



De la táctica didáctica a la práctica investigativa: experiencia desde la bioinformática

From Didactic Tactics to Investigative Practice: An Experience from Bioinformatics

Autores

Carlos Andrés Pérez Galindo

Biólogo genetista, especialista en Simulación Molecular. Maestría en Bioinformática y doctorando en Biotecnología. Director del Centro de Investigación en Ciencias Básicas, Ambientales y Desarrollo Tecnológico (CICBA) de la Universidad Santiago de Cali (Colombia). Líneas de investigación: Secuencias reguladoras de la transcripción; Caracterización filogenética y Educación virtual. Correo: caperez@usc.edu.co

Jorge Alberto Rodríguez Herrera

Ingeniero químico, especialista en Simulación de Procesos, Máster en Administración de Empresas, candidato a Máster en *e-learning*. Coordinador del Área de Producción de Objetos Virtuales de Aprendizaje del Departamento de Educación virtual de la Universidad Santiago de Cali (Colombia). Correo: jorge.rodriguez01@usc.edu.co

Recibido: 11 de julio de 2007

Aprobado por árbitro externo: 26 de noviembre de 2007

Contenido

1. Introducción
2. Materiales y método
 - 2.1. Estructura del curso
3. Resultados
4. Conclusiones
5. Referencias bibliográficas



Resumen. La utilización de la Bioinformática en entornos colaborativos virtuales y de animaciones computacionales para el aprendizaje de la Biología Molecular permiten introducir al estudiante en la práctica investigativa, en la formación investigativa y en la investigación en sentido estricto.

En este contexto las prácticas se convierten en simulaciones de situaciones experimentales y en puntos metodológicos propios de la investigación actual en Biotecnología. Dichas prácticas conducen directamente a un modelo pedagógico centrado en el estudiante; por ello, toda la táctica didáctica se debe enfocar en un modelo eficaz y fundamentado en el aprender haciendo; es decir, en una implicación activa, intencional y apasionada de la práctica investigativa que, en este caso, tiene que ver con los aspectos más diversos del universo molecular.

Los resultados que se obtienen a partir de todo lo anterior son: el entendimiento de la orientación epistemológica fundamentada en el indeterminismo gracias a la experimentación mediante la virtualidad y la utilización de la evolución biológica a nivel molecular para el desarrollo tecnológico.

Palabras claves. Bioinformática, Didáctica, Investigación formativa y científica en sentido estricto, Táctica.

Abstract. Both the use of Bioinformatics in Collaborative Virtual Environments (CVE) and the incorporation of computer animations for Molecular Biology's learning allow students to enter investigative practice, investigative training, and research in the strict sense.

In this context, practices become simulations of experimental situations and methodological approaches of current investigation in Biotechnology. Given such practices lead directly to a student-centered pedagogical model, all didactic tactics should be focused on an effective model and based on learning by doing methodology. That means an active, intentional, and passionate incorporation of investigative practice, which, in this particular case, has to do with the most diverse aspects of the molecular universe.

The results obtained from applying this method shall be: a) the understanding of epistemological orientation based on the indeterminism thanks to experimentation through virtuality, and b) the use of biological evolution to molecular level for technological development.

Key Words and Expressions. Bioinformatics, Didactics, Formative and Scientific Research in the Strict Sense, Tactics.



1. Introducción

En el marco de la evaluación continua de la educación superior colombiana, uno de los aspectos que deben retomar las instituciones universitarias es la relación directa entre calidad educativa y práctica investigativa, entendida ésta no sólo como el accionar investigativo, sino también como la posibilidad de utilizar la investigación en la acción docente¹, rescatando el espíritu de la ley 30 de 1992 sobre investigación que se refiere a la búsqueda y generación de conocimiento. Es en este punto en donde se centra nuestra estrategia para la promoción de la curiosidad, la discusión argumentada de ideas, el planteamiento de problemas y metodologías para afrontarlos, la validación de hipótesis y el trabajo grupal para involucrar directamente a los estudiantes en el análisis y evaluación de ideas; además, habituarlos al pensamiento crítico-reflexivo y llevarlos al fortalecimiento de la responsabilidad por su propio aprendizaje².

