

СРЕДСТВА МУЛЬТИМЕДИА В ПРЕПОДАВАНИИ БИОЛОГИИ

Воробьев В.Н.

E-mail: vorobyev@mail.knc.ru

Татарский государственный гуманитарно-педагогический университет, г. Казань

Аннотация. На современном этапе развития биологической науки проявляется противоречие между содержанием преподаваемого предмета и его обеспечением наглядностью. Такая ситуация характерна для быстроразвивающихся дисциплин таких как молекулярная биология. С развитием компьютерных технологий появилась возможность на качественно новом графическом уровне вести преподавание биологических дисциплин. Однако качество выпускаемых программных продуктов не всегда удовлетворяет жестким требованиям научности и потому их применение в обучении должно быть избирательным с обязательным пояснением преподавателя. В данной работе проводится анализ программного продукта компании “Физикон” “Современная биология 2.5” для его использования в ВУЗовских курсах, в которых преподаются основы молекулярной биологии.

Application of multimedia instruments for teaching biology

Vorobyev V.N.

Abstract. The contradiction between the content of the delivered subject and the use of aids of teaching is observed on the modern stage of development of biological science. This situation is characteristic of fast developing fields of knowledge, such as molecular biology. As computer technologies are being developed, there appears an opportunity to teach biological disciplines on the qualitatively new presentation level. However the quality of the released software does not completely satisfy the strict requirements of the adequacy of scientific explanation and therefore their application in education should be selective and the lecturer’s explanation is highly recommended. The present paper analyzes the software of the company “Physicon”, “Modern Biology 2.5” for its application in university lecture courses of the principles of molecular biology.

Графический интерфейс программы “Современная биология 2.5” информативен и удобен для пользователя. В ориентации по программному продукту помогает оглавление, в котором в отдельном окне размещены все динамические модели. В окне “модели” имеется свое оглавление, что способствует быстрому поиску необходимого продукта. Функция увеличения “картинки” на весь экран облегчает работу при использовании средств мультимедиа.

К основополагающим понятийным уровням современной биологии логично отнести понятие экспрессии гена, которое подразумевает знание молекулярных основ хранения, передачи и реализации наследственной информации. Экспрессия гена – последовательность реакций на пути от гена к белку, включающая **транскрипцию, сплайсинг**, транспорт через ядерные поры и **трансляцию** [1]. Понятие ген, как единица биологической информации, формируется в школьном курсе. Вузовский образовательный стандарт требует детализации этого понятия, причем не только на биологических специальностях, но и по специальностям математического курса. Ген – протяженный участок ДНК, включающий участки соответствующие экзонам и интронам, старт транскрипции, сайт терминации и регуляторные районы. Перед делением клетки количество наследственной информации удваивается. Процесс удвоения – репликация протекает с участием нескольких ферментов [5]. Для понимания процесса важно его представление. В программном продукте “Современная биология 2.5” графическая модель репликации наглядно и на высоком научном уровне демонстрирует сложные межмолекулярные взаимодействия при удвоении ДНК. Применение данной технологии позволяет преподавателю сформировать расширенное понятие механизма удвоения наследственной информации. Для равномерного распределения наследственной информации между дочерними клетками молекулы ДНК вступают во взаимодействие с белком, образуя хромосомы. Поскольку в курсе биологии для математических специальностей предусматриваются некоторые разделы генетики с решением генетических задач представляется необходимым знание локализации гена в хромосоме. Компьютерная модель “Строение хромосомы” наглядно демонстрирует с различной степенью детализации пространственное расположение ДНК в хромосоме. Это способствует усвоению материала и пониманию процессов передачи и реализации наследственной информации закодированной в гене.

Транскрипция

Современное понимание транскрипции сводится к следующему определению: транскрипция – процесс считывания информации с кодогенной цепи ДНК на материальный носитель - информационную РНК [2]. Процесс логично разделить на этапы:

1. **Распознавание матрицы.** С помощью сигма фактора РНК-полимераза соединяется с кодогенной цепью ДНК в точке инициации транскрипции на промоторном участке.

