



Universidad Internacional de La Rioja
Facultad de Educación

Trabajo Fin de Máster de Profesorado de Educación Secundaria

Actividades de bioinformática
para enriquecimiento
extracurricular con alumnos de
altas capacidades intelectuales
en Educación Secundaria

Presentado por: Carlos Pérez Cantalapiedra
Línea de investigación: Propuesta de intervención
Director/a: Iñigo Izal Azcárate

Ciudad: Zaragoza
Fecha: 4 de marzo de 2016

Resumen / abstract

Resumen: La atención a los alumnos con **altas capacidades intelectuales (AACCI)** es fundamental para garantizar su éxito académico y su crecimiento integral. En el contexto del currículum ordinario de **Educación Secundaria** estos alumnos no pueden desarrollar su potencial. Los programas de **enriquecimiento extracurricular (EE)** proporcionan a estos alumnos una mayor amplitud, profundidad y variedad de contenidos, minimizando la salida del aula que les corresponde por edad que se da con enfoques de aceleración o no inclusivos. La **bioinformática** es un campo que ha revolucionado la práctica de la biología pero permanece ausente del currículum de Educación Secundaria. Incluye contenidos tanto de Tecnologías de la Información y de la Comunicación (TIC) como de Biología y está enfocada a la investigación, siendo así una buena candidata para su uso en programas de EE. En este trabajo se revisa el **marco teórico** que explica las AACCI y se realiza una **propuesta de intervención**, basada en tareas de bioinformática, que puede incorporarse en programas de EE. Además, se establece la relación de los contenidos propuestos con el currículum oficial y se dan las pautas a seguir para la evaluación del aprendizaje de los alumnos y del propio programa, para su mejora.

Palabras clave: *superdotación, altas capacidades intelectuales, enriquecimiento extracurricular, bioinformática, educación secundaria.*

Abstract: Care for students with **high cognitive abilities (HCA)** is essential to ensure their academic success and overall growth. In the context of the conventional curriculum of **Secondary Education** these students may not realize their full potential. **Extracurricular enrichment (EE)** programs provide these students with a greater breadth, depth and diversity of content to learn, while reducing their absence from the classroom to which they correspond by age, a situation that happens with acceleration or non-inclusive approaches. **Bioinformatics** is a field that has revolutionized the practice of biology but remains absent from the curriculum of Secondary Education. It includes content both from Information and Communication Technologies (ICT) and Biology and is focused on research, therefore being a good candidate for its use within EE programs. In the present document, the **theoretical framework** explaining HCA is reviewed and a **proposal for an intervention** is presented, which is based on bioinformatics tasks and may be incorporated into EE

programs. Finally, it is stated the relationship between the contents of this proposal and the conventional curriculum, and guidelines to evaluate the achievement of students and the proposal, for its improvement, are provided.

Keywords: *giftedness, high cognitive abilities, extracurricular enrichment, bioinformatics, secondary education.*

Abreviaturas

AACCII: altas capacidades intelectuales.

ADN: ácido desoxirribonucleico.

BD: base de datos.

CDS: *coding sequence*, secuencia codificante de un gen.

CI: coeficiente intelectual.

EE: enriquecimiento extracurricular.

EUA: Estados Unidos de América.

NEAE: necesidades especiales de atención educativa.

TIC: Tecnologías de la Información y de la Comunicación.

Índice de contenidos

1.	Introducción	1
1.1.	Planteamiento del trabajo y justificación	1
1.2.	Objetivos	3
2.	Marco teórico.....	4
2.1.	Altas capacidades intelectuales.....	4
2.2.	Modelos explicativos.....	6
2.2.1.	Modelos de capacidades innatas	7
2.2.2.	Modelos basados en los logros.....	8
2.2.3.	Modelos socioculturales o sistémicos.....	9
2.2.4.	Modelos cognitivos	11
2.2.5.	Otros modelos.....	12
2.3.	Características del alumnado con AACCCII.....	14
2.4.	Respuestas educativas: intervención	18
2.5.	Enriquecimiento extracurricular	21
2.6.	Bioinformática	23
2.6.1.	Bioinformática en Educación Secundaria	25
3.	Propuesta de intervención.....	29
3.1.	Introducción.....	29
3.2.	Programación general de la propuesta	29
3.3.	Actividades	30
3.3.1.	Actividad inicial: conocimientos previos.....	32
3.3.2.	Actividad 1: trabajar con genes.....	37
3.3.3.	Actividad 2: genes en el genoma.....	41
3.3.4.	Actividad 3: proteínas y biodiversidad	46
3.3.5.	Actividad de refuerzo: trabajo de investigación	50

3.4. Evaluación.....	54
4. Discusión y conclusiones.....	57
5. Referencias bibliográficas	60
Anexos.....	68
Anexo I	68
Anexo II.....	69
Anexo III	70
Anexo IV.....	73
Anexo V	75
Anexo VI.....	76
Anexo VII	78
Anexo VIII.....	82

Índice de tablas

Tabla 1. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad “Trabajar con genes”.....	40
Tabla 2. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad “Genes en el genoma”.....	45
Tabla 3. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad “Proteínas y biodiversidad”.....	49
Tabla 4. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad de refuerzo “Trabajo de investigación”.....	53

Índice de figuras

Figura 1. Esquema de las actividades propuestas.....	30
--	----

1. Introducción

1.1. Planteamiento del trabajo y justificación

La escuela actual aspira a un modelo de escuela inclusiva, en la cual todos los alumnos cuenten con igualdad de oportunidades sin por ello renunciar a compartir un espacio común. En este contexto, la **legislación española** (LOMCE, 2013) identifica al alumnado con AACCCII como **alumnos con necesidad específica de apoyo educativo (NEAE)**. Bajo esta denominación, la atención a sus necesidades es una cuestión que se debe abordar en los centros escolares de todo el territorio nacional. Sin embargo, la respuesta a estos alumnos no siempre es la adecuada, pese a que contar con alumnos con AACCCII es una **situación constante** en las aulas (Carpintero, Cabezas y Pérez, 2009). En España, el estudio de las AACCCII es relativamente reciente y el número de **alumnos identificados es un pequeño porcentaje** de lo esperado, por lo que la necesidad de ser capaces de atender a estos alumnos aumentará previsiblemente (Hernández y Gutiérrez, 2014).

Dicha atención conlleva **dificultades** que abarcan desde su detección hasta el proceso de intervención. En relación a este último, las programaciones deben **adaptar sus contenidos** para que resulten de provecho para alumnos que, por lo general, tienen superados o pueden superar con facilidad los contenidos de los cursos que les corresponden por su edad biológica. Entre las distintas alternativas para ofrecer contenidos adaptados se encuentra el **enriquecimiento**, que consiste en facilitar al alumno que amplíe sus conocimientos o profundice en diversos contenidos. Cuando se recurre a contenidos que no están presentes en el currículum oficial, se trata de **EE**. Esta modalidad de intervención es una de las que más beneficia a los alumnos con AACCCII (Ferrándiz, Ferrando y Rojo, 2008; Pérez, 2012; Rojo et al., 2010).

