

Explorando la genómica en el bachillerato: un enfoque práctico con herramientas bioinformáticas

Exploring Genomics in High School: A Practical Approach Using Bioinformatics Tools

Marco Antonio Carballo-Ontiveros¹, América Nitxin Castañeda-Sortibrán¹, Paulina Cifuentes-Ruiz², Paula Susana Larios-Jurado², Rosario Raquel Biciego Sánchez² y Wolfgang Francisco Cottom-Salas^{2*}

Resumen

Este trabajo se centró en introducir a los estudiantes en el análisis de datos genómicos reales mediante herramientas bioinformáticas. Se implementó una secuencia didáctica innovadora que integró conocimientos teóricos y prácticos, desde la comprensión de conceptos clave de biología molecular hasta su aplicación en problemáticas actuales como la medicina personalizada y la biotecnología. Los resultados muestran un impacto positivo significativo en el desarrollo de habilidades interdisciplinarias, incluyendo pensamiento crítico, resolución de problemas y trabajo colaborativo. La experiencia también permitió acercar a los estudiantes a la práctica científica real, fomentando la comprensión de la estructura y función de genes y proteínas, y promoviendo la alfabetización científica y tecnológica en educación media superior. Este enfoque pedagógico demuestra que la bioinformática puede ser un recurso efectivo para transformar la enseñanza de la biología, vinculando teoría y práctica, y preparando a los estudiantes para los desafíos del siglo XXI.

Palabras clave: bioinformática, genómica, biología, educación, habilidades.

Abstract

This study focused on introducing students to the analysis of real genomic data using bioinformatics tools. An innovative instructional sequence was implemented, integrating theoretical and practical knowledge, from understanding key molecular biology concepts to applying them in current issues such as personalized medicine and biotechnology. The results show a significant positive impact on the development of interdisciplinary skills, including critical thinking, problem-solving, and collaborative work. The experience also brought students closer to real scientific practice, fostering the understanding of gene and protein structure and function, and promoting scientific and technological literacy in upper secondary education. This pedagogical approach demonstrates that bioinformatics can be an effective resource to transform biology teaching, linking theory and practice and preparing students for twenty-first-century challenges.

Keywords : bioinformatics, genomics, biology, education, skills.

CÓMO CITAR:

Carballo-Ontiveros, M. A., Castañeda-Sortibrán, A. N., Cifuentes-Ruiz, P., Larios-Jurado, P. S., Biciego Sánchez, R. R., y Cottom-Salas, W. F. (2025, octubre-diciembre). Explorando la genómica en el bachillerato: un enfoque práctico con herramientas bioinformáticas. *Educación Química*, 36(4). <https://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2025.4.90991>

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México.

² Colegio de Biología, Escuela Nacional Preparatoria 8 Miguel E. Schulz, México. *

Introducción

La Escuela Nacional Preparatoria (ENP) es una institución educativa de nivel medio superior (bachillerato) perteneciente a la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). En este contexto, la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA), a través de INFOCAB, impulsa proyectos que enriquecen la labor educativa.

Contexto institucional

La Escuela Nacional Preparatoria (ENP) de la UNAM tiene como misión formar estudiantes integrales y prepararlos para la educación superior. Con nueve planteles en la Ciudad de México, la ENP ofrece una educación media superior de calidad que integra un enfoque constructivista y reconoce la importancia de la tecnología y la informática en el desarrollo de los estudiantes. La DGAPA, a través de INFOCAB, complementa esta labor al impulsar proyectos innovadores que buscan enriquecer los procesos de enseñanza-aprendizaje y beneficiar a la comunidad educativa.

Proyecto INFOCAB PB202223: Explorando la genómica en el bachillerato

El proyecto INFOCAB PB202223 busca transformar la enseñanza de la biología molecular al introducir a los estudiantes en el análisis de datos genómicos reales mediante herramientas bioinformáticas. Se han desarrollado materiales didácticos innovadores que utilizan secuencias de ácidos nucleicos y aminoácidos de acceso gratuito para facilitar un aprendizaje práctico de la bioinformática. Este artículo presenta los resultados de una secuencia didáctica aplicada a estudiantes de la ENP, donde se exploraron conceptos clave de biología molecular y se utilizaron herramientas bioinformáticas para analizar una secuencia genética. El objetivo principal fue evaluar cómo esta experiencia impacta en la comprensión de la función génica y la estructura tridimensional de las proteínas, así como en el desarrollo de habilidades interdisciplinarias en los estudiantes.

La bioinformática como herramienta para la enseñanza de la genómica

La bioinformática, disciplina que integra biología e informática, se ha convertido en una herramienta esencial en la era genómica. El descubrimiento de la estructura del DNA, las técnicas de secuenciación y el proyecto "Genoma Humano" han generado una gran cantidad de datos biológicos (NCBI, 2025). El flujo de la información genética contenida en el DNA, que se traduce en proteínas, permite la transmisión de características hereditarias a la descendencia (Rodríguez-Sotres, 2005).

La bioinformática permite analizar y organizar esta información, facilitando la exploración de relaciones entre especies y la identificación, caracterización y estudio de la función de los genes (estructurales, reguladores o codificadores de enzimas) (Pellegrini et al., 1999). Por ejemplo, el programa AlphaFold, desarrollado por un equipo liderado por Demis Hassabis y John M. Jumper, utiliza técnicas de inteligencia artificial, específicamente aprendizaje profundo, para predecir la estructura de las proteínas con una precisión sin precedentes. Si bien David Baker también compartió el Premio Nobel de Química 2024 con Hassabis y Jumper, su galardón fue por el diseño de proteínas, área en la que ha desarrollado diversas **herramientas bioinformáticas**. Este avance representa un enorme progreso para

la bioinformática, ya que facilita el análisis de grandes cantidades de datos genómicos y proteómicos (Rodríguez-Sotres y Aguayo-Ortíz, 2025).

