

K S I ・ I

サイエンス英語 I (課題提示)

【自然科学】

数学、統計学、物理学、
天文学、地球惑星科学、
化学、生物学など

未知

曖昧

既知

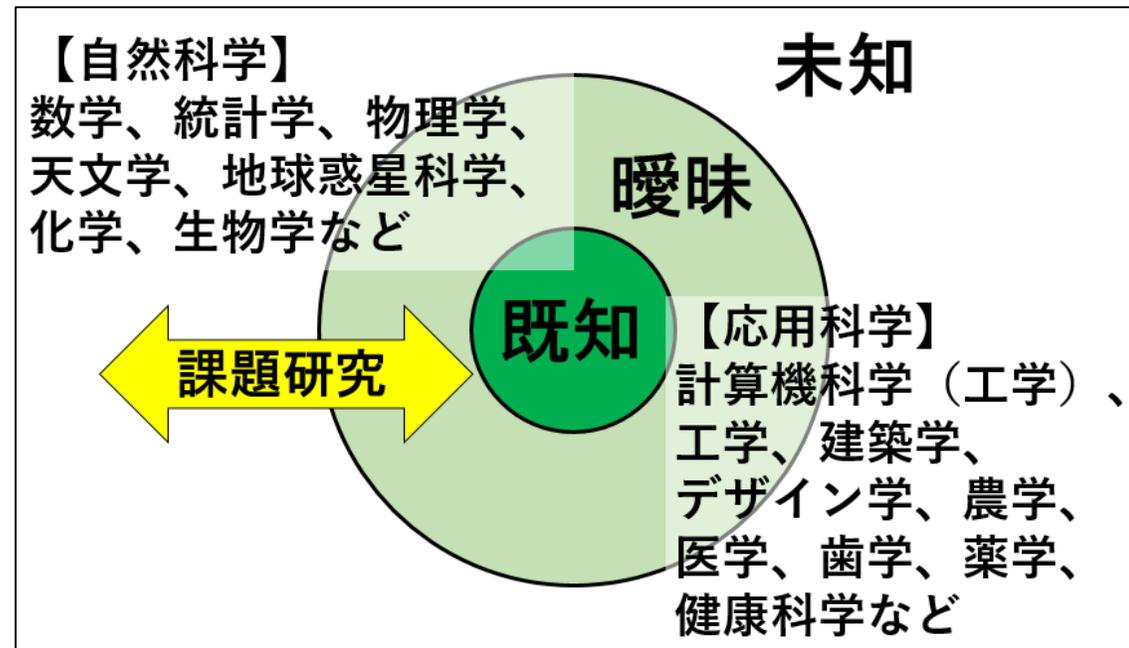
課題研究

【応用科学】

計算機科学（工学）、
工学、建築学、
デザイン学、農学、
医学、歯学、薬学、
健康科学など

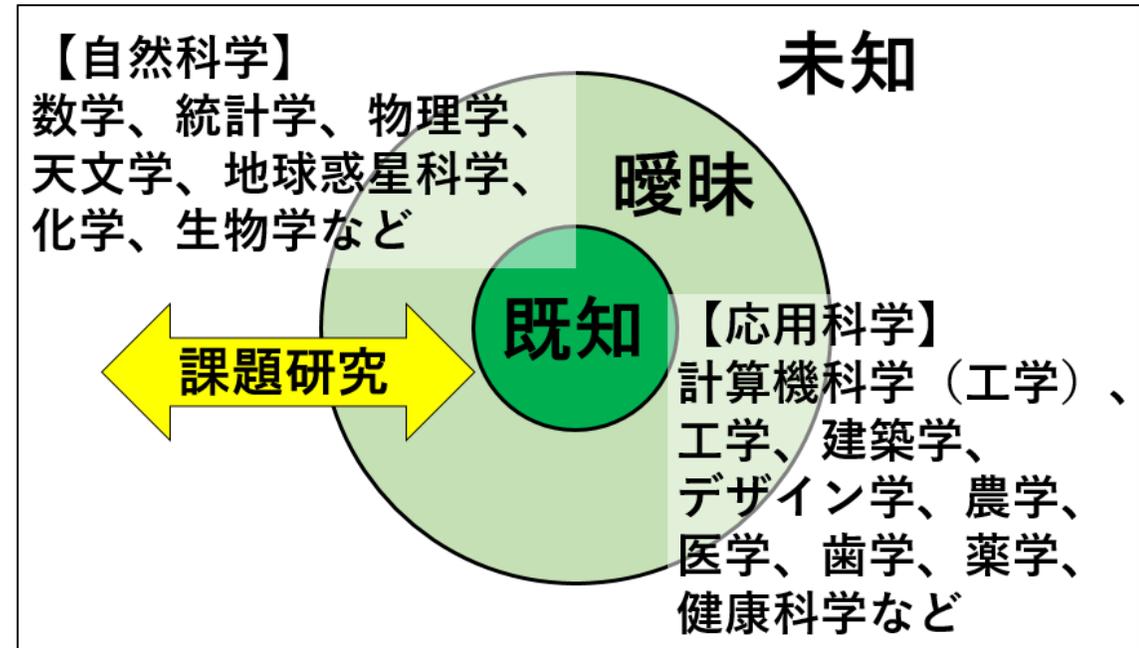
●考える

自分の発見を世界中の人々に伝えるためには？



●考える

自分の発見を世界中の人々に伝えるためには？



①学会等で発表(口頭、ポスター)

②論文発表(学術誌)

⇒日本語だけでいいの??

サイエンス英語Ⅰ 「科学論文に挑戦」

目的：科学論文の構成を理解する
内容：DNAの構造について提唱
した論文(1953, Watson & Crick)
の英訳をグループ発表

Chapter 1 The Structure of a Scientific Research Article

Read an Original Paper Half a Century Ago - part 1 -

Text A は、Nature 誌に掲載 (1953 年) された生物学上最も重要な論文の一つ、ワトソンとクリックの「核酸の分子構造 (DNA の構造)」の論文です。どのような構成になっているか話し合みましょう。

Text A No. 4356 April 25, 1953

NATURE

737

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

① WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

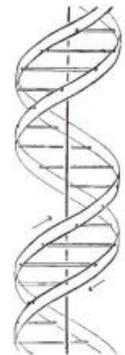
② A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

③ Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.

④ We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate diester groups joining β -D-deoxy-ribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the dyad the sequences of the atoms in the two chains run in opposite directions. Each chain loosely resembles Furberg's² model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration near it is close to Furberg's 'standard configuration', the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each chain every 3.4 Å. in the z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 Å. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

⑤ The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

Reprinted by permission from Springer Nature



This figure is purely diagrammatic. The two ribbons symbolize the two phosphate-sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases holding the chains together. The vertical line marks the fibre axis.

⑥ The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical z-co-ordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

⑦ If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

⑧ In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

⑨ It has been found experimentally^{3,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

⑩ It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

⑪ The previously published X-ray data^{5,6} on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

⑫ It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.

⑬ Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

⑭ We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J. D. W.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Infantile Paralysis.

J. D. WATSON
F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the
Study of the Molecular Structure of
Biological Systems,
Cavendish Laboratory, Cambridge,
April 2.

¹ Pauling, L., and Corey, R. B., *Nature*, 171, 346 (1952); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 38, 54 (1952).

² Furberg, S., *Acta Chem. Scand.*, 6, 634 (1952).

³ Chargaff, E., for references see Zamenhof, S., Braverman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 4, 462 (1952).

⁴ Wyatt, R. J., *J. Gen. Physiol.*, 36, 291 (1952).

⁵ Astbury, W. T., *Supp. Soc. Exp. Biol.*, 1, Nucleic Acid, 66 (Cambridge Univ. Press, 1947).

⁶ Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 192 (1953).

Chapter 1 The Structure of a Scientific Research Article

Read an Original Paper Half a Century Ago - part 1 -

Text A は、Nature 誌に掲載 (1953年)された生物学上最も重要な論文の一つ、ワトソンとクリックの「核酸の分子構造 (DNA の構造)」の論文です。どのような構成になっているか話し合みましょう。

Text A No. 4356 April 25, 1953

NATURE

737

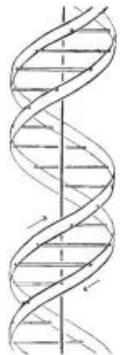
MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

① WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

② A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

③ Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.



This figure is purely diagrammatic. The two ribbons symbolize the two phosphate-sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases holding the chains together. The vertical line marks the fibre axis.

④ We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate diester groups joining β-D-deoxyribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the dyad the sequences of the atoms in the two chains run in opposite directions. Each chain loosely resembles Furberg's² model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms near it is close to Furberg's 'standard configuration', the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each chain every 3.4 Å. in the z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 Å. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

⑤ The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

⑥ The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical z-co-ordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

⑦ If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

⑧ In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

⑨ It has been found experimentally^{3,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

⑩ It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

⑪ The previously published X-ray data^{5,6} on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

⑫ It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.

⑬ Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

⑭ We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J. D. W.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Infantile Paralysis.

J. D. WATSON
F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the Study of the Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge, April 2.

¹ Pauling, L., and Corey, R. B., *Nature*, 171, 346 (1952); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 38, 51 (1952).

² Furberg, S., *Acta Chem. Scand.*, 6, 634 (1952).

³ Chargaff, E., for references see Zamenhof, S., Braverman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 9, 402 (1952).

⁴ Wyatt, G. R., *J. Gen. Physiol.*, 36, 201 (1952).

⁵ Astbury, W. T., *Struc. Soc. Exp. Biol.*, 1, Nucleic Acid, 66 (Camb. Univ. Press, 1947).

⁶ Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 192 (1953).

