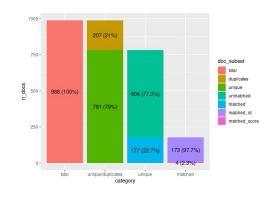
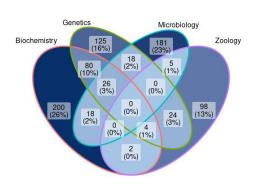
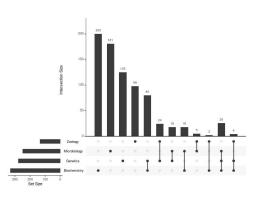
Workshop: Co-ocorrência de documentos em conjuntos de dados bibliográficos com o pacote R biblioverlap

Gabriel Alves Vieira
Orientadora: Prof^a Dr^a Jacqueline Leta







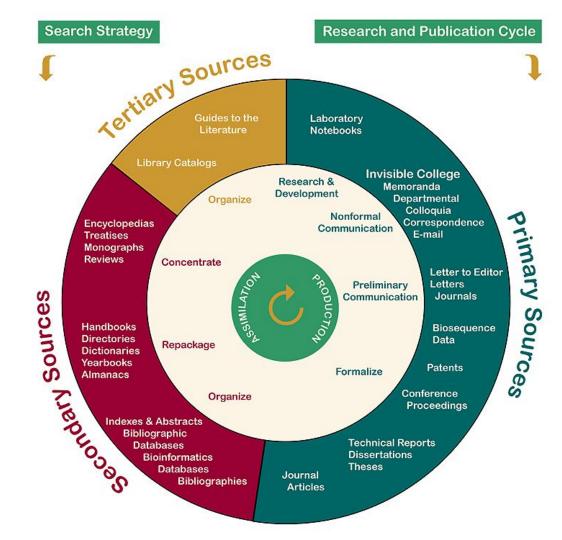
Introdução - Fontes de informação científica

Primárias:

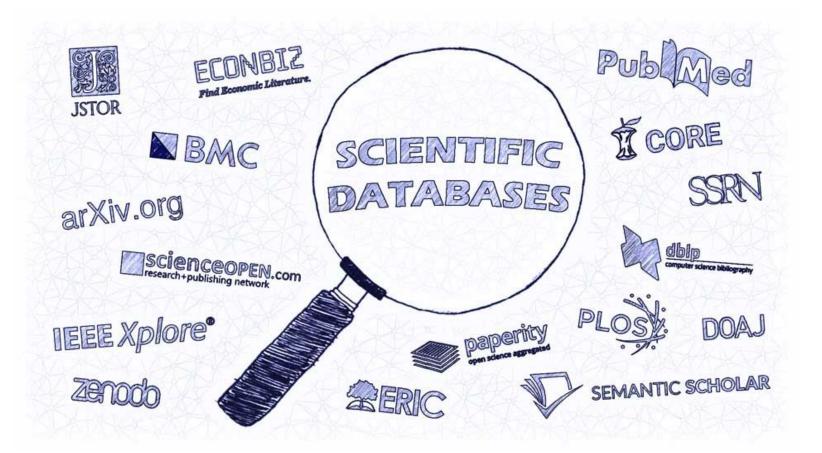
- Informação nova/original
- e.g. Publicações em periódicos

Secundárias:

- Informação fundamentada sobre documentos primários
- Informação sobre informação
- Facilitar o acesso à produção científica
- e.g. Revisões e bases de dados bibliográficos



Grande diversidade de bases -> Estudos comparativos



Análise de Sobreposição

RESEARCH ARTICLE

The journal coverage of Web of Science, Scopus and Dimensions: A comparative analysis

Vivek Kumar Singh¹ • Prashasti Singh¹ • Mousumi Karmakar¹ • Jacqueline Leta² • Philipp Mayr³

Received: 26 September 2020 / Accepted: 9 March 2021 Akadémiai Kiadó, Budapest, Hungary 2021 Large-scale comparison of bibliographic data sources: Scopus, Web of Science, Dimensions, Crossref, and Microsoft Academic