Las bases de datos biológicas son como bibliotecas, pero en lugar de libros, almacenan datos sobre genes, proteínas, estructuras celulares y mucho más. Esta información es crucial para la investigación científica, la medicina, la biotecnología y otras áreas. En particular, **UniProt** contiene información sobre la secuencia de aminoácidos de cada proteína, su función, su estructura y cómo interactúa con otras moléculas; **PDB** almacena información sobre la forma tridimensional de las proteínas, esencial para entender cómo funcionan; y **NCBI** contiene una gran cantidad de información sobre genes, genomas, proteínas y otras moléculas biológicas (UniProt, 2023).

Las bases de datos gratuitas como UniProt, PDB y NCBI ponen esta valiosa información a disposición de estudiantes y educadores, democratizando el acceso al conocimiento científico. Diversas investigaciones han demostrado que la bioinformática no solo mejora el aprendizaje de conceptos clave en biología molecular y genética, sino que también motiva a los estudiantes y transforma su percepción de la ciencia, haciéndola más accesible y relevante (Kovarik et al., 2013; Martins et al., 2020; Bain et al., 2022).

En este contexto, el proyecto “Explorando la genómica en el bachillerato” busca aprovechar el potencial pedagógico de la bioinformática para promover el interés, el compromiso y el desarrollo de habilidades en los estudiantes de la ENP (Hall, 2011; Erwin, 2015). Al utilizar datos reales y herramientas bioinformáticas, este proyecto ofrece una oportunidad única para conectar la teoría con la práctica y preparar a los estudiantes para los desafíos del siglo XXI.

Métodos o procedimientos

A continuación, se especifican los aspectos de la metodología desarrollados para el presente trabajo. Se describen las estrategias y técnicas empleadas para la recolección y análisis de datos, resaltando el enfoque sistemático y riguroso que sustentó cada fase del proceso. Asimismo, se mencionan detalladamente la secuencia didáctica, el instrumento de evaluación y las herramientas utilizadas, para garantizar la validez y confiabilidad de los resultados obtenidos.

Diseño de la secuencia didáctica y del instrumento de evaluación

Se diseñó una secuencia didáctica titulada “Explorando la genómica en el bachillerato: un enfoque práctico con herramientas bioinformáticas”, con el propósito de fomentar un aprendizaje significativo y activo en los estudiantes. Esta secuencia se fundamenta en los principios del constructivismo, donde los estudiantes construyen su conocimiento a través de la interacción con materiales concretos, la resolución de problemas y la reflexión crítica.

Para evaluar el impacto de esta intervención, se desarrolló un instrumento de evaluación pre y post que permite medir los cambios en el aprendizaje y la comprensión de los estudiantes. La secuencia didáctica se alinea con los contenidos curriculares de la Unidad 3 del programa de Biología IV de la Escuela Nacional Preparatoria (ENP), específicamente con el tema “La investigación biológica y sus aportaciones para la comprensión de alteraciones en los procesos celulares” (Escuela Nacional Preparatoria, 2025).

Características clave de la secuencia didáctica constructivista

- **Uso de datos genómicos reales:** Los estudiantes trabajan con datos genómicos reales, lo que les permite conectar los conceptos teóricos con aplicaciones prácticas en la investigación biológica.
- **Herramientas bioinformáticas:** Se integran herramientas bioinformáticas para que los estudiantes exploren, analicen y visualicen datos, promoviendo habilidades técnicas y de pensamiento crítico.
- **Aprendizaje colaborativo:** Se fomenta el trabajo en equipo, donde los estudiantes discuten, comparten ideas y construyen conocimiento de manera colectiva.
- **Actividades prácticas:** Se incluyen actividades prácticas que permiten a los estudiantes experimentar, formular preguntas y resolver problemas relacionados con la genómica.
- **Reflexión metacognitiva:** Se incorporan momentos de reflexión donde los estudiantes analizan su proceso de aprendizaje, identifican dificultades y proponen estrategias para superarlas.

Objetivos de aprendizaje

- Comprender el papel de la genómica en la investigación biológica y su aplicación en el estudio de alteraciones celulares.
- Desarrollar habilidades en el uso de herramientas bioinformáticas para el análisis de datos genómicos.
- Fomentar el pensamiento crítico y la capacidad de resolver problemas en contextos científicos reales.
- Promover la autonomía y la responsabilidad en el proceso de aprendizaje.

Evaluación constructivista

El instrumento de evaluación pre y post no solo mide la adquisición de conocimientos, sino también el desarrollo de habilidades y actitudes. Se incluyen preguntas abiertas, análisis de casos y actividades prácticas que permiten evaluar la capacidad de los estudiantes para aplicar lo aprendido en situaciones nuevas. Esta secuencia didáctica, diseñada desde un enfoque constructivista, busca transformar el aprendizaje de la genómica en una experiencia significativa y relevante para los estudiantes de bachillerato, alineándose con los objetivos curriculares y promoviendo habilidades esenciales para el siglo XXI.

Desarrollo de la secuencia didáctica

La secuencia didáctica se centró en el análisis bioinformático de la secuencia de un gen problema (FOXP2, NM_148898.4 en NCBI, nucleotide) (Figura 1). El gen *FOXP2* es fundamental para el desarrollo cerebral, el habla, el lenguaje y el aprendizaje motor. Su aparición y evolución han sido cruciales en el desarrollo del lenguaje humano; por esta razón fue elegido (Schreiweis et al., 2014).

EJECUCIÓN DE SECUENCIA

Genes, genética y genómica, biotecnología para mejorar la calidad de vida.