El área de conocimiento y trabajo a partir de la cual se han obtenido las experiencias educativas mencionadas en este artículo, se han diseñado los módulos que comprenden las actividades investigativas, las tareas, las tutorías, las simulaciones y las animaciones computacionales y demás componentes didácticos para estimular y orientar los procesos de aprendizaje de los estudiantes es la Bioinformática, la cual (presente hoy en día en la totalidad de áreas que abarca la Biología) se ha orientado hacia la investigación en Biología Molecular.

La bioinformática es una poderosa herramienta táctica para el aprendizaje, no sólo por su necesidad aplicativa en la biotecnología para el tratamiento y análisis de información biológica y biomédica, sino también porque sus métodos y sistemas están basados en las tecnologías de la información, permitiendo integrar a los métodos de aprendizajes, ambientes colaborativos virtuales, bases de datos en línea sobre genómica y

¹ Restrepo Gómez, Bernardo. Conceptos y aplicaciones de la investigación formativa, y Criterios para evaluar la investigación científica en sentido estricto. Bogotá: CNA. Disponible en Internet:
<http://www.cna.gov.co/cont/documentos/doc_aca/con_apl_inv_for_cri_par_eva_inv_cie_se_n_est_ber_res_gom.pdf>

² Thomas, J. W. A Review of Research on Project-based Learning. California: San Rafael, marzo. 2000. [citado 26 nov., 2007]. Disponible en Internet:
<http://www.bobpearlman.org/BestPractices/PBL_Research.pdf>



proteómica, experimentos sobre expresión de genes y una gran cantidad de herramientas para la planificación experimental.

La columna del modelo didáctico eficaz es el aprender haciendo, involucrando activa e intencionalmente a los estudiantes en proyectos de intervención sobre los aspectos más diversos de la realidad natural; para lo cual se parte de situaciones e interrogantes, se planifican y diseñan procesos y actividades de toma, selección, organización y contraste de la información adecuada al problema o a los interrogantes planteados, así como la generación de hipótesis explicativas o interpretativas.

Lo anterior lleva a una práctica investigativa toda vez que se ubica al estudiante en situaciones propias de la investigación propiamente dicha en las cuales se deben tener en cuenta variables estocásticas, haciendo que (a diferencia de los textos en donde los ejemplos y los modelos son ideales y determinados) los resultados sean variables, por lo cual cobra especial interés su explicación y el porqué de su variación.

La susceptibilidad de la práctica al indeterminismo conduce al estudiante a un universo de posibilidades en donde la capacidad de diseñar experimentalmente métodos que le permitan valorar sus hipótesis se resalta constantemente, simulando la realidad que tendrá que enfrentar como profesional, además de un proceso biológico.

Al inicio del curso la practica investigativa mediante la bioinformática genera en los estudiantes rostros casi homogéneos y tendientes al desconcierto cuando ven que las herramientas computacionales no son absolutistas en cuanto a resultados, que la ciencia no es un dogma sumergido en la infalibilidad y que la teoría de los textos resulta en muchos casos relativa para explicar la realidad. Ese es el punto de partida para abordar el estudio natural, pues es necesario tener consciencia de que se está en el mar del indeterminismo y de que es posible afrontarlo sin temores gracias a la capacidad de cómputo y procesamiento de información que se tiene actualmente, entendiendo el sentido epistemológico de lo que se aprende.

Hay otro elemento importante implícito en el aprendizaje mediante la bioinformática, es la interactividad constante entre el estudiante y las tácticas didácticas que son las mismas herramientas investigativas, haciendo del aprender un descubrimiento y de la tecnología interactiva una motivación que estimula el aprendizaje mediante la posibilidad de un control



sobre el propio proceso de aprendizaje³, pues incita a las personas que aprenden a tomar decisiones sobre cómo y qué aprender.