◆担当の段落の最初の1文を和訳

- ① ② → 1 班
- ③ ④ → 2 班
- ⑤ ⑥ → 3 班
- ⑦ → 4 班
- ⑧ → 5 班
- ⑨ → 6 班
- ⑩ → 7 班
- ⑪ → 8 班
- ⑫ → 9 班
- ⑬ ⑭ → 10 班

K S I · I

サイエンス英語 I (科学論文)

● 目的



- ① 科学論文の構成と書き方のポイントを理解する。
- ② 英語で科学を学ぶ素養をつける。

本日の予定

- 1 科学論文グループワーク
- 2 パラグラフライティング
- 3 科学論文の構成
- 4 英語表現から論文を捉える
- 5 パラグラフライティング
グループワーク

● 取り組む（グループワーク）

各グループで話し合って担当
の英文を和訳してみよう

C2:C15 | fx

	A	B	C
1	段落番号	担当班	和訳
2	①	1	
3	②	1	
4	③	2	
5	④	2	
6	⑤	3	
7	⑥	3	
8	⑦	4	
9	⑧	5	
10	⑨	6	
11	⑩	7	
12	⑪	8	
13	⑫	9	
14	⑬	10	
15	⑭	10	
16			

● 取り組む（個人ワーク）

この論文はどのような内容
だったでしょう？

DNA の構造

- ① 我々はこの、デオキシリボ核酸 (DNA) の塩の構造を提案したい。この構造には、生物学的に見て非常に興味深い新しい特徴が備わっている。
- ② 核酸の構造モデルは、すでに Pauling と Corey によって 1 種類提出されている。彼らの厚意によって、発表前に原稿を見せてもらうことができた。彼らの構造モデルは互いにより合わさった 3 本の鎖でできており、軸の近くにリン酸があり、塩基が外側になっている。我々は、2つの理由からこの構造には納得できないと考えている：
 - (1) X線解析の材料となった物質は塩であり、遊離の酸ではないと我々は確信している。酸の水素原子がないとすると、どのような力がこの構造を支えるのか、はっきりしない。特に、負の電荷をもつリン酸基は軸の近くにあるので、互いに反発しあはずである。
 - (2) いくつかの原子間の距離が、ファン・デル・ワールス力から見て小さすぎるようである。
- ③ 三本鎖の構造モデルは、このほかにも Fraser によって提案されている (印刷中)。彼のモデルではリン酸が外側にあり、塩基は内側にあつて水素結合で結ばれている。彼らが述べている構造は、解釈が正しいとはいえず、そのためここでは触れないこととする。
- ④ さて我々は、デオキシリボ核酸の塩の構造として、これらとは全く異なった構造を提案したい。我々の構造では、2本の鎖が同一の軸のまわりにそれぞれらせんを巻いている (図参照)。我々は、普通の化学的仮定を前提とした。すなわち、2本の鎖はそれぞれ、リボフラノース残基を 3,5結合でつなぐリン酸ジエステルからできていると考えたのである。(塩基ではなくて) 2本の鎖が、らせんの軸に垂直な対によって結びつけられている。どちらの鎖も右巻きのらせんとなっているが、対になっているため、2本の鎖の原子の並び方は逆向きになっている。大まかにいうと、それぞれの鎖は Furberg のモデル No.1 に似ている：すなわち、塩基はらせんの内側にあり、リン酸は外側にある。糖の立体配置や糖のまわりの原子の位置は Furberg の「標準配置」に近く、糖とそれに結合した塩基とはほぼ垂直になっている。それぞれの鎖には、z 軸方向に 3.4 Å ごとにヌクレオチド残基が存在する。我々の考えでは、同じ鎖の隣り合った 2つのヌクレオチド残基が作る角度は 36° になっているため、この構造は、それぞれの鎖で 10 残基すなわち 34 Å ごとに繰り返すことになる。リン原子は、らせん軸から 10 Å 離れている。リン酸が外側にきているため、陽イオンは簡単にリン酸に近づくことができる。
- ⑤ この構造は開いた形の構造であり、水分含量はかなり高い。水分含量がもっと低い場合には、塩基がねじれてもっと密な構造をとるものと思われる。
- ⑥ この構造ではプリン、ピリミジン塩基によって 2本の鎖が 1つに結びつけられているが、その結合の方式にこれまでにない特徴がある。塩基の平面はらせん軸に対して垂直で、一方の鎖の 1個の塩基がもう一方の鎖の 1個の塩基と対を作って水素結合によって結ばれるため、2つの塩基が同一の z 座標をもつ平面上に並ぶことになる。結合が形成されるためには、一方の塩基がプリン、もう一方がピリミジンでなければならない。つまり水素結合は、プリン の 1 位とピリミジン の 1 位、プリン の 6 位とピリミジン の 6 位、というように形成される。
- ⑦ この構造中では塩基は最も可能性の高い互変異性体 (すなわち、エノール型ではなくてケト型) としてだけ存在する、と仮定すると、特定の組み合わせの塩基だけしか結合できないことがわかる。このような組み合わせは、アデニン (プリン) 対チミン (ピリミジン)、グアニン (プリン) 対シトシン (ピリミジン) である。
- ⑧ 言い換えると、対の一方、つまりどちらかの鎖の塩基がアデニンなら、この仮定のもとではもう一方は必ずチミンでなければならない、同じことがグアニンとシトシンについても成り立つ。1本の鎖について見れば、塩基の配列には全く何の制約もないようである。しかし、特定の塩基の対だけが形成されるとすると、一方の鎖の塩基の配列がわかればもう一方の鎖の配列は自動的に決まることになる。

- ⑨ デオキシリボ核酸では必ず、アデニンとチミンの存在量の比、グアニンとシトシンの量の比が 1 にきわめて近い値になることが実験的に知られている。
- ⑩ デオキシリボースの代わりにリボースでは、1つ余分にある酸素原子がファン・デル・ワールス力からみて近くなり過ぎるため、このような構造を作るのはおそらく不可能だろう。
- ⑪ これまでに発表されたデオキシリボ核酸の X線データは、我々が考えたこの構造を厳密に検証するには不十分である。我々に言える限りの範囲ではこの構造はこれまでの実験データに矛盾なく一致するが、もっと精密な実験結果に照らして合わせて検証するまでは、証明されたものではないと考えなければならない。より精密な実験データは、この報告に続いて掲載されている速報に報告されている。この構造を考案した時点では、我々はこれらの速報で説明されている結果の詳細は知らなかったため、この構造は、主として (それだけでとは言わないが) すでに発表されていた実験データと立体化学の議論に基づいている。
- ⑫ 我々が考えたこの特異的な対の形成から、直ちに、遺伝物質の複製機構が推測できることに、もちろん気が付いていないわけではない。
- ⑬ 構造の考案の際に用いた仮定条件、原子の座標など、構造の詳細は別に報告する予定である。
- ⑭ Jerry Donohue 博士には絶えず、特に原子間の距離に関して助言と批評をいただき、大変お世話になった。また、ロンドンのキングスカレッジの M.H.F. Wilkins 博士、R.E. Franklin 博士のグループの未発表の実験結果の全体像や考察を教えていただいたことで、非常に啓発された。著者の 1 人 (J.D.W.) は国立小児麻痺財団の特別研究員として援助を受けた。

● 取り組む（個人ワーク）

この論文はどのような内容
だったでしょうか？
段落の最初の1文だけを読
んでみよう。

C2:C15 | fx

	A	B	C
1	段落番号	担当班	和訳
2	①	1	
3	②	1	
4	③	2	
5	④	2	
6	⑤	3	
7	⑥	3	
8	⑦	4	
9	⑧	5	
10	⑨	6	
11	⑩	7	
12	⑪	8	
13	⑫	9	
14	⑬	10	
15	⑭	10	
16			

本日の予定

- 1 科学論文グループワーク
- 2 パラグラフライティング
- 3 科学論文の構成
- 4 英語表現から論文を捉える
- 5 パラグラフライティング
グループワーク

● 見る・聞く (論文の段落構成)



科学論文における段落構成 (Paragraph Writing)

難解な内容を説明しなければいけない科学論文は、少しでも読みやすく、効率的に読むことができるように、次の共通ルールで書くことが望ましいとされています。科学論文の全体構成は、小学校から教わってきた作文や小説の文章展開である「起承転結」とは違います。科学論文も段落 (Paragraph) で文章を区切りますが、作文や小説で文章を読みやすくするときに区切る段落とは、役割が違うので注意しましょう。特に、英語で科学論文を書くときには、つぎの共通ルールを意識しましょう。

科学論文の段落構成ルール

- ① 論文全体を、序論、本論、結論で構成する。
- ② 一つの段落 (Paragraph) は、一つの主題 (Topic sentence)、それを支持する文 (Supporting sentence) と結論 (Concluding sentence) で構成する。
主題：何についての説明、主張したいのかをまとめた一文。
支持する文：主題を具体的・補足的に説明したり、その根拠を示したりする文。
結論：主題とほぼ同じ内容を、言い換えた一文。
- ③ 各段落の先頭の一文 (Topic sentence) で、あらすじを構成する。

科学論文は、このようなルールで書かれているため、各段落の一文を読んで行くだけで、どのような内容が書いてあるのかを把握できるのです。

● 見る・聞く (論文の段落構成)

- ⑥ この構造ではプリン、ピリミジン塩基によって 2 本の鎖が 1 つに結びつけられているが、その結合の方式にこれまででない特徴がある。塩基の平面はらせん軸に対して垂直で、一方の鎖の 1 個の塩基がもう一方の鎖の 1 個の塩基と対を作って水素結合によって結ばれるため、2 つの塩基が同一の z 座標をもつ平面上に並ぶことになる。結合が形成されるためには、一方の塩基がプリン、もう一方がピリミジンでなければならない。つまり水素結合は、プリンの 1 位とピリミジンの 1 位、プリンの 6 位とピリミジンの 6 位、というように形成される。