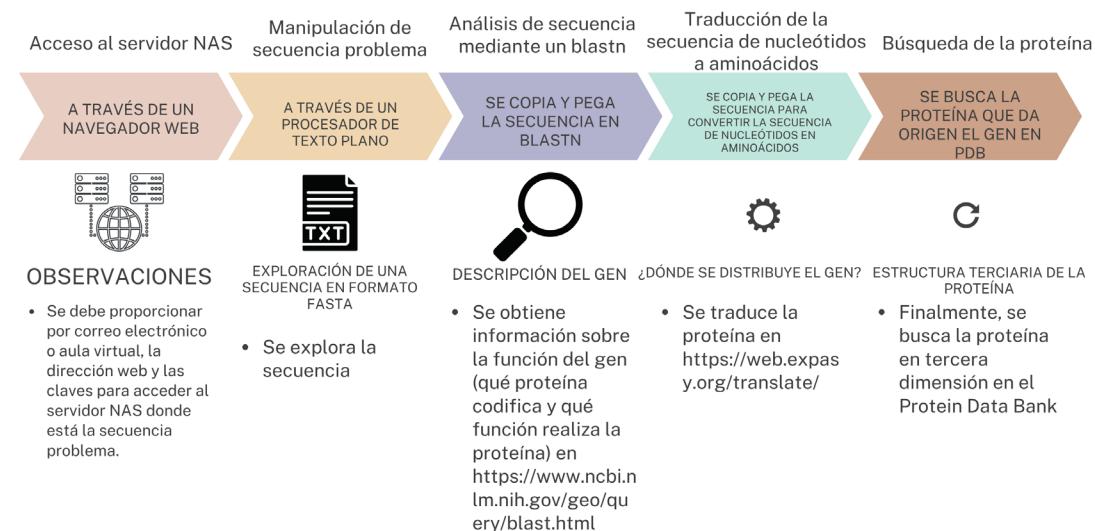
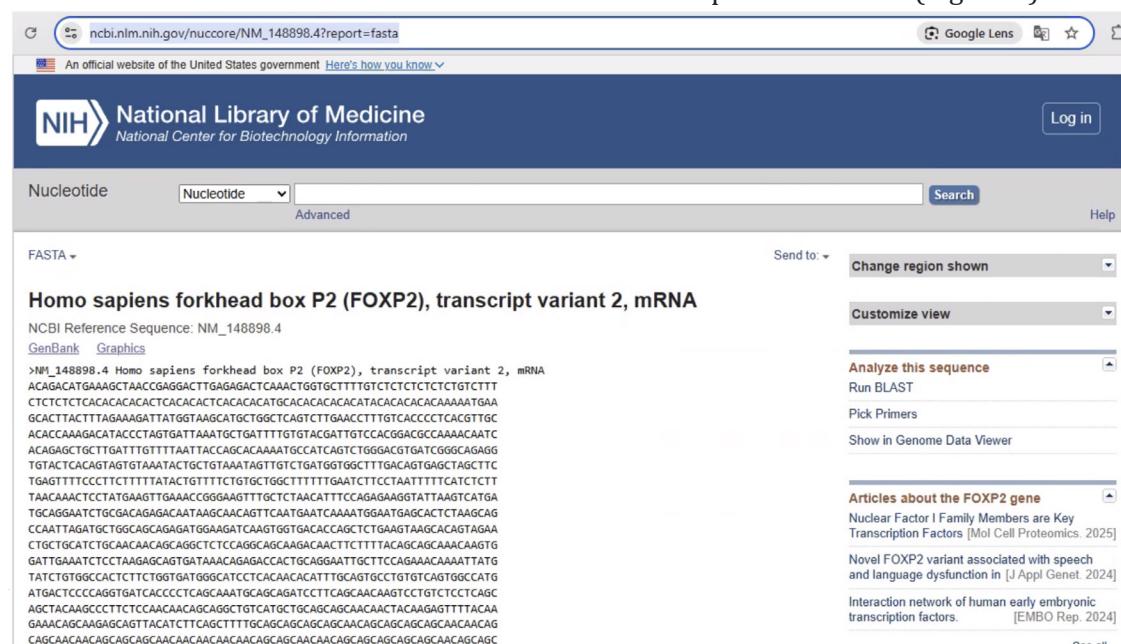


FIGURA 1. Diagrama de flujo de la secuencia didáctica “*Genes, genética y genómica, biotecnología para mejorar la calidad de vida*”. En esta figura se describen, a grandes rasgos, los pasos necesarios para completar la secuencia didáctica.

Los ejercicios de análisis bioinformático incluyeron:

- Búsqueda de homólogos (ortólogos) en bases de datos de nucleótidos utilizando NCBI (Figura 2).
- BLASTN para inferir la función del gen (Figura 3).
- Transcripción *in silico* de la secuencia de DNA a RNA.
- Investigación bibliográfica en PubMed sobre el gen *FOXP2*.
- Obtención de la estructura tridimensional de la proteína *FOXP2* (Figura 4).



La captura de pantalla muestra la página de resultados para la secuencia NM_148898.4. Se observa la barra de búsqueda, el menú de navegación y la descripción de la secuencia: “Homo sapiens forkhead box P2 (FOXP2), transcript variant 2, mRNA”. Se detallan los datos de la secuencia, las opciones de análisis (Run BLAST, Pick Primers, Show in Genome Data Viewer) y una sección de artículos científicos relacionados con el gen *FOXP2*.

FIGURA 2. El NCBI permite localizar secuencias genómicas como *FOXP2* en diferentes organismos. Aquí se observa el gen en *Homo sapiens* con su número de acceso.

BLAST® » blastn suite » results for RID-1M8NSTD6016

Home Recent Results Saved Strategies Help

Job Title: secuencia_problema

RID: 1M8NSTD6016 Search expires on 05-07 22:54 pm Download All

Program: BLASTN Citation

Database: core_nt See details

Query ID: lclQuery_6134607

Description: secuencia_problema

Molecule type: dna

Query Length: 6618

Other reports: Distance tree of results MSA viewer

Filter Results

Organism: only top 20 will appear exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

+ Add organism

Percent Identity: [] to [] E value: [] to [] Query Coverage: [] to []

Filter Reset

Descriptions Graphic Summary Alignments Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download Select columns Show 100

GenBank Graphics Distance tree of results MSA Viewer

Description	Scientific Name	Max Score	Total Cover	E value	Per. Ident.	Acc. Len	Accession
Homo sapiens forkhead box P2 (FOXP2), transcript variant 2, mRNA	Homo sapiens	12222	12222	100%	0.0	100.00%	6618 NM_148898.4
Homo sapiens forkhead box P2 (FOXP2), transcript variant 8, non-coding RNA	Homo sapiens	11989	11989	100%	0.0	99.41%	6601 NR_033767.2

FIGURA 3. El BLASTN compara la secuencia de FOXP2 con otras secuencias nucleotídicas para encontrar regiones de similitud.

