

edmetic

Revista de Educación Mediática y TIC



Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería genética
Bioinformatics as educational resource: Genetic engineering project

174

Fecha de recepción: 29/04/2017
Fecha de revisión: 22/05/2017
Fecha de aceptación: 24/05/2017

Cómo citar este artículo:

Olaya-Abril, A. y Cejas-Molina, M. (2018). Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería genética. *EDMETIC, Revista de Educación Mediática y TIC*, 7(1), 174- doi: <https://doi.org/10.21071/edmetic.v7i1.10027>

Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería genética

Bioinformatics as educational resource: Genetic engineering project

Alfonso Olaya-Abril¹ y María Cejas-Molina²

Resumen:

La utilización de medios informáticos para procesar los contenidos curriculares de las diferentes materias, así como para aprender su propio manejo, ha crecido exponencialmente en los últimos años. El uso de las Tecnologías de la Información y la Comunicación (TIC) pueden contribuir al acceso universal a la educación mediante microproyectos de bajo coste. Sin embargo, para ello hay que diseñar y desarrollar proyectos educativos coherentes con las necesidades educativas. Con este proyecto, programas bioinformáticos básicos necesarios para el desarrollo de un proyecto de ingeniería genética se transformarán en recursos educativos con los que el alumnado no solo adquirirá nociones básicas sobre el uso y manejo de estos programas -que les serán requeridos en su vida profesional como científicos-, sino que les servirá para afianzar y contextualizar conceptos relacionados con el propio proceso. Partiendo del objetivo de la mutación de un gen concreto, el alumnado será capaz de desarrollar una estrategia que le reporte una gran cantidad de información sobre éste usando únicamente medios informáticos.

Palabras claves: Ingeniería genética, bioinformática, gen, TIC.

Abstract:

The use computational tools to process curricular contents of the different subjects, as well as to learn their own management, has grown exponentially in recent years. The use of Information and Communication Technologies (ICT) can contribute to universal access to education, equality in education, the exercise of quality teaching and to the learning and professional development of teachers, as well as to a more efficient management and administration of the education system. However, it is necessary to design and develop educational projects that are consistent with educational needs. With this project, based on the use of basic bioinformatics programs within the framework of a genetic engineering project, students will not only acquire basic notions about the use and management of these programs, which will be required in their professional life as scientists, but also it will serve to strengthen and contextualize concepts related to the process itself. Based on the objective of mutation of a particular gene, students will be able to develop a strategy that will report a large amount of information about it using only

¹Universidad de Córdoba, Córdoba (España); b22olaba@uco.es, Código ORCID: orcid.org/0000-0002-8961-1099

²Instituto de Educación Secundaria Averroes, Córdoba (España); mariacejasmolina@gmail.com, Código ORCID: orcid.org/0000-0002-0744-3993

computational tools.

Keywords: Genetic engineering, bioinformatic, gen, ICT

1. Introducción

El docente actual debe poseer toda una serie de características, reconocidas no solo en numerosos trabajos (Santos Guerra 2001, 2003; Escudero 2010, Pérez Gómez 2010; Shön 1992), sino también en las propias normativas que legislan la educación en España (apartado 3 -objetivos-, de la Orden ECI/3858/2007). Entre estas competencias se incluyen las relacionadas con el aprendizaje y la innovación, de alfabetización digital y para la vida y la carrera profesional (Trilling y Fadel, 2009). Por tanto, se deben potenciar a todos los niveles el desarrollo de éstas, toda vez que es también necesario que los proyectos educativos se contextualicen a la realidad social y económica del lugar en el que se desarrolla (Calderón, 2015) y se actualice la bibliografía a usar, considerado por muchos autores como un obstáculo en el camino del aprendizaje de las ciencias (McDermott 2014; Real Decreto 850/1993). La llegada de las Tecnologías de la Información y la Comunicación (TIC) ha permitido tener una gran cantidad de información disponible, habiendo transformado tanto los ordenadores como los dispositivos móviles (tablets, teléfonos inteligentes, etc.) en herramientas que, de forma guiada (Gil 1997), facilitan la investigación a diferentes niveles sin necesidad de laboratorios experimentales (García-Molina 2011, Velasco *et al.* 2012).

La Bioinformática es el uso de técnicas computacionales, matemáticas y estadísticas para el análisis, interpretación y generación de datos biológicos. Estudia la minería de datos de ácidos nucleicos, proteínas, lípidos, azúcares y metabolitos mediante diferentes aproximaciones. Hoy día, la bioinformática se aplica en un amplio abanico de estudios para dilucidar desde la función de un gen (Goddard *et al.* 2017) a la dinámica de las poblaciones microbianas en sus entornos naturales (Xiao *et al.* 2017), llegando al cénit de la investigación actual, la biología de sistemas (Auffray *et al.* 2003). De hecho, es una parte fundamental de ésta última, pues las integraciones de métodos computacionales con los resultados experimentales obtenidos a partir de técnicas de alto rendimiento pasan inexorablemente por la bioinformática. El hecho de que grandes centros de investigación y plataformas internacionales

hayan apostado por el desarrollo de programas de código abierto libres de licencias (como Bioconductor (Park *et al.* 2017), MaxQuant (Cox *et al.* 2011), X!Tandem (Craig *et al.* 2004) o Trans-Proteomic Pipeline (Keller *et al.* 2005), entre otras), así como la creación de repositorios de metadatos públicos, permite su uso sin coste alguno para los usuarios en actividades de ciencia ciudadana (Socientize project). De esta forma, con proyectos educativos dirigidos, y mediante didácticas específicas (Rossi *et al.* 2013, Vogt y Kuhn 2013), se pueden hacer uso de ellos no solo para afianzar conceptos con ejemplos y metodologías reales y actuales, sino que incluso se podrían usar directamente en el proceso de enseñanza-aprendizaje en un entorno de aprendizaje basado en proyectos (Project-based learning, PBL) (López Melero 2013a, b y c).

