

## □ Вопросы педагогики

В.Э. Бутвиловский, В.В. Давыдов, Е.А. Черноус, А.В. Бутвиловский

### ПЕРСПЕКТИВЫ ВНЕДРЕНИЯ РАЗДЕЛА «МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЭВОЛЮЦИЯ И ФИЛОГЕНЕТИКА» В ПРОГРАММУ ПОДГОТОВКИ СТУДЕНТОВ I КУРСА

Белорусский государственный медицинский университет

Проведено анонимное анкетирование 200 студентов I курса БГМУ. Выявлено, что они имеют недостаточные знания по молекулярной эволюции и филогенетике. Установлено, что большинство студентов готовы изучать данный предмет в виде факультативного курса.

**Ключевые слова:** анкетирование, молекулярная эволюция.

#### V.E. Butvilovsky, V.V. Davidov, E.A. Chernous, A.V. Butvilovsky INCULCATION "S PERSPECTIVES OF "MOLECULAR EVOLUTION AND PHYLOGENETICS" SECTION IN EDUCATIONAL PROGRAM FOR FIRST COURSE STUDENTS

Anonymous questionnairing of 200 first course students who study in Belarusian state medical university was carried out. We detected that they have poor knowledge of molecular evolution and phylogenetics. We determined that the majority of the students were ready to study the given subject as facultative course.

**Key words:** questionnairing, molecular evolution.

Человек в познании мира не стоит на месте. За последние десятилетия он полетел в космос, создал компьютер, расшифровал свой геном. Совершенствование технических средств повлекло за собой развитие и медицинской науки. Появление компьютеризированных, роботизированных, автономных систем для расшифровки ДНК привело к тому, что к 2000 году полностью была установлена нуклеотидная последовательность генома человека. Скорость секвенирования с каждым годом возрастала, и если в первые годы она составляла несколько миллионов нуклеотидных пар за год по всему миру, то в конце 1999 года частная американская фирма «Selega» расшифровывала не менее 10 млн. нуклеотидных пар в сутки [2]. Высокая скорость расшифровки генома позволила создать компьютерные банки данных множества организмов, как прокариот (*Haemophilus influenzae*), так и эукариот (*Caenorhabditis elegans*) и ряда других

организмов.

Накопление этих сведений и бурное развитие компьютерной техники послужили стимулом к разработке методов сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей ДНК, РНК, а также аминокислотных последовательностей белков различных организмов, что позволило определять степень их различия [1]. Обилие секвенированных последовательностей в банках данных делает применение этих подходов практически неограниченным. Зная число различий и среднюю скорость нуклеотидных замещений можно рассчитать время дивергенции видов. Чем раньше дивергировали два гена, тем больше фиксированных различий накоплено между ними [5].

Многие макромолекулы эволюционировали гораздо медленнее, чем морфологические признаки живых форм, поэтому их филогенетический анализ позволяет заглянуть в очень ранние периоды эволюционного процесса (100-1000 млн. лет назад) [3, 4]. Молекулярный филогенетический анализ позволяет приблизиться к решению важных вопросов эволюции и таксономии. Следует отметить, что таксономия высших приматов больше базируется на молекулярных данных, чем на каких-либо других. В систематике наивысших таксонов, систематике высших растений решающую роль играют деревья рибосомальных РНК. Таксономию бактерий вообще невозможно охарактеризовать без молекулярных данных.

Учитывая все возрастающий интерес к этой области науки, по нашей инициативе вопросы по молекулярной эволюции были включены в типовую учебную программу по дисциплине «Медицинская биология и общая генетика» для студентов медицинских вузов Республики Беларусь.

Основной целью данного исследования явилось определение уровня знаний по молекулярной эволюции и филогенетике студентов I курса и установление их готовности изучать данный предмет в виде ознакомительного курса.

#### Материал и методы

Методом анонимного анкетирования были опрошены 200 студентов I курса. С целью обеспечения репрезентативности выборки в анкетировании участвовали студенты четырех факультетов: медико-профилактического, лечебного, педиатрического и стоматологического (по 50 человек на каждом факультете). Не принимали участие студенты военно-медицинского факультета (всего 13 курсантов) и медицинского факультета иностранных учащихся.