DNA 4 塩基の構造
を説明する図

DNA の構造
(ヌクレオチド鎖で向かい合う塩基)
を説明する図

● 見る・聞く (論文の段落構成)

- ⑥ この構造ではプリン、ピリミジン塩基によって 2 本の鎖が 1 つに結びつけられているが、その結合の方式にこれまでに見えない特徴がある。塩基の平面はらせん軸に対して垂直で、一方の鎖の 1 個の塩基がもう一方の鎖の 1 個の塩基と対を作って水素結合によって結ばれるため、2 つの塩基が同一の z 座標をもつ平面上に並ぶことになる。結合が形成されるためには、一方の塩基がプリン、もう一方がピリミジンでなければならない。つまり水素結合は、プリンの 1 位とピリミジンの 1 位、プリンの 6 位とピリミジンの 6 位、というように形成される。

科学論文の段落構成ルール

- ① 論文全体を、序論、本論、結論で構成する。
- ② 一つの段落 (Paragraph) は、一つの主題 (Topic sentence)、それを支持する文 (Supporting sentence) と結論 (Concluding sentence) で構成する。

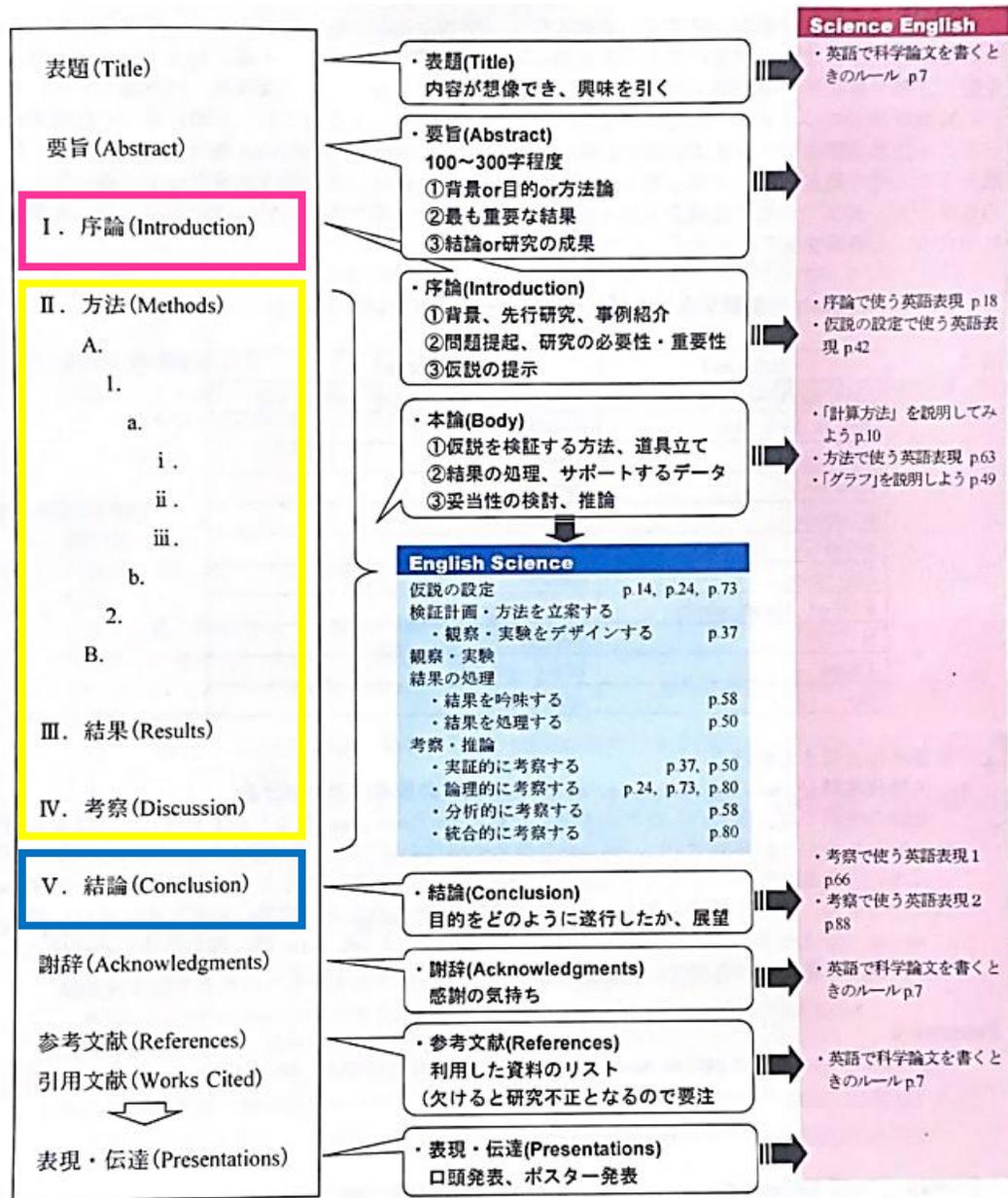
主題：何についての説明、主張したいのかをまとめた一文。

支持する文：主題を具体的・補足的に説明したり、その根拠を示したりする文。

結論：主題とほぼ同じ内容を、言い換えた一文。

- ③ 各段落の先頭の一文 (Topic sentence) で、あらすじを構成する。

● 見る・聞く (論文の全体構成)



表題 (Title)

要旨 (Abstract)

I. 序論 (Introduction)

II. 方法 (Methods)

III. 結果 (Results)

IV. 考察 (Discussion)

V. 結論 (Conclusion)

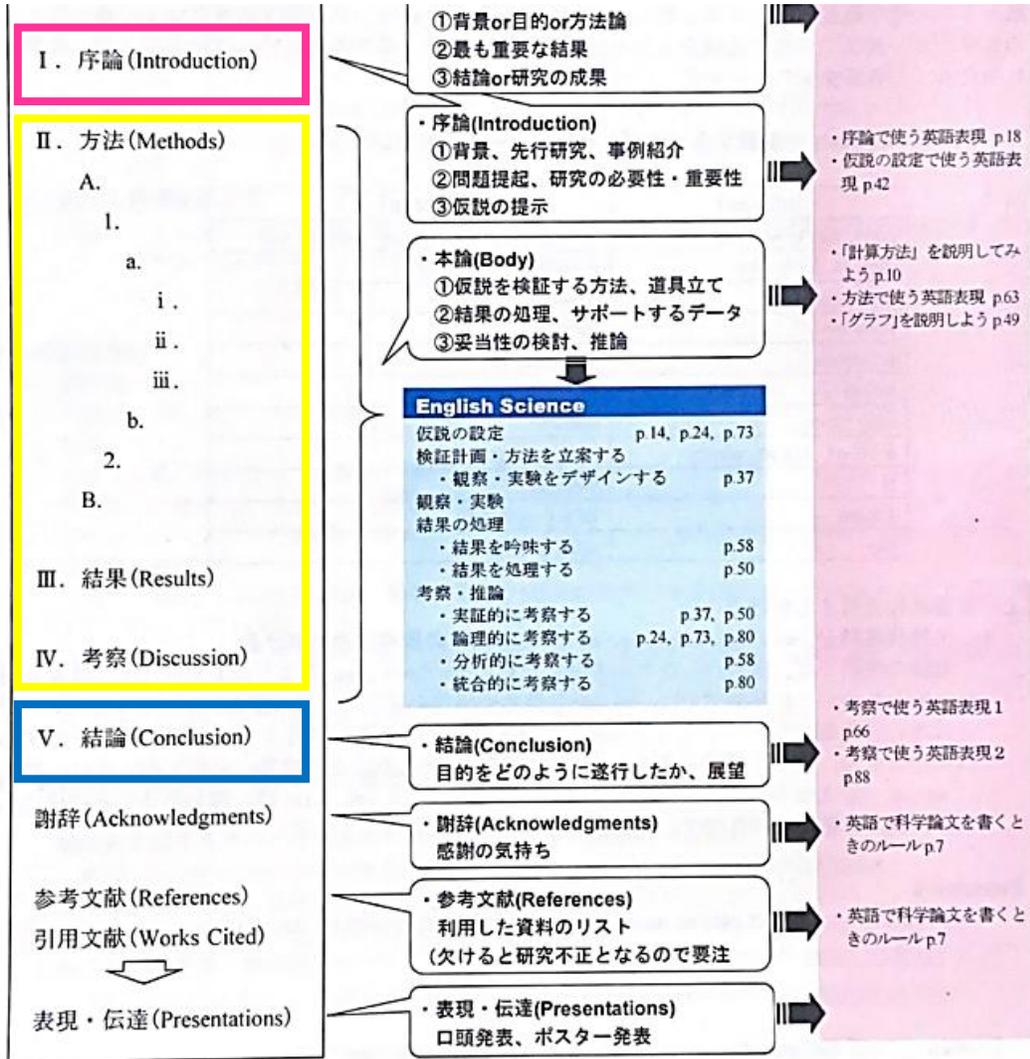
謝辞 (Acknowledgments)

参考文献 (References)

引用文献 (Words Cited)

取り組む (GW)

序論と本論の境目を考えてみよう



Chapter 1 The Structure of a Scientific Research Article

Read an Original Paper Half a Century Ago - part 1 -

Text Aは、Nature誌に掲載(1953年)された生物学上最も重要な論文の一つ、ワトソンとクリックの「核酸の分子構造 (DNAの構造)」の論文です。どのような構成になっているか話し合みましょう。

737

are in the manner
l together by the
planes of the bases
. They are joined
in one chain being
e from the other
side with identical
st be a purine and
ig to occur. The

NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

① WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

② A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

③ Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.



