

ФИЛОСОФИЯ НАУКИ И ОБРАЗОВАНИЯ

О.Е. Баксанский

МЕТОДОЛОГИЧЕСКИЕ ОСНОВАНИЯ МОДЕРНИЗАЦИИ СОВРЕМЕННОГО ОБРАЗОВАНИЯ

Аннотация. *Философия образования, оформившаяся в самостоятельную дисциплину во второй половине XX века, возникла благодаря взаимодействию между множеством философских течений и системой образования, а также в контексте взаимодействия между образовательным опытом и его рефлексией.*

В XXI веке на первое место выдвигается конвергентный тип мышления, базирующийся на различных технологиях, в частности, на информационных, конвергентных, социальных и биотехнологиях.

Конвергентные технологии задают новую стратегию развития цивилизации и в этом качестве нуждаются в социально-гуманитарном осмыслении, для чего необходимо эффективно использовать традиции фундаментальной науки и способности к производству универсального знания для создания когнитивного стандарта как одного из ключевых направлений глобального развития конвергентных технологий.

Ключевые слова: *философия, философия образования, конвергентные технологии, биоинженерия, биоинформатика, биотехнологии, методология познания, методология образования, когнитивная наука, когнитивные репрезентации.*

Модернизация в образовательной системе наталкивается на трудности и часто не успевает за изменениями в экономике, науке, культуре, в социальных отношениях и общественном сознании.

Человеку преподающему вовсе не обязательно принять какую-нибудь одну определенную концепцию, но внимательно и критически изучить теории, разработанные профессиональными философами образования, — важный шаг для выработки собственного профессионального мировоззрения. Фактически любой преподающий имеет собственный подход, он может быть не вполне осознанным, не формулироваться в строгих понятиях, но этот подход непременно выражается в его поведении.

Философия образования, оформившаяся в самостоятельную дисциплину во второй половине XX века, возникла благодаря длительному взаимо-

действию между множеством философских течений и системой образования, а также в контексте взаимодействия между образовательным опытом и его рефлексией.

Философия образования рассматривает, как происходит умственное и нравственное развитие человека в культурной среде и как может содействовать этому процессу система образования. При обсуждении возникающих при этом проблем приходится обращаться к коренным философским вопросам. Различные философы и философские школы пытаются найти способы понимания и соответственно построения образовательных процессов, они пытаются выявить комплекс идей, которые позволили бы глубже понять и успешнее поддерживать формирование индивидуальной культуры.

Каково положение философии в образовании сегодня?

Статья подготовлена при поддержке гранта РГНФ №12-03-00333а на тему «Философия образования: конвергентный подход»

Культура информационного общества, переживающая принципиальное изменение ценностей, переживает новое понимание связи философии и образования. Педагогика собирает дидактически-воспитательные факты, ставит эксперименты, строит теории, осмысливает полученные данные. Что может принести к этому философия?

Философия как тип мышления отличается многими уникальными чертами. Во-первых, это мышление более высокого порядка, основанное на законах всеобщности.

Вторая отличительная черта философского типа мышления — это преодоление эгоистического типа познания и оценки явлений. В основе философского мировоззрения лежит ценностный тип мышления и ориентация на гуманистические ценности. Современный мир испытывает серьезный кризис ценностных идеалов, векторов развития. Напротив, философия их позиционирует.

В-третьих. Философия является наукой, мировоззрением, искусством мышления одновременно. Последнее связано с мастерством интерпретации. Известно, что одну и ту же ситуацию можно интерпретировать по-разному. Инерция в интерпретации, в осмыслении современных проблем чревата проблемами. Новые условия диктуют необходимость новых ответов на принципиально важные для человека вопросы:

- Что такое мир?
- Что такое душа?
- Где начинается и кончается моя свобода?
- За что я отвечаю в этом мире?

Философия перестает быть отдельной формой культуры имплицитного характера. Она превращается в эксплицитное, маркированное знание, входящее в нашу повседневную жизнь. Философия становится реально востребованным знанием. В основе любого дела лежит определенная философия как тип мышления. В XXI веке на первое место выдвигается конвергентный тип мышления, базирующийся на различных технологиях, в частности, на информационных, конвергентных, социальных и биотехнологиях.

Развитие биологии привело к широкому использованию совершенно новых практических подходов для решения проблем здравоохранения, для разработки принципиально новых технологий и материалов в различных отраслях.

