

Анотація. Возносименко Д. А. Метод проєктів у підготовці майбутнього вчителя математики.
Проаналізовано проблему професійної підготовки майбутнього вчителя математики до організації проєктної діяльності. Визначено суть поняття «метод проєктів». Висвітлено основні аспекти успішної реалізації проєктної технології в процесі підготовки майбутніх учителів математики.

Ключові слова: метод проєктів, майбутній вчитель математики, професійна підготовка.

Аннотация. Возносименко Д. А. Метод проектов в подготовке будущего учителя математики.
Проанализирована проблема профессиональной подготовки будущего учителя математики к организации проектной деятельности. Определена суть понятия «метод проектов». Освещены основные аспекты успешной реализации проектной технологии в процессе подготовки будущих учителей математики.

Ключевые слова: метод проектов, будущий учитель математики, профессиональная подготовка.

Summary. Voznosyenko D. Project method in training future teachers of mathematics. *Analyzed the problem of training future teachers of mathematics to organize project activities. Determined the essence of the concept «project method». Found out the main aspects of successful implementation of project technology in the process of preparation of future teachers of mathematics.*

Keywords: project method, future teachers of mathematics, training.

Я. М. Данько

кандидат біологічних наук, доцент

Сумський державний педагогічний університет імені А. С. Макаренка, м. Суми

yaroslavdanko@gmail.com

З ДОСВІДУ ВИКОРИСТАННЯ ІНФОРМАЦІЙНИХ ТЕХНОЛОГІЙ НА ЛАБОРАТОРНИХ ЗАНЯТТЯХ З ФІЛОГЕНІЇ

Базовий біологічний факт – нові види утворюються і утворюються вони з тих видів, що вже існують. Таким чином усі організми на нашій планеті є кровними родичами. Генетичний ланцюжок зв'язує кожний сучасний організм з його предками, цих предків з їхніми предками і так до останнього спільного клітинного предка – його прийнято позначати LUCA – усіх живих істот на Землі. Оскільки будь який організм належить до того чи іншого біологічного виду, роду, родини і т. д. згаданий ланцюг предків-потомків можна розглядати на рівні видів, родів і більш високих таксонів. Такий родовід життя у будь якому таксономічному масштабі – від видів до доменів – і є *філогенія*. Раніше біологія не володіла об'єктивними методами встановлення філогенії. Але сьогодні ситуація є цілком іншою. Починаючи від революційних праць Віллі Генніга *філогенетика* (методи встановлення філогенії) поступово перетворилася на точну науку. Раніше вивчення філогенії зводилося до засвоєння *результатів* роботи, представлених у вигляді схем, того чи іншого авторитета. Сьогодні ж є цілком реальним зрозуміти і, більш того, оволодіти принципами і *методами* відтворення філогенії. Розуміння методів філогенетики є дуже важливим. Філогенетичні схеми (їх також називають філогенією) постійно змінюються; нефахівці дуже схильні це сприймати як ознаку того, що “наука нічого напевно не знає, сьогодні одне, завтра – інше”. Але для людини, що засвоїла основи філогенетичних методів, це виглядає цілком по-іншому. Така людина бачить принципову логічну і методологічну правильність філогенетичних методів і розуміє, що згадані зміни філогенетичних схем є результатом закономірного вдосконалення цих методів і відображують об'єктивне покращення нашого знання філогенії. Основи філогенетичних методів не є аж занадто важкими для розуміння, але практичне застосування цих методів є фактично неможливим без використання комп'ютерних програм. Власне на досвіді використання комп'ютерних програм на лабораторних заняттях з філогенії у нашому виші я б і хотів зупинитися.

Головним знаряддям для встановлення філогенії я обрав пакет PHYLIP (що розшифровується як “the PHYLogeny Inference Package”) [1]. До його складу входять 35 окремих програм, що реалізують різні філогенетичні методи спрямовані на обробку як морфологічних, так і молекулярних даних. Оскільки PHYLIP не єдина філогенетична програма, варто аргументувати власне цей вибір.

1. PHYLIP – одна з найпоширеніших в світі філогенетичних програм, реальний інструмент філогенетичних досліджень.

2. Це програми з відкритим кодом і офіційно поширюються цілком безкоштовно.

3. Працює як на платформі MS Windows так і на Linux.

4. PHYLIP нічого не приховує від користувача.

Останнє твердження потребує пояснень. PHYLIP 1) не має графічного, орієнтованого на мишу інтерфейсу і 2) не є інтегрованим. Тобто, неможливо здійснити аналіз, знайшовши і “клікнувши” на якійсь магічній кнопці. Треба свідомо пройти усі необхідні етапи, вибираючи для кожного відповідне знаряддя з багатого арсеналу PHYLIP.