④ We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate diester groups joining β-D-deoxyribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the atoms in the two chains run in opposite directions. Each chain loosely resembles Furberg's² model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms near it is close to Furberg's 'standard configuration', the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each chain every 3.4 Å. in the z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 Å. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

⑤ The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

⑦ If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

⑧ In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

⑨ It has been found experimentally^{3,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

⑩ It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

⑪ The previously published X-ray data^{5,6} on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

⑫ It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material. Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

⑬ We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J. D. W.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Infantile Paralysis.

J. D. WATSON
F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the
Study of the Molecular Structure of
Biological Systems,
Cavendish Laboratory, Cambridge,
April 2.

¹ Pauling, L., and Corey, R. B., *Nature*, 171, 346 (1953); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 39, 81 (1953).

² Furberg, S., *Acta Chem. Scand.*, 6, 634 (1952).

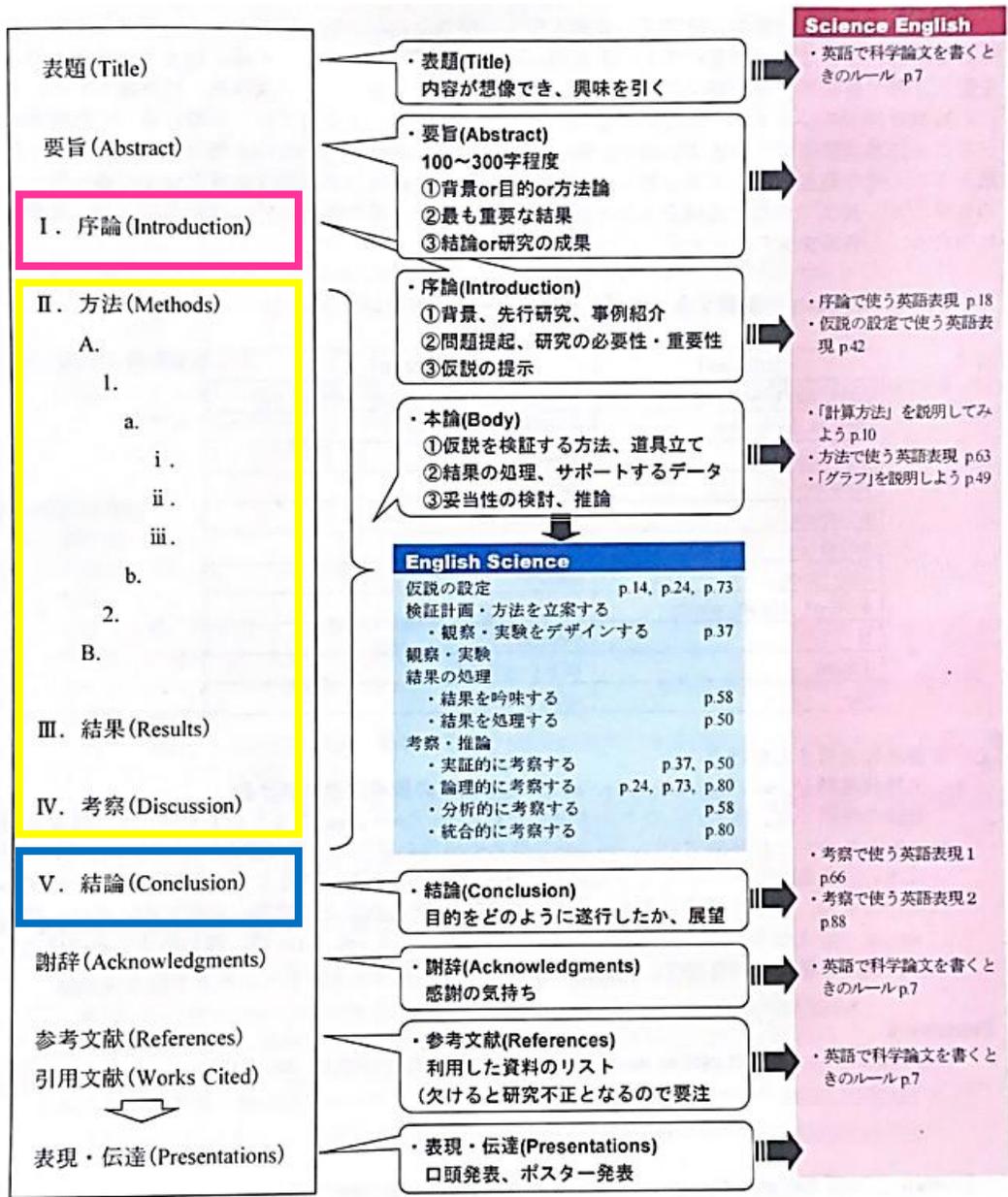
³ Chargaff, E., for references see Zamenhof, S., Braverman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 8, 402 (1952).

⁴ Wyatt, G. R., *J. Gen. Physiol.*, 26, 201 (1952).

⁵ Astbury, W. T., *Symp. Soc. Exp. Biol.*, 1, *Nucleic Acids*, 66 (Camb. Univ. Press, 1947).

⁶ Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 192 (1953).

見る・聞く



English Science	
仮説の設定	p.14, p.24, p.73
検証計画・方法を立案する	
・観察・実験をデザインする	p.37
観察・実験	
結果の処理	
・結果を吟味する	p.58
・結果を処理する	p.50
考察・推論	
・実証的に考察する	p.37, p.50
・論理的に考察する	p.24, p.73, p.80
・分析的に考察する	p.58
・統合的に考察する	p.80

Chapter 1 The Structure of a Scientific Research Article

Read an Original Paper Half a Century Ago - part 1 -

Text Aは、Nature誌に掲載(1953年)された生物学上最も重要な論文の一つ、ワトソンとクリックの「核酸の分子構造 (DNAの構造)」の論文です。どのような構成になっているか話し合しましょう。

Text A No. 4356 April 25, 1953 NATURE 505

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

① WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

② A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives rise to X-ray diagrams is the salt, not the free acid. With the acidic hydrogen atoms it is not clear what force would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the fibre axis would repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

③ Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.



This figure is purely diagrammatic. The two ribbons symbolize the two phosphate-sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases holding the chains together. The vertical line marks the fibre axis. There is a residue on each chain every 3.4 Å. in the z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 Å. The distance of a phosphate atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

⑤ The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

⑥ The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical z-co-ordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

⑦ If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

⑧ In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

⑨ It has been found experimentally^{2,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

⑩ It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

⑪ The previously published X-ray data^{3,4} on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

⑫ It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.

⑬ Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of standard zeta angles, will be published in the near future.

⑭ We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J. D. W.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Infantile Paralysis.

J. D. WATSON
F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the Study of the Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge, April 2.

¹ Pauling, L., and Corey, R. B., *Nature*, 171, 346 (1953); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 38, 81 (1952).
² Furberg, S., *Acta Chem. Scand.*, 6, 634 (1952).
³ Chargaff, E., for references see Zamenhof, S., Brawerman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 8, 402 (1952).
⁴ Wyatt, G. R., *J. Gen. Physiol.*, 26, 201 (1952).
⁵ Astbury, W. T., *Symp. Soc. Exp. Biol.*, 1, *Nucleic Acids*, 66 (Camb. Univ. Press, 1947).
⁶ Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 192 (1953).

● 見る・聞く (論文の全体構成)

エゾホトケドジョウ (*Lefua nikkonis*) の行動解析 ～ドジョウとの比較の試み～

北海道札幌観成高等学校 理数科 (2020 年入学) 9 組
須賀萌美 鷗島未衣 及川温 前田来音

Lefua nikkonis and *Misgurnus anguillicaudatus* are similar species belonging to Cobitidae, Cypriniform. It is considered that they have almost same ecologies eating, habitat, and so on. However, the ecology of *Lefua nikkonis* has not been clarified, especially their behavior. We tried to clarify differences between these two species behavior. By tracking their behavior in Aquarium, we discovered two things. First, *nikkonis* stay upper part of water and *anguillicaudatus* stay lower part of water. Second the distance between individuals of the same species was shorter in *nikkonis* than in *anguillicaudatus*. It was confirmed that *nikkonis* and *anguillicaudatus* show different behaviors even in the same environment. We discussed how these two species avoid their competition.

