



Revista Eureka sobre Enseñanza y
Divulgación de las Ciencias

E-ISSN: 1697-011X

revista@apac-eureka.org

Asociación de Profesores Amigos de la
Ciencia: EUREKA
España

Domènech-Casal, Jordi

Gene Hunting: una secuencia contextualizada de indagación alrededor de la expresión
génica, la investigación in silico y la ética en la comunicación biomédica

Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias, vol. 13, núm. 2, abril,
2016, pp. 342-358

Asociación de Profesores Amigos de la Ciencia: EUREKA
Cádiz, España

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=92044744008>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

***Gene Hunting*: una secuencia contextualizada de indagación alrededor de la expresión génica, la investigación *in silico* y la ética en la comunicación biomédica**

Jordi Domènech-Casal ^{1,2}

¹Institut de Granollers (Barcelona) y ²Grup LIEC, Departament de Didàctica de les Matemàtiques i les Ciències, Universitat Autònoma de Barcelona. España. jdomen44@xtec.cat

[Recibido en abril de 2015, aceptado en diciembre de 2015]

La investigación en genética ha experimentado grandes cambios en los últimos años, emergiendo nuevos campos como la Epigenética o la Fármaco-Genómica potenciados por la bioinformática y de gran aplicación en enfermedades como el Alzheimer, Parkinson y cáncer. Se describe el desarrollo y aplicación de una secuencia de indagación contextualizada en la búsqueda de genes responsables de la neuro-degeneración, en la que el alumnado instrumentaliza aplicaciones bioinformáticas y establece dinámicas de construcción del conocimiento científico que son analizadas a la luz de la ética y la comunicación científica. Los resultados de la aplicación se discuten con la ayuda de una encuesta. Los resultados indican que la secuencia contribuye al desarrollo de habilidades científicas y una actitud crítica del alumnado frente a la comunicación de la investigación biomédica. Se proponen orientaciones para el desarrollo de actividades de indagación contextualizadas.

Palabras clave: Indagación; contexto; bioinformática; dilemas socio-científicos; genética molecular

Gene Hunting: a contextualized inquiry sequence on gene expression, *in silico* research and ethics in biomedical communication

Research in genetics has experienced big changes during the last years, and new research fields as Epigenetics and Pharmaco-Genomics have been triggered by bioinformatics developments, of application in biomedical research with social impact, as Alzheimer, Parkinson and cancer. We describe the development and application of an inquiry sequence contextualized in the search for genes regulating neuro-degenerative processes, in which students use bioinformatics applications from real research and participate in social dynamics of creation of scientific knowledge, which are analyzed from the perspective of ethics and scientific communication. Results are discussed together with a survey. Results show that the didactic sequence contributes to develop the students' scientific skills and critic attitude towards communication of biomedical research. A guidance list for the development of contextualized inquiry activities is also proposed.

Keywords: Inquiry; context; bioinformatics; socio-scientific issues; molecular genetics

Para citar este artículo: J. Domènech-Casal (2016) *Gene Hunting*: una secuencia contextualizada de indagación alrededor de la expresión génica, la investigación *in silico* y la ética en la comunicación biomédica. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias*, 13 (2), 342-358. Recuperado de: <http://hdl.handle.net/10498/18292>

Introducción

La genética es uno de los campos de las ciencias que ha experimentado un desarrollo más acelerado, hasta el punto que aspectos hasta hace unos años punteros, como el Proyecto de secuenciación del Genoma Humano (San Valero, 1995), han dejado de ser proyectos frontera para ser el dintel de nuevas puertas que se abren en este campo, como la Epigenómica, la Fármaco-Genómica, el Proyecto Metaboloma Humano, que centran su atención en el estudio de la expresión y la función de los genes. Nos hallamos ante una nueva genética, que deja de tener como punta de lanza la electroforesis, las enzimas de restricción y los plásmidos, y se adentra de la mano de la bioinformática en el trabajo con microarrays¹ y las herramientas computacionales de búsqueda y comparación de secuencias y el modelado 3D de péptidos,

que configuran un nuevo ámbito metodológico de la genética: la investigación *in silico*. El campo de la investigación *in silico*, es decir, el cribado y búsqueda de pautas y genes en bases de datos genéticas mediante aplicaciones bioinformáticas, es el contexto en el que se producen ahora las innovaciones metodológicas, proyectadas en muchos casos a la investigación biomédica, especialmente en las componentes genéticas de enfermedades neurodegenerativas, como el Párkinson, el Alzheimer, o el cáncer.

Esta explosión tecnológica de la genética contrasta con el tratamiento que estos aspectos suelen recibir en el currículum de la educación secundaria. La genética molecular aparece en 4º de ESO (MEC, 2015), sólo para algunos alumnos que optan por seguir cursando ciencias, de modo que es posible terminar la educación obligatoria sin conocer conceptos que configuran nuestro futuro como los transgénicos o la terapia génica. Aún en el caso de cursar Biología y Geología, el alumnado aprende sobre herencia genética, la diferencia entre genotipo y fenotipo, y el efecto de las mutaciones, pero los aspectos relativos a la regulación de la expresión génica (claves para entender elementos como las células madre o la clonación y los nuevos campos de la biomedicina como la Epigenómica o la Fármaco-genómica) se suelen trabajar poco (Puig y Jiménez-Aleixandre, 2015) y a menudo de manera desconectada de las aplicaciones biomédicas. La disponibilidad de acceso *on line* y de uso libre y gratuito de las herramientas de la investigación *in silico* (como la base de datos del *National Center for Biotechnology Information*¹) constituye una oportunidad para los centros educativos para conectar desde las aulas con la investigación biomédica real, como algunas experiencias están demostrando (Giménez, 2013, Tenorio, 2014, NBIC, 2014, Viale, Grazioli, Fornari, Manzotti y Bellora, 2013).

Marco teórico

Como varios autores proponen (Hodson, 1994, Sanmartí, Burgoa y Nuño, 2011), es necesario que el aprendizaje se haga de forma contextualizada, usando contextos significativos para el alumnado. De hecho, se propone que el aprendizaje profundo se llevaría a cabo precisamente cuando el alumnado es capaz de transferir lo aprendido a otro contexto (Gilbert, Bulte y Pilot, 2011). Aunque no es evidente definir el término “contexto” varios autores (Duranti y Goodwin, 1992, Gilbert, 2006) entienden que éste debería comprender los siguientes atributos: a) un escenario social, espacial y temporal en el que interaccionan ideas y eventos, b) un ambiente o marco conductual c) un uso del lenguaje específico d) una relación con el conocimiento extrasituacional.

Las temáticas de enfermedades neurodegenerativas, el diseño personalizado de fármacos y la búsqueda de genes candidatos son **contextos significativos**. Así mismo, los distintos formatos de comunicación científica (artículos científicos, pero también publicidad y periódicos) constituyen referentes extrasituacionales donde aparecen noticias del tipo “*Se ha descubierto el gen de...*” y a menudo el alumnado no tienen elementos para interpretar correctamente la noticia, evidenciando una necesidad de contextualización. Ésta última consideración es objetivo de especial preocupación para la Comunidad Europea, que está iniciando varios proyectos destinados a capacitar a los ciudadanos para la toma de decisiones en cuestiones participadas por los modelos científicos, en lo que ha venido a llamarse Investigación e Innovación Responsable (RRI, en sus siglas en inglés), mediante el trabajo partir de controversias socio-científicas.

