

DIDÁCTICA DESDE LA PRÁCTICA INVESTIGATIVA MEDIANTE LA PLANIFICACIÓN Y EXPERIMENTACIÓN VIRTUAL

TEACHING FROM RESEARCH THROUGH PRACTICE PLANNING AND VIRTUAL TESTING

Carlos Andrés Pérez Galindo

Grupo de Investigación en Biotecnología y Medio Ambiente (GIBMA) – Centro de Investigaciones en Ciencias Básicas, Ambientales y Desarrollo Tecnológico (CICBA), Universidad Santiago de Cali.

RESUMEN

La utilización de la informática, de 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 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. No se puede orientar la práctica, 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 bioinformáticas en la metodología experimental y análisis de resultados. 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.

Palabras clave: Bioinformática, didáctica, investigación formativa y científica en sentido estricto, táctica.

Recibido: agosto 30 de 2009

Aceptado: septiembre 22 de 2009

Correspondencia: Universidad Santiago de Cali. Email: pegaso107@gmail.com

ABSTRACT

The use of information technology, collaborative virtual environments and animations for learning computational molecular biology, allow to introduce students to research practice in research training and research in the strict sense. In this context, the practices become simulations of experimental situations and their own methodological point of current research in Biotechnology. Such practices lead directly to a model student-centered teaching, which is why all the tactics teaching should focus on an effective model and based on learning by doing, ie in active involvement, intentional and passionate about research practice that In this case, deals with various aspects of molecular world. The results obtained are: understanding the epistemological orientation based on indeterminism thanks to experiments using virtual reality and the use of biological evolution at the molecular level for technological development. You can not guide practice, only to knowledge of computer tools, because they split the methodology to study a biological phenomenon. It is essential to raise educational tactics based on research practice that leads to the clear statement of the problems and how to integrate the various means of bioinformatics in the experimental methodology and results analysis. The research practice generates thematic relations and procedures between the different modules that make up the course, provided the student a clear thread that encourages independent learning.

Keywords: Bioinformatics, teaching, research and scientific training in the strict sense tactics.

1. INTRODUCCION

Con la evaluación continua de la educación superior colombiana, uno de los aspectos a retomar por todas las instituciones Universitarias, es la relación directa entre calidad educativa y práctica investigativa, entendida 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, el cual se refiere a la búsqueda y generación de conocimiento. Es en este punto, en donde se centra nuestra

estrategia; 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.

El área de conocimiento y trabajo a partir de la cual se ha obtenido la experiencias educativas expresadas en el presente escrito, diseñado los módulos que comprenden actividades investigativas, tareas, tutorías, simulaciones y animaciones computacionales y demás

¹ Bernardo Restrepo Gómez. Conceptos y Aplicaciones de la Investigación Formativa, y Criterios para Evaluar la Investigación científica en sentido estricto.

componentes didácticos para estimular y orientar los procesos de aprendizaje de los estudiantes es la Bioinformática, la cual, aunque hoy en día esta presente en la totalidad de áreas que abarca la Biología, se ha orientado hacia la investigación en Biología Molecular. La Bioinformática se convierte en 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 proteómica, experimentos sobre expresión de genes y una gran cantidad de herramientas para la planificación experimental.

La columna del modelo didáctico eficaz es aprender haciendo, involucrándose activa e intencionalmente en proyectos de intervención sobre los aspectos más diversos de la realidad natural, permitiendo y requiriendo partir de problemas e interrogantes, planificar y diseñar procesos y actividades de toma, selección, organización y contraste de la información adecuada al problema o a los interrogantes planteados, generación de hipótesis explicativas o interpretativas. Esto conduce a una práctica investigativa, pero colocando al estudiante en situaciones propias de la investigación propiamente dicha, en donde 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, cobrando especial interés su explicación y el porqué de su variación. Esto 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 práctica 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. En algunos estudiantes sus rostros merodean los gestos de terror cuando el resultado es un cúmulo de posibilidades con igual posibilidad. Ese es el punto de partida para abordar el estudio natural, concientes de que se esta en el mar del indeterminismo y que es posible afrontarlo sin temores gracias a la capacidad de computo y procesamiento de información que se tiene actualmente, entendiéndose 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 aprendizaje, 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, entender que ocurre a nivel molecular en un fenómeno determinado. La misma herramienta se convierte en un objeto de exploración y como la variación de los parámetros de la misma exhibe entornos, respuestas y procesos radicalmente diferentes, en donde estos cambios son fundamentados por hechos reales, propio de las posibilidades en el universo molecular. Este hecho planteado de tal manera que incite a la discusión, en un entorno colaborativo presencial o virtual, genera una lluvia de relatividades, un grupo de aristas determinadas por los parámetros establecidos, en ese momento se inicia una exhibición de la manera de interactuar las variables del fenómeno en estudio.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

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 DOKEOS².

² <http://www.dokeos.com>

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; textos explicativos y referencias de estos a las imágenes, animaciones y audio disponibles en el curso; ejercicios generales), 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. 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, base 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 utilizar todas 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 el 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 lo son las prolinas y las secuencias de adenina.

Mediante la practica investigativa y colocando a 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 y 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 deleciones, 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); 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 de 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 practica, 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 suma 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 que la configuración de equipos como el termociclador no se va a limitar exclusivamente al ensayo y 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 y 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 variables de amplificación. De nuevo, lo importante de estas prácticas investigativas no es solamente la obtención de los resultados, sino también, entender la variación de los mismos y el porque 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, donde 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, Evolución y luego realizan estudios en Bioinformática desde la práctica investigativa, trascienden de la teoría a la experimentación, desarrollando competencias en nuevas técnicas investigativas y teniendo la posibilidad de plantear nuevos diseños experimentales que impliquen reducción de costos, aumentando la posibilidad de realizar una mayor cantidad de experimentos y acercándose 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, prácticas virtuales, simulaciones experimentales, hipervínculos y herramientas didácticas multimediales mediante los entornos colaborativos virtuales,

facilitan la generación de espacios comunes de trabajo y comunidades virtuales en los que el aprendizaje es el punto de unión inicial. Constituyendo gradualmente, a medida que se desarrolla el curso, 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 práctica 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 también, se dan procesos de transferencias tecnológica.
- La práctica investigativa mediante la Bioinformática, conduce al aprendizaje colaborativo, debido a que la solución de problemas puede conllevar a diferentes soluciones con la misma probabilidad de ser válidas, lo que amerita discusiones colectivas.
- No se puede orientar la práctica, 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 bioinformáticas 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. BIBLIOGRAFÍA

1. Diaz, Mario. Flexibilidad y organización de la educación superior. Documento ICFES.p.63.
2. Duart, J.M. La motivación como interacción entre el hombre y el ordenador en los procesos de formación no presencial. En el libro Aprender en la virtualidad, compilado por Duart, J.M. y Sangrà, A. Gedisa, 2000.
3. Gómez, Bernardo. Conceptos y Aplicaciones de la Investigación Formativa, y Criterios para Evaluar la Investigación científica en sentido estricto. Consejo Nacional de Acreditación..
4. http://www.cna.gov.co/cont/documentos/doc_aca/con_apl_inv_for_cri_par_eva_invcie_sen_est_ber_res_gom.pdf
5. Gros, Begoña. El ordenador invisible. Barcelona: Gedisa, 2000.p.40.
6. Rosen, L. Computer availability, computer experience and technophobia among public school teachers. Computers in Human Behavior.1995. 11 (1), 9-31.