1. はじめに

エゾホトケドジョウ (*Lefua nikkonis*) はコイ目ドジョウ科ホトケドジョウ属に属する魚の一種であり、国内固有種で主に北海道に分布している。現在は環境省レッドリストでは絶滅危惧 1 B 類に指定されている種である。ドジョウ (*Misgurnus anguillicaudatus*) はコイ目ドジョウ科ドジョウ属に属し、東アジアに分布しており、準絶滅危惧種に指定されている。

エゾホトケドジョウの生態については水槽内で観察されたエゾホトケドジョウの産卵 (2008 年, 青山茂ら) にて産卵に関する行動様式について研究されている。しかし、その他の行動様式や多種との違いについては明らかにされていない。

そこで、私たちは 2021 年 5 月に、エゾホトケドジョウ 3 匹とドジョウ 5 匹を同時期、同環境でサンプリングを行い、観察を行った。その際、エゾホトケドジョウとドジョウに行動の違いが見られた。

本研究の目的は飼育下でのエゾホトケドジョウとドジョウの行動を解析により明らかにする事によって、野生での行動を推測し、保全のための基礎データを収集することであり、室内実験を主体として研究を行

った。

2. サンプル採取と飼育方法

2.1 サンプル採取

2021 年 5 月に森林公園内の大沢の池にて、北海道森林局の許可を得てエゾホトケドジョウ 3 匹とドジョウ 5 匹のサンプリングを行った。

2.2 サンプル飼育

図 1 のように縦 18 cm 横 31 cm 高さ 24 cm の水槽にエゾホトケドジョウ、縦 21 cm 横 32 cm 高さ 21.5 cm の水槽にドジョウを入れて本校実験室で飼育した。それぞれエアポンプを入れ、水温を 20 度に保つため、恒温機を使用した。エサは、市販のドジョウ用エサを 3 日に 1 回適量与えた。

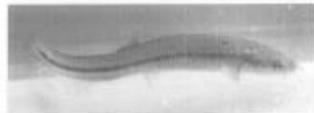


図 1: エゾホトケドジョウ

3. 仮説

エゾホトケドジョウとドジョウの観察を行った時の行動の違いから様々な仮説を立てることができた。その中から検証可能な

と考えた次の 2 つの仮説の検証を試みた。
仮説 1 エゾホトケドジョウはドジョウよりも上の層に滞在している。
仮説 2 エゾホトケドジョウはドジョウよりも仲間について泳ぐことが多い。

4. 実験準備

4.1 実験環境

水温 20℃、照度 50~150LUX、水深 12 cm に調整した。

4.2 実験容器

21.0×36.0×23.5 cm の水槽を使用した (図 2)。



図 2: 実験容器

4.3 取得データの分析

スマートフォンで撮影した実験の映像を解析ソフト UMA tracker を使って解析し、2 種の行動を数値化した。

5. 実験 1

5.1 目的

「仮説 1 エゾホトケドジョウはドジョウよりも上の層に滞在している」を検証する。

5.2 実験方法

- ① 実験容器に 1 個体入れ、34cm 離れたところから水平方向に 3 分間行動を撮影した。
- ② UMA tracker を使って水位を 8 等分し、それぞれの層の滞在時間を調べた。
- ③ 実験日時は 2021 年 9 月 21 日~10 月 22 日 14:00~17:00 の計 6 日。
- ④ エゾホトケドジョウは 3 個体×2 回計 6 回、ドジョウは 5 個体×2 回計 10 回実験した。

5.3 実験結果

実験 1 より各層における滞在時間の平均を求めると、エゾホトケドジョウ (図 3 上) は 1.5~3 cm、ドジョウ (図 3 下) は 0~1.5 の層に長時間滞在していた。また、どちらも 4.5~12 cm の層にいる時間が短かった。このことから、エゾホトケドジョウはドジョウよりも、上部の層で行動していることがわかる。KS 検定により、2 種間の滞在時間の平均に有意差が確認できた (P 値 < 0.001)。

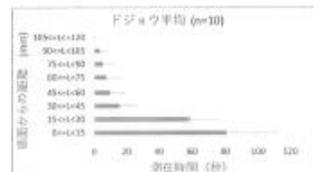
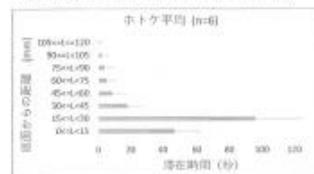


図 3: 各層における滞在時間の平均

6. 実験 2

6.1 目的

「仮説 2 エゾホトケドジョウはドジョウよりも仲間について泳ぐことが多い」を検証する。

6.2 実験方法

- ① 実験 1 の実験容器に同種の魚 (エゾホトケドジョウ又はドジョウ) 2 個体を入れた。
- ② 容器の垂直方向と水平方向から同時に 2 台のカメラで撮影した。
- ③ 実験日時は 2021 年 10 月 23 日土曜日の 10:00~13:00。
- ④ 同種の魚 3 ペアずつ (計 12 個体) × 3 分 × 3 回計 18 回 54 分実験を行った。

6.3 実験結果

実験 2 より平均を求めると、図 4 のようにエゾホトケドジョウは 2 個体間の距離が 0~5 cm の時の時間が最も長かった。一方、ドジョウ間距離によって時間の振り幅はあまりみられなかった。実験 2 も実験 1 と同じく有意差が確認できた (KS 検定により P 値 < 0.001)。

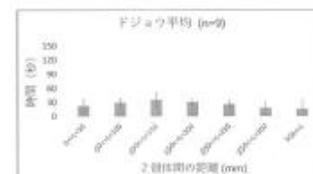
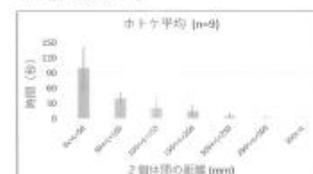


図 4: 2 個体間の距離平均

7. 考察

実験 1 (図 2) の結果より行動域がドジョウよりもエゾホトケドジョウの方が少し上の層であった。それは同じ環境下での 2 種の競争を避けるために微妙な住み分けをしているのではないかと考えられる。実験 2 (図 3) の結果より同種 2 匹間の距離がドジョウよりもエゾホトケドジョウの方が短いことが確認された。それはエゾホトケドジョウがドジョウより警戒心が強く群れて行動するのではないかと推察した。

以下のことから、エゾホトケドジョウは野外においてもドジョウとの競争を避けるために、少し上の層で行動していることが推測される。しかし、行動域が高いほど天敵 (水鳥、カラス、ネコ、アメリカザリガニなど) に狙われる可能性が高くなる。そのた

め、警戒心が強く群れる傾向が強くなる方向へ進化していったのではないかと私たちは考えている。

8. まとめと課題

- ・飼育下で両種の行動の共通点や相違点が見られた。
- ・野外でも同様であったと仮定した場合、両種の住み分けと群れの習性の違いが示唆された。
- ・今後野外調査も含めて調べることにし、両種の行動の違いについてさらに明らかになると考えている。それにより、絶滅危惧種の保全に寄与するデータを積み重ねていきたい。

9. 謝辞

本研究に当たり、榎本先生、我妻教授 (酪農大学)、住友先生 (理科教育センター)、村山先生 (札幌日大高校) の甚大なる協力に感謝の意を示します。

10. 参考文献

- ・青山茂 (2008) 水槽内で観察されたエゾホトケドジョウの産卵。水産増殖 56 (4), 609-610
- ・岡田貴史 (2010) 簡易型魚類行動定量化ソフトウェアの開発と小型魚類の逃避行動解析への応用。水産増殖 59 (3), 367-373
- ・吉田将之 (2011) 魚類における恐怖・不安行動とその定量的観察。比較生理生化学 28 (4), 317-325
- ・Rito Takeuchi Built with Sphinx using a theme provided by Read the Docs. (© Copyright 2016) .
「UMATracker Quick Start Guide」
(最終閲覧日: 2022 年 4 月 22 日)
<https://amastracker.github.io/UMATracker-manual/#/quick_ref.html#umastracker-quick-start-guide>
- ・国立環境研究所「侵入生物データベース」
<<https://www.nies.go.jp/biodiversity/invases/08/detail/092720.html>>
(最終閲覧日: 2022 年 4 月 22 日)

見る・聞く (論文の全体構成)

エゾホトケドジョウ (*Lefua nikkonis*) の行動解析 ～ドジョウとの比較の試み～

北海道札幌観成高等学校 理数科 (2020 年入学) 9 組
須賀萌美 鷗島未衣 及川温 前田来音

Lefua nikkonis and *Misgurnus anguillicaudatus* are similar species belonging to Cobitidae, Cypriniform. It is considered that they have almost same ecologies eating, habitat, and so on. However, the ecology of *Lefua nikkonis* has not been clarified, especially their behavior. We tried to clarify differences between these two species behavior. By tracking their behavior in Aquarium, we discovered two things. First, *nikkonis* stay upper part of water and *anguillicaudatus* stay lower part of water. Second the distance between individuals of the same species was shorter in *nikkonis* than in *anguillicaudatus*. It was confirmed that *nikkonis* and *anguillicaudatus* show different behaviors even in the same environment. We discussed how these two species avoid their competition.

1. はじめに

エゾホトケドジョウ (*Lefua nikkonis*) はコイ目ドジョウ科ホトケドジョウ属に属する魚の一種であり、国内固有種で主に北海道に分布している。現在は環境省レッドリストでは絶滅危惧ⅠB類に指定されている種である。ドジョウ (*Misgurnus anguillicaudatus*) はコイ目ドジョウ科ドジョウ属に属し、東アジアに分布しており、準絶滅危惧種に指定されている。

エゾホトケドジョウの生態については水槽内で観察されたエゾホトケドジョウの産卵 (2008 年, 青山茂ら) にて産卵に関する行動様式について研究されている。しかし、その他の行動様式や多種との違いについては明らかにされていない。

そこで、私たちは 2021 年 5 月に、エゾホトケドジョウ 3 匹とドジョウ 5 匹を同時期、同環境でサンプリングを行い、観察を行った。その際、エゾホトケドジョウとドジョウに行動の違いが見られた。

本研究の目的は飼育下でのエゾホトケドジョウとドジョウの行動を解析により明らかにする事によって、野生での行動を推測し、保全のための基礎データを集めることであり、室内実験を主体として研究を行

った。

2. サンプル採取と飼育方法

2.1 サンプル採取

2021 年 5 月に森林公園内の大沢の池にて、北海道森林局の許可を得てエゾホトケドジョウ 3 匹とドジョウ 5 匹のサンプリングを行った。

2.2 サンプル飼育

図 1 のように縦 18 cm 横 31 cm 高さ 24 cm の水槽にエゾホトケドジョウ、縦 21 cm 横 32 cm 高さ 21.5 cm の水槽にドジョウを入れて本校実験室で飼育した。それぞれエアポンプを入れ、水温を 20 度に保つため、恒温機を使用した。エサは、市販のドジョウ用エサを 1 日に 1 回適量与えた。