Otro de los problemas habituales es que los **profesores carecen de la formación** necesaria para afrontar la enseñanza de estos alumnos (Alonso, 2006; Artiles, 2006). Además, se pueden ver **desbordados por su ritmo** de aprendizaje (Miguel y Moya, 2011). Los docentes requieren que se les dote de **formación y recursos** para poder cumplir con los objetivos de inclusión. Una de las claves para que estimulen el potencial de sus alumnos puede residir en propiciar su **aprendizaje autónomo**, para lo cual es la investigación y las TIC brindan una posibilidad prometedora (Hernández y Gutiérrez,

2014). Con los alumnos con AACCCII, es muy importante **despertar su interés y curiosidad científica** (Pérez, López, Del Valle y Ricote, 2008). En el campo de las ciencias, el **entrenamiento en los métodos de investigación** no solo permite a los alumnos aprender conceptos y procedimientos, sino que además les motiva para aprender (Renzulli, 2008).

El campo de la **bioinformática** es relativamente desconocido en España, especialmente en Educación Secundaria. Se trata de un campo interdisciplinar y muy amplio, que **conjuga información biológica y prácticas de computación**. Estos atributos hacen de la bioinformática una potencial candidata para su uso en programas de EE.

Este trabajo consta de **dos partes** fundamentales. En primer lugar, se establece un **marco teórico** que presenta la superdotación, los programas de EE y la bioinformática en educación.

Es fundamental tener una concepción clara de lo que significan las AACCCII, para abordar el trabajo con estos alumnos alejándose de mitos y malentendidos (Miguel y Moya, 2011). Por tanto, se comienza definiendo el **fenómeno de la superdotación**, revisando los **modelos más relevantes** que abordan la cuestión y describiendo las **principales características y los rasgos personales y de rendimiento académico** que se suelen identificar en los alumnos con AACCCII.

Seguidamente, se revisan los tipos de **respuesta educativa** que pueden realizarse, en el marco del sistema educativo español, para los alumnos diagnosticados con AACCCII, profundizando en la modalidad de **EE**, ya que se ha elegido como base para el diseño de la propuesta de intervención.

Como punto final del marco teórico, se introduce el campo de la **bioinformática**, describiendo sus principales características y revisando los trabajos que la han aplicado en Educación Secundaria.

Este marco teórico permite sustentar la segunda parte del trabajo: una **propuesta de intervención** de EE para alumnos con AACCCII mediante actividades basadas en tareas de bioinformática. La propuesta está dirigida a **facilitar su aplicación** por parte de los docentes en sus programaciones o en programas de EE. Además, se realiza una exploración de los contenidos y objetivos de la materia de Biología del **currículum**

oficial, a lo largo de toda la etapa de Educación Secundaria, identificando los conocimientos que deben poseer los alumnos para trabajar con las actividades propuestas e ilustrando la contribución potencial de la bioinformática para la significatividad del proceso de enseñanza-aprendizaje.

1.2. Objetivos

El **objetivo general** de este trabajo es diseñar actividades de bioinformática como propuesta de intervención en programas de EE, determinando su utilidad para la atención a alumnos con AACCII de Educación Secundaria.

En cuanto a **objetivos específicos**, se pretende:

- Establecer el marco teórico y la experiencia previa de la comunidad educativa, fundamentalmente en dos ejes: el EE con alumnos con AACCII y el uso de técnicas de bioinformática en las aulas.
- Identificar contenidos de bioinformática que puedan ser impartidos en Educación Secundaria, estableciendo su relación con el currículum oficial.
- Diseñar un programa de EE para alumnos con AACCII, vertebrado por las actividades identificadas y basado en modelos constructivistas.
- Poner de manifiesto si la bioinformática es un área adecuada para la docencia en Educación Secundaria y, en particular, para el EE con alumnos con AACCII.
- Determinar los conocimientos previos y recursos necesarios para que los alumnos realicen las actividades.
- Establecer la forma de evaluar tanto el grado de aprendizaje y motivación de los alumnos tras realizar las actividades, como la propia propuesta para su mejora.

2. Marco teórico

2.1. Altas capacidades intelectuales

Tradicionalmente, el término de uso común para referirse a las personas con AACCII es el de **superdotado**. Este término, implica unos dones naturales y refuerza la idea de que tiene un origen hereditario (Zavala, 2012) o que, cuanto menos, se encuentra determinado desde etapas tempranas del desarrollo. Tiene una única acepción en el Diccionario de la Real Academia de la Lengua Española, como un adjetivo “Dicho de una persona: que posee cualidades que exceden de lo normal. Usado especialmente refiriéndose a las condiciones intelectuales. Usado también como sustantivo” (RAE, 2016).

Otra herencia que todavía se arraiga popularmente, incluso en el ámbito educativo, es la de considerar como sujeto superdotado a aquel que ha obtenido una calificación elevada en **pruebas de inteligencia** en un momento determinado de su vida. Esta concepción proviene de los estudios de la primera mitad del siglo XX, cuando se inicia la medición de la inteligencia de una forma sistemática (Feldman, 2015; López, 2007), se establece una escala de inteligencia y se acuñan términos como el de edad mental (Terman, 1925). Precisamente, en aquel entonces la inteligencia era considerada como un **aspecto monolítico** de la persona (López, 2007; Zavala, 2012), que se podía medir mediante el **cociente intelectual** (CI; Terman, 1925), el cual sería el reflejo cuantitativo de una capacidad que permanecería **inmutable a lo largo de la vida**, el factor “G” (Spearman, 1927).

Sin embargo, en la segunda mitad del siglo XX, los casos comprobados de sujetos con mentes brillantes pero que rendían muy por debajo de su potencial llevaron a reconsiderar los modelos existentes, no solo de las AACCII sino de la propia inteligencia, siendo reemplazados por **teorías multifactoriales** (Guilford, 1967; Marland, 1972; Thurstone, 1938). Para Guilford la inteligencia tendría tres dimensiones (contenidos, operaciones y productos), las cuales agruparían multitud de habilidades (Guilford, 1967). Teorías posteriores que diferencian distintos componentes de la inteligencia en distintos niveles, y que ya distinguen capacidad general de específica, han abierto nuevos desafíos (Feldman, 2015). Algunas de esas teorías, como las de Sternberg o Gardner se tratan en epígrafes posteriores de este trabajo.