В состав разработанной нами анкеты вошло 8 вопросов с несколькими предложенными вариантами ответов (от 2 до 8) и 2 вопроса, на которые студенты должны были дать свой ответ. Девять базовых вопросов охватили предмет и терминологию молекулярной эволюции и филогенетики и использовались для выявления уровня знаний студентов по данному предмету, последний 10-й вопрос позволил определить число лиц, желающих изучать предмет. Содержание большинства вопросов описано в разделе «Результаты и обсуждение».

Результаты тестирования студентов обработаны с помощью

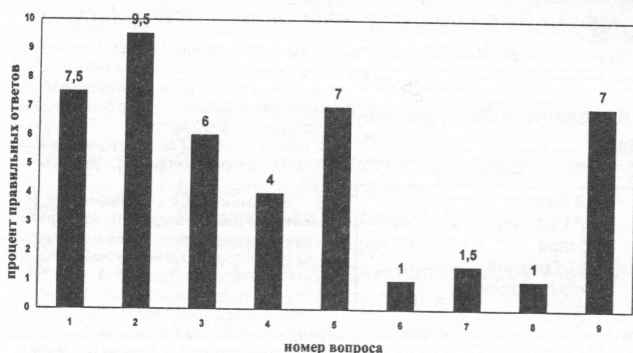


Рис. 1. Процент правильных ответов студентов на вопросы анкеты

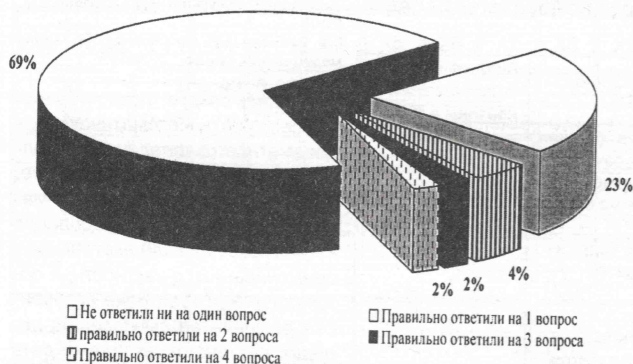


Рис. 2. Процент студентов, верно ответивших на 1, 2, 3, 4 вопроса и не давших ни одного правильного ответа



Рис. 3 Распределение мнения респондентов на последний вопрос анкеты



Рис. 4. Распределение мнения респондентов не имеющих представления о предмете на вопрос целесообразности его изучения

методов описательной статистики, достоверность различий определена методом  $\chi^2$ .

#### Результаты и обсуждение

Подавляющее большинство студентов не смогли дать определение молекулярной эволюции, близкое к существу вопроса, что можно объяснить отсутствием вопросов по данному предмету в программе обучения большинства общеобразовательных школ и лицеев. Только  $7,5 \pm 1,87\%$  респондентов (15 человек в абсолютном исчислении) правильно ответили на первый вопрос, дав точное определение, как «наука, изучающая изменение генетических макромолекул в процессе эволюции, закономерности и механизмы этих изменений, и реконструирующая эволюционную историю генов и организмов». Это связано с тем, что часть студентов прослушала вводную лекцию по медицинской биологии и общей генетике, где затрагивались вопросы молекулярной эволюции и филогенетики.

По той же причине только  $9,5 \pm 2,07\%$  студентов (19 человек) правильно выделили разделы данной науки (второй вопрос). Правильно определили объект молекулярной эволюции и филогенетики (третий вопрос) лишь  $6,0 \pm 1,68\%$  опрошенных (12 человек). Самостоятельной наукой молекулярную эволюцию посчитали только 8 человек ( $4,0 \pm 1,39\%$ ), а остальные студенты отнесли ее к разделу эволюции или молекулярной биологии (четвертый вопрос). На пятый вопрос: «Какие ученые занимались изучением вопросов молекулярной эволюции» правильно ответили  $7,0 \pm 1,80\%$

респондентов. Несмотря на то, что модель ДНК предложена в 1953 году, а секвенирование генома человека началось в 60-х годах 20-го века,  $8,0 \pm 1,92\%$  студентов посчитали, что Ч. Дарвин занимался изучением молекулярной эволюции. По мнению  $63,5 \pm 3,40\%$  опрошенных первокурсников вопросами молекулярной эволюцией занимался Л. Поллинг, что объяснимо, так как эта фамилия фигурирует в 9-м вопросе.