La enseñanza de las ciencias basada en la indagación (ECBI) propone la creación de secuencias didácticas en las que se aborden los contenidos a modo de problemas sin resolver, que permitan reproducir los distintos procesos científicos (Llewellyn, 2005, Bybee, 2006), que

¹ La base de datos del *National Center for Biotechnology Information*, de EEUU, es un referente mundial obligado para los investigadores en genética molecular y biomedicina <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

podrían estandarizarse (Bogner, Boudalis y Sotiriou, 2012) de este modo: 1) formular preguntas investigables, 2) dar prioridad a la observación, 3) analizar la observación. 4) formular una explicación basada en las observaciones, 5) conectar la explicación con los modelos y conocimientos científicos, 6) comunicar y justificar la explicación, 7) reflexionar sobre el proceso.

Ésta es una vía de trabajo que varios autores consideran idónea para promover el aprendizaje significativo, ya que implica la participación del alumnado en la elaboración de modelos científicos y en la interpretación de datos en el marco de conflictos cognitivos relevantes (Caamaño, 2012; Hodson, 1994). Además ayuda a desarrollar habilidades científicas básicas evaluables, como elaborar hipótesis, diseñar experimentos, sacar conclusiones de datos, o hacer predicciones a partir de modelos científicos (Goytia *et al*, 2015).

El proyecto educativo C3² (Domènech-Casal, 2015a) sobre la Creación del Conocimiento Científico tiene por objetivos la comprensión de la naturaleza de la ciencia, la adquisición de habilidades científicas y el empoderamiento del alumnado como ciudadano crítico, mediante el desarrollo y aplicación de actividades didácticas orientadas a que el alumnado viva en primera persona la creación del conocimiento científico para obtener una percepción personal del conocimiento científico como un proceso (no un producto) de construcción social (no de descubrimiento). El proyecto pretende superar la visión rígida, cartesiana e idealizada del método científico, evidenciando la parte “democrática”, “*serendípica*”, humanizada y constructivista que varios autores reclaman (Fernández, Gil, Carrascosa, Chapapuz y Praia, 2002) y usa como estrategias la enseñanza de las ciencias mediante la indagación (ECBI), el uso de andamiaje lingüístico, y el trabajo en contextos que emulen y estimulen procesos de creación del conocimiento científico

En el marco de este proyecto y sobre el apoyo del esquema pedagógico de las *WebQuest* (Dodge, 1995) y el trabajo por proyectos –o *ABP* (Orts, 2012) –, se ha desarrollado y aplicado una secuencia didáctica de indagación alrededor de la regulación génica y la genética *in silico*, ubicada en el contexto de una propuesta de investigación biomédica sobre neuro-degeneración y orientada a la resolución de dilemas socio-científicos, con los siguientes objetivos:

- Valorar la metodología ECBI y las actividades contextualizadas para la adquisición de habilidades científicas.
- Testar el uso de aplicaciones bioinformáticas de uso real y andamios lingüísticos en el desarrollo de actividades investigativas.
- Analizar las concepciones del alumnado alrededor de la Expresión génica y la Investigación Biomédica.

La actividad resultante propone a los alumnos un juego de rol en el que investigan a lo largo de varias etapas y aprovecha las herramientas TIC de trabajo *in silico* y la relevancia social de la investigación biomédica como contexto problematizador.

Metodología

La secuencia didáctica ha sido aplicada con un total de 36 alumnos de 4º de ESO, de 18 estudiantes cada grupo, en el marco de la asignatura de Biología y Geología en el Institut de Vilanova del Vallès (Barcelona) durante el curso 2014-2015, y tiene una duración de 4 semanas. El alumnado participante es de nivel socioeconómico medio-alto, y no había repetidores. El alumnado participante ya conocía con anterioridad la formulación teórica del dogma central de la biología molecular, y había trabajado anteriormente en actividades ECBI.

² Proyecto Educativo C3 (Creación del Conocimiento Científico) <https://sites.google.com/a/xtec.cat/c3/home>

La dinámica TPoP y los andamios didácticos

Varios autores alertan de las dificultades que tienen las propuestas ECBI para sistematizar conocimientos (Simarro, Couso y Pintó 2013; Viennot, 2011). Así mismo, el trabajo en equipos característico del ABP dificulta el seguimiento individual del proceso de aprendizaje. Por este motivo, en esta actividad se ha aplicado el **protocolo TPoP**³ ya usado en actividades anteriores (Domènech-Casal, 2015b), que alterna distintas organizaciones sociales del aula, según el objetivo pedagógico:

1. *Talleres*⁴: sesiones breves en gran grupo, de una duración de 15 minutos, en las que el profesor explica de modo teórico (transmisión) conceptos o procesos (un taller para cada contenido citado en la introducción), con mucha atención al vocabulario científico y sin explicitar la relación con el proyecto.
2. *Portfolio*: sesiones breves de 10-15 minutos (al menos 3, distribuidas a lo largo del proyecto) de trabajo individual, en las que se pide al alumnado que elabore su portfolio, en el que deben incluir los elementos (breves frases representando ideas o conceptos que aprenden), artefactos (dibujos, esquemas u otras representaciones de procesos que aprenden) y reflexiones personales sobre el proceso.
3. *Proyecto*: ocupa la mayor parte del tiempo. Trabajo de indagación en equipos de dos estudiantes, autónomo, se permite (y se promueve) el diálogo entre equipos. El profesor no resuelve preguntas directamente relacionadas con el proyecto, sólo las devuelve reformuladas.

Así mismo, para apoyar al alumnado en el desarrollo de habilidades de razonamiento científico (elaborar hipótesis, identificar pautas, hacer predicciones a partir de modelos, entre otras) se proponen a los estudiantes distintos andamios didácticos de carácter lingüístico en la forma de pautas, documentos para el registro y análisis de datos, plantillas, aprovechando la relación íntima entre las habilidades de razonamiento y las habilidades cognitivo-lingüísticas (argumentar, justificar, describir, etc.) descrita por otros autores (Jorba, 1998, Prat, 1998, Sanmartí, Izquierdo, y García, 1999) que permite desarrollar las primeras mediante el trabajo en las segundas.

Para evaluar la propuesta, los alumnos han rellenado una encuesta en la que expresan su acuerdo/desacuerdo con varias frases relativas a los objetivos de aprendizaje. Se han recogido además observaciones de aula, de conversaciones con el alumnado y de sus producciones (portfolio personal, “fichas” o andamios didácticos y productos finales: presentación audiovisual y artículo científico).

Secuencia didáctica y aplicación de la actividad

La actividad propone al alumnado investigar sobre la base genética de enfermedades neurodegenerativas como el Alzheimer y el Parkinson e intentar hallar un gen que pueda servir para su cura y/o diagnóstico.

Los materiales de la secuencia titulada - *Hunting for a gene* “A la caza del gen”- parten de datos ficticios que se analizan siguiendo la estrategia del *gen candidato*: identificar genes que puedan ser asociados a una función por su patrón de expresión e investigar luego su implicación mediante experimentos que permitan confirmar/descartar ésta. En la actividad se usan herramientas *in silico* reales que conectan la investigación con datos e investigaciones reales, y

³ Una justificación del protocolo TPoP disponible en <http://bit.ly/SsBCHH>

⁴ La denominación como “Taller” no significa que éstos sean de naturaleza práctica, sino que son focalizados a aspectos, conceptos o habilidades concretos, en forma de cápsula de formación aislada.

la actividad concluye con la resolución de dos controversias socio-científicas. Todos los materiales de la actividad se ofrecen en inglés en formato *WebQuest* para ser propuestos al alumnado y su descarga es libre en la web creada a propósito para esta actividad⁵.