De esta forma, se ha pasado de una calificación reduccionista a un término, el de superdotado, que tiene una **definición** muy amplia y a menudo **imprecisa**. En primer lugar, no solamente se utiliza en relación a las capacidades intelectuales, sino a menudo también a capacidades físicas (los atletas de élite, por ejemplo). Por otra parte, no siempre es evidente la proporción con que contribuye la inteligencia a una tarea dada, ni qué concepción de la inteligencia o qué procesos cognitivos concretos se consideran y en qué contexto (Mönks y Mason, 2000). Esto dificulta la comparación de unos estudios con otros (Hernández y Gutiérrez, 2014). La definición de un término debería proporcionar una descripción precisa y formal del significado de un concepto o un constructo (Mönks y Mason, 2000). Esta condicionará el diagnóstico y la intervención educativa (Artiles, 2006; MEC, 2000). La problemática no es solo terminológica, sino también conceptual, entrelazándose con otros constructos como inteligencia, creatividad, motivación y autoconcepto, ya de por sí complejos (Zavala, 2012). En definitiva, el primer problema que se plantea el estudio de esta cuestión es precisamente el de su definición (MEC, 2000).

En un esfuerzo por superar estas dificultades, hoy en día se insiste en diferenciar conceptos como inteligencia general de específica o AACCI de talento (Gómez y Mir, 2011; MEC, 2000; Miguel y Moya, 2011):

- **AACCI**. Los individuos con AACCI tendrían un nivel de rendimiento intelectual superior a la media en una amplia gama de capacidades.
- **Talentosos**. Aquellos sujetos con una inteligencia específica, independiente de la condición general. Muestran habilidades excepcionalmente buenas en áreas muy concretas. Habría así distintos tipos de talento (matemático, académico, verbal, motriz, social, artístico, musical, creativo).
- Existen **otros términos** que conviene diferenciar de las AACCI, como los sujetos precoces, los prodigios, los genios y las eminencias. No se entra a definirlos en este trabajo, porque los términos AACCI y talento son más relevantes en la presente discusión y por limitaciones de espacio. Hay numerosos trabajos que se pueden consultar que tratan estos términos, como los citados al abrir esta serie de viñetas. Tan solo se apunta aquí que no son términos sinónimos de AACCI.

2.2. Modelos explicativos

Los **modelos** permiten establecer una analogía para un concepto complejo, pudiendo utilizarse para la investigación empírica (Mönks y Mason, 2000). A menudo tienen una **función explicativa**, destacando los aspectos importantes de una realidad (Mönks y Mason, 2000). El resultado de un proceso dirigido por un modelo puede contribuir a una mejor conceptualización del objeto de estudio (Mönks y Mason, 2000).

Existen **numerosos modelos** que tratan de explicar las AACCI. Su clasificación no es por correspondencia unívoca, puesto que algunos de ellos parten de **múltiples perspectivas** (Mönks y Mason, 2000). Así, se ha considerado conveniente, antes de abordar en detalle los distintos tipos de modelos, destacar una serie de **aspectos centrales** que han condicionado la evolución de las distintas teorías y su clasificación.

Un aspecto destacado es la diferenciación de la **inteligencia** como una característica **monolítica** en contraposición a la inteligencia como un **conjunto de dominios**. Los modelos difieren al considerar unos u otros componentes como constituyentes de la inteligencia o, visto desde la perspectiva de Gardner, de las distintas inteligencias.

Por otro lado, encontramos la diferencia entre **inteligencia general e inteligencia específica**, que lleva en definitiva a la diferenciación entre AACCI y talento. Algunos modelos se centran en el estudio de la inteligencia general mientras otras líneas se centran en los talentos específicos.

Además, encontramos dos perspectivas que difieren a la hora de identificar la inteligencia. Para algunos autores la inteligencia es independiente de la respuesta, es una característica interna e invariable del individuo, una **“inteligencia previa”** al rendimiento y que lo condiciona. Sin embargo, desde otra perspectiva más pragmática, la inteligencia debe evaluarse bien en función de la forma que adquieran los procesos cognitivos durante el procedimiento que lleva a la respuesta (de interés para los autores basados en la psicología cognitiva), o bien en función del producto (en el que se centran los autores basados en el logro). Se trataría en estos otros puntos de vista de una **“inteligencia posterior”** que condicionaría la calificación de superdotado.

También nos encontramos con diferencias al considerarse la inteligencia como capacidad **inmutable e independiente del contexto** o como un aspecto que evoluciona a lo largo del **desarrollo de la persona** y en **interacción con el**

entorno y la educación recibida. Esta cuestión hoy en día se considera resuelta, aceptándose la importancia del entorno además de la inteligencia innata y centrándose la investigación en la interacción que se produce entre los dos y cómo influye esta al desarrollo (Mönks y Mason, 2000).

Finalmente, se debe considerar la **naturaleza y origen** de dicha inteligencia. Es de esperar que los futuros descubrimientos en genética humana y en neurociencia, propiciados por los continuos avances técnicos, conlleven la reelaboración de los modelos explicativos de la inteligencia y de la superdotación (Feldman, 2015). Si bien se sabe que influyen **factores genéticos y ambientales**, y que se da una **evolución a lo largo del desarrollo ontogenético** de la persona, hoy en día no está resuelta la cuestión de en qué medida la inteligencia está determinada genéticamente y cuáles son los principales factores genéticos implicados (Davies et al., 2015; Spain et al., 2015).

En los siguientes epígrafes se detallan las características y los principales exponentes e ideas de **cuatro categorías principales** de modelos que trata de explicar la superdotación: los modelos de capacidades innatas, los modelos orientados al rendimiento, los modelos cognitivos y los modelos socioculturales o sistémicos. Además, se incluyen otros modelos que no se ha considerado apropiado incluir en las categorías anteriores. Para elaborar esta **clasificación** se ha seguido a fundamentalmente a Miguel y Moya (2011), Mönks y Mason (2000) y Zavala (2012).

2.2.1. Modelos de capacidades innatas

Estos modelos parten de los **primeros intentos sistemáticos de definir** las características de **la superdotación**. Por aquel entonces, la inteligencia era entendida como un único factor innato, genéticamente determinado y constante a lo largo de la vida de la persona (Mönks y Mason, 2000). Los estudios se basaban en la **medición psicométrica** de la inteligencia, de forma que la capacidad intelectual podía cuantificarse con un único número, el CI, obtenido para cada sujeto (Binet, Simon y Kite, 1916). De hecho, una de las ventajas de estos modelos radicaría en la fácil detección temprana de los individuos con AACII a través de dichas pruebas (Zavala, 2012).

El principal exponente de estas ideas fue **Terman**, quien inicialmente relacionaba los valores de CI con los logros de los individuos (Terman, 1925). Sin embargo, los estudios a lo largo de varios años demostraban que algunos individuos presentaban un cambio

sustancial de CI (Terman y Oden, 1947). Resultaba entonces evidente que otros factores, como la personalidad o el entorno social, debían jugar un papel importante en el rendimiento (Zavala, 2012). El propio Terman se convenció de que **las AACCI no aseguran un rendimiento sobresaliente** (Mönks y Mason, 2000).