Биоинженерия (англ. *bioengineering*) — это одно из современных направлений науки, возникшее на стыке физико-химической биологии, биофизики, генной инженерии и компьютерных

технологий. Бурное развитие этих областей за последние годы позволило ученым перейти от простого исследования природных биообъектов к их изменению и усовершенствованию, улучшению их полезных свойств, к созданию совершенно новых биологических объектов, не существующих в природе. Сфера деятельности биоинженерии простирается от создания искусственных органов для компенсации сниженных или утраченных физиологических функций (биомедицинская инженерия) до разработки генетически модифицированных организмов, например, сельскохозяйственных растений и животных (генетическая инженерия). Среди задач биоинженерии — искусственные белки, выполняющие заданные функции; новые клеточные структуры, обладающие полезными свойствами, и даже целые живые организмы, сконструированные для нужд человека.

Спектр научных направлений биоинженерии довольно широк:

- молекулярное моделирование различных биологических объектов и изучение динамики макромолекул;
- структурные особенности и взаимодействие макромолекул;
- дизайн искусственных белков с заданными свойствами, а также синтез и изучение свойств таких белков;
- генетические маркеры выносливости и работоспособности человека;
- исследование внутриклеточного транспорта токсичных молекул и т.д.

Биоинформатика (или *вычислительная биология*) — дисциплина, исследующая использование компьютеров для решения биологических задач. Под биоинформатикой понимают любое использование компьютеров для обработки биологической информации. На практике, иногда это определение более узкое, под ним понимают использование компьютеров для характеристики молекулярных компонентов.

Термины *биоинформатика* и *вычислительная биология* часто взаимозаменяются, хотя последний чаще указывает на разработку алгоритмов и конкретные вычислительные методы. Считается, что не все использование вычислительной биологии является биоинформатикой, например, математическое моделирование — это не биоинформатика, хотя и связана с биологическими задачами.

Биоинформатика использует методы прикладной математики, статистики и информатики. Исследования в вычислительной биологии нередко

пересекаются с системной биологией. Основные усилия исследователей в этой области направлены на изучение геномов, анализ и предсказание структуры белков, анализ и предсказание взаимодействий молекул белка друг с другом и другими молекулами, а также моделирование эволюции. Биоинформатика и её методы используются также в биохимии и биофизике. Основная линия в проектах биоинформатики — это использование математических средств для извлечения полезной информации из «шумных» или слишком объёмных данных о структуре ДНК и белков, полученных экспериментально.

Современная биоинформатика — весьма молодая, бурно развивающаяся и довольно непривычная для математиков и информатиков наука. Фактически это собрание различных математических моделей и методов в помощь биологам (в основном молекулярным биологам) для решения чисто биологических задач (предсказание пространственной структуры белков, расшифровка структуры ДНК, хранение, поиск и аннотация биологической информации и т.п.) Несмотря на наличие корня «информатика» в названии этой науки, она настолько пропитана биологией, что без довольно глубоких биологических знаний делать математику в ней нечего. В то же время область приложения математических знаний, в том числе и самых современных математических теорий здесь просто необъятна.

Биоинформатика ставит своей целью анализ и систематизацию огромного объема информации о живой природе. Эта задача требует широкого применения математических методов. Анализ огромного объема информации о структуре геномов «простейших» микроорганизмов, а тем более генома человека, поиск взаимосвязей в живых организмах, изучение эволюции, поиск гомологий в ключевых признаках — решение всех этих вопросов требует создания новых математических подходов.

Достижения в этой области позволяют расширять структуру и функции генетического аппарата клетки и разрабатывать планы создания биологических объектов, просто сидя за компьютером. Развитие биоинформатики позволит установить взаимосвязь между структурой и функцией в генетическом аппарате клетки и разработать новые пути управления и реконструкции биологических объектов, что должно предоставить невиданные до сих пор возможности для развития медицины и новых технологий для различных отраслей народного хозяйства. Как отмечает М.С.Гельфанд,

по сути, биоинформатика представляет собой несколько удобных технологий и набор конкретных задач, которые решают с их помощью¹.

Предмет биоинформатики — анализ геномов и создание модели обмена веществ. Геном — это «текст», состоящий из нескольких миллиардов «букв», их вводят в память компьютера, и можно, получая картинки, сравнивать геномы разных живых существ: человека и шимпанзе, мышки и собаки, одной и другой бактерии.

И биоинженер, и биоинформатик должны владеть математическими методами, иметь химические и биологические знания, компьютерные навыки.