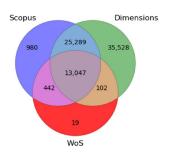
> Martijn Visser¹⁰, Nees Jan van Eck¹⁰, and Ludo Waltman¹⁰ Centre for Science and Technology Studies, Leiden University, The Netherlands

RESEARCH ARTICLE

Comparison of bibliographic data sources: Implications for the robustness of university rankings

Chun-Kai (Karl) Huang¹⁰, Cameron Neylon¹⁰, Chloe Brookes-Kenworthy¹⁰, Richard Hosking¹⁰, Lucy Montgomery¹⁰, Katie Wilson¹⁰, and Alkim Ozaygen¹⁰

Centre for Culture and Technology, Curtin University, Bentley 6102, Western Australia



ISSN

WoS was presented by Mongeon and Paul-Hus (2016). A similar comparison, including not only Scopus and WoS but also Dimensions, was carried out by Singh, Singh et al. (2020). However, both comparisons were performed at the level of journals rather than individual documents. Recently, (Huang, Neylon et al. (2020) reported a document-level comparison of Scopus, WoS, and Microsoft Academic based on a fairly large amount of data (i.e., documents published by 15 universities). Their comparison has the limitation that documents in the different data sources are matched based only on Digital Object Identifiers (DOIs). Another recent document-

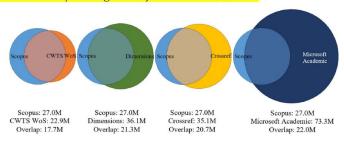
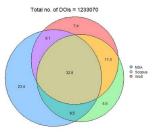


Figure 1. Overlap of documents between Scopus and the other data sources.



DOI

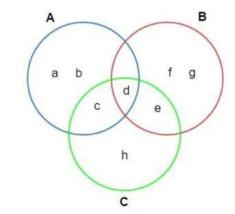
Score

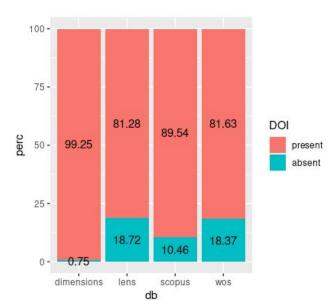
$$S_{A,B} = 15m_{DOI} + 7m_{first\ author} + 14m_{title} + 5m_{source} + 14m_{other}.$$

(Computacionalmente pesado)

Sobreposição (ou co-ocorrência) a nível de documento

- "Quantos/quais documentos de uma base são encontrados em outra(s) base(s)?"
- Teoria dos conjuntos Diagrama de Venn
- Pacotes no R que fazem essa visualização
 - Recebem uma lista com os elementos de cada conjunto retornam o diagrama
 - Identificadores únicos (e.g. DOI) podem ser utilizados nesse caso
- Muitas publicações sem DOI
 - Artigos mais velhos
 - Outros tipos de documentos (e.g. livros)
- Necessidade de estabelecer sobreposição com base em outros campos
- Nenhuma ferramenta específica para análise de sobreposição em dados bibliográficos