RCSB PDB Deposit Search Visualize Analyze Download Learn About Careers COVID-19 Help Contact us MyPDB

PDB PROTEIN DATA BANK 235,458 Structures from the PDB 1,068,577 Computed Structure Models (CSM)

Enter search term(s), Entry ID(s), Ligand ID or sequence Include CSM

Advanced Search | Browse Annotations Help

PDB-101 PDB DataResource NAKB wwwPDB PDB-IHM

Structure Summary Structure Annotations Experiment Sequence Genome Versions

Display Files Download Files Data API

Biological Assembly 1 2AS5 | pdb_00002as5

Structure of the DNA binding domains of NFAT and FOXP2 bound specifically to DNA. PDB DOI: <https://doi.org/10.2210/pdb2AS5/pdb> NAKB: 2AS5

Classification: Transcription/DNA Organism(s): Homo sapiens Expression System: Escherichia coli BL21(DE3), Escherichia coli Mutation(s): Yes

Deposited: 2005-08-22 Released: 2006-08-08

Deposition Author(s): Wu, Y., Stroud, J.C., Borde, M., Bates, D.L., Guo, L., Han, A., Rao, A., Chen, L.

Experimental Data Snapshot

Method: X-RAY DIFFRACTION Resolution: 2.70 Å R-Value Free: 0.287 (Depositor), 0.290 (DCC) R-Value Work:

wwwPDB Validation

3D Report Full Report

Metric	Percentile Ranks	Value
Rfree	28	0.291
Clashscore	4.6%	28
Ramachandran outliers		

FIGURA 4. En el PDB (Protein Data Bank) se exploran estructuras tridimensionales asociadas a la proteína FOXP2 o a sus dominios.

Participantes

La secuencia didáctica se aplicó a un grupo experimental de 90 estudiantes de quinto año de la ENP (52 mujeres y 38 hombres) y se comparó con un grupo control de 40 estudiantes, cuyas edades iban de 14 a 17 años.

Instrumento de evaluación

El instrumento de evaluación consistió en preguntas abiertas, dicotómicas y de opción múltiple (ver **MATERIAL SUPLEMENTARIO**) con escala Likert de cinco puntos (Morales et al., 2016), diseñadas para evaluar conocimientos conceptuales, procedimentales y actitudinales relacionados con la bioinformática y la genómica. Las preguntas se distribuyeron en los siguientes bloques:

- **Primer bloque (preguntas 1 y 2):** Diseñado para averiguar la definición y percepción acerca de la bioinformática y la genómica, así como su relación con otras disciplinas mediante campos interdisciplinarios.
- **Segundo bloque (preguntas 3 a 5):** Orientado a evaluar los procedimientos específicos para analizar una secuencia problema de un gen a través de BLASTP, determinar la función del gen mediante homología (ortología del gen) y comprender el flujo de la información genética hasta la expresión del fenotipo (proteína), así como analizar la estructura de la proteína codificada.
- **Tercer bloque (preguntas 6 a 10):** Buscó analizar las actitudes del estudiantado hacia la importancia de la bioinformática y la genómica para solucionar problemas y generar nuevo conocimiento.

Para el desarrollo de esta secuencia didáctica, se trabajó con estudiantes de quinto año, seleccionando el gen *FOXP2* (NM_148898.4 en NCBI, nucleotide) debido a su papel fundamental en el desarrollo del aprendizaje del lenguaje articulado, un proceso biológico de gran relevancia y fácil comprensión para los estudiantes.

Estudios previos han demostrado que el gen *FOXP2* codifica un factor de transcripción que se activa en el cerebro durante el desarrollo embrionario. Este factor regula la expresión de otros genes involucrados en la organización de las conexiones sinápticas entre neuronas, preparando al cerebro para la adquisición del lenguaje (Schreiweis et al., 2014).

Se buscó conocer y evaluar los siguientes aspectos:

- Definición y percepción de la bioinformática y la genómica, así como su relación con otras disciplinas.
- Procedimientos para el análisis de secuencias genéticas, que abarcan la aplicación de BLASTP, la interpretación del flujo de información genética y la caracterización estructural de proteínas.
- Actitudes hacia la importancia de la bioinformática y la genómica para resolver problemas y generar conocimiento.

Aplicación de la secuencia didáctica

La secuencia didáctica se implementó en tres sesiones, con el apoyo de videotutoriales para guiar a los estudiantes en los procedimientos de análisis bioinformático. Se proporcionó un cuestionario guía al inicio y al final de la secuencia para proporcionar las bases teóricas y conceptuales a los estudiantes, asegurando la correcta interpretación de los análisis y su conexión con los contenidos del programa de Biología IV.

Análisis de datos

Las preguntas abiertas (1 y 7) se analizaron descriptivamente, clasificando las respuestas en categorías temáticas. Las preguntas dicotómicas (2-5 y 8) se analizaron con la prueba de McNemar para determinar si hubo cambios significativos después de la aplicación de la secuencia didáctica. Las preguntas de escala Likert (6, 9 y 10) se analizaron con la prueba t pareada para evaluar cambios en las actitudes de los estudiantes.

Resultados

Para evaluar el impacto de la secuencia didáctica *“Explorando la genómica en el bachillerato”*, se utilizaron diversos instrumentos, incluyendo preguntas abiertas, dicotómicas y de escala Likert (Figuras 5-8, Tabla 1).