Что требуется для проведения научных исследований в этих областях?

Тому, кто занимается биоинформатикой, прежде всего, нужен мощный суперкомпьютер. А биоинженерия — очень дорогая наука, и требуется дорогостоящее приборное оснащение.

Наиболее известной и наиболее эффективной областью применения биоинформатики в настоящее время является анализ геномов, тесно связанный с анализом последовательностей.

Этот раздел биоинформатики занимается анализом нуклеотидных и белковых последовательностей. В настоящее время разработаны эффективные экспериментальные методы определения нуклеотидных последовательностей. Определение нуклеотидных последовательностей стало рутинной хорошо автоматизированной процедурой.

Первый тип биоинформатической задачи — это задачи поиска в нуклеотидных последовательностях особых участков, участков, кодирующих белки, участков, кодирующих РНК, участков связывания с регуляторными белками и др. И это не всегда простые задачи, например, гены эукариотических организмов состоят из чередующихся «осмысленных» и «бессмысленных» фрагментов (экзонов и интронов), и расстояние между «осмысленными» фрагментами может достигать тысяч нуклеотидов.

Пусть ген найден. Что он кодирует? Зачем он нужен?

Если речь идет об участке ДНК, кодирующем белок, то с помощью весьма простой операции — трансляции с использованием известного генетического кода можно получить аминокислотные (белковые)

¹ Гельфанд М.С. Что может биоинформатика? // Химия и жизнь. 2009. № 9 [Электронный ресурс – <http://elementy.ru/lib/430895>].

последовательности. Из известных на сегодня 4 273 512 белков около 94% последовательностей — это именно такие гипотетические трансляты, и больше о них ничего не известно. Скорость поступления информации с автоматических секвенаторов превышает скорость нашего понимания ее смысла!

Генетические тексты — тексты с большой долей шума, сравнивая родственные последовательности, в ряде случаев удается отфильтровать шум и выявить сигнал, например, короткую последовательность нуклеотидов, способную связываться с белком-регулятором, или аминокислотные остатки в ферменте, отвечающие за связывание субстрата. Чтобы быть уверенными в результате, биоинформатики используют теорию вероятности и математическую статистику.

Создание новых экспериментальных технологий ставит перед биоинформатикой целый ряд новых задач. Например, развитие масс-спектрометрии позволяет (пока в принципе) в одном эксперименте проанализировать весь набор белков, присутствующий в клетке. Для решения этой задачи необходим совместный анализ спектров масс и геномов. Открытие новых биологических явлений и механизмов также приводит к появлению новых задач. Хорошим примером служит открытие РНК интерференции, за которую в 2006 году дали Нобелевскую премию по физиологии. Это открытие породило целый вал биоинформатических работ, посвященных поиску участков связывания микроРНК и новых микроРНК. Многие находки были затем подтверждены экспериментально.

Каждый белок, помимо своей уникальной последовательности аминокислот, из цепочки которых состоит его молекула, обладает ещё и уникальным способом укладки этой цепочки в пространстве. Задачу предсказания укладки по последовательности можно, в принципе, тоже считать задачей биоинформатики, но это задача в своём общем виде ещё слишком далека от своего решения. Поэтому структурная биоинформатика занимается анализом пространственных структур, уже определённых экспериментально.

Структур белков известно намного меньше, чем последовательностей белков. Это связано с тем, что экспериментальные процедуры для определения структуры намного сложнее, дороже, и к тому же (в отличие от секвенирования) не являются «рутинными», то есть их результат вовсе не гарантирован. Например, большинство лекарств представляют собой химические вещества, чьи

молекулы способны связываться — образовывать комплексы — с молекулами тех или иных белков (как правило, в результате такого связывания белок оказывается неспособен выполнять свою природную функцию, что и обеспечивает эффект лекарства). Исследование механизма действия лекарств имеет большое практическое значение, поэтому определением структуры комплексов молекул белков с молекулами лекарств занимаются многие экспериментальные группы.

- Примеры задач структурной биоинформатики:
- ✓ определение участков белковой молекулы, важных для той или иной функции данного белка;
 - ✓ сравнительный анализ структур родственных белков, классификация белков на основе их пространственной структуры;
 - ✓ анализ структур комплексов двух или нескольких молекул белка, комплексов молекул белка с другими молекулами; предсказание воздействия молекул химических веществ на молекулы белков;
 - ✓ предсказание структуры белка по структуре белка с похожей последовательностью.