2.2.2. Modelos basados en los logros

Desde principios del siglo XX algunos autores ya habían propuesto que la alta inteligencia no es condición suficiente para alcanzar el éxito y que otros factores como la motivación y el ambiente son importantes (Mönks y Mason, 2000). Esto condujo a la política educativa estadounidense a llevar a cabo un estudio sobre educación y superdotación cuyas conclusiones se recogen en el denominado **Informe Marland** (Marland, 1972). Este informe representaría un punto de inflexión a partir del cual los modelos de capacidades innatas serían cuestionados de forma generalizada. En el Informe Marland hay dos elementos nuevos (Mönks y Mason, 2000). Se considera el **rendimiento** como un criterio fundamental de detección y se identifican **diversos factores** en los que los sujetos superdotados pueden sobresalir. La capacidad innata deja paso al logro y la inteligencia monolítica a distintas áreas de habilidad intelectual.

Sería **Renzulli** el que rechazaría más fervientemente el uso exclusivo de las pruebas de CI para calificar a los sujetos con AACCI. Revolucionaría el campo de la superdotación basando su modelo en una visión más pragmática, orientada al logro: para él **la superdotación se afirma en función del producto al que da lugar**, más que tratarse de una cualidad personal puramente intrínseca (Zavala, 2012). En su **Teoría de los Tres Anillos** (Renzulli, 1978) establece **tres factores** implicados en el logro del superdotado: inteligencia superior a la media, creatividad y compromiso con la tarea. La persona talentosa destacaría en alguna de las tres variables, mientras que la de AACCI lo haría en todas ellas (Miguel y Moya, 2011). En este modelo, los tres rasgos son igualmente importantes, **cambiantes a lo largo de la vida** y el desarrollo de la persona, y su interacción dinámica es la que hace emerger los comportamientos sobresalientes (Mönks y Mason, 2000). Sin embargo, debido a las críticas por la falta de evidencia empírica (Mönks y Mason, 2000), Renzulli tuvo que revisar sus ideas (Renzulli, 1990), a pesar de lo cual su teoría seguiría y sigue teniendo una gran influencia en muchos de los modelos desarrollados posteriormente y en el diseño de programas de detección e intervención.

Más tarde, la variable referida a la capacidad intelectual superior a la media sería dividida en **habilidad general** y **habilidad específica** (Renzulli, 2000 citado por Zavala, 2012). De esta forma, Renzulli propone el añadir a las pruebas de inteligencia la forma de medir capacidades especiales (MEC, 2000). Por otro lado, para **valorar la creatividad**, responsable de la originalidad de pensamiento, la riqueza de las ideas y la habilidad para abandonar las convenciones cuando sea apropiado, Renzulli propone el **análisis de los productos creados** (Zavala, 2012). Finalmente, Renzulli (2000, citado por Zavala, 2012) distingue entre **motivación y compromiso con la tarea**.

Entre las **críticas** a este modelo se encuentra que al basarse en los productos se deja de lado la detección de alumnos superdotados con bajo rendimiento escolar (Zavala, 2012). Además, se le achaca un énfasis exclusivo en rasgos de la personalidad, **ignorando el papel de otros factores importantes**, como el entorno social (Mönks y Mason, 2000).

Hay otros autores que han trabajado desde la perspectiva centrada en el logro. **Feldhusen** toma un punto de vista pragmático basado en la observación. Incluye el concepto de predisposición, que requeriría de **oportunidades educativas** (Feldhusen, 1991). En este sentido se aproxima a los modelos socioculturales, afirmando que la superdotación emerge con la educación y dando importancia al desarrollo ontogenético (Feldhusen, 1991). Para él, la superdotación surge de la combinación de cuatro aspectos: la capacidad intelectual como constructo multifactorial, el autoconcepto positivo, la motivación para el rendimiento y el talento. En lugar de etiquetar a los alumnos como superdotados o no superdotados, Feldhusen propone utilizar procedimientos de identificación sobre cualquier capacidad, aptitud o talento especial (Feldhusen, 1992 citado en Arocas, Martínez y Martínez, 2009).

2.2.3. Modelos socioculturales o sistémicos

Si consideramos que la inteligencia no es un factor inmutable y únicamente determinado genéticamente, se ha de considerar entonces el impacto de los sistemas sociales (familia, escuela, compañeros) en el desarrollo de la persona (Mönks y Mason, 2000). Además, la cultura y la sociedad del momento pueden establecer lo que se considera como talento especial, y la familia y el entorno puede favorecer su desarrollo o no (Miguel y Moya, 2011).

Para **Tannenbaum** los logros sobresalientes estarían igualmente determinados por cinco factores: capacidad general (factor g), capacidad especial, factores no intelectuales (como motivación y autoconcepto), factores ambientales (familiares y escolares) y el factor suerte (Tannenbaum, 1986). Por otorgarles la misma importancia, este modelo es conocido como **Modelo psicosocial de estrella** (Arocas et al., 2009). Los cinco factores deben aparecer de forma conjunta y en combinación para que se produzca la superdotación (Arocas et al., 2009). De esta forma, la sociedad es la que determina quién es referido como superdotado y las oportunidades para el desarrollo de la superdotación dependerían de las circunstancias ambientales (Mönks y Mason, 2000). Bajo este punto de vista, el efecto que se ejerce sobre los sujetos, en forma de una mejor o peor atención, tendrá su efecto recíproco en la sociedad (Mönks y Mason, 2000).

Posteriormente, Tannenbaum revisa su modelo de cinco factores introduciendo algunas modificaciones, creando así el conocido como **Modelo psicosocial de filigrana** (Tannenbaum, 1997). En este modelo, los conceptos de talento y desarrollo son diferentes de los de otras propuestas. Para él, el talento del sujeto surge de la combinación de los factores del modelo (Arocas et al., 2009). Además, considera que la **superdotación** se aprecia **únicamente en la adultez** (Arocas et al., 2009). Otra peculiaridad de las ideas de Tannenbaum es que considera la **creatividad** como presente **en el producto**, como una consecuencia y no como un componente del modelo que produzca superdotación (Arocas et al., 2009).

Existen otros modelos, que a menudo se encuadran dentro de los modelos basados en logro (Arocas et al., 2009) pero consideran de forma explícita en sus modelos los factores del entorno.

Algunos surgen como forma de completar teorías previas que no incluían los factores sociales en sus propuestas. Este es el caso del **Modelo Triádico de la Sobredotación** de **Mönks** (1992), que posteriormente se denominaría Modelo Multifactorial de Talento (Mönks y Mason, 2000). Mönks revisa la Teoría de los Tres Anillos de Renzulli desde una perspectiva social y cultural, introduciendo tres nuevos factores: **familia, colegio y compañeros** (Miguel y Moya, 2011; Mönks, 1992).