Сравнительно схожие результаты получены на шестой, седьмой и восьмой вопросы: с какими науками связана молекулярная эволюция и филогенетика, на каких фундаментальных теориях базируется, и какие термины ей принадлежат –  $1,0 \pm 0,70\%$ ;  $1,5 \pm 0,86\%$ ; и  $1,0 \pm 0,70\%$  правильных ответов, соответственно. При этом  $13,5 \pm 2,42\%$  студентов посчитали, что молекулярная эволюция и филогенетика базируется на теории консервативности,  $6,5 \pm 1,74\%$  на теории радикальности и  $8,5 \pm 1,97\%$  на теории консервативности и радикальности. На девятый вопрос: «Единицей чего является 1 поллинг?» относительно верно ответили только  $7,0 \pm 1,80\%$  опрошенных первокурсников. Результаты анкетирования показаны на рисунке 1.

Абсолютно ясно, что большинство опрошенных студентов не имеют достаточной информации о предмете «молекулярная эволюция и филогенетика». Среди анкетированных лиц  $69,0 \pm 3,27\%$  не ответили ни на один вопрос теоретической части анкеты,  $23,0 \pm 2,98\%$  ответили правильно только на один вопрос,  $4,0 \pm 1,39\%$  респондентов правильно ответили на 2 вопроса и по  $2,0 \pm 0,99\%$  правильно ответили на 3 и 4 вопроса в анкете (рис. 2).

Таким образом, в результате опроса выборки студентов I курса установлено, что их знания по молекулярной эволюции и филогенетике недостаточны. Объективно, полученные данные можно экстраполировать на всех студентов I курса БГМУ.

При ответе на 10-й вопрос анкеты: «Считаете ли вы, что ваши знания по вопросам молекулярной эволюции и филогенетики недостаточны, и данный раздел должен изучаться студентами медицинских вузов в виде ознакомительного курса?» мнения респондентов разделились:  $62,0 \pm 3,43\%$  из всех опрошенных считают свои знания недостаточными и готовы изучать предмет в виде ознакомительного курса. В  $38,0 \pm 3,43\%$  случаев студенты не посчитали необходимым изучать этот новый предмет (рис. 3).

Схожие результаты –  $61,0 \pm 4,14\%$  «за» и  $39,0 \pm 4,14\%$  «против» (рис. 4) дали студенты, не имеющие представления о предмете (не дали ни одного правильного ответа на теоретическую часть анкеты). Различия ответов между этими группами студентов не являются достоверными ( $\chi^2=0,0007$ ,  $p>0,05$ ).

#### Выводы

1. Методом анонимного тестирования студентов I курса БГМУ выявлены недостаточные знания по молекулярной эволюции и филогенетике, что обусловлено отсутствием преподавания вопросов этой науки.
2. В результате тестирования установлена готовность большинства студентов изучать данный предмет в виде ознакомительного курса.

#### Литература

1. Кимура М. Молекулярная эволюция: теория нейтральности. – М., 1985. – 323 с.
2. Киселев Л.Л. Геном человека и биология XXI века. //Вестник Российской АН. -2000, т. 20, № 5. – с. 412-424.
3. Ратнер В.А. Краткий очерк теории молекулярной эволюции. Новосибирск НГУ 1992. – 63 с.
4. Ратнер В.А. Молекулярная эволюция //Соросовский образовательный журнал. -1998, №3.-с. 41-47.
5. Янковский Н.К., Боринская С.А. Наша история, записанная в ДНК //Природа. -2001, № 6. – с. 10-17.