Con el presente trabajo se pretende dotar a los docentes de secundaria de una herramienta fácilmente aplicable en sus aulas toda vez que, a los estudiantes, de secundaria y universitarios, les sirva como guía para afianzar conceptos. En ambos casos será aplicable a varios niveles curriculares. Partiendo de un objetivo concreto, la mutación del gen de la óxido nítrico reductasa (NosZ, Pden_4219) se conformará un proyecto en el que se darán las herramientas para buscar información de éste y su importancia a escala global, se diseñará una estrategia de mutación por doble recombinación homóloga (Alberts 2002) que incluirá el diseño de cebadores para la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y el mapeo de sitios de restricción; y se completará con la búsqueda de secuencias homólogas a nivel nucleotídico y proteico, las hipotéticas interacciones proteína-proteína que puedan establecerse, su hipotética función y su integración en el metabolismo del nitrógeno. Finalmente se animará al desarrollo de actividades con distintos genes diana para que el alumnado maneje por sí mismo las diferentes herramientas, dándoles la posibilidad de explorar, manipular, sugerir hipótesis y de cometer errores y reconocerlos, fomentando el estímulo de la curiosidad y el placer por la investigación y el descubrimiento (Calderón 2015).

2. Enfoque pedagógico

La aproximación que se presenta a continuación busca aportar herramientas

didácticas adicionales a los docentes, incluyendo la bioinformática en la enseñanza de las ciencias para ilustrar con ejemplos concretos conceptos científicos relativamente complejos. El uso de las TIC en experiencias educativas en ciencias ya ha sido reportado como beneficioso en otros ámbitos como la física (Gil 2014), sin embargo, su aplicación en el área de bioquímica y biología molecular es inexistente. Con este proyecto se combinan dos estrategias de aprendizaje, el aprendizaje por inmersión y el desarrollo de proyectos de biotecnología de bajo costo usando herramientas bioinformáticas, englobados en un enfoque constructivista mediante metodologías basadas en la indagación e inmersión (Novak y Gowin 1988, McDermott 2014).

Mediante el aprendizaje por inmersión (Quiroz 2007) se permitirá el desarrollo de micro-proyectos de investigación en las aulas, tanto de secundaria como de universidad, que abarcarán, por tanto, diferentes niveles curriculares. El principal objetivo es dotar al alumnado de unos conocimientos básicos de los que actualmente se manejan en los laboratorios biotecnológicos a escala global toda vez que desarrollarán actitudes necesarias para su desarrollo integral, como el optimismo (Maruny, 1990), la perseverancia (Mateos, 2007), la investigadora (Colom, 2003), la reflexiva (Coll, 1993), la autenticidad (Salinas, 2002) o la comprensiva (Mateos, 2007).

Con el desarrollo de proyectos de biotecnología de bajo coste usando herramientas bioinformáticas se pretende utilizar el potencial de éstas en el proceso de enseñanza-aprendizaje, convirtiéndolas en recursos educativos altamente atractivos tanto por su novedad como por su capacidad para mostrar procesos de forma integrada y atractiva visualmente. Permiten ejemplarizar, investigar y comprobar muchos de los conceptos clave presentes en las diferentes partes del currículum de secundaria y universitario. Esta estrategia ha sido ya implementada, con éxito, en diferentes contextos educativos (Gil et al. 2006, Calderón et al. 2009a, b y c), lo que se puede considerar una garantía para su implementación.

3. Ejemplo de proyecto biotecnológico usando bioinformática básica

Para el desarrollo del proyecto se marcará como objetivo la mutación del gen *NosZ* del organismo secuenciado (todos los organismos con los que se trabajan de rutina en los laboratorios están secuenciados) *Paracoccus denitrificans*, estirpe PD1222, mediante una estrategia de mutación por doble recombinación (Figura 1).