Tabla 1. Representación de las etapas de la secuencia.

Etapas	Objetivo en la secuencia y tareas	Objetivos de aprendizaje y habilidades científicas asociadas	Andamios y Productos
Etapa 1: Identificación de genes candidatos.	Seleccionar qué genes se consideran candidatos para desarrollar algún papel (promover o inhibir) en la neurodegeneración	La expresión génica es regulada y responde a varios estímulos externos. Algunos genes actúan como promotores de un proceso, otros como inhibidores. Diferencias en los promotores de los genes pueden implicar diferentes niveles endógenos de expresión (y función). Los estímulos a los que responde y las circunstancias en que se expresa un gen son indicadores de estar inhibiendo o activando un proceso. Detectar pautas y elaborar hipótesis	Tablas de Propuesta de Hipótesis.
Etapa 2: Selección de gen candidato en base a informaciones de su homólogo en ratón.	Usar informaciones sobre aspectos funcionales de los genes homólogos en ratón para elegir cuál de los genes candidatos ofrece más posibilidades de jugar un papel en la neurodegeneración.	Las secuencias de ADN son transcritas a ARN y traducidas a proteína según el código genético (dogma central de la biología molecular). Cada secuencia de ADN ofrece seis posibles pautas de lectura, sólo una de ellas es correcta, y debe tener un codón inicio (Met) y un codón final (Stop). Los genes homólogos son aquellos genes de especies distintas que tienen un origen evolutivo común y conservan una misma estructura y función. Los genes se expresan en los tejidos y en momentos en que realizan su función. Interpretar datos en distintos formatos y sacar conclusiones de datos.	Ficha de Análisis de Laboratorio Bioinformático
Etapa 3: Diseño de experimentos de transgénesis y publicación de resultados.	Diseñar un experimento de transgénesis en ratones para testar el papel que juega el gen humano elegido. Escribir un artículo científico partiendo de una simulación de resultados.	Sobre-expresar o inhibir la expresión de un gen y observar los efectos es un modo de identificar qué función realizan. Insertar un fragmento de ADN en sentido contrario (antisense) da lugar a la formación de ARN de doble cadena y la consecuente inhibición de la función del gen (RNAi). Los análisis de fragmentos de restricción mediante geles de electroforesis permiten mapear las dianas de restricción y decidir cuáles son las más idóneas para clonar un ADN en un vector. Definir variables y diseñar experimentos. Hacer predicciones a partir de un modelo. Comunicar científicamente.	Plantilla para el Diseño de Experimentos Andamio para la escritura de un Artículo Científico

⁵ Hunting for a gene, materiales didácticos y hojas de trabajo <https://sites.google.com/site/huntingforagene/>

Tabla 1. Continuación.

Etapas	Objetivo en la secuencia y tareas	Objetivos de aprendizaje y habilidades científicas asociadas	Andamios y Productos
Etapas 4: Resolución de controversias socio-científicas asociadas.	Tomar una posición desde un punto de vista epistemológico, ético o social ante situaciones contextualizadas relacionadas a las dinámicas científicas y percepciones sociales sobre la identificación de genes.	La asociación o concomitancia entre dos fenómenos no es suficiente para establecer una relación de causalidad. La mayoría de características son poli-génicas o multifactoriales. El tamaño de la muestra (número de pacientes) y las fuentes fiables son elementos clave para dar veracidad a una investigación biomédica. Existen intereses económicos y empresariales que distorsionan la información científica, en especial en la publicidad. Distintuir cuestiones científicas de no científicas. Identificar modelos científicos en contextos reales.	Dinámica de debate y discusión.

La actividad se inicia después de la visualización de dos vídeos sobre la enfermedad de Alzheimer⁶ destinados a crear empatía, y se estructura en 4 etapas, cada una de las cuales desarrolla un papel lógico en la narrativa de la secuencia (objetivo en la secuencia) y promueve el desarrollo de habilidades científicas concretas. En cada etapa, se proporcionan a los estudiantes conocimientos y conceptos teóricos, materiales y datos de partida para analizar y llegar a conclusiones, junto con andamios didácticos para hacerlo, siguiendo dinámicas ECBI orientadas al desarrollo de habilidades científicas. Cada etapa tiene unos objetivos de aprendizaje específicos y resulta en la creación de un producto.

Etapas 1: Identificación de genes candidatos. Detectando pautas, elaborando hipótesis.

Se presentan al alumnado los resultados de los *microarrays*⁷ de los niveles de expresión de 49 genes en 4 pacientes con distintos datos clínicos relativos a la neuro-degeneración.

Los estudiantes intentan asociar los niveles de expresión con los aspectos clínicos para identificar qué genes podrían ser candidatos a frenar o promover la neuro-degeneración (Figura 1). Cada gen ficticio es identificado por un nombre y un número, de un modo similar a genes reales: *Snf-2*, *Gri-4*, *Cox-3*...

⁶ Disponibles en: <https://sites.google.com/site/huntingforagene/introduction-and-goals>

⁷ Los *microarrays* son ingenios que permiten, mediante reacciones de hibridación de ADN y quimio-fosforescencia, analizar los niveles de expresión de varios genes en un tejido muestra, representando los resultados como puntos de mayor o menor intensidad según el nivel de expresión.

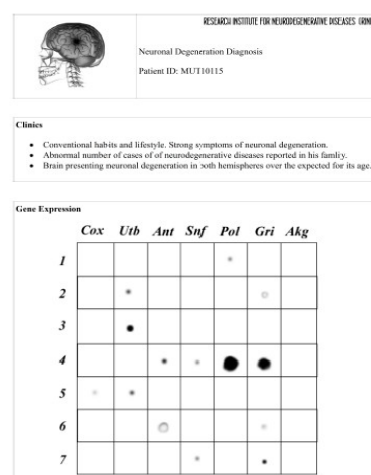
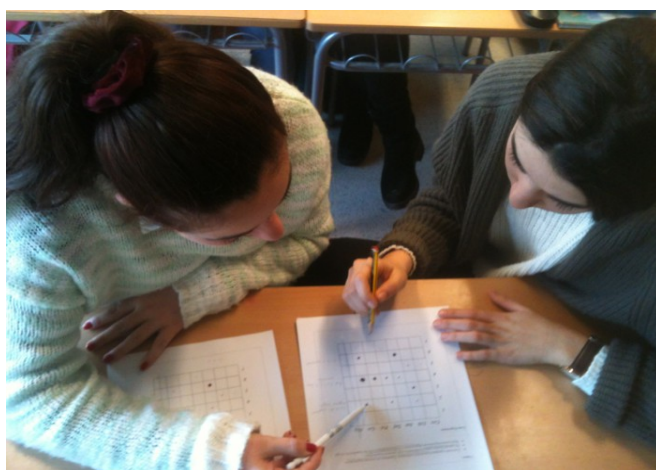


Figura 1. Análisis de los niveles de expresión de genes candidatos en el cerebro.