В настоящее время определены полные или почти полные последовательности геномов многих организмов. Прочтение полной нуклеотидной последовательности какого-либо генома не является самоцелью. На самом деле это является первым шагом для исследования того, как функционирует та или иная клетка. Исследование геномов бактерий проводится для того, чтобы исследовать метаболизм бактерий и, в случае патогенных организмов, найти потенциальные мишени для лекарств. Экспериментальное определение функции только одного гена требует интенсивной работы одной лаборатории как минимум в течение нескольких месяцев. Компьютерный же анализ позволяет с известной степенью точности охарактеризовать несколько тысяч генов силами небольшой группы примерно за неделю. Разумеется, компьютерный анализ не исключает экспериментальную проверку, однако в этом случае экспериментальная работа существенно упрощается.

Компьютерный анализ геномов состоит из следующих основных элементов:

- ✓ Предсказание генов в последовательностях. При этом в некоторых случаях удается даже найти ошибки в последовательности.
- ✓ Предварительная аннотация по сходству и другим особенностям белковых последовательностей.

- ✓ Сравнительный анализ геномов.
- ✓ Исследование регуляции работы генов.

Другой класс исследований, проводимых компьютерной геномикой — полногеномный анализ и исследование эволюции. В частности с помощью массового анализа было обнаружено, что альтернативный сплайсинг в генах человека является скорее правилом, чем исключением. Эволюционный взгляд на проблему позволяет выдвинуть гипотезу о том, что сплайсинг, в частности альтернативный сплайсинг, является эффективным механизмом для эволюции, позволяющем без значительного риска для генома перебирать варианты последовательностей.

Существует широкий спектр методов и инструментов для компьютерного анализа биологических данных. Однако важно понимать границы применимости тех или иных методов — важна четкость постановки и необходимы соответствующие контроли.

Иногда существующие программы недостаточны для решения поставленных задач, или существующие программы имеют не достаточную точность, или для интересующей исследователя биологической задачи нет подходящих средств, или появился новый тип данных. В этом случае приходится разрабатывать новые алгоритмы и программы.

Особенностями специальностей являются значительное увеличение цикла математических и естественно-научных дисциплин (математика, информатика, физика, общая и неорганическая химия, аналитическая химия, органическая химия, физическая химия) и общепрофессиональных дисциплин (ботаника, зоология, молекулярная биология, биохимия, биоинформатика, микробиология, генетика, молекулярная генетика, вирусология, клеточная биология, иммунология, цитология, вирусология, эмбриология, нейробиология и др.).

На старших курсах согласно учебным планам будут изучаться дисциплины биотехнологического и биоинженерного профиля (генная инженерия; биоинженерия микроорганизмов, растений и животных; клонирование и трансплантация клеток; белковая инженерия; инженерная энзимология и др.), а также дисциплины, связанные с проектированием и оборудованием предприятий биотехнологической промышленности.

Кроме теоретической подготовки, большое внимание уделено практической составляющей подготовки специалистов. В учебном процессе будут активно использоваться деловые игры.

Демонстрационный материал будет представлен с помощью мультимедийной техники и видео-

фильмов. В помощь студентам на кафедрах созданы электронные учебники и электронные библиотеки. С помощью компьютеров будет проходить обучение, контроль и самоконтроль усвоения материала. В процессе обучения студенты будут выполнять и защищать курсовые работы, дипломные проекты и дипломные (квалификационные работы). Базой выполнения дипломных работ являются кафедры факультета и другие профильные институты.

Анализируя аспекты биомедицинской информатики, академик Н.А. Кузнецов предлагает выделить три условных класса:

1. Новые методы диагностики, основанные на измерении и анализе собственных физических полей человека.
2. Экспертные системы для целей диагностики и прогноза результатов лечения пациентов.
3. Вычислительная биология.

В Институте радиотехники и электроники им. В.А. Котельникова РАН и Институте прикладной физики РАН разработаны методы высокочастотной динамической термографии. Это методы пассивного измерения динамики распределения температуры на поверхности тела человека (инфракрасная термография) и глубинного распределения температуры (радиотермография и акустотермография). В настоящее время производятся опытные партии разработанных инфракрасных и акустических термографов, а также отлаживается программное обеспечение, созданное для этих приборов и обеспечивающее сбор, хранение и анализ термограмм.