3.1. Búsqueda de información dirigida: PubMed

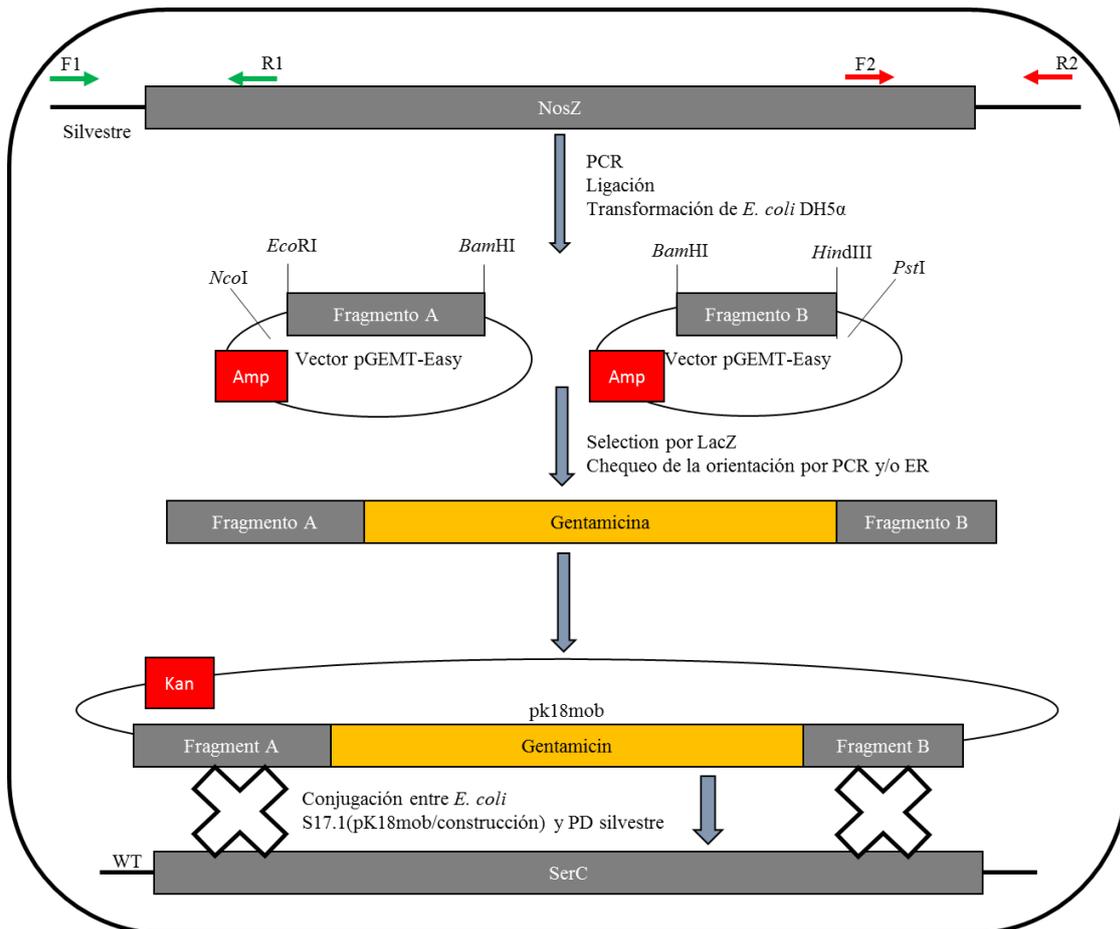


Figura 1. Resumen de un proceso de ingeniería genética típico

En primer lugar, habrá que buscar información sobre lo que ya se conoce en cuanto a la función de este gen, para posteriormente obtener su secuencia, necesaria para el diseño de cebadores para la PCR y para la selección de las enzimas de restricción (ER) a utilizar. Aunque el conocimiento de la secuencia y de los sitios de corte para las ER dentro de los vectores es indispensable para el diseño final, por la amplia variedad de vectores

existentes comercialmente no serán tenidos en consideración y solo se apuntará tal necesidad.

La principal base de datos de bibliografía la representa el sistema de búsqueda Pubmed (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>). Desarrollado por la "National Center for Biotechnology Information" (NCBI) en la National Library of Medicine (NLM) de Estados Unidos, permite el acceso a las bases de datos compiladas por la NLM, como MEDLINE, PreMEDLINE, Genbak y Complete Genome, además de a numerosos enlaces que entregan artículos a texto completo. Para buscar información únicamente hay que escribirla en la barra de búsqueda, en inglés (Figura 2). Para obtener información general en cuanto a un tema, como puede de la óxido nitroso oxidorreductasa (NosZ), lo más conveniente es seleccionar revisiones y seleccionar, en los resultados de la búsqueda, el que más se ajuste a los fines propuestos.

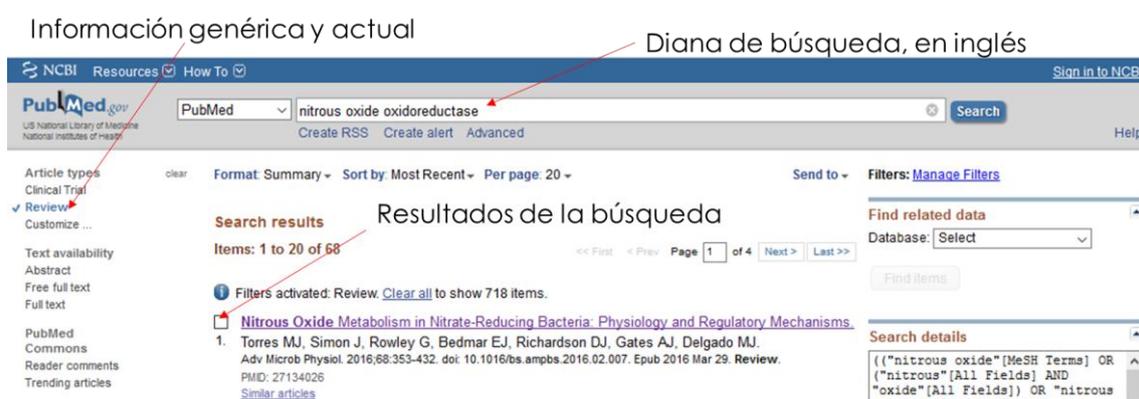


Figura 2. Apariencia del buscador PubMed tras una búsqueda dirigida.

A partir de los resultados obtenidos el alumnado podrá ver que este gen en concreto es el responsable de la degradación del óxido nitroso (N₂O), y que de su correcto funcionamiento depende que no se acumule en la atmósfera, donde tiene un potencial de calentamiento global 300 veces superior al CO₂, tras su formación en suelos. Se remarca de esta manera que el desarrollo de microproyectos como este pueden ser una herramienta eficaz para la introducción de los retos sociales del Horizonte2020. Únicamente con el estudio de este gen los retos de "Seguridad alimentaria, agricultura y silvicultura sostenibles, investigación marina, marítima y de aguas interiores y

bioeconomía" y "acción por el clima, medio ambiente, eficiencia de los recursos y materias primas" pueden ser introducidos.

Es importante remarcar también que mediante el uso de esta web se estará contribuyendo a la formación del alumnado como personas con razonamiento crítico al proporcionarles una fuente de información científica real y actual. Es especialmente relevante en una época en la que, inexplicablemente, pseudociencias como la homeopatía o tendencias como los movimientos antivacunas, están emergiendo con cierta fuerza en todos los sectores de la sociedad.

3.2. Obtención de secuencias nucleotídicas

Se distinguen tres grandes bases de datos de nucleótidos entre las que se establecen colaboraciones, el ya nombrado NCBI (de EEUU), el "DNA Data Bank of Japan", (DDBJ); y el "European Molecular Biology Laboratory", (EMBL). Del DDBJ se conforma el "Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes" (KEGG), en el que, partiendo del locus del gen diana (Pden_4219) (Figura 3) se pueden encontrar de una forma muy intuitiva una gran cantidad de información de genes concretos, desde la secuencia de nucleótidos a la de proteína, pasando por rutas metabólicas, dominios proteicos, genes ortólogos y parálogos, etc.