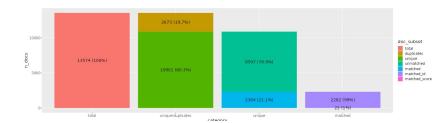


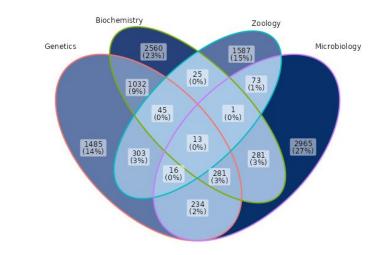


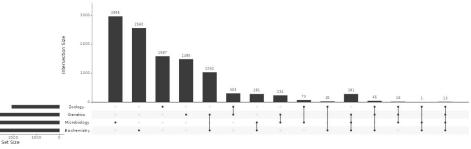
Biblioverlap



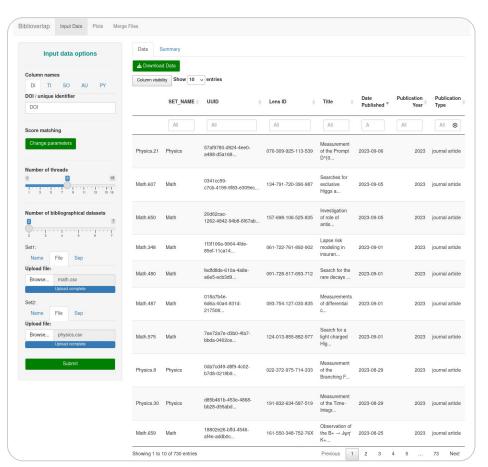
- Pipeline de sobreposição -> Pacote do R
- Comparações:
 - DOI (ou outro identificador único), TI, SO, AU e PY
 - Entre bases distintas
 - Dentro da mesma base
 - Proxy sobreposição entre diferentes áreas
 - Computação paralela ↑ velocidade
 - Projeto do doutorado (375609 docs)
 - 16 threads 40 minutos
 - RAM: Pico de 22 GB
- Output:
 - Conjuntos de dados + UUID
 - Sumário (tabela)
 - Gráficos (sumário, venn e upset)

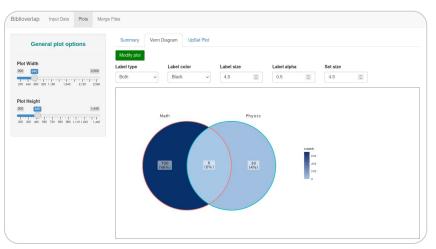


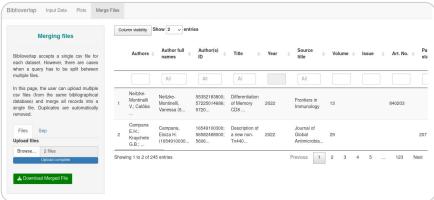




Interface gráfica (Shiny)





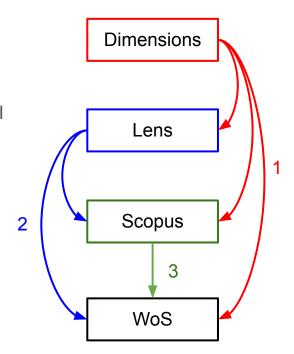


Limitações:

- Máximo de 7 datasets
- Aceita apenas .csv

Sobreposição a nível de documento

- Tratamento dos dados
 - Campos alfanuméricos: Conversão para maiúsculas e padrão ASCII
 - Remoção de 'whitespace' de todos os campos
 - Conversão de valores inválidos para NA
 - Extração do primeiro autor de cada documento
 - Adição de identificador único (UUID) cada linha de cada base
- Comparações par-a-par entre bases
 - 4 bases Combinação simples: 6 possibilidades
 - Cada comparação: db1 e db2
 - Match: documento de db1 encontrado em db2
 - Registro em db2 <- UUID do match em db1 Direcionalidade
 - Registos de db2 modificados Excluídos prox. comparações
 - o 3 "rodadas" de comparações fixa db1, modifica db2
 - Cada comparação é, na verdade, duas:
 - Registros com DOI *Match*: DOI idêntico
 - Registros sem DOI *Match*: Score maior/igual a 1
 - Campos: TI, PY, AU, Source (abreviado)
 - Distância levenshtein campos alfanumericos

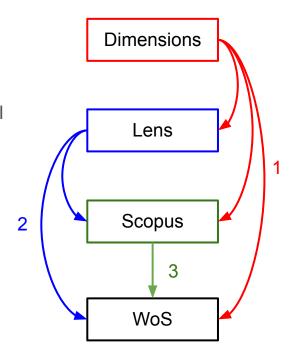


Scopus: "Frontiers in Antibiotics" WoS: "Frontiers Antibiotics"

Score = 0.6 - lev(TI) * 0.1 + 0.3 * PY + 0.3 - lev(AU) * 0.1 + 0.3 - lev(Source) * 0.1