Pregunta diagnóstica:

Se realizó una pregunta abierta inicial para conocer la concepción de los estudiantes sobre la bioinformática antes y después de la secuencia didáctica: “¿Sabes qué es la Bioinformática y cómo puede mejorar la calidad de vida de las personas?” (Figuras 5 y 6). Inicialmente, solo el 30% de los estudiantes (27 de 90) demostró tener alguna idea sobre bioinformática, con respuestas centradas en sus aplicaciones y multidisciplinariedad. Esto sugiere que su conocimiento previo podría basarse en la interpretación de las raíces etimológicas de la palabra (“bios” – vida e “informática” – disciplina en sistemas de información). Tras la secuencia didáctica, la participación aumentó a 89 estudiantes, con definiciones más elaboradas que resaltaron la multidisciplinariedad de la bioinformática.

Elección de técnicas:

Se evaluó la elección de técnicas para identificar la función del gen problema (pregunta 2). Se observaron cambios significativos en ambos grupos (control y experimental), ya que los estudiantes lograron identificar las técnicas bioinformáticas utilizadas en los ejercicios, a diferencia de técnicas alternativas desconocidas para la mayoría (Gelbart et al., 2009).

Acceso a datos biotecnológicos:

Se evaluó si los estudiantes consideraban que el acceso a los datos biotecnológicos era libre (pregunta 3). Hubo una diferencia significativa antes y después de la secuencia didáctica, lo que sugiere que los estudiantes reflexionaron sobre la importancia de compartir el conocimiento científico de forma gratuita (Gilbert, 2004; Machluf y Yarden, 2013).

Comprensión del código genético:

Se evaluó la comprensión de la naturaleza universal del código genético (pregunta 4). No se observaron diferencias significativas antes y después de la secuencia didáctica, lo que sugiere que este tipo de ejercicios no es necesario para lograr esta comprensión (Goeddel et al., 1979).

Ortología de genes:

Se evaluó la comprensión de la ortología de genes (pregunta 5). No se observaron diferencias significativas, pero se considera importante demostrar que diferentes especies pueden contener genes equivalentes con funciones similares (Duncan y Reiser, 2007).

Valoración de la bioinformática:

Se evaluó si los estudiantes valoraban la importancia de la bioinformática para solucionar problemas de salud (pregunta 6). Hubo diferencias significativas antes y después de la secuencia didáctica.

Aplicaciones de la bioinformática:

Se evaluaron las ideas de los estudiantes sobre las principales aplicaciones de la bioinformática (pregunta 7). La mayoría consideró que la búsqueda de nuevos genes es la principal aplicación, y esta respuesta se mantuvo después de los ejercicios.

Depósito de secuencias en bases de datos:

Se evaluó si los estudiantes consideraban que los científicos pueden depositar secuencias en bases de datos (pregunta 8). No hubo diferencias significativas, probablemente debido a la familiaridad de los estudiantes con el acceso a información en internet.

Uso de cómputo y software:

Se evaluó la actitud de los estudiantes hacia el uso de cómputo y software para analizar secuencias (pregunta 9). No hubo diferencias significativas, probablemente debido a la familiaridad de los estudiantes con el uso de cómputo en diversas áreas.

Cómputo y salud:

Se evaluó si los estudiantes consideraban que el cómputo es una herramienta importante para solucionar problemas de salud (pregunta 10). No hubo diferencias significativas, probablemente debido a la familiaridad de los estudiantes con el uso de cómputo en la vida cotidiana (Martins et al., 2020).

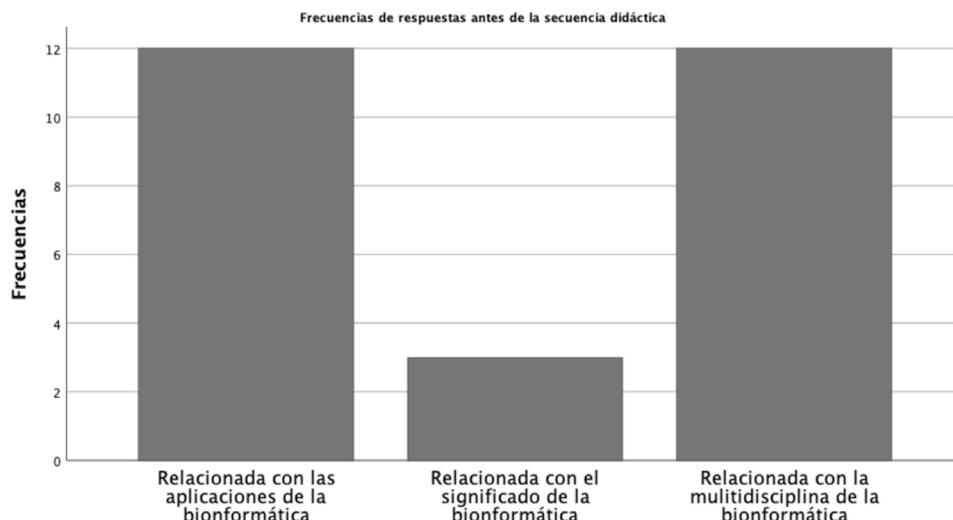


FIGURA 5. Frecuencias de las categorías de respuestas abiertas sobre “¿Sabes qué es la Bioinformática y cómo puede mejorar la calidad de vida de las personas?” antes de aplicar la secuencia didáctica.

FIGURA 6. Frecuencias de las categorías de respuestas abiertas sobre “¿Sabes qué es la Bioinformática y cómo puede mejorar la calidad de vida de las personas?” después de aplicar la secuencia didáctica.