2. **Инициация.** При нахождении точки инициации транскрипции сигма фактор вытесняется, давая возможность РНК-полимеразе двигаться по кодогенной цепи ДНК в направлении от 3-го к 5-му атому углерода.
3. **Элонгация.** Движение РНК-полимеразы по кодогенной цепи ДНК. При движении ДНК расплетается, синтезируется информационная РНК по принципу комплементарности, ДНК заплетается.
4. **Терминация.** Встреча РНК-полимеразы с терминаторной последовательностью, что приводит к распаду комплекса РНК-полимераза – кодогенная цепь ДНК.

Из представленных этапов модель отражает только элонгацию в различных степенях приближения. Использование модели в качестве наглядного пособия на лекциях дает возможность последовательно рассмотреть процесс. На уровне молекулярных взаимодействий данная модель способствует формированию научного представления о работе фермента РНК-полимеразы. Схематичность представления молекул облегчает восприятие нового материала, не изменяя сути биохимического процесса. Кроме того, графическое представление процесса развивает понятие принципа комплементарности и закрепляет представления о строении ДНК (кодогенная и некодогенная цепь). Зрительное восприятие процесса способствует формированию однотипного понимания сложного межмолекулярного взаимодействия у студентов не зависимо от степени их подготовленности.

Сплайсинг

Синтезированная в результате транскрипции информационная РНК не может быть использована для реализации наследственной информации, поскольку, согласно определению гена, содержит неинформативные участки. Процесс удаления участков РНК, не содержащих информацию о строении белка, называется сплайсингом. К сожалению, в рассматриваемом программном продукте нет модели сплайсинга. Предлагаемые схемы малоинформативны и требуют научного обоснования и детализации.

Трансляция

Образованная в результате сплайсинга зрелая матричная РНК (мРНК) используется для синтеза белка, который называется трансляцией. Также как и транскрипция, трансляция протекает поэтапно:

1. **Инициация.** С малой рибосомальной субчастицей (МРС) вступают в реакцию белки, которые можно назвать факторами инициации (F_i). Это дает возможность присоединить аминоацилтранспортную РНК с метионином. Образовавшийся комплекс способен сканировать мРНК для нахождения соответствующего метионину триплета. Взаимодействие МРС с мРНК дает возможность присоединению большой рибосомальной субчастицы (БРС). Соединение субчастиц приводит к вытеснению F_i. Рибосома становится цельной, причем ее пептидный (Р) участок занят аминоацилтранспортной РНК с метионином, а аминокислотный (А) участок остается вакантным [3].
2. **Элонгация.** К вакантному “А” участку присоединяется транспортная РНК с соответствующей аминокислотой. Взаимодействие комплементарных триплетов дает возможность синтетазам, имеющимся в БРС, соединить аминокислоты между собой. Образование ковалентной связи между аминокислотами разрушает связь с тРНК в “Р” участке, что приводит к ее вытеснению из рибосомы и переходу двух аминокислот с тРНК из “А” участка в “Р”. Переход сопровождается шагом рибосомы на один триплет с помощью белков хеликаз. Процесс продолжается до встречи с терминаторным триплетом.
3. **Терминация.** Терминаторный или бессмысленный триплет не имеет соответствующей тРНК поэтому в “А” участке с образовавшимся полипептидом вступает в реакцию специфический белок. Реакция приводит к отрыву тРНК от полипептида и выходу последнего из рибосомы. Рибосома распадается на субчастицы [4].

К сожалению, “Современная биология 2.5” демонстрирует только элонгацию. Отсутствие остальных этапов трансляции вероятно продиктовано ориентацией программного продукта на учащихся средней школы. Следует отметить, что элонгация представлена очень корректно на достаточном научном уровне.

В целом программный продукт компании “Физикон” “Современная биология 2.5” соответствует современным требованиям научности. Использование компьютерных моделей в преподавании биологии для студентов способствует лучшему усвоению сложного материала и пониманию процессов передачи и реализации наследственной информации.

Литература

1. Жимулаев И.Ф. СОЖ, 2000, № 2, с. 76-82.
2. Овчинников Л.П. СОЖ, 1998, № 4, с. 10-18.
3. Спириин А.С. СОЖ, 1999, № 5, с. 2-7.
4. Спириин А.С. СОЖ, 1999, № 6, с. 2-7.
5. Фаворова О.О. СОЖ, 1996, № 4, с. 11-17.