No sólo se busca probar una hipótesis, alcanzar un objetivo investigativo o entender qué ocurre a nivel molecular en un fenómeno determinado. La misma herramienta tecnológica se convierte en un objeto de exploración, pues la variación de los parámetros de la misma exhibe entornos, respuestas y procesos radicalmente diferentes; estos cambios son fundamentados por hechos reales, lo cual es propio de las posibilidades en el universo molecular. Lo anterior genera una lluvia de relatividades o un grupo de aristas determinadas por los parámetros establecidos; en ese momento se inicia una exhibición de la manera como interactúan las variables del fenómeno en estudio.

2. Materiales y método

El curso está orientado a estudiantes de Biología sin formación previa en sistemas operativos y con poca profundización en informática y telemática. Debido a la facilidad de integración de medios didácticos computacionales de una manera planificada y organizada, se ha elaborado un curso en un ambiente colaborativo virtual utilizando la plataforma DOKEOS⁴.

La plataforma cuenta con una opción denominada itinerario formativo que permite organizar de manera secuencial la estructura de medios que necesita el estudiante para el logro de los objetivos. Cada itinerario está constituido por plantillas en HTML que contienen texto explicativo (objetivo del módulo, introducción, actividades prácticas, guía sobre desarrollo del módulo, referencias...), imágenes alusivas a los temas, audio sobre explicaciones del tutor, animaciones computacionales sobre los procesos biológicos moleculares, enlaces al foro correspondiente, descripción de actividades evaluativas, enlaces a las herramientas analíticas y bases de datos de secuencias de genes, proteínas, ontologías, vías metabólicas, diseño experimental y experimentos de expresión génica.

Aunque el curso es presencial, cada estudiante va desarrollando en la plataforma cada punto del itinerario según el entendimiento de cada ítem.

³ Duart, J.M. Aprender en la virtualidad. 1 ed. España: Gedisa, 2002.

⁴ Dokeos es una plataforma de teleformación de código abierto utilizada por más de 600 empresas y administraciones públicas para gestionar sus programas de formación mixtos y virtuales: <http://www.dokeos.com>



Las inquietudes que van surgiendo se resuelven de manera grupal en el foro con el objetivo de fomentar la comunicación escrita. La plataforma dispone de un espacio de trabajo en el que los estudiantes pueden intercambiar y socializar los trabajos que elaboran tanto de forma individual como grupal. El tutor dispone de opciones en la plataforma que le indican el porcentaje de desarrollo de cada módulo por parte del estudiante y el grado de interacción con la plataforma y los otros integrantes del curso.

2.1. Estructura del curso

El curso está constituido por cuatro módulos:

Módulo 1 - Introducción a la bioinformática: el contenido de este módulo está referido al estudio de las biomoléculas, biología molecular, bioquímica, bases de datos (conceptos, construcción de bases de datos, bases de datos biológicas), interacción entre biomoléculas, algoritmia y programación.

La búsqueda en internet de secuencias biológicas en las bases de datos es una de las herramientas de mayor uso en esta área, además es un punto metodológico necesario en los estudios experimentales que permite determinar la secuencia desconocida producto de la secuenciación y tener una aproximación a su valor biológico. En este módulo no sólo se busca familiarizar al estudiante con la consulta de las bases de datos, tanto las primarias como las secundarias y compuestas, habituarlos en el uso de palabras clave y la manera de combinarlas para sacar el máximo provecho posible, sino también que el estudiante logre competencias en el uso de las herramientas informáticas para deducir el rol biológico de una secuencia de ADN mediante la relación de variables tanto ambientales como moleculares.

Módulo 2 – Análisis de secuencias biológicas: este módulo está conformado por los temas sobre algoritmos de alineamientos, algoritmos de búsqueda, árboles filogenéticos y análisis biológico (secuencia y evolución), análisis de variación poblacional median SNPs (single nucleotide polymorphisms).