Gagné diferencia superdotación de talento, aunque su uso de los términos es ligeramente distinto: superdotación se referiría a las capacidades naturales o aptitudes y talento a las destrezas desarrolladas, no innatas (Arocas et al., 2009; Gagné, 1999). La

superdotación sería una capacidad más general y el talento una más específica (Gagné, 1991). Al igual que autores anteriores, como Feldhusen o Mönks, incluye en su modelo elementos socioculturales, considerando que el desarrollo de la superdotación depende del ambiente y de las oportunidades formativas (Arocas et al., 2009). De esta forma, Gagné contempla en su modelo **cinco dominios de aptitudes**: intelectual, creativo, socioafectivo, sensomotriz y una categoría (“otros dominios”) que contempla habilidades menos reconocidas y estudiadas (Arocas et al., 2009). Además, diferencia entre elementos intermedios internos y externos (Gagné, 1999), incluyendo aspectos de la personalidad, motivación y compromiso con la tarea en los primeros; y a las personas, ambiente, intervenciones y acontecimientos significativos, además de la suerte, en los segundos.

Existen otros modelos que enfatizan la influencia del entorno (Arocas et al., 2009). Para **Haensly, Reynolds y Nash** el que una persona llegue a ser considerada superdotada dependerá de que el producto de su trabajo sea valorado o no, según factores circunstanciales. **Csikszentmihalyu y Robinson** enfatizan el cambio que sufre el propio concepto de superdotación a lo largo del tiempo. **Albert y Runco** enfatizan la importancia de la familia y la escuela, del afecto y la motivación, así como de las oportunidades que favorezcan la creatividad.

2.2.4. Modelos cognitivos

Se fundamentan en los principios de la psicología cognitiva, que trata de identificar los **procesos y estrategias** implicadas en el pensamiento y la memoria (Miguel y Moya, 2011). Estos autores estaban más interesados en cómo se llevaba a cabo un proceso para llegar a dar una respuesta, en cómo se adquiere y utiliza el conocimiento, que en la respuesta obtenida en sí (Mönks y Mason, 2000).

Un concepto central en la teoría de la inteligencia de **Sternberg** es la respuesta y rendimiento que se dan ante situaciones novedosas (Mönks y Mason, 2000). Para Sternberg, la superdotación es un fenómeno plural y complejo que puede manifestarse de diversas formas (Arocas et al., 2009). En su **Teoría Triárquica de la Inteligencia** define tres procesos psicológicos separados pero relacionados (Sternberg, 1985), que permiten al sujeto discriminar entre información relevante e irrelevante, combinar partes aparentemente aisladas de información en un todo unificado y relacionar la nueva información con la que se había adquirido ya en el pasado. Así, pretende explicar el funcionamiento cognitivo y los mecanismos de autorregulación

mediante los cuales las personas procesan y automatizan la información (Arocas et al., 2009). La inteligencia en relación con el **mundo interno** del individuo, con la experiencia como procesos mentales para solucionar problemas, y con su **mundo externo**, como mecanismos mentales para lograr la adaptación al medio (Arocas et al., 2009). A partir de estas tres dimensiones Sternberg define sendas **subteorías** que las analizan en detalle desde un punto de vista de la psicología cognitiva (Arocas et al., 2009).

Por otro lado, la **Teoría Pentagonal Implícita** (Sternberg y Zhang, 1995) establece cinco criterios que, al menos, debe reunir una persona superdotada: de excelencia, predominio superior en algún campo o conjunto de dimensiones; de rareza, presentar un alto nivel de ejecución en algún aspecto poco común; de productividad, o capacidad superior en el trabajo de algún campo específico; de demostrabilidad, ya que la superdotación debe ser demostrable con pruebas válidas y fiables; y de valor, la capacidad superior es reconocida y valorada por los demás y la sociedad (Miguel y Moya, 2011). Da importancia en su modelo a cómo se lleva a cabo el proceso (no solo al producto), y tiene presente el contexto en el que se aplica el trabajo (Miguel y Moya, 2011). Posteriormente, Sternberg (2000) se refiere a tres aspectos de la inteligencia exitosa: analítico, creativo y práctico (Mönks y Mason, 2000).

Existen otras aportaciones desde el punto de vista de la psicología cognitiva, que tratan otros aspectos interesantes, como la metacognición, la planificación y la transferencia, que no se tratarán en este trabajo. Algunos comentarios sobre unos pocos ejemplos se pueden encontrar en el **Anexo I**.

2.2.5. Otros modelos

Hay que considerar que hay muchos otros modelos cuyo impacto quizás no es tan destacado, quizás por ser más recientes, por partir de modelos anteriores o por centrarse en aspectos específicos. Por ejemplo, el **Modelo de Superdotación y Talento** o el **Modelo Global de Superdotación**, ambos de **Luz Pérez** (Miguel y Moya, 2011), o el **Modelo No-universal** de desarrollo de **Feldman** (Feldman, 1980), así como el **Modelo Explicativo de la Superdotación** de **Prieto y Castejón** (Miguel y Moya, 2011). También podría tratarse la concepción de **intelecto multidimensional** de **Taylor**, que propone distintos ámbitos de la inteligencia: académico, creativo, comunicativo, y las capacidades de planificación, pronóstico y decisión (Arocas et al., 2009). También **Cohn** propone varios dominios de inteligencia,

aunque los estructura en una jerarquía de niveles (Arocas et al., 2009). Finalmente, la Teoría de las Inteligencias Múltiples (Gardner, 1983) se trata en el epígrafe a continuación de forma independiente, por su carácter integrador de modelos previos.

Las inteligencias múltiples de Gardner

El modelo de Gardner se suele incluir entre los modelos basados en capacidades (Arocas et al., 2009). Sin embargo, sus teorías son altamente contrastantes con las de dichos modelos, puesto que representan una **crítica a la concepción universalista de la mente**. Además, incluye aspectos de los modelos orientados al logro y de los modelos sistémicos, puesto que para Gardner una capacidad es una **competencia demostrable** en algún ámbito, que se manifiesta en la **interacción** del individuo **con el entorno** (Gardner, 1983). Además, Gardner considera la importancia del **desarrollo** ontogenético (Miguel y Moya, 2011). Las inteligencias tienen una evolución a lo largo de la vida y no todas se desarrollan al mismo tiempo.

Estamos por tanto ante un modelo que más que formar parte de una de las categorías tradicionales, supone un **esfuerzo de integración**, además de innovador. Gardner analiza las teorías existentes y propone una concepción más extensa y amplia, a la par que unificadora, partiendo del estudio de la inteligencia desde dos cuestiones fundamentales (Miguel y Moya, 2011). Por un lado, propone definir los prerequisites para definir un tipo de inteligencia (una nueva inteligencia en sí misma). Es decir, se trata de intentar confirmar que una inteligencia es útil e importante al menos en determinados entornos, para solucionar problemas o proponer (encontrar, crear) nuevos problemas. Por otro lado, una vez identificada una inteligencia como tal hay que determinar las características que servirían de criterios para detectarla.