Los estudiantes deben elaborar hipótesis sobre los posibles roles de los distintos genes en la neuro-degeneración (inducir o inhibir), analizando cada gen en concreto y agrupando las fichas de los pacientes según la expresión de ese gen, asociándolos con los datos clínicos que comparten los pacientes. Se proporciona una plantilla (tabla de Propuesta de Hipótesis) al alumnado para ayudarles a construir un modelo-hipótesis de la acción de cada gen (Figura 2), que sigue los pasos de la argumentación científica: exponer unos datos (DATA), enmarcar la interpretación de los datos en un modelo conceptual (FRAME) y construir una hipótesis o modelo provisional (PUTATIVE MODEL). Al final de la etapa se consensua una lista de genes candidatos a desarrollar un rol en la neuro-degeneración.

CASE 1	The <u>Ant 5</u> gene,
DATA	contra més gran més protecció al pacient. Es neurodegeneració. I si hi ha snf2 fa que disminueixi la seva activitat. Increases / Decreases slightly / strongly its expression when
CONCEPTUAL FRAME / MODEL	As... <input checked="" type="checkbox"/> Gene expression is regulated (Activated or Inhibited) by different stimulus through its promoter <input type="checkbox"/> Different environments can activate different genes as a response to balance the effects <input checked="" type="checkbox"/> Some genes can act as suppressors of a process, and other genes can act as promoters of a process <input type="checkbox"/> Different promoters account for different endogen levels of expression and thus, different regulations of a process
HYPOTHESIS (preliminary conclusion)	So, we consider that this gene could play a role... <input type="checkbox"/> Promoting neuronal degeneration <input checked="" type="checkbox"/> Preventing neuronal degeneration
DEVELOP A PUTATIVE MODEL: In our opinion, the model would be...	
<div style="text-align: center;"> <div>External Stimulus</div> <div>Neuronal degeneration</div> <div>GENE</div> </div> <p>Support your conclusion by drawing with arrows (big / small arrows and + / -) the stimulus-response pathway of this gene in relationship with neuronal degeneration as a conceptual map. Explain your drawing with a text, using <i>inhibits / activates, promote / prevent, gene expression / neurodegeneration</i></p>	

Figura 2. Andamio didáctico para construir hipótesis sobre el rol de los distintos genes.

Etapa 2: Búsqueda de homólogos en ratón, patrón de expresión y funciones. Integrando evidencias y comunicando científicamente

Se distribuyen entre los equipos los genes seleccionados en la etapa anterior y cada equipo se responsabiliza de buscar para un gen en concreto más pruebas que apoyen/descarten su relación con la neuro-degeneración. Partiendo de la secuencia de cDNA del gen escogido y usando programas bioinformáticos de uso en investigación biomédica (Tabla 2), buscan *in silico* genes de ratón homólogos a ese gen humano, incluyendo los datos sobre la función

biológica y patrón de expresión, recogidos en una *Ficha de Análisis de Laboratorio Bioinformático* diseñada al efecto.

Tabla 2. Lista de recursos informáticos de uso real en la investigación científica usados en la secuencia.

Paso	Recurso BioInformático
1) Traducen la secuencia del cDNA del gen humano a proteína e identifican la pauta de lectura correcta.	Expassy BioInformatic Tool (Swiss Institute of BioInformatics) http://web.expasy.org/translate/
2) Partiendo de la secuencia de la proteína, buscan proteínas homólogas en ratón (<i>Mus musculus</i>).	NCBI Blast Search (National Center for Biotechnology Information, EEUU). http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE=Proteins
3) Identificada la proteína homóloga en ratón, buscan datos sobre su función biológica.	Uniprot Blast Search (EMBL-EBI: European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics Institute) http://www.uniprot.org/blast/
4) Buscan el patrón de expresión del gen homólogo en embriones de ratón.	EMAGE Mouse Atlas (Medical Research Council, UK) http://www.emouseatlas.org/emagewebapp/pages/emage_data_browse.jsf

Terminado el análisis, cada equipo presenta sus resultados al grupo en una breve exposición oral en la forma de un Seminario de Investigación⁸, describiendo para cada gen: el nombre del gen, el de su homólogo en ratón y su función biológica y patrón de expresión. En base a estos datos se decide en una discusión abierta entre todo el grupo qué gen es mejor candidato para continuar la investigación, en base a las funciones descritas de su homólogo en ratón.

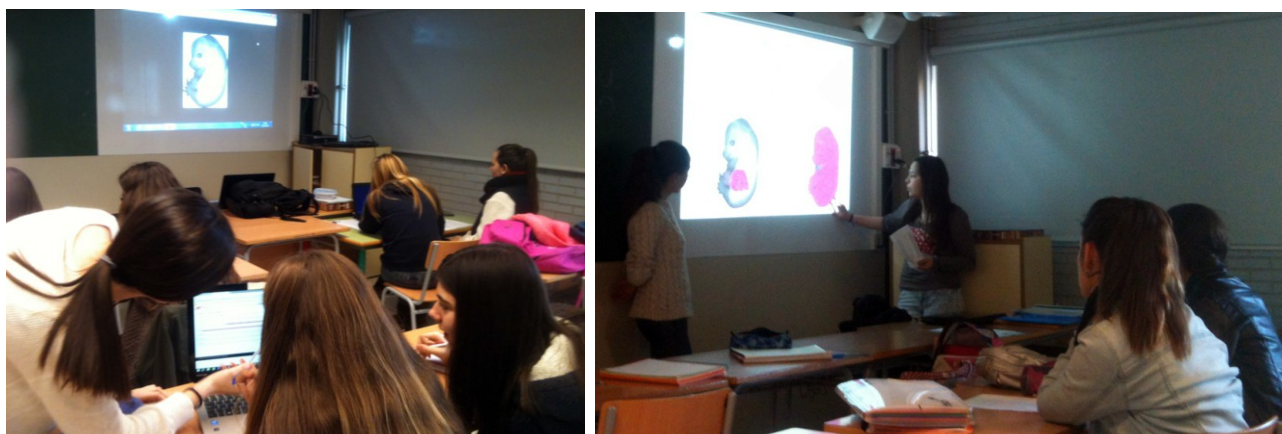


Figura 3. Sesiones de investigación y celebración del Seminario de Investigación.