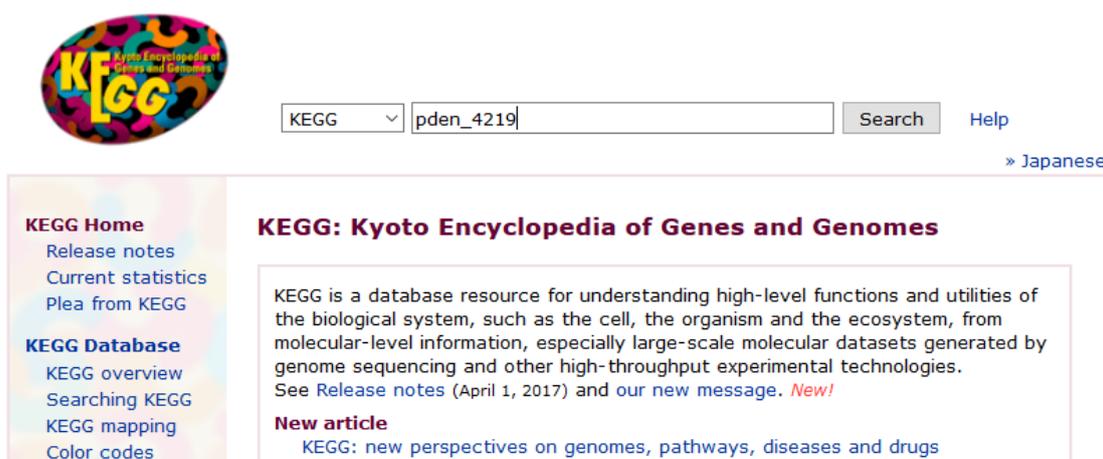


Figura 3. Apariencia de la página principal del KEGG.

Para el caso que nos ocupa, requerimos del conocimiento no solo de la secuencia del gen, sino también de unos 500 nucleótidos aguas arriba y de otros 500 aguas abajo para poder diseñar cebadores en éstas zonas (fuera del

gen diana a mutar). Para ello basta con escribir el número de nucleótidos deseados en la parte donde nos muestra la secuencia de éstos ("NT seq"), en la parte baja de la entrada que se obtiene como resultado.

3.3. Diseño de cebadores para PCR

La reacción en cadena de la polimerasa (Polymerase Chain Reaction) permite la producción de billones de copias de una secuencia diana en tan solo una hora. Descrita por primera vez por Kary Mullis en 1983 -y que le serviría para ganar el premio Nobel en Química en 1993-, tiene en la actualidad un gran abanico de aplicaciones y se puede considerar como un pilar fundamental de la Biología Molecular. En organismos secuenciados es el primer paso en el proceso de ingeniería genética típico, pues conociendo el genoma y tras un paso de extracción de ADN genómico, ya se pueden obtener las copias necesarias del fragmento génico de interés para los posteriores pasos. Para ello, no obstante, hacen falta diseñar unos genes específicos bajo la premisa de una serie de consideraciones (Primier Biosoft 2017). Hay numerosas webs con un elevado número de programas informáticos entre los que se incluyen los de diseño de cebadores, asociados o no a plataformas como el NCBI, como bioinformatics.org. En el NCBI nos encontramos con la herramienta "Primer-BLAST", con la que podremos encontrar cebadores específicos usando los programas "Primer3" y "BLAST". En este momento se debe de tener presente que se buscan dos parejas de cebadores para obtener dos productos de PCR de tamaño diferente -por lo que se tendrá que repetir el proceso dos veces-, y comprendidos entre 400 y 600 nucleótidos para favorecer la doble recombinación homóloga final con la que obtendremos el mutante. Además, hemos de asegurar una alta especificidad en la reacción, con lo que la temperatura de fusión de los cebadores debe de ser lo suficientemente alta (unos 65 °C). Así pues, pegamos la secuencia de nucleótidos correspondiente al gen NosZ más los 1000 nucleótidos añadidos a ambos lados en la caja de "PCR template" y especificamos que el cebador directo debe de estar, por ejemplo, entre el nucleótido 1 y el 700 y el reverso

entre el 1000 y el 1500. La selección final de la pareja de cebadores se hará atendiendo al tamaño de los productos de PCR y a las características de fusión, que deben de ser similares con todos los ellos (figura 4).

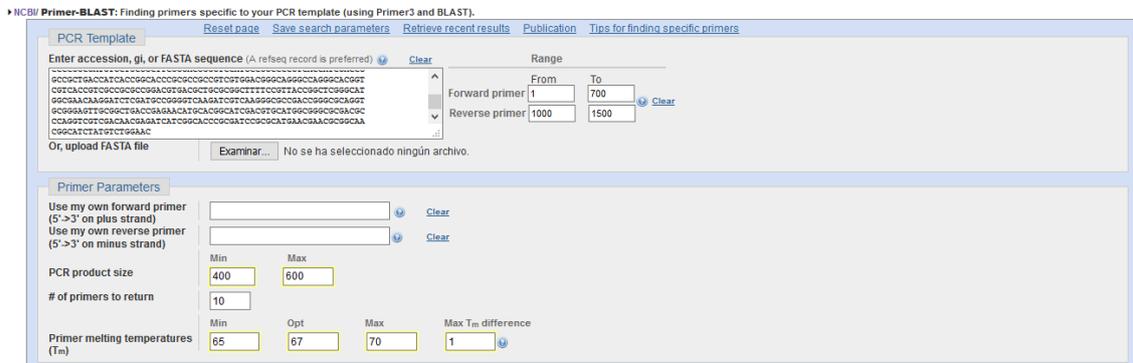


Figura 4. Introducción de la secuencia diana para el diseño de cebadores de PCR junto con los parámetros deseados.

Al estar trabajando con procariontas la selección de exones e intrones no procede, con lo que se obvia la segunda parte de introducción de parámetros ("Exon/Intron selection"). Finalmente, en la última parte se introduce como base de datos "Genome" y se especifica el organismo y la estirpe (*Paracoccus denitrificans* PD1222) (Figura 5) antes de lanzar la búsqueda.