Cuando se inicia una investigación en filogenia molecular, genómica, proteómica, transcriptómica, etc., se puede comenzar con un procedimiento de análisis del conjunto de secuencias de estudio mediante un procedimiento de comparación. De esta manera se puede obtener la mayor información acerca de una secuencia problema. Computacionalmente esta área ofrece muchos atractivos en los aspectos formales, algorítmicos y de rendimiento. En este módulo, además de proporcionar una metodología para



el manejo de los programas de comparación, se revisan los algoritmos y los elementos que intervienen en dicho análisis, pero al mismo tiempo el estudiante entiende mediante la experimentación que los algoritmos no son absolutistas y que en el momento de ejecutarse deben tener una configuración previa dependiendo de lo que se está buscando, de la secuencia problema y del objeto investigativo.

Hay biólogos que al utilizar estas herramientas no tienen en cuenta que el área de validación de los resultados es la estadística, y el azar está implícito en los resultados en diferentes medidas dependiendo de lo que se busque. De ahí que el valor esperado para secuencias de genes o regiones codificadoras no pueda ser igual a marcadores moleculares de ADN, secuencias EST, STS, GSS, HTGS. Implícitamente, el estudiante inicia una aproximación evolutiva a la estructura de la secuencia mediante la práctica; los parámetros de búsqueda del algoritmo no pueden ser los mismos para secuencias ricas en nucleótidos o aminoácidos sin valor biológico, pero altamente repetidos como son las prolina y las secuencias de adenina.

Cuando se realizan estudios en biología molecular mediante la bioinformática hay que agradecer profundamente a todo el indeterminismo de la naturaleza expresado desde el *big bang* hasta la evolución biológica, la cual es un eje transversal en los estudios de esta área. Mediante la práctica investigativa y utilizando la evolución como derrotero, el estudiante profundiza ampliamente sobre el análisis de genes mediante su comparación evolutiva, proporcionando un especial valor a la filogenia que la sitúa no solamente como una relación evolutiva, sino también como una herramienta para la identificación, predicción de estructuras y funciones proteicas.

La práctica investigativa hace tenue la identidad biológica y posiciona la semejanza. El estudiante no se puede quedar en la degeneración del código genético como simple consideración analítica; antes bien, debe recurrir a la evolución para determinar si las variaciones de aminoácidos por otros similares son frecuentes o no, pueden o no tener influencia sobre la función global de la proteína. Es necesario considerar las inserciones y *delecciones*, la probabilidad de mutación de cada aminoácido e incorporar el conocimiento biológico de la secuencia en el método de variación. La práctica investigativa conduce, en este punto, a la necesidad de discutir la forma y la estimación de las tasas de mutación en los aminoácidos. No es lo mismo afrontar una investigación de evolución molecular cuando no se conoce *a priori* la semejanza de las secuencias y cuando es necesario que los resultados no se sesguen debido al mayor número de representantes de una misma familia de proteínas.



Módulo 3 – Genómica: el contenido se enfoca al desarrollo de competencias para la identificación y modelado de genes, ensamblaje de secuencias de ADN en el proceso de secuenciación, el gen informático (estructuras y modelos: matrices de pesos, modelos de Markov) y expresión génica.

En esta unidad el estudiante debe aproximarse a la manera como se han obtenido los datos experimentales de secuenciación y expresión de genes, con el objetivo de disminuir los errores propios del proceso experimental. Las prácticas y ejercicios guiados son laboratorios virtuales que simulan los procesos que se deben de realizar para obtener resultados estadísticamente significativos, disminuyendo los errores sistemáticos y aleatorios.

Es fundamental retomar los componentes de la estructura del ADN a nivel de tipo de secuencias que lo conforma. De nuevo, la práctica investigativa no sólo permite afianzar los conceptos, sino también llevar la teoría a la práctica con el fin de distinguir las regiones codificadoras de las no-codificadoras, y de esta manera validar los resultados comparativos de los principales programas de predicción computacional de genes.

Con la práctica investigativa realizada en el módulo anterior y el actual, el estudiante puede complementar sus estudios investigativos sobre marcaje molecular para estudios de biodiversidad o caracterización filogenética. Si a esto se le suman las prácticas investigativas en genómica comparada que permiten el análisis y comparación de genomas completos y los estudios de desequilibrio de ligamiento o gamético, se facilita la localización de marcadores específicos del genoma humano y de otras especies de interés económico para el planteamiento de experimentos de menores costos, cuando no se cuenta con equipos para la secuenciación de ADN o para la elaboración de micro arreglos.