Etapas 3: Experimentos de transgénesis y análisis y publicación de resultados. Diseñando experimentos, realizando predicciones a partir de un modelo

Fruto del trabajo en la etapa anterior, los estudiantes seleccionan como gen candidato el gen *Snf-4*, que tiene un homólogo real en ratón llamado *MT3*. El objetivo de esta etapa es que los estudiantes diseñen un experimento de transgénesis destinado a testar en ratón el posible papel de *Snf-4* en la neuro-degeneración. Esta etapa se estructura en 3 pasos:

⁸ Se proporciona al alumnado como andamio didáctico lingüístico un fichero-plantilla que ofrece la estructura de una presentación oral científica (Introducción, Material i Métodos, Resultados, Conclusiones) iniciadores de frase y conectores gramaticales. <https://sites.google.com/a/xtec.cat/c3/activitats-de-comunicacio-cientifica/comunicacions-oral>s

- Diseñar el experimento: qué tratamientos se llevarán a cabo (sobre-expresión de *Snf-4*, inhibición de la expresión de *MT3*, etc.) y qué variables se escogen como medida de la neuro-degeneración en los ratones del experimento (test de memoria, mortalidad neuronal, etc.) con la ayuda de una plantilla para el diseño de experimentos⁹.
- Diseñar el protocolo para construir los transgénicos para cada tratamiento, escogiendo la dianas de restricción que se usaran, en base a la interpretación de un gel de electroforesis del vector y el uso del programa *NEBCutter2.0* (New England Biolabs) <http://nc2.neb.com/NEBCutter2/> de búsqueda de dianas de restricción.
- Predecir y simular los resultados del experimento. En base a datos bibliográficos obtenidos usando la base de datos *PubMed Search del NCBI* (National Center for Biotechnology Information) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed> los estudiantes deciden si *MT3* tiene un rol promotor o protector ante la neuro-degeneración y predicen, representando en forma de simulación (Figura 4) qué resultados deberían obtener de su experimento. Los estudiantes trabajan a partir de una pre-selección de referencias en las que sólo deben leer los resúmenes, coleccionar pruebas y establecer a partir de ellas el papel de *Snf-4*, asumiendo que será el mismo que *MT3*.

Terminados estos pasos, los alumnos escriben un artículo científico de toda la experiencia, en el que describen su investigación sobre el papel de *Snf-4* en neuro-degeneración, argumentando a partir de los datos obtenidos en las distintas etapas de su investigación con la ayuda de un andamio didáctico para la escritura de artículos científicos escolares ya usado en anteriores experiencias (Domènech-Casal, 2013), que incluye apoyos lingüísticos (iniciadores de frase y conectores gramaticales) además de indicaciones sobre la estructura de un artículo científico.

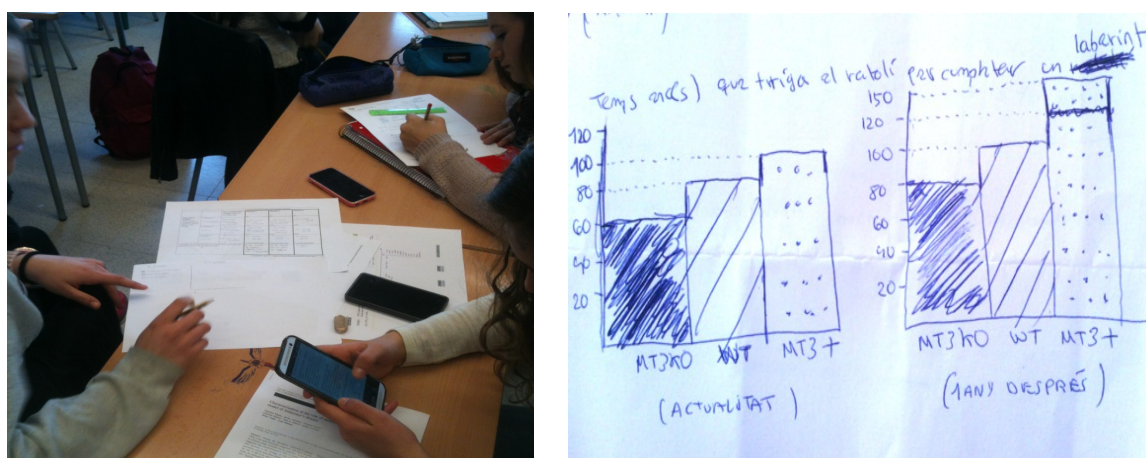


Figura 4. a) Alumnos discutiendo los resultados esperados. **b)** Borrador de una simulación en la que se habría medido el tiempo que tardan ratones salvajes y transgénicos por MT3 en recorrer un laberinto.

Etapas 4: Resolución de dilemas éticos y análisis crítico. Tomando decisiones interesadas por la ciencia en contextos sociales

Se proponen dos actividades que tratan aspectos éticos y de ciudadanía crítica en relación a la investigación y comunicación científica.

- 1) Dilema ético: los alumnos leen una carta ficticia de una empresa de productos alimenticios en la que se les felicita por su descubrimiento. En la carta se les proponen beneficios económicos si acceden a que su investigación pueda ser usada de forma

⁹ *Designing Experiments and Outcomes*, es una tabla que permite identificar variables dependientes e independientes y establecer anticipadamente cuáles serían las conclusiones que sacaríamos de cada uno de los desenlaces posibles: <https://sites.google.com/a/xtec.cat/c3/dissenyem-experiments>

fraudulenta como reclamo de venta de un producto alimenticio (el yogur anti-Alzheimer con *Snf-4*).

- 2) Análisis crítico: los alumnos leen varias noticias reales de periódicos del tipo “*Se ha descubierto el gen de...*” y las analizan críticamente para determinar el grado de certeza, y acordar qué elementos otorgan credibilidad a una fuente.



Figura 5. Celebración de un debate sobre el dilema ético.

La provocación al debate mediante controversias de interés para el alumnado (como el *Gen de la infidelidad*) ayuda a los alumnos a transferir los conocimientos sobre las estrategias de identificación de la función de un gen a un gen a la toma de decisiones de relevancia social.

Aunque por falta de tiempo, esta parte de la actividad se ha realizado de forma un tanto precipitada, el alumnado identifica ejemplos de su vida real, e identifica la necesidad de conocer qué es un gen, cómo actúa y cómo se comprueba su acción para evitar la manipulación informativa.

Resultados y discusión

El alumnado ha mostrado mucho interés e implicación en la actividad, algo habitual en las actividades ECBI (Rocard, Csermely, Jorde, Lenzen, Walberg-Heriksson y Hemmo, 2006). De las observaciones espontáneas recogidas en los portfolios de los alumnos se evidencia que un 10% afirma haber hablado con su familia o amigos de la investigación en enfermedades neurodegenerativas que estaba realizando, y que cerca de un 25% ha conectado durante algún punto de la actividad con experiencias propias (familiares afectados, noticias leídas en periódicos, publicidad de productos, etc.).

Observaciones en el aula y de las producciones del alumnado

En los distintos productos presentados por el alumnado, especialmente la presentación oral y el artículo científico, apreciamos que de manera general comprenden los conceptos básicos de la secuencia (expresión génica, genes homólogos, transgénicos) y entienden los requerimientos de los formatos de comunicación científica (uso del léxico específico, separación de resultados y conclusiones, presentación de los datos en formatos gráficos apropiados). Sólo en algunos casos aislados (menos del 10%) se han identificado confusiones entre los términos *gen homólogo* y *transgen*, que se han subsanado a lo largo de la actividad. Aunque no estaba previsto en el diseño de la actividad, los verbos *promover*, *activar*, *inhibir*, *inducir*, *prevenir* (usados indistintamente a lo largo de la secuencia en relación al rol de los genes) ha supuesto una dificultad para el

alumnado, aunque creemos importante mantener las diversas acepciones como vía de mejora de su vocabulario académico. Destaca la calidad de los artículos producidos por el alumnado, en especial en lo referido a distinción entre resultados y conclusiones y la argumentación de éstas últimas¹⁰, si bien no puede atribuirse sólo a la realización de esta actividad, pues el alumnado había trabajado ya en ocasiones anteriores el formato de artículo científico. Dado el nivel de apertura de la actividad, una parte significativa de los alumnos (cerca del 30% de los alumnos) ha protagonizado en algún momento de la secuencia situaciones inesperadas o serendípicas a lo largo del desarrollo de la actividad que consideramos de interés reseñar, pues juzgamos que muestran que la actividad permite la creatividad y la creación de modelos explicativos originales por parte del alumnado:

- Los estudiantes escogen variables inesperadas para medir la neuro-degeneración (por ejemplo, la velocidad en recorrer un laberinto).
- Algunos se plantean que algunos genes puedan estar regulando a otros, formando redes de regulación (Fig. 2): “*Ant 6. Cuanto mayor es (la expresión) más protege al paciente. Y si hay Snf2, hace que disminuya la ayuda de Ant 6*” (como efectivamente ocurre, aunque no forme parte de esta secuencia).
- Algunos estudiantes se plantean que algunos genes puedan tener efectos distintos o incluso contrarios en función de su nivel de expresión o fondo genético. Algo relevante, pues en el caso de *MT3*, artículos recientes a los que el alumnado no ha tenido acceso sugieren este modelo (Manso *et al*, 2012).
- En algunos casos, los estudiantes se cuestionan los datos más allá de lo esperado: “*Es normal que los genes de neuro-degeneración no se expresen, son todavía embriones*” “*Así como había diferencias entre distintos humanos, ¿cómo sabemos que ese patrón de expresión en el ratón es representativo?*”, iniciando debates sobre la importancia de las réplicas en los experimentos científicos y la regulación temporal de la expresión de los genes.

Los andamios lingüísticos aplicados¹¹ durante la actividad han proporcionado elementos lingüísticos (iniciadores de frase, conectores gramaticales) para guiar el tipo de razonamientos o habilidades cognitivo-lingüísticas a aplicar, algo que habíamos observado en experiencias previas (Domènech-Casal, 2013). Ha resultado especialmente clave el andamio relativo al diseño del experimento, sobre el que se trabaja de manera recurrente a lo largo de la Etapa 3 de la secuencia, y permite separar *lo que se hace* (los tratamientos o variables independientes) y *lo que se observa* (las variables dependientes).

En las conversaciones con los alumnos en el aula, éstos juzgan como algo complejas las aplicaciones *on line* usadas (*Expasy bioinformatic tool*, *NCBI Blast Search Tool*, *UniProt Blast search*, *EMAGE Mouse atlas*, *NCBI PubMed*) si bien la práctica totalidad de los alumnos (más del 85%) ha conseguido aplicarlas con éxito a la resolución de la actividad. Se ha considerado la posibilidad de desarrollar algún tipo de tutorial de apoyo, pero se ha descartado, con dos motivos: 1) ocasionalmente estas plataformas web cambian su aspecto o distribución – haciendo poco prácticos los tutoriales- y 2) la resolución de los problemas técnicos ha provocado conversaciones entre los estudiantes en las que se han instrumentalizado términos como *homólogo*, *diana de restricción*, o *prueba*).

¹⁰ Ejemplos de trabajos de alumnos están disponibles en el sitio web de la actividad <https://sites.google.com/site/huntingforagene/didactic-guide>

¹¹ Se han aplicado un total de 7 andamios didácticos en formato papel, disponibles como *Worksheets* en: <https://sites.google.com/site/huntingforagene/ressources>

Percepciones de los cambios en las concepciones sobre la investigación y los transgénicos

Para evaluar la actividad, y como reflexión sobre el aprendizaje para nutrir el portfolio de aprendizaje de los estudiantes, se les ha pedido que evalúen cómo perciben que han cambiado sus concepciones en relación a varios aspectos relacionados con la actividad¹². Los resultados (disponibles en el [Anexo 1](#)) muestran grandes cambios, si bien existe en todos los casos un mínimo de entre el 10 y 15% del alumnado que no percibe cambios en sus ideas previas, a pesar de que algunas cuestiones (*“Cada gen se corresponde con una única función”* o *“Los transgénicos tienen únicamente un objetivo de producción industrial”*) constituyen aspectos tratados específicamente en la secuencia didáctica.

De forma general, los alumnos perciben un viraje de sus concepciones hacia posiciones más críticas respecto a la investigación biomédica, pues frases como *“Cuando se identifican genes responsables de enfermedades, ya es seguro que podremos curarlas”* o *“Cuando en las noticias se anuncia el descubrimiento de un gen de una enfermedad, está demostrado su efecto”* disminuyen notablemente en el apoyo que reciben.

Se observan también cambios en la apreciación del trabajo del investigador como un trabajo en el que hay que desarrollar habilidades de razonamiento y que se produce en otros entornos, además del laboratorio.

Conclusiones

El diseño de la secuencia siguiendo el esquema ECBI ha permitido ejercitar un rango muy completo de habilidades científicas (Tabla 1) y provocado cambios en las concepciones del alumnado respecto a la Expresión Génica y la Genómica, y promoviendo una actitud crítica hacia la Investigación Biomédica. Además de estos aspectos conceptuales y procedimentales, el alumnado ha participado en discusiones de tipo epistémico conectadas también a las controversias socio-científicas, una estrategia que otros autores ya han propuesto para la modelización a partir de contextos (España y Prieto, 2010; Sadler, 2011). Consideramos que esta combinación metodológica (ECBI/Contextualización) es una vía eficaz para el aprendizaje y proponemos indicaciones extraídas del diseño de la actividad como orientación para la creación de nuevas actividades ECBI contextualizadas:

- *Las pruebas y el conflicto cognitivo, inicio del proceso.* La investigación se inicia a partir de datos usados como prueba, que originan un conflicto cognitivo y una pregunta.
- *La ciencia como proceso, no como producto acabado.* A lo largo de la investigación se incorporan datos que modifican las interpretaciones de datos anteriores.
- *Se recorren los distintos procesos y habilidades de construcción del conocimiento científico* (hacerse preguntas, diseñar experimentos, analizar datos y sacar conclusiones), no necesariamente de forma lineal.
- *Un conocimiento parcial y serendípico.* Los datos son parciales y deben ser integrados con otros datos para poder sacar conclusiones, y son abiertos a interpretaciones distintas y originales.
- *Un contexto social, científico y tecnológico* da sentido a la actividad y permite participar en la toma o valoración de decisiones.

¹² La encuesta no es un pre-test y post-test, sino que ha sido elaborada al final de la actividad como auto-evaluación pidiendo a los alumnos que comparen su concepción actual con la que tenían antes de la actividad.

- *La ciencia como constructo social.* Existen eventos de comunicación formal e informal, con múltiples organizaciones de aula y formatos de comunicación científica.
- *La ciencia, una aventura cognitiva.* No se proporciona una solución correcta, sino que éstas deben ser valoradas como *muy ciertas* o *poco ciertas* en base a la calidad de las pruebas, la argumentación y el consenso.
- *Ofrece retos intelectuales asumibles y andamios didácticos de distintos niveles* (rúbricas, plantillas, talleres, producciones de compañeros, etc.) para promover el aprendizaje, la reflexión sobre el aprendizaje y la autonomía creciente del alumnado.

La actividad incluye también como parte del contexto el uso de las distintas herramientas TIC de investigación *in silico*. Consideramos que la simple práctica de uso de los programas de investigación *in silico* desconectada de la resolución de un problema concreto y socialmente relevante constituye un ejercicio vistoso, pero desconectado de las concepciones de los alumnos, y, por tanto, menos poco útil para construir conocimiento más allá de la adquisición de destrezas mecánicas. La contextualización en el objetivo general de hallar genes con un papel en la neurodegeneración ha dado un marco significativo a la componente TIC de la actividad.