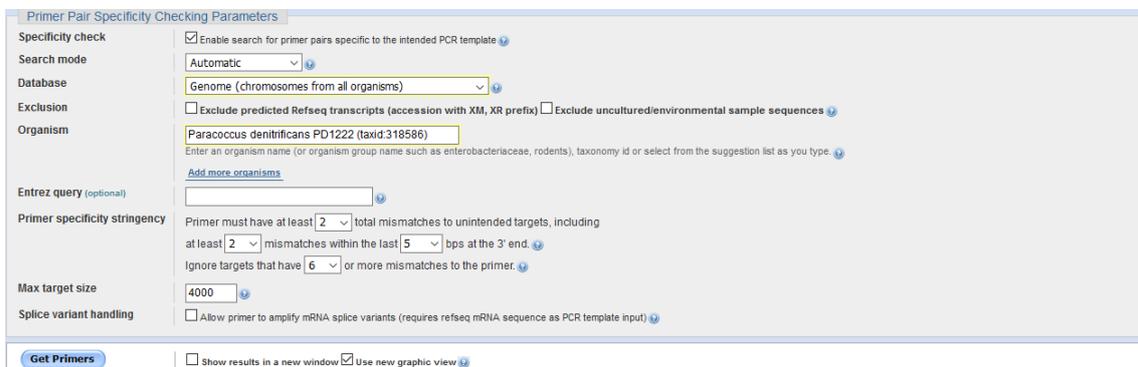


Figura 5. Selección de los parámetros referentes a la base de datos a usar y el organismo concreto sobre el que hacerlo.

Tras esperar unos segundos a que se corra el programa obtendremos una salida de resultados tanto gráfica como de texto en la que se puede apreciar tanto la posición de los cebadores encontrados por el programa bajo nuestros

parámetros junto con otra serie de características a tener consideración, como la secuencia, la hebra del ADN sobre la que se ha reconocido la secuencia, la longitud de los cebadores, la temperatura de fusión, su posición, el contenido en GC y la complementariedad propia y con el extremo 3' (Figura 6).

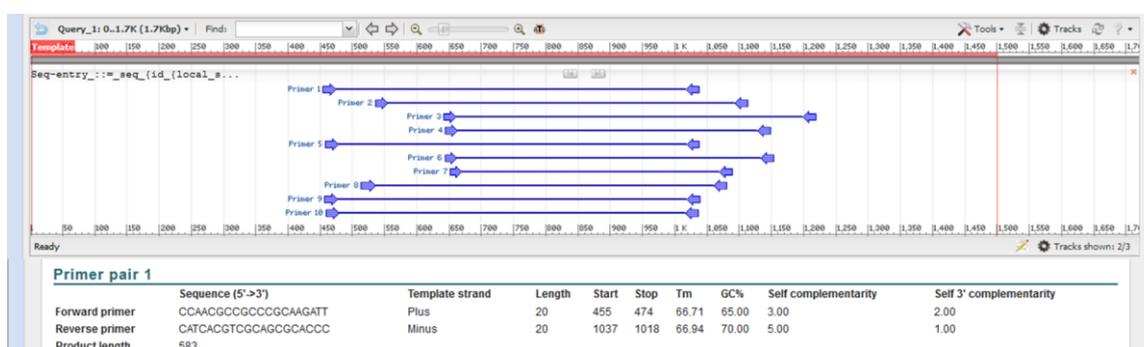


Figura 6. Resultados obtenidos tras la búsqueda bajo las premisas introducidas.

Para la elección de las parejas de cebadores se deben tener otras consideraciones, como la homología de las secuencias seleccionadas con otras especies para asegurar la especificidad del proceso, fundamentalmente con otras con las que se trabajará en el proceso de ingeniería genética, como *Escherichia coli*. Para tal comprobación se han de tomar las secuencias de los cebadores elegidos y, mediante un análisis de nucleótidos BLAST (BLASTn) estándar se puede obtener esa información. En la caja de consulta de secuencia se introduce la secuencia, especificando el organismo frente al que queremos hacer la consulta (Figura 7). Idealmente, no se debería presentar homología entre los cebadores a utilizar y ninguna otra secuencia (que no sea la del gen diana) del organismo a mutar ni de ninguna otra especie necesaria en el proceso.

BLAST [®] >> **blastn suite**

Standard Nucleotide BLAST

blastn | blastp | blastx | tblastn | tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#) Clear Query subrange [?](#)

CCACGCGCGCCGCAAGATT

From

To

Or, upload file Examinar... No se ha seleccionado ningún archivo. [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

Choose Search Set

Database Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):

Nucleotide collection (nr/nt) [?](#)

Organism Exclude +

Figura 7. Entorno para la realización de un BLAST de nucleótidos estándar.

3.4. Estrategia a utilizar con enzimas de restricción

Dependiendo de la secuencia a amplificar y de los vectores requeridos para el proceso se pueden añadir unas secuencias diana para enzimas de restricción específicas, de tal forma que se aseguraría la extracción de la secuencia deseada, se podría usar para probar la orientación con la cual el fragmento se une al vector, e incluso se podría favorecer el ensamblaje de los fragmentos deseados como si de un puzzle se tratara. Este es el caso del proceso dirigido que se está desarrollando en este trabajo, donde las dos zonas amplificadas estarían interrumpidas por un gen de resistencia que serviría para la selección y aislamiento de los clones que lo incorporasen. Siguiendo con el ejemplo del caso general expuesto en la figura 1, al cebador directo del fragmento 1 puede tener una diana de restricción para la enzima de restricción *EcoRI*, el cebador reverso del fragmento 1, para *BamHI*; el directo del fragmento 2, *BamHI* en el directo y *HindIII* en el reverso, mientras que el casete de resistencia para gentamicina entraría mediante sitios complementarios a los extremos originados por una digestión con la enzima *BamHI*. Para la comprobación de las dianas para las ER de tipo II, que son aquellas reconocen secuencias génicas palindrómicas o palíndromos (secuencia de ácido nucleico (ADN o ARN) que se lee igual de 5' (5-prima) a 3' (3-prima) en una de las hebras, o de 5' a 3' en el filamento complementario) y cortan siempre en un sitio concreto,

se puede recurrir al uso del programa "Webcutter 2.0" (<http://rna.lundberg.gu.se/cutter2/>). Para ello se debe copiar la secuencia a amplificar en la caja correspondiente y se seleccionan aquellas ER cuyo posible corte se quiere comprobar, en este caso *EcoRI*, *BamHI* y *HindIII*, además de *NcoI* y *PstI*, que se podrían usar para comprobar la orientación de inserción de los fragmentos al vector. Tras ello se obtiene una salida de resultados en la que sobre la secuencia introducida se señalan las ER que la cortan y, al final de la página, se obtiene una tabla de resumen (Figura 8).