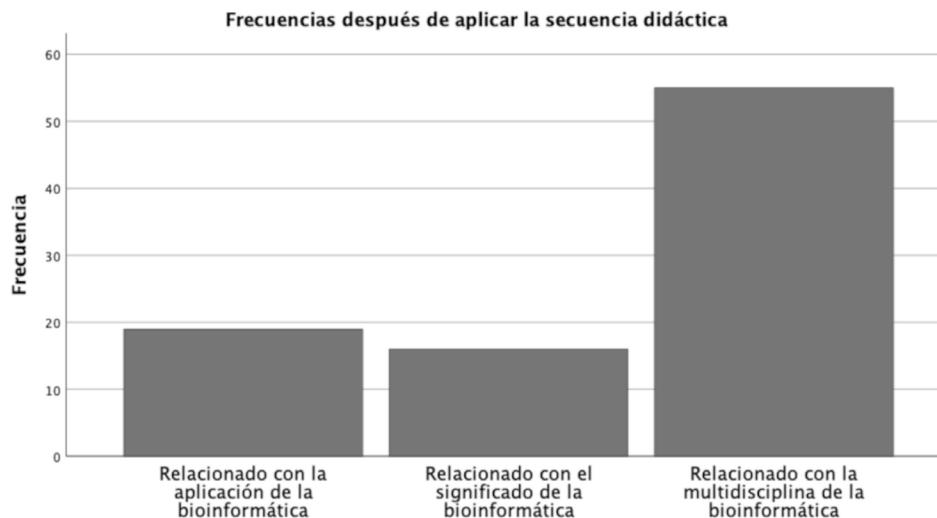


FIGURA 7. Frecuencias de asociación de aplicación de la bioinformática antes de aplicar la secuencia didáctica.

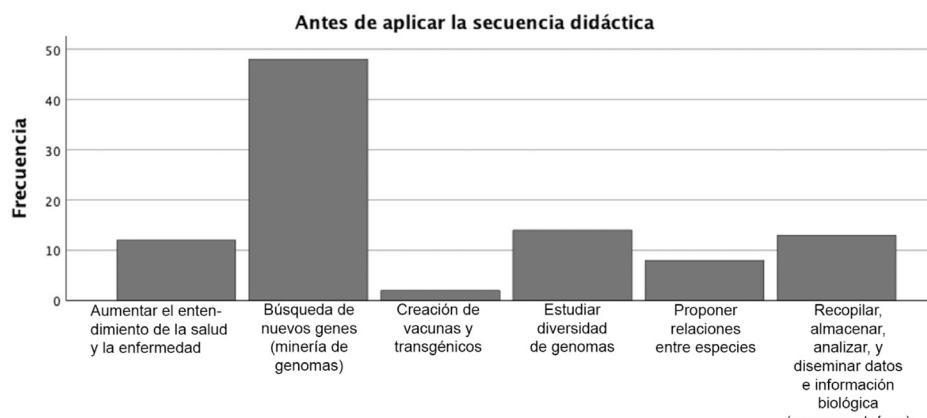
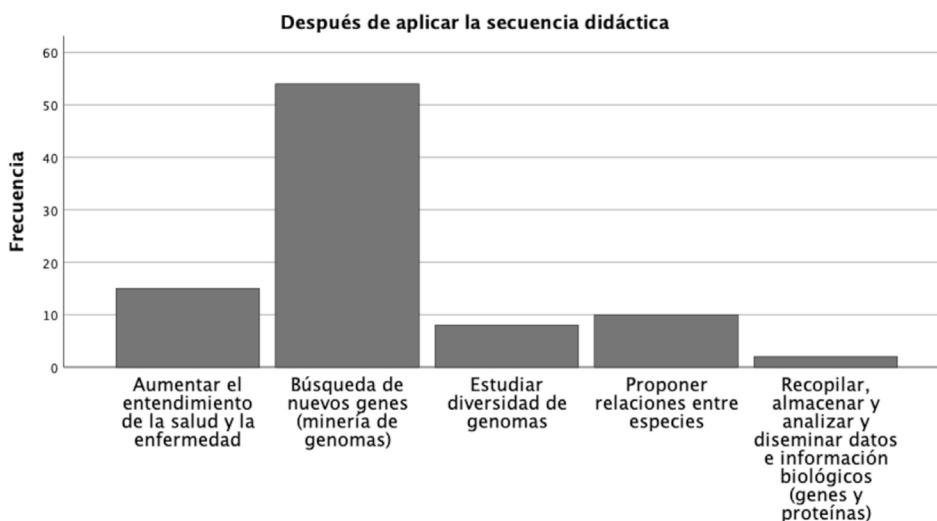


FIGURA 8. Frecuencias de asociación de aplicación de la bioinformática después de aplicar la secuencia didáctica.



			Grupo control				Grupo experimental	
Reactivos*	gl	d	p	Casos válidos	gl	d	p	Casos válidos
2	-		<0.001*	39	-		<0.001*	89
3	-		1	40	-		<0.008*	90
4	-		0.332	40	-		0.250	90
5			1	40	-		0.250	89
6	39	-	<0.045*	-	89	-	<0.004*	-
8	-		1	40	-		1	90
9	89		0.045	-	88		0.151	-
10	38		0.131	-	89		0.5	-

TABLA 1. Resultados del pre- y post-test evaluados con pruebas de McNemar (para preguntas dicotómicas) y t pareadas (preguntas con escala Likert de 5 puntos).

Discusión

La ejecución de la secuencia didáctica favoreció el desarrollo de actitudes, procedimientos y conceptos de biología a través de varios ejercicios consecutivos. Primero, el estudiantado debía descargar la secuencia problema de un servidor NAS ad hoc para este ejercicio. Debían analizar una secuencia de un gen problema en formato FASTA utilizando software bioinformático en línea: BLASTN para buscar genes ortólogos con alta similitud y poder asignarle una función al gen problema; convertir una secuencia de DNA a RNA; obtener la secuencia de aminoácidos con un código genético estándar; y, por último, usar esa secuencia en el Protein Data Bank para buscar una estructura 3D de la proteína obtenida de la secuencia problema. Así, se logra analizar cada uno de los pasos canónicos del dogma central de la biología molecular, propuesto por Crick (Crick, 1958; Lawrence et al., 2015; Amatore et al., 2020; Kleinschmit et al., 2019).