図 1: エゾホトケドジョウ

3. 仮説

エゾホトケドジョウとドジョウの観察を行った時の行動の違いから様々な仮説を立てることができた。その中から検証可能な

と考えた次の 2 つの仮説の検証を試みた。
仮説 1 エゾホトケドジョウはドジョウよりも上の層に滞在している。
仮説 2 エゾホトケドジョウはドジョウよりも仲間について泳ぐことが多い。

4. 実験準備

4.1 実験環境

水温 20℃、照度 50~150LUX、水深 12 cm に調整した。

4.2 実験容器

21.0×36.0×22.5 cm の水槽を使用した (図 2)。



図 2: 実験容器

4.3 取得データの分析

スマートフォンで撮影した実験の映像を解析ソフト UMA tracker を使って解析し、2 種の行動を数値化した。

5. 実験 1

5.1 目的

「仮説 1 エゾホトケドジョウはドジョウよりも上の層に滞在している」を検証する。

5.2 実験方法

- ①実験容器に 1 個体入れ、34cm 離れたところから水平方向に 3 分間行動を撮影した。
- ②UMA tracker を使って水位を 8 等分し、それぞれの層の滞在時間を調べた。
- ③実験日時は 2021 年 9 月 21 日~10 月 22 日 14:00~17:00 の計 6 日。
- ④エゾホトケドジョウは 3 個体×2 回計 6 回、ドジョウは 5 個体×2 回計 10 回実験した。

5.3 実験結果

実験 1 より各層における滞在時間の平均を求めると、エゾホトケドジョウ (図 3 上) は 1.5~3 cm、ドジョウ (図 3 下) は 0~1.5 の層に長時間滞在していた。また、どちらも 4.5~12 cm の層にいる時間が短かった。このことから、エゾホトケドジョウはドジョウよりも、上部の層で行動していることがわかる。KS 検定により、2 種間の滞在時間の平均に有意差が確認できた (P 値 < 0.001)。

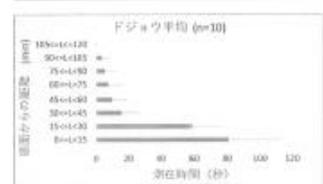
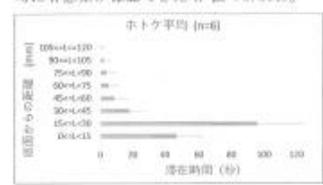


図 3: 各層における滞在時間の平均

6. 実験 2

6.1 目的

「仮説 2 エゾホトケドジョウはドジョウよりも仲間について泳ぐことが多い」を検証する。

6.2 実験方法

- ①実験 1 の実験容器に同種の魚 (エゾホトケドジョウ又はドジョウ) 2 個体を入れた。
- ②容器の垂直方向と水平方向から同時に 2 台のカメラで撮影した。
- ③実験日時は 2021 年 10 月 23 日土曜日の 10:00~13:00。
- ④同種の魚 3 ペアずつ (計 12 個体) × 3 分 × 3 回計 18 回 54 分実験を行った。

6.3 実験結果

実験 2 より平均を求めると、図 4 のようにエゾホトケドジョウは 2 個体間の距離が 0~5 cm の時の時間が最も長かった。一方、ドジョウ間距離によって時間の振り幅はあまりみられなかった。実験 2 も実験 1 と同じく有意差が確認できた (KS 検定により P 値 < 0.001)。

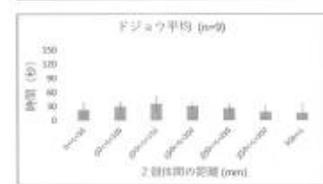
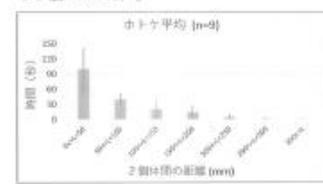


図 4: 2 個体間の距離平均

7. 考察

実験 1 (図 2) の結果より行動域がドジョウよりもエゾホトケドジョウの方が少し上の層であった。それは同じ環境下での 2 種の競争を避けるために微妙な住み分けをしているのではないかと考えられる。実験 2 (図 3) の結果より同種 2 匹間の距離がドジョウよりもエゾホトケドジョウの方が短いことが確認された。それはエゾホトケドジョウがドジョウより警戒心が強く群れて行動するのではないかと推察した。

以下のことから、エゾホトケドジョウは野外においてもドジョウとの競争を避けるために、少し上の層で行動していることが推測される。しかし、行動域が高いほど天敵 (水鳥、カラス、ネコ、アメリカザリガニなど) に狙われる可能性が高くなる。そのた

め、警戒心が強く群れる傾向が強くなる方向へ進化していったのではないかと私たちは考えている。

8. まとめと課題

- ・飼育下で両種の行動の共通点や相違点が見られた。
- ・野外でも同様であったと仮定した場合、両種の住み分けと群れの習性の違いが示唆された。
- ・今後野外調査も含めて調べることにし、両種の行動の違いについてさらに明らかにすることを考えている。それにより、絶滅危惧種の保全に寄与するデータを積み重ねていきたい。

9. 謝辞

本研究に当たり、榎本先生、我妻教授 (酪農大学)、住友先生 (理科教育センター)、村山先生 (札幌日大高校) の甚大なる協力に感謝の意を示します。

10. 参考文献

- ・青山茂 (2008) 水槽内で観察されたエゾホトケドジョウの産卵。水産増殖 56 (4), 609-610
- ・岡田貴史 (2010) 簡易型魚類行動定量化ソフトウェアの開発と小型魚類の泳遊行動解析への適応。水産増殖 59 (3), 367-373
- ・吉田得之 (2011) 魚類における恐怖・不安行動とその定量的観察。比較生理生化学 28 (4), 317-325
- ・Rito Takeuchi Built with Sphinx using a theme provided by Read the Docs. (© Copyright 2016).
- ・UMATracker Quick Start Guide | https://umatracker.github.io/UMATracker-manual/#/quick_ref.html#umatracker-quick-start-guide
- ・最終閲覧日: 2022 年 4 月 22 日
- ・国立環境研究所「侵入生物データベース」
<<https://www.nies.go.jp/biodiversity/invasion/08/detail/59270.html>>
- ・最終閲覧日: 2022 年 4 月 22 日

本日の予定

- 1 科学論文グループワーク
- 2 パラグラフライティング
- 3 科学論文の構成
- 4 英語表現から論文を捉える
- 5 パラグラフライティング
グループワーク

● 取り組む（グループワーク 3）

論文の中の英文の構造を調べよう

- ・ 主語に を引き、主語が人物の場合○をつける。
- ・ 動詞に を引き、過去形（現在完了）だと□をつける。受動態の場合▽をつける。

● 見る・聞く (論文における英語表現)

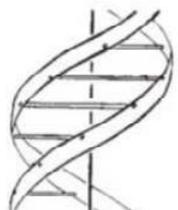
MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS

A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

① WE wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

② A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey¹. They kindly place their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons: (1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

③ Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.



④ We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each

⑥ The novel feature of the structure is the manner in which the two chains are held together by the purine and pyrimidine bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical z-co-ordinates. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made as follows: purine position 1 to pyrimidine position 1; purine position 6 to pyrimidine position 6.

⑦ If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most plausible tautomeric forms (that is, with the keto rather than the enol configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

⑧ In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine; similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain does not appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

⑨ It has been found experimentally^{2,4} that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

⑩ It is probably impossible to build this structure with a ribose sugar in place of the deoxyribose, as the extra oxygen atom would make too close a van der Waals contact.

⑪ The previously published X-ray data^{3,4} on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereo-



This figure is purely diagrammatic. The two ribbons symbolize the two phosphate-sugar chains, and the horizontal rods the pairs of bases holding the chains together. The vertical line marks the fibre axis

④ We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate di-ester groups joining β -D-deoxyribofuranose residues with 3',5' linkages. The two chains (but not their bases) are held by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the dyad the sequences of the atoms in the two chains run in opposite directions. Each chain loosely resembles Furberg's² model No. 1; that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms near it is close to Furberg's 'standard configuration', the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each chain every 3.4 A. in the z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 A. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 A. As the phosphates are on the outside, cations have easy access to them.

⑤ The structure is an open one, and its water content is rather high. At lower water contents we would expect the bases to tilt so that the structure could become more compact.

ribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we can tell, it is roughly compatible with the experimental data, but it must be regarded as unproved until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented there when we devised our structure, which rests mainly though not entirely on published experimental data and stereochemical arguments.

⑫ It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.

⑬ Full details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published elsewhere.

⑭ We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for constant advice and criticism, especially on inter-atomic distances. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J. D. W.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Infantile Paralysis.

J. D. WATSON
F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the Study of the Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge. April 2.

¹ Pauling, L., and Corey, R. B., *Nature*, 171, 346 (1953); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 39, 81 (1953).

² Furberg, S., *Acta Chem. Scand.*, 6, 634 (1952).

³ Chargaff, E., for references see Zamenhof, S., Brawerman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 9, 402 (1952).

⁴ Wyatt, G. B., *J. Gen. Physiol.*, 36, 201 (1952).

⁵ Astbury, W. T., *Symp. Soc. Exp. Biol.*, 1, Nucleic Acid, 66 (Camb. Univ. Press, 1947).

⁶ Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 109 (1953).

