع در این پژوهش بودند.

References

Asnafi, A. R., & Keshavarzian, S. (2018). An introduction to academic genealogy. *Library and Information Science Studies*, 10(25), 87–102.

Bamdad Soofi, Jahanyar (2018). Introduction to the Genealogy of Research Methods in Human Sciences during Iranian Islamic Civilization. *Management Studies in Development and Evolution.* 27(88):75-101.

Bennett, A. F., & Lowe, C. (2005). The academic genealogy of George A. Bartholomew. Integrative and comparative biology, 45(2), 231-233

Bigdeli, M., Razavi, A., & Shabani, R. (2018). Functions of genealogy in Islamic history studies. *Islamic History and Civilization*, 14(1), 49–66.

Anil, s., Kurian, a., Roy dey, s., & Saha, s. (2018). Genealogy Tree: Understanding Academic Lineage of Authors via Algorithmic and Visual Analysis. *Journal of Scientometric Research,* 7, 124-120.

Bartholomew (1987). *Integrative and comparative biology*, 45(2), 231-233

Brent Lievers, w. (2022). *Visualizing academic descendants using modified Pavlo diagrams: Results based on five researchers in biomechanics and biomedicine. Quantitative Science Studies*, 1-23.

Caird, a. (2003). *latex genealogy and twarehe lifelined softwer.* TUGBOAT, 244-240.

Cota, j., Laender, A., & prates, R. (2021). Science Tree: a platform for exploring the brazilian academic genealogy. *Journal of the Brazilian Computer Society*, 20-1.

Damaceno, R., Rossi, L., Mugnaini, R., & Mena-chalco, j. (2019). The Brazilian academic genealogy: evidence of advisor–advisee relationships through quantitative analysis. *Scientometrics*, 119(1), 333-303.

David, s., & y hsyden, B. (2012). Neurotree: a collaborative, graphical database of the academic genealogy of neuroscience. *Journal pone*, 7(10), 1-12.

Fornell, C., Johnson, M. D., Anderson, E. W., Cha, J., & Bryant, B. E. (1996). The American customer satisfaction index: nature, purpose, and findings. *Journal of marketing*, 60(4), 7-18.

Freivalds, R. M., & Zarina, S. (2016). Rusins Martins Freivalds: Academic Genealogy and Selected Publications. *Baltic Journal of Modern Computing*, 4(4), 633.

Genbox Family History (2022). *Genbox Family History*. [Blong note]. Recoverd 1401/09/17 Form https://en.wikipedia.org/wiki/Genbox_Family_History

Hair, J. F., Sarstedt, M., Ringle, C. M., & Mena, J. A. (2017). An Assessment of the Use of Partial Least Squares Structural Equation Modeling in Marketing Research. *Journal of the Academy of Marketing Science*, 40(3), 414-433.

Halder, K., Chattopadhyay, A., Sanyal, D., Bhowmick, P., & Pratim Das, P. (2020). Analysis of the Academic Genealogy of Education. *Proceedings of the ACM/IEEE Joint Conference on Digital Libraries*, 526-525.

Henseler, J., & Fassott, G. (2010). Testing moderating effects in PLS path models: An illustration of available procedures. *Handbook of partial least squares: Concepts, methods and applications*, 713-735.

Herskovitz, A. (2012). A Suggested Taxonomy of Genealogy as a Multidisciplinary Academic Research Field. *Journal of Multidisciplinary*, 4(3), 5-21.

Kumar, D., Bhowmick, P. K., & Paik, J. H. (2023). Researcher influence prediction (ResIP) using academic genealogy network. *Journal of Informetrics*, 17(2), 101392.

Madeira, G., Borges, E. N., Lucca, G., de Carvalho Segundo, W., Wieczynski, J. C., Santos, H. S., & Dimuro, G. P. (2021). Using Academic Genealogy for Recommending Supervisors. In *ICEIS (1)* (pp. 885-892).

Madeira, G., Borges, E. N., Baranano, M., Nascimento, P. K., Lucca, G., de Fatima Maia, M., ... & Dimuro, G. P. (2019). The Gold Tree: An Information System for Analyzing Academic Genealogy. In *ICEIS (1)* (pp. 114-120).

Pazouki, F., Karbalaei-Agha Kamran, M., & Ghaebi, A. (2020). Representation of academic genealogical relationships in textbooks of library and information science. *Library and Information Science Research Journal*, 10(1), 103–127.

Rossi, L., Damaceno, R., Freire, l., Bechara, E., & Mena-chalco, j. (2018). Topological metrics in academic genealogy graphs. *Journal of informetrics*, 25-1.

Russell, T., & Sugimoto, C. (2009). MPACT Family Trees: Quantifying Academic Genealogy in Library and Information Science. *Journal of Education for Library and Information Science*, 50, 262-248.

Sabbaghi, F., Hassanzadeh, M., & Sharif, A. (2023). Generating The Genealogy of Digital Transformation Documents Using Visualization Techniques. *International Journal of Knowledge Processing Studies*, 3(4), 73-89.

Samani, S. M., & Montazer al-Ghaem, A. (2011). The knowledge of genealogy with emphasis on the role of Twelver Shiʿites. *Journal of Islamic Culture and Civilization History*, 2(3), 37–66.

Shakespear, d. (2015). *interactive genealogy explorer visualization of migration of ancestors and relatives*. 94-95.

Sugimoto, C. R., Ni, (2013). *Academic Genealogy as an Indicator of Interdisciplinarity: Preliminary A Examination of Sociology Doctoral Dissertati*o.929-936.

Sugimoto, C., NI, C., Russell, T., & Bychowski, B. (2011). *Academic genealogy as an indicator of interdisciplinarity: An examination of dissertation networks in Library and Information Science*. 1808-1828.

Tenenhaus, M., Esposito Vinzi, V., Chatelin, Y.-M., & Lauro, C. (2005). PLS path modeling. *Computational Statistics & Data Analysis*, 48(1), 159–205

Tucker, Mark (2008). 10 Things Genealogy Software Should Do.1-18

Werts, C.E., Linn, R.L., & Joreskog, K., G., (1974). Intra class reliability estimates; Testing structural assumptions, *educational and psychological measurement*, 34(1), 177.

Wijsen,Lisa and Borsboom,Danny and cabac,Tiago and Heiser,Willem,j. (2019). An academic genealogy of psychometric society presidents. *Psychometrika*, 84, (2)562–588.