Table by Enzyme Name			
Enzyme name	No. cuts	Positions of sites	Recognition sequence
NcoI	3	3 2299 2320	c/catgg More info

The following endonucleases were selected but don't cut this sequence:
BamHI, *EcoRI*, *PstI*, *HindIII*

Figura 8. Resultados obtenidos tras el análisis de los sitios de corte por ER utilizando el programa Webcutter 2.0.

Se puede apreciar que la ER *NcoI* cortaría en la secuencia a clonar, por lo que, en principio, no podría ser usado en la estrategia. No obstante, se podría tolerar este corte puesto que su rol en el proceso es únicamente para comprobar la orientación de la unión del fragmento teniendo en cuenta el tamaño de los fragmentos resultantes tras el corte, que se separarían mediante electroforesis en un gel de agarosa, lo cual también se puede calcular *in silico*.

3.5. Información complementaria pero necesaria

Si bien el proceso de ingeniería genética se podría dar por acabado con el punto anterior, en la realidad los científicos buscan toda la información previa disponible antes de abordar un tema. Así, información como la reacción que cataliza la enzima producto del gen diana, la ruta metabólica a la que pertenece, los dominios proteicos conservados que posee la proteína y que podrían redirigir la diana de mutación, las funciones biológicas o las interacciones con otras proteínas son informaciones fácilmente disponibles,

toda vez que sirven para introducir y reforzar diferentes conceptos relacionados con la biotecnología. La mayor parte de los ítems mencionados se pueden obtener de la misma página del KEGG, que enlaza a su vez a otras webs en las que se encuentra la información, como Pfam (para dominios proteicos), KEGG Pathway, KEGG Reaction o a Protein Database, de la que se puede obtener la estructura de la proteína (de estar disponible) (Figura 9).

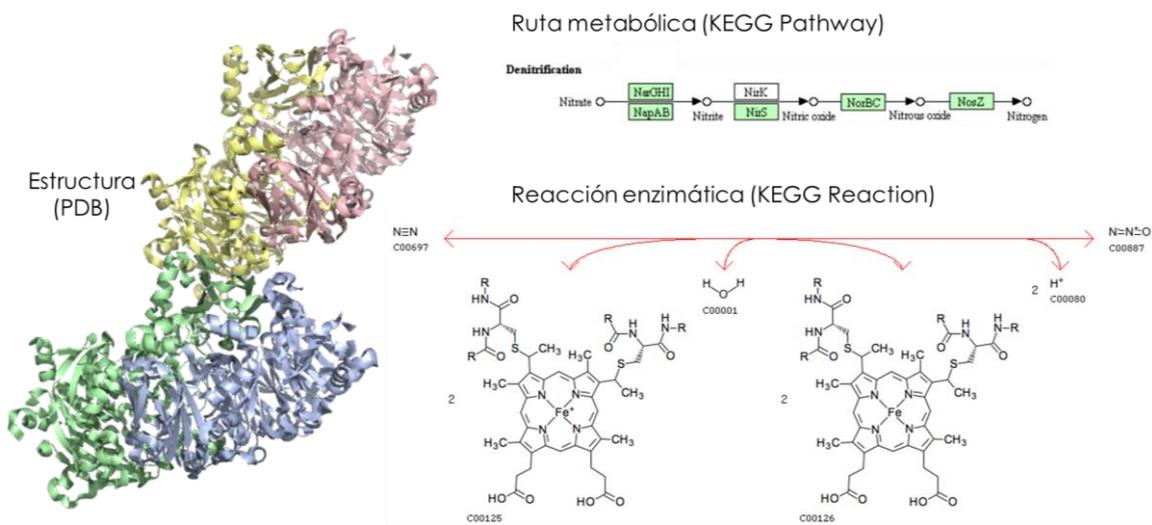


Figura 9. Otro tipo de información relevante para el desarrollo de un proyecto de ingeniería genética que se puede obtener a partir del KEGG.

Otra cuestión a considerar son las posibles interacciones que la proteína pueda establecer, pues puede ser realmente útil para predecir la respuesta. Con el programa "STRING" se pueden obtener mapas de interacciones partiendo del locus o la secuencia diana (Figura 10).

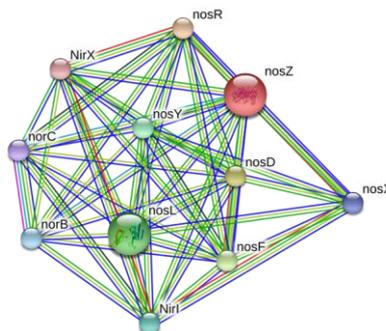


Figura 10. Mapa de interacción del gen NosZ de acuerdo al programa STRING.

Se puede observar que interacciona con otras proteínas relacionadas con el metabolismo del nitrógeno, haciendo de éstas posibles dianas para posteriores estudios en mayor profundidad.

4. Discusión

La ejecución de este microproyecto permitirá el abordaje de varios conceptos importantes en el currículum de biología y geología de secundaria y bachillerato, así como de asignaturas propias de grados universitarios como el de biología, el de bioquímica o el de biotecnología. Bajo una línea y enfoque constructivista, el desarrollo de este microproyecto permitirá la identificación de algunas de sus características más notorias, como la construcción del conocimiento sobre los contenidos relevantes a través de actividades (Quiroz 2007). Usando la bioinformática como recurso educativo se está haciendo uso de las TIC para profundizar en el conocimiento (Cacheiro 2011) con el fin de acercar al alumnado a conceptos y procesos que les suele resultar complejos de aprender. Haciendo uso de ordenadores, tablets u otros dispositivos móviles no solo aprenderán la definición de lo que es una enzima de restricción, sino que además las usarán en un contexto de los que se llevan a cabo hoy en día en todos los laboratorios de biotecnología para el desarrollo de diferentes estrategias de clonación.