Gardner va más allá del concepto de habilidad específica o talento, elevando la multiplicidad de facetas al nivel de la inteligencia general y siendo dichas facetas, por tanto, tan fundamentales como las que tradicionalmente detecta el test CI (Gardner, 1999). Gardner propuso inicialmente 7 y después 9 **tipos de inteligencia**, reconceptualizando el constructo de inteligencia (López, 2007). Es importante destacar que para Gardner el **número de inteligencias** es **desconocido** y que sus listados son esfuerzos preliminares que pueden subdividirse y ampliarse (Gardner, 1999). Los hallazgos psicométricos multifactoriales avalaron su teoría de la existencia de inteligencias múltiples. Las distintas inteligencias interaccionan, de forma que algunas

tareas requieren varias habilidades y varias inteligencias pueden concurrir para obtener resultados en una determinada habilidad (Miguel y Moya, 2011).

Los individuos tendrían esta serie de dominios, que pueden llevar potencialmente a la competencia intelectual si se desarrollan adecuadamente (Gardner, 1983). Para que esto ocurra, se deben dar los **estímulos necesarios**, de forma que la inteligencia puede fomentarse o no a través de la estimulación del ambiente y/o la cultura (Miguel y Moya, 2011). En definitiva, la superdotación es el resultado de capacidades innatas en interacción con un ambiente propicio (Mönks y Mason, 2000).

Finalmente, al ser cada individuo diferente en su mosaico de inteligencias, esta teoría hace hincapié en la importancia de la **atención a las necesidades individuales** en la escuela (Arocas et al., 2009; Miguel y Moya, 2011).

2.3. Características del alumnado con AACCCII

En el apartado anterior se han explicado los principales modelos que explican la configuración de la o las inteligencias para dar lugar a las AACCCII y el talento. En este epígrafe se describen las características que suelen apreciarse al trabajar con alumnos de AACCCII.

En primer lugar, se trata de un **grupo heterogéneo** y, por tanto, no existe un perfil único (Gómez y Mir, 2011; Hernández y Gutiérrez, 2014). No hay un modelo de emplazamiento escolar y un método de enseñanza ideal para este grupo, sino un gradiente de necesidades educativas que precisan ser satisfechas con modelos de agrupamiento y metodologías flexibles (Jiménez, 2002).

Las **características principales** en las que destacan se pueden resumir en inteligencia general y cociente intelectual, capacidad de aprendizaje, memoria, creatividad, motivación y disincronía (Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011).

Respecto a la **inteligencia**, desde el punto de vista de las inteligencias múltiples se pueden extraer algunos puntos en común que manifiestan los alumnos con AACCCII. Comenzando por la inteligencia **lingüística**, se caracterizan por una expresión rica y precisa, así como por una gran capacidad de comprensión verbal. Suelen ser lectores precoces y manejan un vocabulario amplio (Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011). En cuanto a la **capacidad lógica y matemática**, muestran facilidad para hacer cálculos y tienen una destreza superior a la media para resolver problemas (Gómez y

Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011). Se manejan bien con conceptos y símbolos (Gómez y Mir, 2011), y utilizan el conocimiento adquirido y las habilidades de razonamiento (Miguel y Moya, 2011). Tienen capacidad para comprender ágilmente cuestiones lógicas y abstractas (Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011), así como para sintetizar ideas y deducir consecuencias (Gómez y Mir, 2011). También destacan en la **inteligencia espacial**, puesto que se orientan fácilmente en el espacio y muestran una gran agudeza y percepción en la observación (Gómez y Mir, 2011). En la **inteligencia cinestésica-corporal** demuestran vivacidad e iniciativa (Gómez y Mir, 2011). Suelen ser niños que comienzan a andar antes, muy activos y que responden intensamente a su entorno (Carreras, 2016a). Sin embargo, en otros casos presentan problemas psicomotrices y con la práctica deportiva, y a veces no juegan y se aíslan (Gómez y Mir, 2011). También hay que considerar algunos aspectos de las **inteligencias naturalista y musical**, ya que se suelen interesar por asuntos relacionados con el universo y la ecología y a menudo presentan muy buenas aptitudes para la música, la cual es un área muy conectada con la matemática, practicando con varios instrumentos desde muy pequeños (Gómez y Mir, 2011). En cuanto a la **inteligencia intrapersonal**, suelen tener un gran sentido del humor (Carreras, 2016b), favorecido por un alto nivel de pensamiento crítico y autocrítico (Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011). Tienen más conciencia de ellos mismos y mayor capacidad de preocuparse que otros niños (Carreras, 2016a). Cuestionan la autoridad cuando no está justificada, y se muestran inconformistas, por lo que preguntan hasta que tienen claro el sentido de lo que se les explica (Carreras, 2016a; Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011). Conocen bien sus posibilidades y limitaciones, y tienen una buena autoestima en lo referente a lo académico, aunque no tanto en los ámbitos personales y sociales, a pesar de que en las **relaciones interpersonales** tienen capacidad de liderazgo intelectual (Gómez y Mir, 2011). Al menos la mitad de los niños superdotados son introvertidos (Carreras, 2016a). Además, su elevada confianza académica les hace ser bastante independientes y que prefieran el trabajo individualizado al de grupo (Carreras, 2016b). Tienen miedo al fracaso y necesitan el reconocimiento del éxito (Gómez y Mir, 2011). Requieren varios grupos de referencia, y prefieren la compañía de personas más mayores para las conversaciones y los debates (Gómez y Mir, 2011; Jiménez, 2002). La interacción con los adultos en parte del horario escolar les ayuda a desarrollar habilidades sociales, a mejorar su propia percepción y a proyectar sobre la realidad las abstracciones que dominan (Jiménez, 2002). Construyen reglas de juego o sistemas complicados. Son intransigentes con las faltas de comportamiento de los demás y con las debilidades humanas (Gómez y Mir,

2011; Miguel y Moya, 2011). Pueden llegar a mostrarse dominantes y mal educados si no se les hace caso (Gómez y Mir, 2011). Se sienten diferentes y desean ser aceptados, por lo que tienen recelos de compartir sus intereses con los demás, aunque esperan que los demás tengan valores semejantes (Gómez y Mir, 2011). Por último, en el **plano existencial y espiritual** muestran interés en las cuestiones trascendentes, relacionadas con la vida y la muerte, el origen del universo o el más allá, el bien y el mal, la justicia e injusticia (Gómez y Mir, 2011). Son sensibles a los problemas sociales y a las cuestiones morales (Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011).