Antes de comenzar la evaluación de los conceptos, actitudes o procedimientos, se realizó una pregunta diagnóstica inicial que buscaba describir la concepción de los estudiantes acerca de la bioinformática mediante la pregunta abierta: “¿Sabes qué es la Bioinformática y cómo puede mejorar la calidad de vida de las personas?” (Figuras 5 y 6). Se anticipaba una baja participación, probablemente porque la palabra “Bioinformática” resulta desconocida para los estudiantes, al percibirse como un término técnico sin relación inmediata con el contexto cotidiano. La participación inicial fue de 27 estudiantes de 90, donde la mayoría (12/27) respondió en relación con las aplicaciones de la bioinformática y su carácter multidisciplinario, mientras que las definiciones formales, similares a las de un libro de texto, fueron menos frecuentes (3/27). El principal criterio para clasificar respuestas como definiciones de libro de texto fue su alta similitud con definiciones disponibles en internet; en algunos casos, los estudiantes buscaron una definición en línea para responder el reactivo.

Posteriormente, al finalizar la secuencia didáctica, la cantidad de respuestas y frecuencias relativas a las categorías de respuestas cambió, y la participación aumentó: 89 de 90 estudiantes respondieron con definiciones relacionadas con la multidisciplinariedad de la bioinformática (Figuras 7 y 8). Este aumento de participación y frecuencia en la

categoría multidisciplinaria se explica porque los estudiantes lograron relacionar que los datos biológicos pueden ser analizados con programas computacionales, reconociendo así la multidisciplinariedad de la bioinformática y entendiendo que muchas disciplinas pueden funcionar como interdisciplinas cuando trabajan de manera estrecha para resolver problemas, como ocurre en bioinformática (Moore, 2007).

Reflexión final

La secuencia didáctica *"Explorando la genómica en el bachillerato"* demostró ser una herramienta efectiva para desarrollar conocimientos, habilidades y actitudes en bioinformática en estudiantes de bachillerato. La combinación de teoría y práctica, el uso de herramientas en línea y el acceso a datos reales permitió a los estudiantes comprender la relevancia de la bioinformática en la biología moderna y apreciar su potencial para resolver problemas de salud y generar conocimiento.

Conclusiones

A pesar de las limitaciones, este estudio proporciona evidencia sólida del potencial de la bioinformática para mejorar la enseñanza de la biología en el bachillerato. La secuencia didáctica *"Explorando la genómica en el bachillerato"* demostró ser efectiva para desarrollar conocimientos, habilidades y actitudes positivas hacia la bioinformática en los estudiantes. Al integrar datos reales y herramientas de análisis en línea, este enfoque pedagógico puede preparar a los estudiantes para los desafíos del siglo XXI y fomentar su interés por las carreras STEM.

Agradecimientos

Estamos sumamente agradecidos por el apoyo otorgado por la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) en el proyecto INFOCAB PB202223 *Bioinformática para Bachillerato* e INFOCAB PB201624 *Tecnología de empoderamiento y participación, una herramienta para evaluar contenidos actitudinales en el bachillerato y licenciatura*.

Referencias

- Amatore, Z., Gunn, S., y Harris, L. (2020). An educational bioinformatics project to improve genome annotation. *Frontiers in Microbiology*, 11, 577497. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.577497>
- Bain, S. A., Plaisier, H., Anderson, F., Cook, N., Crouch, K., Meagher, T. R., Ritchie, M. G., Wallace, E. W. J., y Barker, D. (2022). Bringing bioinformatics to schools with the 4273pi project. *PLoS Computational Biology*, 18(1), e1009705. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009705>
- Crick, F. H. (1958). On protein synthesis. *Symposia of the Society for Experimental Biology*, 12, 138–163.
- Duncan, R. G., y Reiser, B. J. (2007). Reasoning across ontologically distinct levels: Students' understanding of molecular genetics. *Journal of Research in Science Teaching*, 44(7), 938–959. <https://doi.org/10.1002/tea.20186>

Erwin Jr., R. W. (2015). Data literacy: Real-world learning through problem-solving with data sets. *American Secondary Education*, 43, 18–26. <https://www.jstor.org/stable/43694208>

Escuela Nacional Preparatoria. (2025). 1502-Biología IV. <http://enp.unam.mx/assets/pdf/guias/BIOLOGIA%20IV%203%20EDIC%202023%20DIGITAL.pdf>

Gelbart, H., Brill, G., y Yarden, A. (2009). The impact of a web-based research simulation in bioinformatics on students' understanding of genetics. *Research in Science Education*, 39, 725–751. <https://doi.org/10.1007/s11165-008-9101-1>

Gilbert, D. (2004). Bioinformatics software resources. *Briefings in Bioinformatics*, 5(3), 300–304. <https://doi.org/10.1093/bib/5.3.300>

Goeddel, D. V., Kleid, D. G., Bolivar, F., Heyneker, H. L., Yansura, D. G., Crea, R., Hirose, T., Kraszewski, A., Itakura, K., y Riggs, A. D. (1979). Expression in *Escherichia coli* of chemically synthesized genes for human insulin. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(1), 106–110. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.1.106>

Hall, J. (2011). Engaging teachers and students with real data: Benefits and challenges. In B. Phillips (Ed.), *Teaching statistics in school mathematics: Challenges for teaching and teacher education. The 18th ICMI study* (pp. 335–346). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-007-1131-0_32

Kleinschmit, A., Brink, B., Roof, S., Goller, C. C., y Robertson, S. D. (2019). Sequence similarity: An inquiry-based and “under the hood” approach for incorporating molecular sequence alignment in introductory undergraduate biology courses. *CBE—Life Sciences Education*, 6. <https://doi.org/10.24918/cs.2019.5>

Kovarik, D. N., Patterson, D. G., Cohen, C., Sanders, E. A., Peterson, K. A., Porter, S. G., y Chowning, J. T. (2013). Bioinformatics education in high school: Implications for promoting science, technology, engineering, and mathematics careers. *CBE—Life Sciences Education*, 12(3), 441–459. <https://doi.org/10.1187/cbe.12-11-0193>

Lawrence, T. J., Kauffman, K. T., Amrine, K. C. H., Carper, D. L., Lee, R. S., Becich, P. J., Canales, C. J., y Ardell, D. H. (2015). FAST: FAST analysis of sequences toolbox. *Frontiers in Genetics*, 6, 172. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00172>

Machluf, Y., y Yarden, A. (2013). Integrating bioinformatics into senior high school: Design principles and implications. *Briefings in Bioinformatics*, 14(5), 648–660. <https://doi.org/10.1093/bib/bbt030>

Martins, A., Fonseca, M. J., Lemos, M., Lencastre, L., y Tavares, F. (2020). Bioinformatics-based activities in high school: Fostering students' literacy, interest, and attitudes on gene regulation, genomics, and evolution. *Frontiers in Microbiology*, 11, 578099. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.578099>

Moore, J. H. (2007). Bioinformatics. *Journal of Cellular Physiology*, 213, 365–369.