●考える

- ・ 人称代名詞 (we, you, I) が使われる頻度は多いですか。
- ・ 人称代名詞を使うと、どのような効果がありますか。

○ : 13/71

- ・ 現在形と過去形 (現在完了形を含む) はどちらが多いですか。
- ・ 現在形は (現在の動作・状態を述べる時以外) どのようなときに使いますか。

□ : 12/71

- ・ 能動態と受動態を、どのように使い分けると良いですか。

▽ : 20/71

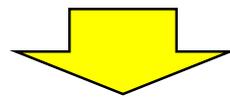
● 見る・聞く (論文における英語表現)

- ・ 人称代名詞 (we, you, I) が使われる頻度は多いですか。
- ・ 人称代名詞を使うと、どのような効果がありますか。

○ : 13/71 少ない

人称代名詞の効果：

- ・ 自分の考え、視点であることを強調、主張できる。
- ・ 主観的な表現となる。
- ・ 読みやすい。



客観性を重視する科学論文では、人称代名詞の多用は避ける。
要旨、序論、考察 (結論) ⇒ 人称代名詞は控えながら使う
実験方法・結果 ⇒ 受動態または三人称が基本

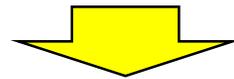
● 見る・聞く (論文における英語表現)

- ・ 現在形と過去形 (現在完了形を含む) はどちらが多いですか。
- ・ 現在形は (現在の動作・状態を述べる時以外) どのようなときに使いますか。

□ : 12/71 現在形が多い

現在形を使うとき :

- ・ 普遍的な一般的事実
- ・ 習慣や決まりごと、決まっている予定



要旨 : 論文の概要	⇒	両方
序論 : 既にわかっている事実は何か、わかってないことは何か	⇒	現在形が基本
方法・結果 : 行った実験や結果	⇒	過去形が基本
考察 : 一般に言えること	⇒	現在形
明らかにになったこと (研究結果を引き出すとき)	⇒	過去形

● 見る・聞く (論文における英語表現)

- ・ 能動態と受動態を、どのように使い分けると良いですか。

▽ : 20/71 比較的多い

能動態と受動態の使い分け：

- ・ 科学論文は事実に焦点を置いた客観的な文章 ⇒ 比較的受動態が多い
- ・ 考察：著者の考えを述べているのは明らか ⇒ 比較的受動態が多い
著者の考えであることをあえて強調したい ⇒ 能動態
- ・ 受動態は、多用すると意味が不明瞭になったりする。バランスが大切。

本日の予定

- 1 科学論文グループワーク
- 2 パラグラフライティング
- 3 科学論文の構成
- 4 英語表現から論文を捉える
- 5 パラグラフライティング
グループワーク

● 見る・聞く (論文の構成ルール)



科学論文における段落構成 (Paragraph Writing)

難解な内容を説明しなければいけない科学論文は、少しでも読みやすく、効率的に読むことができるように、次の共通ルールで書くことが望ましいとされています。科学論文の全体構成は、小学校から教わってきた作文や小説の文章展開である「起承転結」とは違います。科学論文も段落 (Paragraph) で文章を区切りますが、作文や小説で文章を読みやすくするときに区切る段落とは、役割が違うので注意しましょう。特に、英語で科学論文を書くときには、つぎの共通ルールを意識しましょう。

科学論文の段落構成ルール

- ① 論文全体を、序論、本論、結論で構成する。
- ② 一つの段落 (Paragraph) は、一つの主題 (Topic sentence)、それを支持する文 (Supporting sentence) と結論 (Concluding sentence) で構成する。
主題：何についての説明、主張したいのかをまとめた一文。
支持する文：主題を具体的・補足的に説明したり、その根拠を示したりする文。
結論：主題とほぼ同じ内容を、言い換えた一文。
- ③ 各段落の先頭の一文 (Topic sentence) で、あらすじを構成する。

科学論文は、このようなルールで書かれているため、各段落の一文を読んで行くだけで、どのような内容が書いてあるのかを把握できるのです。

● 見る・聞く (論文の段落構成)

- ⑥ この構造ではプリン、ピリミジン塩基によって 2 本の鎖が 1 つに結びつけられているが、その結合の方式にこれまでに見えない特徴がある。塩基の平面はらせん軸に対して垂直で、一方の鎖の 1 個の塩基がもう一方の鎖の 1 個の塩基と対を作って水素結合によって結ばれるため、2 つの塩基が同一の z 座標をもつ平面上に並ぶことになる。結合が形成されるためには、一方の塩基がプリン、もう一方がピリミジンでなければならない。つまり水素結合は、プリンとピリミジンの 1 位、プリンとピリミジンの 6 位、というように形成される。

科学論文の段落構成ルール

- ① 論文全体を、序論、本論、結論で構成する。
- ② 一つの段落 (Paragraph) は、一つの主題 (Topic sentence)、それを支持する文 (Supporting sentence) と結論 (Concluding sentence) で構成する。

主題：何についての説明、主張したいのかをまとめた一文。

支持する文：主題を具体的・補足的に説明したり、その根拠を示したりする文。

結論：主題とほぼ同じ内容を、言い換えた一文。

- ③ 各段落の先頭の一文 (Topic sentence) で、あらすじを構成する。

DNA の構造

- ① 我々はこの、デオキシリボ核酸 (DNA) の塩の構造を提案したい。この構造には、生物学的に見て非常に興味深い新しい特徴が備わっている。
- ② 核酸の構造モデルは、すでに Pauling と Corey によって 1 種類提出されている。彼らの厚意によって、発表前に原稿を見せてもらうことができた。彼らの構造モデルは互いにより合わさった 3 本の鎖でできており、軸の近くにリン酸があり、塩基が外側になっている。我々は、2つの理由からこの構造には納得できないと考えている：
 - (1) X線解析の材料となった物質は塩であり、遊離の酸ではないと我々は確信している。酸の水素原子がないとすると、どのような力がこの構造を支えるのか、はっきりしない。特に、負の電荷をもつリン酸基は軸の近くにあるので、互いに反発しあはずである。
 - (2) いくつかの原子間の距離が、ファン・デル・ワールス力から見て小さすぎるようである。
- ③ 三本鎖の構造モデルは、このほかにも Fraser によって提案されている (印刷中)。彼のモデルではリン酸が外側にあり、塩基は内側にあつて水素結合で結ばれている。彼らが述べている構造は、解釈が正しいとはいえず、そのためここでは触れないこととする。
- ④ さて我々は、デオキシリボ核酸の塩の構造として、これらとは全く異なった構造を提案したい。我々の構造では、2本の鎖が同一の軸のまわりにそれぞれらせんを巻いている (図参照)。我々は、普通の化学的仮定を前提とした。すなわち、2本の鎖はそれぞれ、リボフラノース残基を 3,5結合でつなぐリン酸ジエステルからできていると考えたのである。(塩基ではなくて) 2本の鎖が、らせんの軸に垂直な対によって結びつけられている。どちらの鎖も右巻きのらせんとなっているが、対になっているため、2本の鎖の原子の並び方は逆向きになっている。大まかにいうと、それぞれの鎖は Furberg のモデル No.1 に似ている：すなわち、塩基はらせんの内側にあり、リン酸は外側にある。糖の立体配置や糖のまわりの原子の位置は Furberg の「標準配置」に近く、糖とそれに結合した塩基とはほぼ垂直になっている。それぞれの鎖には、z 軸方向に 3.4 Å ごとにヌクレオチド残基が存在する。我々の考えでは、同じ鎖の隣り合った 2つのヌクレオチド残基が作る角度は 36° になっているため、この構造は、それぞれの鎖で 10 残基すなわち 34 Å ごとに繰り返すことになる。リン原子は、らせん軸から 10 Å 離れている。リン酸が外側にきているため、陽イオンは簡単にリン酸に近づくことができる。
- ⑤ この構造は開いた形の構造であり、水分含量はかなり高い。水分含量がもっと低い場合には、塩基がねじれてもっと密な構造をとるものと思われる。
- ⑥ この構造ではプリン、ピリミジン塩基によって 2本の鎖が 1つに結びつけられているが、その結合の方式にこれまでにない特徴がある。塩基の平面はらせん軸に対して垂直で、一方の鎖の 1個の塩基がもう一方の鎖の 1個の塩基と対を作って水素結合によって結ばれるため、2つの塩基が同一の z 座標をもつ平面上に並ぶことになる。結合が形成されるためには、一方の塩基がプリン、もう一方がピリミジンでなければならない。つまり水素結合は、プリン の 1 位とピリミジンの 1 位、プリン の 6 位とピリミジンの 6 位、というように形成される。
- ⑦ この構造中では塩基は最も可能性の高い互変異性体 (すなわち、エノール型ではなくてケト型) としてだけ存在する、と仮定すると、特定の組み合わせの塩基だけしか結合できないことがわかる。このような組み合わせは、アデニン (プリン) 対チミン (ピリミジン)、グアニン (プリン) 対シトシン (ピリミジン) である。
- ⑧ 言い換えると、対の一方、つまりどちらかの鎖の塩基がアデニンなら、この仮定のもとではもう一方は必ずチミンでなければならない、同じことがグアニンとシトシンについても成り立つ。1本の鎖について見れば、塩基の配列には全く何の制約もないようである。しかし、特定の塩基の対だけが形成されるとすると、一方の鎖の塩基の配列がわかればもう一方の鎖の配列は自動的に決まることになる。