Инфракрасный термограф успешно используется в клиниках для целей дифференциальной диагностики опухолей, заболеваний сосудистой системы, опорно-двигательного аппарата, в маммографии, а также для мониторинга и контроля качества физиотерапевтического лечения, связанного с нагревом участков тела человека различными физиотерапевтическими методами.

Акустический термограф, регистрирующий тепловое излучение тела человека в мегагерцовом диапазоне, предназначен для измерения температуры в глубине тела и используется для контроля нагрева при процедурах лазерной гипотермии молочной и щитовидной желез.

На основе использования сверхпроводниковых материалов в ИРЭ им. В.А. Котельникова РАН были разработаны высокочувствительные датчики для измерения магнитного поля. С использованием этих датчиков была выпущена опытная партия магнитокардиографов с соответствующим алгоритмическим и программным обеспечением для

диагностики значимых магнитокардиографических параметров, характеризующих состояние сердечно-сосудистой системы в норме и при различных заболеваниях. Были проведены клинические испытания для формирования диагностических заключений по результатам магнито-кардиографических обследований. В ходе обследований испытуемых был выявлен ряд диагностически значимых магнитокардиографических параметров электрических источников в сердце, которые позволяют объективно анализировать состояние миокарда в норме и патологии. В целом, результаты клинических испытаний позволили сделать вывод, что магнитокардиографический метод является эффективным инструментом для измерения и системной оценки параметров легочной, системной и сердечной гемодинамик.

Для компьютерной поддержки диагностических и прогнозных решений разрабатывается широкий класс экспертных (партнерских систем для самого широкого класса заболеваний). Основная идея построения таких систем состоит в обобщении опыта высококвалифицированных специалистов с использованием информационного материала, накопленного в учреждениях здравоохранения, медицины и биологии, связанного с обследованием и анкетированием пациентов, исследованием разных заболеваний и схем их лечения. Для построения программного обеспечения подобного рода экспертных систем используется весь спектр математических методов, таких, как теория алгоритмов, методы распознавания, математическая логика, оценивание и управление в условиях неопределенностей и т.д.

Разработка методов, алгоритмов и программного обеспечения для таких систем проводится, в основном, институтами Российской академии наук, таких, как: Вычислительный центр РАН, Институт прикладной математики РАН, Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Институт радиотехники и электроники им. В.А. Котельникова РАН, Институт программных систем РАН, Институт системного программирования РАН, Институт управления им. В.А. Трапезникова РАН, Институт вычислительной математики РАН, Институт вычислительных технологий Сибирского отделения РАН, Институт автоматики и электроники Сибирского отделения РАН, Институт систем обработки изображений РАН, Санкт-Петербургский институт информатики РАН и в университетах и институтах Министерства образования и науки РФ: Московском государственном университете им.

М.В. Ломоносова, Санкт-Петербургском университете, Московском физико-техническом институте, Московском государственном техническом университете им. Баумана и др., в содружестве с институтами Российской академии медицинских наук, институтами отделения биологических наук РАН и другими учреждениями медицины и здравоохранения. Отдельно следует упомянуть об исследованиях в области разработки экспертных систем для космической медицины и для телемедицины, лидером в проведении которых является Государственный научный центр РФ Институт медико-биологических проблем РАН.

Исследования в области биоинформатики и вычислительной молекулярной биологии проводятся в следующих областях:

- ✓ Разработка алгоритмов (распознавание генов и регуляторных сайтов, предсказание структуры РНК).
- ✓ Аннотация генов и геномов.
- ✓ Анализ регуляторных сигналов.
- ✓ Транскриптомика и анализ экспрессии генов.
- ✓ Структура белка.
- ✓ Молекулярная динамика пептидов, белков и РНК.
- ✓ Белок-ДНКовые взаимодействия.
- ✓ Моделирование метаболических и регуляторных сетей.
- ✓ Рациональное проектирование лекарств.
- ✓ Молекулярная эволюция и таксономия.

При этом развитие биоинженерии и биоинформатики требует применения новых исследовательских подходов, в качестве которых могут выступать конвергентные технологии.

Конвергентные технологии сегодня — это не просто новое научное направление, они представляют собой переход к новой парадигме развития науки и общества — новое качество науки и техники, а также новое состояние экономики и технологии. Сегодня мировая наука стоит перед необходимостью отказываться от узкой специализации и переходить к междисциплинарным исследованиям. Нано-, био-, инфо-, когнитивные технологии — основа развития науки и технологии будущего, перехода на принципиально новые, возобновляемые ресурсы и технологии, созданные по образцу живой природы, с использованием современных технологических достижений. Причем это не просто аддитивное соединение одной технологии с другой, а их конвергенция, взаимопроникновение, ориентация на единую цель. Все это требует тщательного философско-методологического осмысления.