Módulo 4 – Proteómica: los contenidos están orientados a estudiar los diferentes procedimientos bioinformáticos para determinar las estructuras de proteínas y la comparación cuantitativa y cualitativa de los proteomas bajo diferentes condiciones experimentales para revelar los procesos biológicos subyacentes.

Paralelamente al desarrollo de los cuatro módulos se plantean laboratorios virtuales enfocados a la planificación experimental para el diseño de *primers* para PCR (polymerase chain reaction) y modificación de la información genética mediante la clonación del ADN y su utilidad biotecnológica. El estudiante simula gran parte de la actividad de laboratorio, con el valor agregado de que la configuración de equipos como el termociclador no se va



a limitar exclusivamente al ensayo y al error. Además, puede obtener la resolución más probable de los geles para evaluar la PCR y la transformación o incorporación de ADN a una célula hospedera. Las bases de datos con las que se trabajan son las mismas de los laboratorios que producen las enzimas de restricción, obteniéndose una gran gama de posibilidades que pueden tener repercusiones positivas en los costos del experimento.

Para el diseño de los *primers* el estudiante tiene una secuencia problema en la cual debe determinar la zona de interés a amplificar, para ello debe tener en cuenta el tamaño del oligonucleótido, temperatura de fusión (T_m), especificidad, secuencias complementarias, contenido en G/C y trectos de polipirimidinas (T, C) o polipurinas (A, G), secuencia 3' terminal, secuencia 5' terminal y regiones centrales. Además de calcular los valores de las variables indicadas, debe hacerlas interactuar para obtener secuencias con probabilidad variable de amplificación. De nuevo, lo importante de estas prácticas investigativas no es solamente la obtención de los resultados, sino entender la variación de los mismos y el porqué unos son más apropiados que otros para el diseño experimental.

3. Resultados

La utilización de la bioinformática como herramienta didáctica e investigativa para el estudio de fenómenos biológicos moleculares conduce a la planificación experimental, a la profundización conceptual y abarca la discusión de una manera similar a la referida en la práctica investigativa; así surgen respuestas que no parecen obvias a la vista de los resultados de los experimentos.

La bioinformática se convierte en un excelente puente que integra la investigación biotecnológica y las tecnologías de la información, facilitando la constitución de redes académicas e investigativas; en este proceso los datos para el estudio provienen de experimentos desarrollados por toda la comunidad científica mundial, convirtiéndose en un excelente medio para la actualización metodológica.

Los estudiantes que han realizado, bajo los esquemas pedagógicos tradicionales, sus estudios en biología molecular, estructura y función cromosómica y evolución, y luego realizan estudios en bioinformática desde la práctica investigativa, trascienden de la teoría a la experimentación al desarrollar competencias en nuevas técnicas investigativas. Asimismo, tienen la posibilidad de plantear nuevos diseños experimentales que impliquen reducción de costos, con lo cual aumenta la posibilidad de realizar una mayor cantidad de experimentos y de acercarse a la informática como



una poderosa herramienta para estudiar los fenómenos naturales desde la complejidad.

El grado de interactividad con las herramientas didácticas por parte de los estudiantes es mucho mayor y constante durante el curso cuando se utilizan las tecnologías de la información, y la pedagogía se centra en su aprendizaje. La integración de la teoría, las prácticas virtuales, las simulaciones experimentales, los hipervínculos y las herramientas didácticas multimediales mediante los entornos colaborativos virtuales, facilitan la generación de espacios comunes de trabajo y comunidades virtuales, mediante el aprendizaje como punto de unión inicial que se constituye gradualmente a medida que se desarrollan el curso y los espacios de intercambio grupal.