- ⑨ デオキシリボ核酸では必ず、アデニンとチミンの存在量の比、グアニンとシトシンの量の比が 1 にきわめて近い値になることが実験的に知られている。
- ⑩ デオキシリボースの代わりにリボースでは、1つ余分にある酸素原子がファン・デル・ワールス力からみて近くなり過ぎるため、このような構造を作るのはおそらく不可能だろう。
- ⑪ これまでに発表されたデオキシリボ核酸の X線データは、我々が考えたこの構造を厳密に検証するには不十分である。我々に言える限りの範囲ではこの構造はこれまでの実験データに矛盾なく一致するが、もっと精密な実験結果に照らして合わせて検証するまでは、証明されたものではないと考えなければならない。より精密な実験データは、この報告に続いて掲載されている速報に報告されている。この構造を考案した時点では、我々はこれらの速報で説明されている結果の詳細は知らなかったため、この構造は、主として (それだけでとは言わないが) すでに発表されていた実験データと立体化学の議論に基づいている。
- ⑫ 我々が考えたこの特異的な対の形成から、直ちに、遺伝物質の複製機構が推測できることに、もちろん気が付いていないわけではない。
- ⑬ 構造の考案の際に用いた仮定条件、原子の座標など、構造の詳細は別に報告する予定である。
- ⑭ Jerry Donohue 博士には絶えず、特に原子間の距離に関して助言と批評をいただき、大変お世話になった。また、ロンドンのキングスカレッジの M.H.F. Wilkins 博士、R.E. Franklin 博士のグループの未発表の実験結果の全体像や考察を教えていただいたことで、非常に啓発された。著者の 1人 (J.D.W.) は国立小児麻痺財団の特別研究員として援助を受けた。

● 取り組む（グループワーク4） 論文の構成ルールを使ってみよう

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。②このように変化するのは、青空の光が偏光しているからです。③つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。④ミツバチは、太陽光をコンパス代わりに利用していることが知られている。⑤そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないかと考えた。⑥ミツバチには、単眼と複眼があり、単眼で太陽光の偏光を感知する。⑦ミツバチが蜜を求めて飛び回り、迷うことなく巣に戻ることができるのは、太陽の位置を基準として自分の位置を把握しているからである。⑧青空に偏光板を向けて、その偏光板を回転させると、明るくなったり暗くなったりする。⑨この青空の偏光状態は、見上げる角度や方角によっても変化する。⑩偏光板を利用して空の偏光状態を把握できれば、太陽の位置がわかる。⑪太陽の方向と高度がわかれば、時間を割り出すことができる。⑫太陽が見えなくても青空が見えれば、単眼で捉えた空の偏光状態から、ミツバチは太陽の位置を把握できる。（これと同じように、）⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。

● 取り組む（グループワーク 4）

最初が①で、最後が⑬

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。

⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。(主題)

↓
言い換え

↓
言い換え

⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。(結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

① 偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。 (主題)

太陽の位置(どの方向に何度の高さにあるか)
と偏光板を向けた方向

③ つまり、太陽光による 青空の偏光状態 は、太陽を見る方向、太陽の高度 によって決まる。 (結論)

⑤ そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないか と考えた。 (主題)

⑬ 太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができる はずである。 (結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

① 偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。 (主題)

わかっている事実は何か？

⇒ 青空は偏光していて、太陽の位置によって変化する

太陽の位置(どの方向に何度の高さにあるか)
と偏光板を向けた方向

③ つまり、太陽光による 青空の偏光状態 は、太陽を見る方向、太陽の高度 によって決まる。 (結論)

⑤ そこで、私たちは 偏光板を使って日時計が作れないか と考えた。 (主題)

研究の目的は何か？

⇒ 偏光板を使って日時計を作る

⑬ 太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができる はずである。 (結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

① 偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。 (主題)

わかっている事実は何か？

⇒ 青空は偏光していて、太陽の位置によって変化する

太陽の位置(どの方向に何度の高さにあるか)
と偏光板を向けた方向

③ つまり、太陽光による 青空の偏光状態 は、太陽を見る方向、太陽の高度 によって決まる。 (結論)

どのようなアプローチ、原理、研究の動機・きっかけ？

⑤ そこで、私たちは 偏光板を使って日時計が作れないか と考えた。 (主題)

研究の目的は何か？

⇒ 偏光板を使って日時計を作る

⑬ 太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができる はずである。 (結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。(主題)

⑧、②、⑨

③つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。(結論)

青空は偏光していて、太陽の位置によって変化する

どのようなアプローチ、原理、研究の動機・きっかけ？

偏光板を使って日時計を作る

⑤そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないかと考えた。(主題)

⑩、⑪

⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。(結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

① 偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。 (主題)

⑧ 青空に偏光板を向けて、その偏光板を回転させると、明るくなったり暗くなったりする。 (具体的に説明)

② このように変化するのは、青空の光が偏光しているからです。(根拠)

⑨ この青空の偏光状態は、見上げる角度や方角によっても変化する。 (補足的に説明)

③ つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。 (結論)

青空は偏光していて、太陽の位置によって変化する

どのようなアプローチ、原理、研究の動機・きっかけ？

偏光板を使って日時計を作る

⑤ そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないかと考えた。(主題)

⑩ 偏光板を利用して空の偏光状態を把握できれば、太陽の位置がわかる。 (根拠)

⑪ 太陽の方向と高度がわかれば、時間を割り出すことができる。 (補足的に説明)

⑬ 太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。 (結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

① 偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。 (主題)

⑧ 青空に偏光板を向けて、その偏光板を回転させると、明るくなったり暗くなったりする。 (具体的に説明)

② このように変化するのは、青空の光が偏光しているからです。(根拠)

⑨ この青空の偏光状態は、見上げる角度や方角によっても変化する。(補足的に説明)

③ つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。 (結論)

どのようなアプローチ、原理、研究の動機・きっかけ？

⇒ ミツバチの機能から着想した(ミツバチは太陽光を利用している)

⑤ そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないかと考えた。(主題)

⑩ 偏光板を利用して空の偏光状態を把握できれば、太陽の位置がわかる。 (根拠)

⑪ 太陽の方向と高度がわかれば、時間を割り出すことができる。(補足的に説明)

⑬ 太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。 (結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。(主題)

⑧青空に偏光板を向けて、その偏光板を回転させると、明るくなったり暗くなったりする。(具体的に説明)

②このように変化するのは、青空の光が偏光しているからです。(根拠)

⑨この青空の偏光状態は、見上げる角度や方角によっても変化する。(補足的に説明)

③つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。(結論)

④ミツバチは、太陽光をコンパス代わりに利用していることが知られている。(主題)



⑦ミツバチが蜜を求めて飛び回り、迷うことなく巣に戻ることができるのは、太陽の位置を基準として自分の位置を把握しているからである。(結論)

⑤そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないか考えた。(主題)

⑩偏光板を利用して空の偏光状態を把握できれば、太陽の位置がわかる。(根拠)

⑪太陽の方向と高度がわかれば、時間を割り出すことができる。(補足的に説明)

⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。(結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。(主題)

⑧青空に偏光板を向けて、その偏光板を回転させると、明るくなったり暗くなったりする。(具体的に説明)

②このように変化するのは、青空の光が偏光しているからです。(根拠)

⑨この青空の偏光状態は、見上げる角度や方角によっても変化する。(補足的に説明)

③つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。(結論)

④ミツバチは、太陽光をコンパス代わりに利用していることが知られている。(主題)

⑥ミツバチには、単眼と複眼があり、単眼で太陽光の偏光を感知する。(具体的に説明)

⑫太陽が見えなくても青空が見えれば、単眼で捉えた空の偏光状態から、ミツバチは太陽の位置を把握できる。
(補足的に説明)

⑦ミツバチが蜜を求めて飛び回り、迷うことなく巣に戻ることができるのは、太陽の位置を基準として自分の位置を把握しているからである。(結論)

⑤そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないかと考えた。(主題)

⑩偏光板を利用して空の偏光状態を把握できれば、太陽の位置がわかる。(根拠)

⑪太陽の方向と高度がわかれば、時間を割り出すことができる。(補足的に説明)

⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることはできるはずである。(結論)

● 論文の構成ルール Paragraph Writing

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。(主題)

⑧青空に偏光板を向けて、その偏光板を回転させると、明るくなったり暗くなったりする。(具体的に説明)

②このように変化するのは、青空の光が偏光しているからです。(根拠)

⑨この青空の偏光状態は、見上げる角度や方角によっても変化する。(補足的に説明)

③つまり、太陽光による青空の偏光状態は、太陽を見る方向、太陽の高度によって決まる。(結論)

④ミツバチは、太陽光をコンパス代わりに利用していることが知られている。(主題)

⑥ミツバチには、単眼と複眼があり、単眼で太陽光の偏光を感知する。(具体的に説明)

⑫太陽が見えなくても青空が見えれば、単眼で捉えた空の偏光状態から、ミツバチは太陽の位置を把握できる。
(補足的に説明)

⑦ミツバチが蜜を求めて飛び回り、迷うことなく巣に戻ることができるのは、太陽の位置を基準として自分の位置を把握しているからである。(結論)

⑤そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないかと考えた。(主題)

⑩偏光板を利用して空の偏光状態を把握できれば、太陽の位置がわかる。(根拠)

⑪太陽の方向と高度がわかれば、時間を割り出すことができる。(補足的に説明)

⑬太陽が隠れていても青空が見えれば、偏光板を使って時間を知ることができるはずである。(結論)

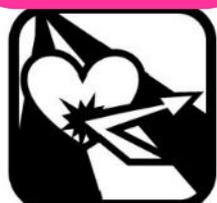
● 論文の構成ルール Paragraph Writing

①偏光板を通して見た青空の明るさは、太陽と偏光板の位置関係により変化することがわかっている。(主題)

④ミツバチは、太陽光をコンパス代わりに利用していることが知られている。(主題)

⑤そこで、私たちは偏光板を使って日時計が作れないか考えた。(主題)

● まとめ



- ① 科学論文の構成と書き方のポイントを理解する。
 - 序論／本論（方法・結果・考察）／結論
 - パラグラフライティング
 - 客観性、普遍性を重視
- ② 英語で科学を学ぶ素養をつける。