Respecto al **aprendizaje**, su estilo puede caracterizarse como **autónomo y receptivo** a las observaciones del profesor a su trabajo (Jiménez, 2002; Miguel y Moya, 2011). Mantienen una **buena concentración y persistencia** (Gómez y Mir, 2011; Miguel y Moya, 2011). Muestran una gran capacidad de **autorregulación** (Calero, García y Gómez, 2007; Hernández y Gutiérrez, 2014) que provoca que a menudo empleen más tiempo en planificar un problema pero lo resuelvan de manera más eficaz (Carreras, 2016b). Esta capacidad está relacionada también con la mencionada persistencia y con el **compromiso con la tarea** (Calero et al., 2007). Son capaces de formular principios y generalizaciones gracias a la **transferencia de aprendizajes** (Miguel y Moya, 2011), afrontando las situaciones novedosas de manera flexible, aplicando y adquiriendo aprendizajes sobre la marcha (Calero et al., 2007). Aprenden a **mayor ritmo**, con mayor **profundidad y amplitud** que sus iguales en edad, sobre todo si trabajan en temas que atraen su interés y si encuentran en familia, profesores y compañeros el estímulo y guía adecuados (Carreras, 2016b; Jiménez, 2002). Por tanto, podemos concluir que además de destacar por su inteligencia, los alumnos con AACCI suelen tener en común un alto potencial de aprendizaje (Calero et al., 2007).

La **creatividad** depende de un cierto grado de la inteligencia, aunque para unos autores es parte inseparable de la superdotación (Castiglione y Carreras, 2003) mientras que para otros es algo que se logra con el tiempo y la madurez (Calero et al., 2007). A los alumnos con AACCI se les suele atribuir un **comportamiento muy creativo** (Miguel y Moya, 2011), con una creatividad e imaginación rica en detalles (Hernández y Gutiérrez, 2014; Mendioroz y Guardian, 2014). Resuelven problemas de forma original (Gómez y Mir, 2011; Hernández et al., 2011), con propuestas alternativas fruto de su **flexibilidad y fluidez** para enfocar y resolver los problemas (Mendioroz y Guardian, 2014).

Respecto a la **memoria**, son buenos reteniendo muchos elementos y conjuntos de respuestas, consiguiendo identificar y anticipar conceptos (Calero et al., 2007). Además, pueden mantener la información durante un corto periodo de tiempo en la **memoria de trabajo**, mientras se procesa nueva información entrante y se recupera información de la memoria a largo plazo para contrastar y reconocer el material nuevo (Calero et al., 2007; Carreras, 2016b). Además, las acciones que realizan los alumnos con AACCI provienen de su amplio conjunto de conocimientos, en una memoria bastante notable, así como de una **mejor organización** de estos (Alonso, 2006; Carreras, 2016b; Hernández y Gutiérrez, 2014; Sastre-Riba, 2008). De esta forma, la **diferencia** con los alumnos talentosos es principalmente **cualitativa**, por una mayor versatilidad e interconexión entre elementos en los sujetos superdotados (Carreras, 2016b).

Son personas con una gran **motivación**, que perseveran en el logro de sus metas (Hernández et al., 2011). Requieren retos y propuestas acordes a sus habilidades (Carpintero et al., 2009). Además, sus capacidades no se distribuyen de forma homogénea en las distintas áreas (Carpintero et al., 2009; Castiglione y Carreras, 2003), por lo que es posible complementar un área con actividades de otra y **estimularles con nuevas alternativas y posibilidades** (Carpintero et al., 2009). Sin embargo, hay autores que afirman que el fracaso escolar por falta de motivación es un caso más de alumnos talentosos que de superdotados, ya que **el trabajo cognitivo de conexión y organización les ocupa y motiva** lo suficiente (Carreras, 2016b; Castiglione y Carreras, 2003).

La **disincronía**, descrita con este término por primera vez por Terrassier aunque ya Hollingworth había estudiado el fenómeno (Silverman, 1997), se refiere al desarrollo diferente entre su parte intelectual y otras áreas de su persona, es decir, el **desarrollo heterogéneo** específico de los sujetos intelectualmente superdotados (Calero et al., 2007). Se distinguen varios tipos de disincronía según el análisis de Terrassier (Calero et al., 2007; Gómez y Mir, 2011; Silverman, 1997): externa, incluyendo la relación del niño con la escuela y la relación del niño con los padres; e interna, entre las distintas capacidades intelectuales o en comparación con otras habilidades, como la psicomotriz o la afectividad. La disincronía entre niño y escuela nos enseña que el niño requiere un clima escolar acorde a sus necesidades e intereses, de forma que también los profesores y la propia escuela ajusten sus expectativas a la edad mental del niño (Silverman, 1997). Por otro lado, es importante que los padres estimulen y traten adecuadamente la

precocidad y el talento de sus hijos, atendiendo adecuadamente a su edad mental y no solamente a la edad fisiológica (Silverman, 1997).

En conclusión, los alumnos con AACCCII destacan en los distintos tipos o dimensiones de la inteligencia, tienen un potencial de aprendizaje superior a la media, se les atribuye una gran creatividad asociada a la riqueza de interconexiones que establecen entre los conocimientos en su memoria y cómo los recuperan, presentan una alta motivación, que debe ser fomentada; y una de las dificultades de la atención a estos alumnos es la correcta apreciación y manejo de la disincronía.

2.4. Respuestas educativas: intervención

Existen **dos aspectos fundamentales** que se deben afrontar en relación a los alumnos de AACCCII: su detección y la intervención para atender sus necesidades.

En este trabajo no nos detendremos a comentar en detalle la **detección**, puesto que el objetivo del estudio es la fase de intervención. Tan solo indicar que, lógicamente, no es posible plantear una respuesta educativa para los alumnos con AACCCII si no se les ha identificado previamente y se ha determinado cuáles son sus características e intereses particulares (Hernández y Gutiérrez, 2014; Pietro, Sainz y Fernández, 2012). Los expertos insisten en la importancia de que se identifique a cuantos alumnos con este tipo de necesidades sea posible (Hernández y Gutiérrez, 2014), así como en lo crítico de su **identificación temprana** para que la respuesta educativa sea eficaz (Boal y Expósito, 2011; Miguel y Moya, 2011; Rodríguez et al., 2010). El campo de estudio de la identificación de alumnos con AACCCII es amplio y no entraremos aquí en más detalles sobre las distintas posibilidades y debates existentes.

Por tanto, pasamos a centrarnos en la **intervención** dirigida a los alumnos con AACCCII ya diagnosticados. En primer lugar, es fundamental conocer al alumno. Parte de este conocimiento vendrá dado de la fase de identificación, por ejemplo del informe de la evaluación psicopedagógica (Artiles, 2006). Como se ha explicado previamente, se trata de una **población heterogénea** en la que cada alumno presenta diferentes características, intereses y necesidades. Sin embargo, las características comunes ya descritas avalan la idea de que es posible dar unas pautas globales de intervención para estos alumnos. Así, podemos retomar algunas consideraciones del Informe Marland, donde junto a la definición de los niños superdotados y talentosos se especifica que requieren **programas educativos diferenciados** y/o servicios más allá de los

proporcionados normalmente por el programa regular escolar, para que sean capaces de realizar su contribución a ellos mismos y a la sociedad (Marland, 1972). Por lo tanto, es necesario que el currículo educativo les ofrezca una **oportunidad de aprendizaje** acorde a su personalidad (Calero et al., 2007). Hay que considerar también que, para que se de dicha oportunidad, puede ser necesario realizar **ajustes** no solamente de **programación**, sino también **cambios organizativos** y en documentos oficiales del centro (Artiles, 2006; Reyzaal, 2007; Rodríguez et al., 2010).