Del mismo modo, no solo se fomentará la lectura de textos científicos, sino que se les dará las pautas y herramientas necesarias para que el alumnado tenga conocimiento de fuentes de información fidedignas. No solo no tendrán que memorizar lo que es una PCR, sino que con la contribución a su diseño y planificación interiorizarán su fundamento. Dependiendo de la diana a mutar los microproyectos se pueden alzar como herramientas para el conocimiento transversal. En este caso, por ejemplo, la biotecnología molecular se ha enlazado con

problemas medioambientales como la contaminación por nitratos y nitritos o la emisión de N_2O a partir de la agricultura. En esta misma línea, el establecimiento de dianas como el gen CFTR o el de la somatostatina permitirá introducir al alumnado en aplicaciones de la biotecnología en el ámbito de la salud y de la producción animal respectivamente.

Además, la metodología empleada permitirá el desarrollo de competencias clave como:

- Competencia en comunicación lingüística. El alumnado no solo adquirirá terminologías propias del área de conocimiento, sino que, por el abordaje de las bases de datos bibliográficas como NCBI, tomarán conciencia de los estilos usados en el lenguaje científico toda vez que se familiarizan con la lengua inglesa.

- Competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología. Es la competencia fundamental de las ciencias experimentales, y las abordarán a lo largo de todo el microproyecto.

- Competencia digital. El uso de la bioinformática a partir de plataformas de acceso abierto mediante internet garantiza el desarrollo de esta competencia, toda vez que actividades como las búsquedas o el tratamiento de datos profundizarán en este aspecto.

- Aprender a aprender. El alumnado será un sujeto activo durante su desarrollo, manejando por sí mismos los diferentes programas y aprendiendo a utilizarlos con una guía por parte del profesorado, por lo que esta competencia se verá también claramente desarrollada. Además, les permitirá interiorizar conceptos abstractos, como puede ser la biotecnología en su conjunto, puesto que se trata de conceptos que el alumnado no puede "ver" ni "tocar".

Además de estas competencias clave, diferentes elementos transversales también serán tratados, la comprensión lectora, la expresión oral y escrita, la comunicación audiovisual y las Tecnologías de la Información y la Comunicación.

En definitiva, el desarrollo de este microproyecto permitirá al docente usar la bioinformática como recurso educativo no solo para informar, sino también para la colaboración entre iguales y el aprendizaje (Cacheiro 2011), Es, además, perfectamente compatible con la combinación de otras estrategias metodológicas como el aula invertida: el profesor puede proponer una lista de genes candidatos a mutar mediante la misma estrategia y mediante actividades individuales o grupales el alumnado debe debería de seguir las pautas mostradas -ajustándolas a las necesidades específicas derivadas de la naturaleza del gen a mutar- que luego podrían exponer en clase al resto de sus compañeros, sobre todo si se tiene en consideración el potencial de la técnica en cuanto a la transversalidad de contenidos.

Se pone de manifiesto que se pueden diseñar una serie de actividades de bajo costo mediante el uso de plataformas gratuitas, contextualizándolos a problemas y situaciones reales que el alumnado se puede encontrar en su futuro laboral en un laboratorio de biotecnología, toda vez que se requieren nuevos enfoques pedagógicos para que su utilización sea efectiva. En este sentido, un docente con una sólida formación pedagógica y que domine tanto los contenidos disciplinares como las diferentes herramientas bioinformáticas se hace necesario para, finalmente, lograr una integración curricular efectiva de las TIC en ciencias.

Referencias bibliográficas

- ALBERTS B, JOHNSON A, LEWIS J, RAFF M, ROBERTS K, WALTER P, ET AL. (2002). "Chapter 5: DNA Replication, Repair, and Recombination". *Molecular Biology of the Cell* (4th ed.) (p. 845.). New York: Garland Science.
- AUFFRAY, C., IMBEAUD, S., ROUX-ROUQUIÉ, M., y HOOD, L. (2003). From functional genomics to systems biology: concepts and practices. *C R Biol.* 326(10-11):879-92.

- CACHEIRO M.L. (2011). Recursos educativos TIC de información, colaboración y aprendizaje. *Píxel-Bit. Revista de Medios y Educación*. 39, 69-81.
- CALDERÓN S., NÚÑEZ P., y GIL S. (2009a) Estudio cinemático del movimiento de cuerpos que ruedan por un plano inclinado. *Latin American Journal of Physics Education* 3, 68-71.
- CALDERÓN S., NÚÑEZ P., y GIL S (2009b) Experimentos en el aula utilizando la tarjeta de sonido de una PC. *Latin American Journal of Physics Education* 4, 188-193.
- CALDERÓN S., NÚÑEZ P., y GIL S. (2009c) La cámara digital como instrumento de laboratorio: estudio del tiro oblicuo. *Latin American Journal of Physics Education* 3, 87-92.
- CALDERÓN, S.E., NÚÑEZ, P., DI LACCIO, J.L., IANNEILLI, L.M., y GIL, S. (2015). Aulas-laboratorio de bajo costo, usando TIC. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias*, 12(1), 212-226.
- COLL, C., MARTÍN, E., MAURI, T., MIRAS, M., ONRUBIA, J., SOLÉ, I. y ZABALA, A. (1993). El constructivismo en el aula. Barcelona: Graó.
- COLOM, A. (2003). La educación en el contexto de la complejidad: la teoría del caos como paradigma educativo. *Revista Española de Pedagogía*, 332, 233-248. Madrid.
- COX, J., NEUHAUSER, N., MICHALSKI, A., SCHELTEMA, RA., OLSEN, JV., y MANN, M. (2011). Andromeda: A Peptide Search Engine Integrated into the MaxQuant Environment. *J Proteome Res*, 10(4), 1794-805.
- CRAIG, R., BEAVIS, R. C. (2004). TANDEM: matching proteins with tandem mass spectra. *Bioinformatics*, 20, 1466–1467.
- ESCUADERO MUÑOZ, J. M. (2010). La selección y la evaluación del profesorado. Reinventar la profesión docente. Nuevas exigencias y escenarios en la era de la información y de la incertidumbre. *Revista Interuniversitaria de Formación del Profesorado*, 46, 208–211.
- GARCÍA-MOLINA, R. (2011) Presentación del monográfico sobre ciencia recreativa. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 8 (Núm. Extraordinario), 365-369.
- GIL S. (1997) Nuevas Tecnologías en la Enseñanza de la Física. *Educación en Ciencias*, 1(2) 34-44.