Morales, N., Sequeira, N., Prendas, T., y Zúñiga, K. (2016). Escala de Likert: Una herramienta económica. *Revista PDF*, 6.

National Center for Biotechnology Information (NCBI). (2025). Notes on GenBank statistics. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics/>

Pellegrini, M., Marcotte, E. M., Thompson, M. J., Eisenberg, D., y Yeates, T. O. (1999). Assigning protein functions by comparative genome analysis: Protein phylogenetic profiles. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(8), 4285–4288. <https://doi.org/10.1073/pnas.96.8.4285>

Rodríguez-Sotres, R. (2005). El descubrimiento de la ubiquitina y de su papel en la degradación de proteínas intracelulares. *Educación Química*, 16(1), 56–62. <https://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2005.1.66138>

Rodríguez-Sotres, R., y Aguayo-Ortíz, R. (2025). Desentrañando los secretos de autoensamblado en las máquinas de la vida: Plegamiento de proteínas y Nobel de Química 2024. *Educación Química*, 36(1), 5–13. <https://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2025.1.89902>

Schreiweis, C., Bornschein, U., Burguiere, E., Kerimoglu, C., Schreiter, S., Dannemann, M., Goyal, S., Rea, E., French, C. A., Puliyadi, R., Groszer, M., Fisher, S. E., Mundry, R., Winter, C., Hever, W., Pääbo, S., Enard, W., y Graybiel, A. M. (2014). Humanized Foxp2 accelerates learning by enhancing transitions from declarative to procedural performance. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(39), 14253–14258. <https://doi.org/10.1073/pnas.1414542111>

UniProt. (2023). UniProt: The universal protein knowledgebase in 2023. *Nucleic Acids Research*, 51, D523–D531. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac1052>

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Instrumento de evaluación (Cuestionario)

Conocimientos previos sobre bioinformática

1. ¿Sabes qué es la Bioinformática y cómo puede mejorar la calidad de vida de las personas?

No.

Sí: Responde brevemente qué es la Bioinformática y cómo puede mejorar la calidad de vida de las personas.

Procedimientos de análisis de un gen

2. ¿Cómo procederías para identificar la función de la proteína codificada por un gen?

Primera opción 1. Realizar un BLASTn con la secuencia problema. 2. Relacionar y anotar la función con secuencias homólogas (ortólogas) con una alta similitud y query coverage. 3. Buscar si existe una estructura de la proteína en cuestión.

Segunda opción 1. Realizando electroforesis del fragmento de DNA. 2. Comparando bandas de genes de referencia. 3. Realizando experimentos moleculares para determinar la función del gen.

El acceso universal a la información científica

3. Las bases de datos biotecnológicos (como NCBI GenBank, UNIPROT y otras) que contienen secuencias de genes y proteínas son de libre acceso (gratuitas para todos y todas).

Verdadero/Falso

Conocimiento acerca código genético universal a través de la biotecnología

4. Una de las primeras tecnologías de organismos transgénicos, en donde el Dr. Francisco Bolívar Zapata de nacionalidad mexicana colaboró en introducir un gen humano dentro de una bacteria para que esta produjera la hormona insulina y producir una terapia para personas que viven con diabetes tipo 1. De lo anterior se deduce que una bacteria puede traducir genes humanos porque tiene el mismo código genético (el código genético es universal).

Verdadero/Falso

Conocimiento sobre la homología de genes

5. Existen genes exclusivamente presentes en ciertas especies, pero hay genes que se comparten entre varias especies (genes ortólogos) y que tienen un gen ancestral común y una misma función.

Verdadero/Falso

Actitudes sobre la bioinformática y su papel en la resolución de problemas actuales

6. La bioinformática es importante en nuestro contexto actual para solucionar problemas de salud.

Totalmente en desacuerdo a Totalmente de acuerdo

Conocimientos acerca de las aplicaciones de la biotecnología

7. ¿Con qué asocias las aplicaciones de la bioinformática?

Búsqueda de nuevos genes (minería de genomas). Proponer relaciones entre especies, estudiar diversidad de genomas, aumentar el entendimiento de la salud y la enfermedad, creación de vacunas y transgénicos, recopilar, almacenar y analizar y diseminar datos e información biológicos (genes y proteínas).

Conocimientos y actitudes acerca del quehacer científico como actividad cooperativa

8. Las y los científicos del mundo pueden depositar en bases de datos las secuencias de DNA, RNA o proteínas producto de su investigación para que otros y otras puedan estudiarlas y realizar investigación científica.

Verdadero/Falso

Actitudes acerca de la importancia en el uso del cómputo para analizar grandes cantidades de datos como genomas y proteínas

9. El uso del cómputo y programas informáticos son fundamentales al analizar grandes cantidades de datos como genomas y proteínas.

Totalmente en desacuerdo a Totalmente de acuerdo

Actitudes acerca de la importancia en el uso del cómputo para solucionar problemas actuales de salud

10. El uso del cómputo es una herramienta indispensable para solucionar problemas actuales como el diseño de fármacos y vacunas.

Totalmente en desacuerdo a Totalmente de acuerdo