Esto conduce a que cada estudiante se convierta en una persona activa, no sólo en su aprendizaje, sino también en el de sus compañeros, generándose comunidad académica. Para este tipo de curso es importante su localización en la currícula; lo más apropiado es situarlo en el ciclo profesional, tiempo en el cual el estudiante debe de tener bases sólidas en las áreas básicas de la biología, permitiendo evaluar los conceptos aprendidos, conocer y plantear nuevas formas de aproximarse al estudio de fenómenos biológicos y considerar nuevas líneas de investigación.

La utilización de la práctica investigativa como herramienta didáctica, mediante la bioinformática, hace que la actividad educativa pase de una enseñanza masiva a un aprendizaje personalizado; de la memorización de contenidos al aprendizaje mediante la experimentación; del aprendizaje aburrido por falta de actividad al aprendizaje divertido y desafiante con un alto contenido gráfico y capacidad de análisis; del aprendizaje que utiliza los libros como soporte al aprendizaje con herramientas biotecnológicas de punta; del aprendizaje fundamentado en la teoría ideal al aprendizaje surgido de la realidad; de la discusión sobre la teoría a la discusión sobre la práctica; del determinismo y de las variables controladas al indeterminismo y a la valoración de los resultados por las probabilidades.

4. Conclusiones

- La bioinformática permite integrar las tecnologías de la información y la comunicación a los procesos de aprendizaje mediante la practica investigativa.
- Las prácticas deben estar orientadas hacia la resolución de problemas que estén relacionados con las líneas de investigación de la institución en donde



se desarrolla el curso o con entidades en donde los estudiantes pueden desarrollar investigación mediante convenios.

- La utilización de las herramientas bioinformáticas no sólo forman al estudiante en aspectos biotecnológicos, sino en procesos de transferencia tecnológica.

- La práctica investigativa mediante la bioinformática conduce al aprendizaje colaborativo debido a que el análisis de problemas puede llevar a diferentes soluciones con la misma probabilidad de ser válidas, lo que amerita discusiones colectivas.

- No se pueden orientar las prácticas solamente hacia el conocimiento de las herramientas informáticas, debido a que fracciona la metodología que permite el estudio de un fenómeno biológico. Es fundamental plantear una táctica didáctica fundamentada en la práctica investigativa que conduzca al planteamiento claro de los problemas y a la manera de integrar los diferentes medios bioinformáticos en la metodología experimental y análisis de resultados.

- La planeación de las ayudas multimediales, animaciones computacionales, textos de apoyo e hipervínculos que se vayan a incluir en el itinerario formativo, deben partir de la práctica investigativa que se quiere implementar.

- La práctica investigativa genera relaciones temáticas y aplicativas entre los diferentes módulos que conforman el curso, proporcionado al estudiante un hilo conductor claro que fomenta el autoaprendizaje.

- La elaboración del curso virtual de bioinformática lo convierte en un importante medio de consulta en línea que fomenta el desarrollo de habilidades técnicas de los estudiantes.

- Mediante la bioinformática, los estudiantes dejan de percibir la evolución biológica como algo abstracto y la convierten en una herramienta para afrontar estudios en genómica, proteómica y búsqueda de patrones a nivel de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas.

- La simulación computacional se integra a la formación de los biólogos como una poderosa herramienta para la planificación experimental.

- Los cursos de bioinformática permiten plantear diseños experimentales a bajos costos en el área de biología molecular.



5. Referencias bibliográficas

- DUART, J.M. Aprender en la virtualidad. 1 ed. España: Gedisa, 2002.

- RESTREPO GÓMEZ, Bernardo. Conceptos y aplicaciones de la investigación formativa, y Criterios para evaluar la investigación científica en sentido estricto. Consejo Nacional de Acreditación (CNA). Bogotá: 2002. [citado 10 jun., 2007]. Disponible en Internet: <http://www.cna.gov.co/cont/documentos/doc_aca/con_apl_inv_for_cri_par_eva_inv_cie_sen_est_ber_res_gom.pdf>

THOMAS, J. W. A Review of Research on Project-based Learning. California: San Rafael, marzo. 2000. [citado 26 nov., 2007]. Disponible en Internet: <http://www.bobpearlman.org/BestPractices/PBL_Research.pdf>