- GIL, S. (2014). *Experimentos de Física de bajo costo, usando TIC's*. Buenos Aires. Alfaomega.
- GIL, S., REISIN H. D., y RODRÍGUEZ E. E. (2006) Using a digital camera as a measuring device. *American Journal of Physics* 74, 768-775.
- GODDARD, A.D., BALI, S., MAVRIDOU, D.A., LUQUE-ALMAGRO, V.M., GATES, A.J., DOLORES ROLDÁN, M., NEWSTEAD, S., RICHARDSON, D.J., y FERGUSON, S.J. (2017). The *Paracoccus denitrificans* NarK-like nitrate and nitrite transporters-probing nitrate uptake and nitrate/nitrite exchange mechanisms. *Mol Microbiol*, 103(1):117-133.
- HU, HW., CHEN, D., y HE, JZ. (2015) Microbial regulation of terrestrial nitrous oxide formation: understanding the biological pathways for prediction of emission rates. *FEMS Microbiol Rev*, 39(5), 729-49.
- KELLER A., ENG J., ZHANG N, LI, XJ., y AEBERSOLD, R. (2005). A uniform proteomics MS/MS analysis platform utilizing open XML file formats. *Mol Syst Biol*, 1, 2005.0017.
- LÓPEZ MELERO, M. (2013a). Proyectos de investigación: Un modo de aprender a pensar y aprender a convivir. 1ª Parte. *Periódico ESCUELA*, 3972, 36.
- LÓPEZ MELERO, M. (2013b). Proyectos de investigación: Cuestiones previas. 2ª Parte. *Periódico ESCUELA*, 3976, 36.
- LÓPEZ MELERO, M. (2013c). Proyectos de investigación: Desarrollo. 3ª Parte. *Periódico ESCUELA*, 3980, 36.
- MARUNY, L. (1990). Intervención psicopedagógica en el ciclo 12-16 años. *Psicología española en la Europa de los 90: ciencia y profesión. Psicología y educación*, 3.
- MATEOS, N. (2007). *Dos enfoques del concepto aprender a aprender*.
- MCDERMOTT, L. (2014) Melba Newell Phillips Medal Lecture 2013: Discipline-Based Education Research – A View From Physics. *American Journal of Physics* 82, 729-741.
- NOVAK J. D., y GOWIN D. B. (1988) *Aprendiendo a aprender*. Barcelona. Martínez Roca.

- Orden ECI/3858/2007, de 27 de diciembre, por la que se establecen los requisitos para la verificación de los títulos universitarios oficiales que habiliten para el ejercicio de las profesiones de Profesor de Educación Secundaria Obligatoria y Bachillerato, Formación Profesional y Enseñanzas de Idiomas.
- PARK, S.J., KIM, J.H., YOON, B.H., y KIM, S.Y. (2017). A ChIP-Seq Data Analysis Pipeline Based on Bioconductor Packages. *Genomics Inform*, 15(1), 11-18.
- PÉREZ GÓMEZ, A. I. (2010). Aprender a educar. Nuevos desafíos para la formación de docentes. Reinventar la profesión docente. Nuevas exigencias y escenarios en la era de la información y de la incertidumbre. *Revista Interuniversitaria de Formación del Profesorado*, 46, 39-45.
- Premier Biosoft. Accelerating Research in Life Sciences. (2017). PCR primer design. http://www.premierbiosoft.com/tech_notes/PCR_Primer_Design.html.
- QUIROZ J. S. (2007). *Las interacciones en un entorno virtual de aprendizaje para la formación continua de docentes de enseñanza básica*. Tesis doctoral. Universidad de Barcelona, Teoría e Historia de la Educación.
- Real Decreto 850/1993, de 4 de junio, por el que se regula el ingreso y la adquisición de especialidades en los Cuerpos de Funcionarios Docentes a que se refiere la Ley Orgánica 1/1990, de 3 de octubre, de Ordenación General del Sistema Educativo.
- ROSSI M., GRATTON L. M., y OSS S. (2013). Bringing the Digital Camera to the Physics Lab. *The Physics Teacher* 51, 141-143.
- SALINAS, J. (2002). Modelos flexibles como respuesta de las universidades a la sociedad de la información. *Acción Pedagógica*, 11(1).
- SANTOS GUERRA, M. A. (2001). *Enseñar el oficio de aprender*. Sevilla: MAD.
- SANTOS GUERRA, M. A. (2003). *Una flecha en la diana. La evaluación sobre la calidad*. Madrid: Narcea.
- SCHÖN, D. A. (1992). *La formación de profesionales reflexivos. Hacia un nuevo diseño de la enseñanza y el aprendizaje en las profesiones*. Barcelona: Paidós/M.E.C.
- SOCIENTIZE PROJECT (2014-11-01) (2014). *White Paper on Citizen Science: Citizen Science for Europe*. Socientize consortium.
- TRILLING, B., y FADEL, C. (2009). *21st Century Skills: Learning for Life in Our Times*. John Wiley & Sons, Inc. San Francisco. California. USA.

- VELASCO S., DEL MAZO A., y SANTOS M. J. (2012) *Experimenta: 60 experimentos con materiales sencillos*. Salamanca. Fundación 3CIEN/Instituto ECYT.
- VOGT P., y KUHN J. (2013) Analyzing acoustic phenomena with a smartphone microphone. *The Physics Teacher* 51, 118-119.
- XIAO M., YANG J., FENG Y., ZHU Y., CHAI X., y WANG Y. (2017). Metaproteomic strategies and applications for gut microbial research. *Appl Microbiol Biotechnol*, 101(8):3077-3088.