Como vías de desarrollo o aspectos a tener en cuenta en la aplicación de la actividad, consideramos que deberían considerarse los siguientes aspectos:

- La conexión con enfermedades concretas como el Parkinson o el Alzheimer debe gestionarse con delicadeza, algunos alumnos podrían ser sensibles por casos familiares.
- Los datos de *microarrays* pueden generar concepciones erróneas (p.e: *Se expresan pocos genes en el cerebro, Una parte importante de ellos participa directamente en la neuro-degeneración, o El cerebro es un órgano homogéneo y uniforme en lo que respecta a expresión génica*).
- Puede ser relativamente sencillo modificar los *microarrays* iniciales para sugerir cadenas de regulación de genes entre sí, como interpretan algunos alumnos en la aplicación.
- Es importante que los alumnos entiendan que la simulación de resultados que se lleva a cabo en la Etapa 3 es un proceso propio de la actividad didáctica, no de la investigación biomédica.
- Es sencillo usar la actividad para abordar otra temática distinta a la neuro-degeneración sólo con cambiar la secuencia del gen ficticio *Snf4* y las historias clínicas de los pacientes iniciales.

La actividad se enmarca en las actividades del Proyecto C3¹³ (Creación del Conocimiento Científico) del que el lector encontrará de interés otras actividades similares sobre mitosis, cáncer e investigación biomédica¹⁴ (Domènech-Casal, en edición), evolución, taxonomía y estratigrafía¹⁵ (Domènech-Casal, 2014) y deriva continental y tectónica de placas¹⁶ (Domènech-Casal, 2015b).

Así mismo, el lector encontrará de interés otros recursos y actividades alrededor del uso de bases de datos genéticas, como Navigene (NBIC, 2014), Bioinformatic Gene Hunting (Viale *et*

¹³ Proyecto C3 (Creación del Conocimiento Científico) <https://sites.google.com/a/xtec.cat/c3/home>

¹⁴ Drug Research <https://sites.google.com/a/xtec.cat/drugresearch/>

¹⁵ Chasing after Caminalcules <https://sites.google.com/a/xtec.cat/caminalcules/home>

¹⁶ Gondwana Tales <https://sites.google.com/a/xtec.cat/gondwanatales/home>

al, 2013), u otras propuestas contextualizadas (López, 2011) o recopilatorios de entornos¹⁷ y recursos TIC sobre genética molecular (Domènech-Casal *et al*, 2012).

Enlaces

Hunting for a gene. Materiales, fichas y enlaces de la actividad: <https://sites.google.com/site/huntingforagene/>

Proyecto C3 (Creación del Conocimiento Científico): <https://sites.google.com/a/xtec.cat/c3/home>

Agradecimientos

El autor agradece la colaboración del alumnado y profesorado del Institut de Vilanova del Vallès. La reflexión metodológica contenida en este artículo se enmarca en el trabajo del grupo LIEC (Llenguatge i Ensenyament de les Ciències) de la Universitat Autònoma de Barcelona, grupo de investigación consolidado LICEC (referencia 2014SGR1492) y financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad (referencia EDU2015-66643-C2-1-P).

Referencias bibliográficas

- Bogner, F., Boudalis, A., Sotiriou, S. (Eds.) (2012). *Pathway. Best Practices of Inquiry-Based Science Education. Methods and Activities*. Epinoia, Pallini Attikis, Greece.
- Bybee, R. W. (2006). Scientific Inquiry and Science Teaching. En: Flick, L.B., Lederman, N. G. (Eds.). *Scientific Inquiry and Nature of Science. Implications for Teaching, Learning and Teacher Education*. Springer, Dordrecht, The Netherlands.
- Caamaño, A. (2012). ¿Cómo introducir la indagación en el aula? Los trabajos prácticos investigativos. *Alambique: didáctica de las ciencias experimentales* 70, 83-91.
- Dodge, B. (1995). WebQuests: A Technique for Internet-Based Learning. *The Distance Educator* 1(2), 10-13.
- Domènech-Casal, J., Besson, I., Merlo, M., Puigcerver, M., Solé, M.T. (2012). Genes, memes y bits: el cómo y el porqué de cinco recursos web sobre genética. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias* 11(1), 43-58.
- Domènech-Casal, J. (2013). Secuencias de apertura experimental y escritura de artículos en el laboratorio: un itinerario de mejora de los trabajos prácticos en el laboratorio. *Enseñanza de las Ciencias* 31 (3), 249-262.
- Domènech-Casal, J. (2014). Una secuencia didáctica de indagación y comunicación científica sobre taxonomía, evolución y estratigrafía. *Alambique, Didáctica de las Ciencias Experimentales* 78, 51-59.
- Domènech-Casal, J. (2015a). Proyecto C3: indagación científica, lengua y contextos en la ESO. *Aula de Secundaria*, en edición.
- Domènech-Casal, J. (2015b). Una secuencia didáctica de modelización, indagación y creación del conocimiento científico en torno a la deriva continental y la tectónica de placas. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 12(1), 186-197. Recuperado de: <http://hdl.handle.net/10498/16932>
- Domènech-Casal, J. (en edición). Drug Research: una secuencia contextualizada de indagación sobre mitosis, cáncer y creación del conocimiento científico. *Investigación en la escuela*, aceptado, en edición.

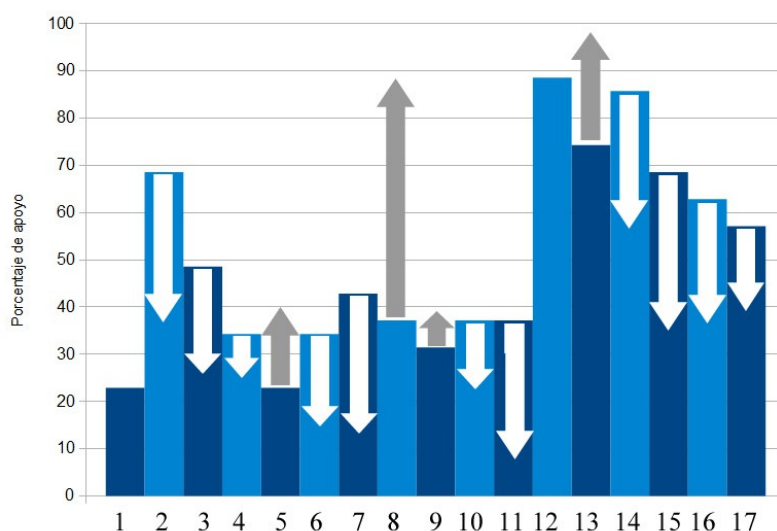
¹⁷ Página de Isabel Etayo sobre entornos TIC en genética: <http://docentes.educacion.navarra.es/metayosa/simulaciones.html>