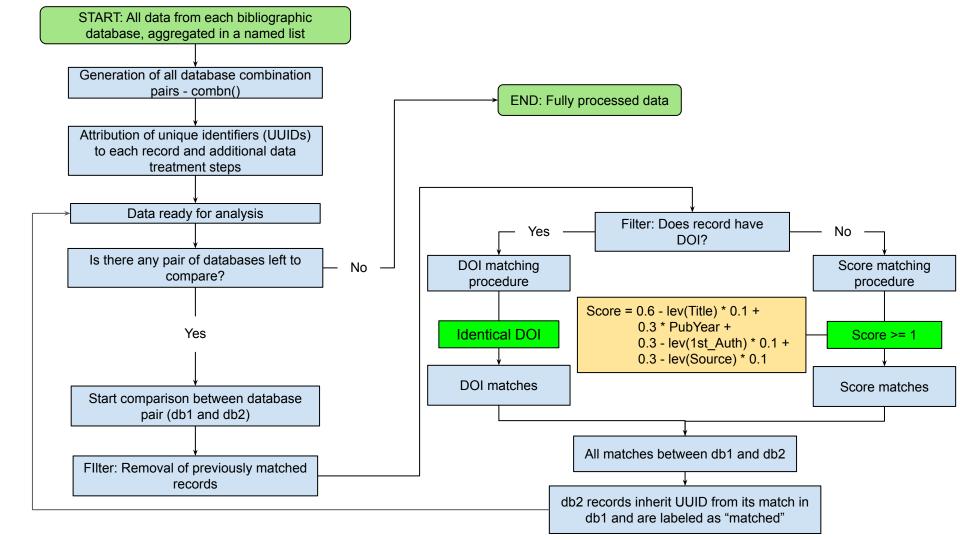
Sobreposição a nível de documento

- Tratamento dos dados
 - Campos alfanuméricos: Conversão para maiúsculas e padrão ASCII
 - Remoção de 'whitespace' de todos os campos
 - Conversão de valores inválidos para NA
 - Extração do primeiro autor de cada documento
 - o Adição de identificador único (UUID) cada linha de cada base
- Comparações par-a-par entre bases
 - 4 bases Combinação simples: 6 possibilidades
 - Cada comparação: db1 e db2
 - Match: documento de db1 encontrado em db2
 - Registro em db2 <- UUID do match em db1 Direcionalidade
 - Registos de db2 modificados Excluídos prox. comparações
 - 3 "rodadas" de comparações fixa db1, modifica db2
 - o Cada comparação é, na verdade, duas:
 - Registros com DOI *Match*: DOI idêntico
 - Registros sem DOI *Match*: Score maior/igual a 1
 - Campos: TI, PY, AU, Source (abreviado)
 - Distância levenshtein campos alfanumericos



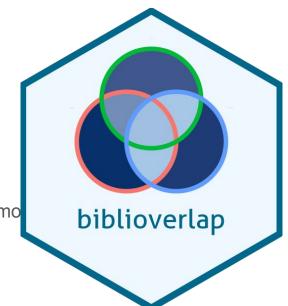
Scopus: "Frontiers in Antibiotics" WoS: "Frontiers in_Antibiotics" Levenshtein: 3

Score = 0.6 - lev(TI) * 0.1 + 0.3 * PY + 0.3 - lev(AU) * 0.1 + 0.3 - lev(Source) * 0.1



Em suma:

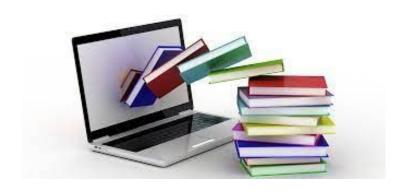
- O que o pacote espera (input):
 - Pelo menos dois datasets bibliográficos nomeados
 - Nome das colunas usadas na análise
 - Todos os conjuntos de dados devem ter o mesmo nome para essas colunas
- O que ele retorna (output):
 - Conjunto de dados originais + UUID
 - Possibilidade de análises adicionais
 - Sumário do processo de sobreposição
 - Shiny Gráficos
- Disponível:
 - CRAN Versão "estável"
 - GitHub Versão "desenvolvimento"





Dúvidas?





Contato: gabriel.vieira@bioqmed.ufrj.br