

บทคัดย่อภาษาไทย

อรรถภาควิเคราะห์ (move analysis) นับเป็นการวิเคราะห์สัมพันธสารที่สำคัญแนวทางหนึ่ง โดยมีจุดมุ่งหมายเพื่อกำหนดว่าตัวบทที่วิเคราะห์นั้นประกอบด้วยโครงสร้างของอรรถภาคและอนุวัจน์อะไรบ้าง งานวิจัยนี้มีจุดประสงค์หลัก 2 ประการคือ เพื่อกำหนดว่าแต่ละภาคมีโครงสร้างทั้งในระดับอรรถภาค (move) และอนุวัจน์ (step) อะไรบ้าง และบทความวิจัยทั้งฉบับซึ่งประกอบด้วย 4 ภาคหลักมีการเรียงตัวของอรรถภาคและอนุวัจน์อย่างไร ขั้นตอนหลักของการวิจัยมีดังนี้ 1) การสร้างคลังข้อมูลบทความวิจัยสาขาจุลชีววิทยา 2) การวิเคราะห์คลังข้อมูลด้วยอรรถภาควิเคราะห์ และ 3) การวิเคราะห์หาความเกี่ยวข้องในการกำหนดอรรถภาค จากนั้นประมวลผลที่ได้จากการทำอรรถภาควิเคราะห์เพื่อกำหนดเป็นโครงสร้างบทความวิจัยทั้งฉบับ

คลังข้อมูลของงานวิจัยนี้ประกอบด้วย 60 บทความที่เลือกมาจากวารสารที่เป็นตัวแทนของสาขาจุลชีววิทยาที่เป็นที่ยอมรับอย่างแท้จริง และมีขนาดประมาณ 400,000 คำ ผู้วิจัยวิเคราะห์คลังข้อมูลตามแนวอรรถภาควิเคราะห์ที่ละภาคตามลำดับคือ ภาคบทนำ ภาควิธีวิจัย ภาคผลวิจัย และภาคอภิปรายผลวิจัย เพื่อกำหนดว่าแต่ละภาคประกอบด้วยอรรถภาคใดบ้าง และแต่ละอรรถภาคประกอบด้วยอนุวัจน์ใดบ้าง ผลที่ได้จากการทำอรรถภาควิเคราะห์นำมาสร้างเป็นเกณฑ์วิธีในการลงรหัส (coding protocol) ของผู้ชำนาญการ เพื่อกำหนดหาค่าความเกี่ยวข้องในการแบ่งอรรถภาคระหว่างผู้วิจัยและผู้ชำนาญการทั้ง 5 ของทั้ง 4 ภาคของคลังข้อมูล พบค่าความเกี่ยวข้องในการกำหนดอรรถภาควัดโดยค่า Cohen's kappa และค่าร้อยละอยู่ในเกณฑ์สูงเป็นที่น่าสนใจ (ค่า Cohen's kappa อยู่ระหว่าง .65 ถึง .87 และค่าร้อยละระหว่าง 82 ถึง 96) จากนั้น ผู้วิจัยกำหนดโครงสร้างของบทความจุลชีววิทยาทั้งฉบับอันประกอบด้วย 15 อรรถภาค กำหนดการเรียงตัวของอรรถภาคและอนุวัจน์ตามที่ปรากฏเป็นส่วนใหญ่ในคลังข้อมูล กำหนดสถานภาพของอรรถภาคที่พบว่าเป็นอรรถภาคหลักหรืออรรถภาคเสริม โดยพิจารณาจากความถี่ของการปรากฏ งานวิจัยชิ้นนี้แสดงถึงโครงสร้างต้นแบบที่นักวิทยาศาสตร์ทั่วไป และนักจุลชีววิทยาสามารถใช้เป็นแนวทางประกอบการอ่านและการเขียนบทความ เพื่อติดตามความรู้ความก้าวหน้าทางวิทยาศาสตร์ได้อย่างมีประสิทธิภาพต่อไป

คำหลัก: อรรถภาควิเคราะห์ ชีวเคมี จุลชีววิทยา บทความวิจัย

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ

Abstract

Move analysis is one of the prominent approaches to discourse analysis which identifies patterns of rhetorical moves in texts. This study has two main objectives: 1) identify moves and steps that are commonly used in each section of microbiology research articles, and 2) determine the pattern of moves in research articles in their entirety. The main procedures of the study are: corpus compilation, move analysis, and inter-coder reliability analysis.

The corpus consists of approximately 400,000 words from 60 research articles representing the top five journals in microbiology. Move analysis was conducted on each of the four conventional sections of the research article corpus to identify the moves and steps found in the corpus. The results of move analysis provide the basis for constructing the coding protocol. Five experts in microbiology were asked to code a subset of the corpus. The rhetorical moves were reliably identified, as shown by the high Cohen's kappa values (with a range from .65 to .87) and agreement rates (with a range from 82 to 96%). The study provides a basic template of the structure of scientific research articles, displaying a total of 15 moves and typical sequence of moves found in the corpus. The model also specified the status of the moves as either conventional or ephemeral depending on their frequency of occurrence. This body of knowledge facilitates the process of disseminating scientific discoveries and advancements for both prospective native and non-native science writers of English.

Key words: move analysis, biochemistry, microbiology, and research articles