Исследования и разработки в сфере когнитивных технологий могут быть осуществлены учеными и специалистами, владеющими прежде всего универсальным знанием, математической культурой и системным мышлением, а это отличительные черты и конкурентные преимущества ученых, входящих в группу российской науки. Первоначальными шагами в данном направлении могли бы стать:

- ✓ анализ методологии конвергентных технологий, включая реферирование имеющихся подходов;
 - ✓ создание центра компетенции по конвергентным технологиям и определение технологического облика России в данной сфере;
 - ✓ организация разработки нового класса продуктов и механизмов коммерциализации конвергентных технологий;
 - ✓ разработка новых учебных программ и внедрение образовательных практик в сфере конвергентных технологий;
 - ✓ разработка методологии управления инновациями и координация деятельности в сфере конвергентных технологий;
- Конвергентные технологии задают новую стратегию развития цивилизации и в этом качестве нуждаются во всестороннем социально-гуманитарном осмыслении, для чего необходимо эффективно использовать имеющийся интеллектуально-кадровый потенциал, традиции фундаментальной науки и способности к производству универсального знания для создания когнитивного стандарта как одного из ключевых направлений глобального развития конвергентных технологий.

Список литературы:

1. Баксанский О.Е. Когнитивные репрезентации: обыденные, социальные, научные. М., 2009.
2. Баксанский О.Е. Физики и математики: анализ основания взаимоотношения. М., 2009.
3. Баксанский О.Е., Гнатик Е.Н., Кучер Е.Н. Естествознание: современные когнитивные концепции. М., 2008.
4. Баксанский О.Е., Гнатик Е.Н., Кучер Е.Н. Нанотехнологии. Биомедицина. Философия образования. В зеркале междисциплинарного контекста. М., 2010.
5. Баксанский О.Е., Кучер Е.Н. Когнитивно-синергетическая парадигма НЛП: от познания к действию. М., 2005.
6. Баксанский О.Е., Кучер Е.Н. Когнитивный образ мира: пролегомены к философии образования. М., 2010.
7. Брунер Дж. Культура образования. М., 2006.
8. Гессен С.И. Основы педагогики. Введение в прикладную философию. М.: Школа-Пресс, 1995.
9. Гусинский Э.Н., Турчанинова Ю.И. Введение в философию образования. М.: Логос, 2000.
10. Наторп П. Избранные работы / Сост. В.А. Куренной. М.: Территория будущего, 2006.
11. Огурцов А.П., Платонов В.В. Образы образования. Западная философия образования. XX век. СПб, 2004.

References (transliteration):

1. Baksanskiy O.E. Kognitivnye reprezentatsii: obydennye, sotsial'nye, nauchnye. M., 2009.
2. Baksanskiy O.E. Fiziki i matematiki: analiz osnovaniya vzaimootnosheniya. M., 2009.
3. Baksanskiy O.E., Gnatik E.N., Kucher E.N. Estestvoznaniye: sovremennyye kognitivnyye kontseptsii. M., 2008.
4. Baksanskiy O.E., Gnatik E.N., Kucher E.N. Nanotekhnologii. Biomeditsina. Filosofiya obrazovaniya. V zerkale mezhdistsiplinarnogo konteksta. M., 2010.
5. Baksanskiy O.E., Kucher E.N. Kognitivno-sinergeticheskaya paradigma NLP: ot poznaniya k deystviyu. M., 2005.
6. Baksanskiy O.E., Kucher E.N. Kognitivnyy obraz mira: prolegomeny k filosofii obrazovaniya. M., 2010.
7. Bruner Dzh. Kul'tura obrazovaniya. M., 2006.
8. Gessen S.I. Osnovy pedagogiki. Vvedenie v prikladnyuyu filosofiyu. M.: Shkola-Press, 1995.
9. Gusinskiy E.N., Turchaninova Yu.I. Vvedenie v filosofiyu obrazovaniya. M.: Logos, 2000.
10. Natorp P. Izbrannyye raboty / Sost. V.A. Kurennoy. M.: Territoriya budushchego, 2006.
11. Ogurtsov A.P., Platonov V.V. Obrazy obrazovaniya. Zapadnaya filosofiya obrazovaniya. XX vek. SPb, 2004.