- Duranti, A., Goodwin, C. (Eds). (1992). *Rethinking context: Language as an interactive phenomenon*. Cambridge, University Press. Cambridge.
- España, E., Prieto, T. (2010). Problemas socio-científicos y enseñanza-aprendizaje de las ciencias. *Investigación en la escuela* 71, 17-24.
- Fernández, I., Gil, D., Carrascosa, J., Cachapuz, A., Praia, J. (2002). Visiones deformadas de la ciencia transmitidas por la enseñanza. *Enseñanza de las Ciencias* 20 (3), 477-488.
- Gilbert, J. K. (2006). On the nature of context in chemical education. *International Journal of Science Education* 28(9), 957-976.
- Gilbert, J.K., Bulte, A.M.W., Pilot, A. (2011). Concept development and transfer in context-based science education. *International Journal of Science Education* 33(6), 817-837.
- Giménez, C. (2013). Les bases de dades moleculars. Un recurs per a l'ensenyament de la biologia a batxillerat. *CBCAT* 21, 4-7. Recuperado de: http://carlosgimenez.info/documents/article_cbc21.pdf
- Goytia, E., Besson, I., Gasco, J., Domènech-Casal, J. (2015). Evaluar habilidades científicas. Indagación en los exámenes. ¿Una vía para cambiar la práctica didáctica en el aula? *Alambique, Didáctica de las Ciencias Experimentales* 79 (web), 1-11.
- Hodson, D. (1994). Hacia un enfoque más crítico del trabajo de laboratorio. *Enseñanza de las Ciencias* 12(3), 299-313
- Jorba, J. (1998). La comunicació i les habilitats cognitivo-lingüístiques, en Jorba, J., Gómez, I. y Prat, A. (Eds.). *Parlar i escriure per aprendre. Ús de la llengua en situació d'ensenyament-aprenentatge de les àrees curriculars*. Bellaterra: ICE de la UAB.
- López, M. (2011). Introducción a la bioinformática en la enseñanza secundaria: estudio de una alteración genética. En: González, M., Baratas, L.A. (Eds) *Investigación y didáctica para las aulas del siglo XXI: experiencias docentes y estrategias de innovación educativa para la enseñanza de la biología y la geología: Actas del I Congreso de docentes de Ciencias de la Naturaleza*. 129-138. Recuperado de: http://pendientedemigracion.ucm.es/info/epinut/congresos/Libro_Actas_I_Congreso_Docentes_CCNN.pdf
- Llewellyn, D. (2005). *Teaching High School Science through Inquiry: A case study approach*. Corwin Press & NSTA press, California.
- MEC (2015). Currículum LOMCE. Boletín Oficial del Estado, 3 enero 2015, 169-546.
- Manso, Y., Carrasco, J., Comes, G., Meloni, G., Adlard, P.A., Bush, A.I., Vasak, M., Hidalgo, J. (2012). Characterization of the role of metallothionein-3 in an animal model of Alzheimer's disease. *Cell. Mol. Life Sci.* 69, 3683-3700.
- NBIC, Netherlands Bioinformatic Center (2014). *Navigene. Bioinformatics at school*. Recuperado de: http://www.nbic.nl/uploads/media/NaviGene_EN_versie_2014.pdf
- Orts, M. (2012). Luis Alberto Branda. Bevent de les fonts de l'ABP. *Guix, Elements d'Acció Educativa* 388, 54-57.
- Prat, A. (1998) Habilitats cognitivo-lingüístiques i tipologia textual. En: Jorba, J. ; Gómez, I. ; Prat, A. (eds). *Parlar i escriure per aprendre. Ús de la llengua en situació d'ensenyament-aprenentatge de les àrees curriculars*. ICE de la UAB. Bellaterra.
- Puig, B., Jiménez-Aleixandre, M.P. (2015). El modelo de expresión de los genes y el determinismo en los libros de texto de ciencias. *Revista Eureka sobre Enseñanza y*

- Divulgación de las Ciencias* 12(1), 55-65. Recuperado de: <http://hdl.handle.net/10498/16924>
- Rocard, M., Csermely, P., Jorde, D., Lenzen, D., Walberg-Heriksson, H. Y Hemmo, V. (2006). *Science Education Now: a new pedagogy for the future of Europe. Report for the European Commission*. Recuperado de: http://ec.europa.eu/research/science-society/document_library/pdf_06/report-rocard-on-science-education_en.pdf
- Sadler, T. D. (2011). Situating Socio-scientific Issues in Classrooms as a Means of Achieving Goals of Science Education, en Sadler, T. D. (Ed.) *Socio-scientific Issues in the Classroom: Teaching, learning and research*, 1-9. Netherlands: Springer.
- Sanmartí, N., Izquierdo, M. Y García, P. (1999). Hablar y escribir. Una condición necesaria ara aprender ciencias. *Cuadernos de Pedagogía* 281, 54-58.
- Sanmartí, N., Burgoa, B., Nuño, T. (2011) ¿Por qué el alumnado tiene dificultad para utilizar sus conocimientos científicos escolares en situaciones cotidianas? *Alambique, Didáctica de las Ciencias Experimentales* 67, 62-69.
- San Valero, C. (1995). El Proyecto Genoma Humano, sus implicaciones sociales y la Biología de Bachillerato. *Alambique: Didáctica de las Ciencias Experimentales* 3, 109-115.
- Simarro, C., Couso, D., Pintó, R. (2013). Indagació basada en la modelització: un marc per al treball pràctic. *Ciències* 25, 35-43.
- Tenorio, G. (2014). Using biological databases to teach evolution and biochemistry. *Science in school* 29, 31-34.
- Viale, G., Grazioli, C., Fornari, M., Manzotti, P., Bellora, L. (2013). *Bioinformatic Gene Hunting*. CusMiBio, Centre of the University and School of Milan for Bioscience Education. Recuperado de: <http://www.cusmibio.unimi.it/scaricare/huntbrca2.pdf>
- Viennot, L. (2011). Els molts reptes d'un ensenyament de les Ciències basat en la indagació: ens aportarà múltiples beneficis en l'aprenentatge? *Ciències* 18, 22-36.

Anexo 1

Representación comparando el porcentaje de alumnos que se manifiestan de acuerdo con cada una de las frases antes de la actividad (barras azules) y los cambios en ese apoyo después de la actividad (flechas).



- ✓ La acción de los genes depende exclusivamente de tener o no una mutación
- ✓ Cada gen se corresponde con una única función
- ✓ Cada función es desarrollada por un único gen
- ✓ Cada gen tiene el mismo efecto en distintas personas
- ✓ El ambiente no cambia el efecto de los genes
- ✓ Es sencillo identificar qué gen es responsable de una función
- ✓ Cuando se identifican genes responsables de enfermedades, ya es seguro que podremos curarlas
- ✓ Los genes de ratón aportan información relevante para el estudio de la genética humana
- ✓ No deberíamos experimentar con ratones, porque sufren
- ✓ No vale la pena investigar con ratones, porque los problemas que queremos resolver son en humanos
- ✓ Los transgénicos tienen únicamente un objetivo de producción industrial (terneras con más carne, tomates más grandes...)
- ✓ Es necesario saber muchos conceptos para dedicarse a investigación biomédica
- ✓ Es necesario desarrollar habilidades de razonamiento para dedicarse a la investigación biomédica
- ✓ Los investigadores biomédicos trabajan principalmente en el laboratorio
- ✓ Las decisiones que toman los científicos incluyen sólo criterios científicos
- ✓ Cuando en las noticias se anuncia el descubrimiento de un gen de una enfermedad, está demostrado su efecto
- ✓ Sufrir enfermedades neurodegenerativas es cuestión de suerte: depende exclusivamente de tus genes