Крім PHYLIP ми використовуємо ще деякі допоміжні програми, наприклад, ClustalX для вирівнювання. Усі ці програми так само є безкоштовними, працюють як під MS Windows, так і під Linux.

Для прикладу розглянемо одну роботу, присвячену встановленню філогенетичного положення мамонта (*Mammuthus primigenius*) серед сучасних хоботних (ідею роботи я взяв з [2]). Морфологічні дані начебто свідчать на користь більшої спорідненості мамонта і індійського слона (*Elephas maximus*), ніж мамонта і африканських слонів, *Loxodonta africana* і *L. cyclotis*. Оскільки з решток мамонта виділена ДНК, між іншим, фрагменти послідовності цитохрому *b*, це припущення можна перевірити молекулярними даними. В якості зовнішньої групи для вкорінення дерева беремо відповідну послідовність карибського ламантіна (*Trichechus manatus*). Потрібні послідовності трьох сучасних слонів, мамонта і ламантіна знаходяться у Генному Банку (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) під номерами AF132530, D50842, D50844, D83050, D84151. Далі, послідовності з усіх п'яти файлів збираємо в один у форматі FASTA за допомогою readseq. Після цього здійснюємо вирівнювання програмою ClustalX і зберігаємо у форматі PHYLIP. Далі вручну редагуємо вирівнювання, бо послідовність ламантіна є на 120 основ коротшою, ніж у інших видів. Будемо дерево у графічному вигляді в форматі PostScript програмою drawgram. (drawgram, drawgram входять до складу PHYLIP.) Кінцевий результат переглядаємо GhostView, він представлений на рис. 1. Цікаво зазначити, що топологія цього дерева збігається з представленою у роботі [3], хоча її автори для вкорінення використовували ДНК не ламантіна, а мастодонта. Варто зазначити, що дерева, побудовані на базі одного гена, не можна вважати цілком надійними, але це вже інша проблема.

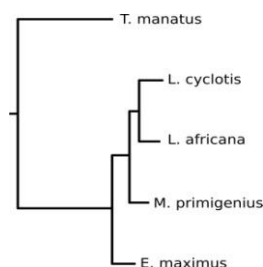


Рис. 1. Філогенетичне дерево сучасних слонів і мамонта, побудоване за допомогою PHYLIP

Крім вищезгаданої я розробив ще декілька лабораторних робіт, в яких філогенетичні дерева будуються на підставі як морфологічних, так і молекулярних даних. Це роботи присвячені філогенії Китопарнокопитних, Хребетних, Кишковопорожнинних і Приматів. Кого б зацікавила ця тема, прошу писати мені на електронну адресу.

Спираючись на власний досвід проведення лабораторних робіт з філогенії, можу впевнено стверджувати, що тільки використання комп'ютерів дозволяє зробити їх адекватними сучасному рівню розвитку науки.

Література

1. Felsenstein, J. PHYLIP (phylogeny inference package) version 3.6 [Text] / Joseph Felsenstein // Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle. – 2005.
2. Lesk, A. M. Introduction to Bioinformatics [Text] / Arthur M. Lesk. – New York : Oxford University Press, 2002. – 255 p.
3. Debruyne, R. New mitochondrial data demonstrating a close relationship between *Mammuthus primigenius* (Blumenbach, 1799) and *Loxodonta africana* (Blumenbach, 1797) [Text] / Régis Debruyne // Proceedings of the 1st international Congress, 'The world of elephants' / Ed. by G. Cavarretta, P. Gioia, M. Mussi, M. R. Palombo. – Rome : 2001. – P. 630–632.

Анотація. Данько Я. М. З досвіду використання інформаційних технологій на лабораторних заняттях з філогенії. Представлена інформація про досвід проведення лабораторних робіт з філогенії з використанням пакета PHYLIP і деяких інших програм.

Ключові слова: філогенія, PHYLIP, лабораторні роботи.

Аннотация. Данько Я. Н. Из опыта использования информационных технологий на лабораторных занятиях по филогении. Представлена информация про опыт проведения лабораторных работ по филогении с использованием пакета PHYLIP и некоторых других программ.

Ключевые слова: филогения, PHYLIP, лабораторные работы.

Summary. Danko Y. M. From the experience of using informational technologies on the phylogeny laboratory works. The information presented about experience of conducting the phylogeny laboratory works using PHYLIP package and some other programmes.

Key words: phylogeny, PHYLIP, laboratory works.