Las administraciones educativas pueden dar respuesta a las diferentes necesidades que plantea la diversidad que tienen en sus aulas desde **dos posiciones** distintas (Boal y Expósito, 2011, Pérez, 2012):

- La **educación diferenciada** en función de distintas características específicas de los alumnos.
- La **educación en contextos inclusivos**, en un marco integrador.

En las últimas décadas se ha venido apostando por la **escuela inclusiva**, en la cual se reconoce el derecho de todos los alumnos a compartir un **entorno educativo común** (Artiles, 2006; Boal y Expósito, 2011). En este contexto, todas las personas relacionadas con el centro colaboran para ofrecer una educación de calidad y garantizar la **igualdad de oportunidades** a los alumnos para recibir una enseñanza permanente (Artiles, 2006; Boal y Expósito, 2011). En definitiva, la atención educativa busca la **mejora del aprendizaje de todos los alumnos**, por lo que ha de estar adaptada a las características individuales (Boal y Expósito, 2011). Los colegios deben desarrollar los talentos en todos los estudiantes (Renzulli, 2008). No está demás apuntar que la respuesta adecuada a los alumnos con más necesidades beneficia a los receptores directos de la adaptación, pero también eleva el nivel de rendimiento y competencia de todos los alumnos y es **beneficioso para la sociedad** en general (Artiles, 2006).

En la actualidad, los sistemas educativos que se muestran más eficaces son realmente **modelos mixtos**, ya que pueden realizarse tanto tareas diferenciadas como en un contexto inclusivo, aprovechando al máximo los recursos escolares, a menudo demasiado costosos para programas inclusivos muy especializados (Ferrándiz et al., 2008; Pérez, 2012).

En la legislación española (LOMCE, 2013), los alumnos con AACCII se consideran **alumnos con NEAE**. Por tanto, la respuesta educativa a estos alumnos en los centros

ordinarios puede requerir ajustes curriculares más o menos significativos, debiéndose partir del menor grado de significatividad hasta llegar a las medidas más excepcionales solo si fuera necesario (Reyzabal, 2007):

- **Medidas ordinarias.** Se trata de dotar a los aprendizajes de un grado mayor de profundidad, extensión e interdisciplinariedad, procurando a los alumnos con AACCII la posibilidad de investigar y ahondar más allá de lo recogido en los contenidos curriculares mínimos. Todo esto permaneciendo en el aula habitual, con su grupo de compañeros. Los ajustes deben formar parte de las programaciones didácticas. Las ampliaciones deben ser motivadoras y atractivas para los alumnos.
 - Las actividades pueden implicar distintos tipos de **agrupamientos** así como el trabajo individual, contemplando diversos grados de dificultad.
 - Los contenidos se pueden enriquecer con una mayor profundidad (**enriquecimiento vertical**), extensión y conexión entre ellos (**enriquecimiento horizontal**) o se puede optar por dejar al alumno seleccionar los contenidos con los que quiere trabajar más a fondo (**enriquecimiento aleatorio**).
 - Además del trabajo puramente curricular, se pueden trabajar estrategias de aprendizaje y el desarrollo de esquemas de pensamiento (**entrenamiento cognitivo o instrumental**) (Boal y Expósito, 2011).
 - Cualquier medida de enriquecimiento no debe concebirse como una actuación específica dirigida a un alumno con AACCII, sino que **deben beneficiar a todos** aquellos estudiantes que manifiesten una alta competencia en un aspecto concreto del currículo.
- **Enriquecimiento extracurricular (EE).** Cuando los ajustes curriculares y organizativos propuestos no son suficientes para el alumno con AACCII, se puede establecer la necesidad de realizar ampliaciones significativas en una o varias áreas o materias, programando para él objetivos, contenidos y criterios de evaluación modificados respecto a lo que al alumno le correspondería por su edad.
- Medidas excepcionales: **flexibilización o aceleración** del periodo de escolaridad. El alumno con AACCII se incorpora a un curso superior del que le correspondería. Esta medida requiere i) que se hayan llevado a cabo previamente medidas ordinarias, no siendo suficientes, ii) que el alumno ya

tenga los objetivos del curso y iii) tenga las condiciones para convivir con alumnos mayores en edad; y iv) que el equipo docente y el departamento de orientación acrediten que es la medida más adecuada para el alumno. Se debe contar además con la conformidad de los padres y con la opinión del alumno. Al contrario de lo que ocurría hasta años recientes, la aceleración o flexibilización es reconocida, en base a los resultados de su aplicación a medio y largo plazo, como una medida eficaz y conveniente para algunos alumnos con AACCCII (Alonso, 2006; Pérez, 2012).

Además de estos tipos principales, hay otros tipos de actuación específicos, como las **clases especiales** o la **enseñanza a distancia** (Alonso, 2006); o la **compactación curricular**, que es un modelo que se basa en reducir el tiempo que se dedica a los contenidos curriculares y planteando al mismo tiempo un proyecto personalizado de formación (Renzulli y Reis, 1991; Balagué i Bertran y Vela, 2006). A menudo, distintas medidas específicas **se combinan** para proporcionar una intervención educativa personalizada (Balagué i Bertran y Vela, 2006).

2.5. Enriquecimiento extracurricular

Este trabajo propone el uso de actividades de bioinformática en la intervención con alumnos con AACCCII. La bioinformática no forma parte del currículo oficial de Educación Secundaria. Por tanto, de entre las posibles formas de intervención que se han descrito la modalidad más apropiada para esta propuesta sería la de EE. Debido a esto, se detallan a continuación las características de este tipo de intervención.

Se trata de un tipo de adaptación que contempla la **ampliación de los objetivos y contenidos**, así como la adecuación de los **criterios de evaluación** y de la **metodología** a dichos objetivos, sin incluir dichas modificaciones en el currículum propiamente dicho (Reyzabal, 2007). Su **objetivo central** es optimizar los procesos de pensamiento y las estrategias para el **aprendizaje autónomo y autorregulado** (Pérez, 2012). Las experiencias de EE permiten que el estudiante se adentre y profundice en un tema específico más allá del currículo ordinario, acorde a sus necesidades e intereses (Boal y Expósito, 2011; Carpintero et al., 2009; Pérez, 2012; Rojo et al., 2010). Las **condiciones técnicas** para desarrollar este tipo de intervención incluirían una organización escolar idónea, la especialización del profesorado, recursos económicos y tecnológicos específicos; y la aceptación del sistema por parte del alumno

y de su familia (Ferrándiz et al., 2008; Pérez, 2012). Precisamente por estos puntos, una característica de estos programas es que a mayor personalización, más eficaces son para el alumno pero revisten mayor dificultad técnica y se vuelven más costosos (Pérez, 2012).

Los programas de EE se pueden diseñar para el trabajo **individual** o bien en forma de proyectos de investigación común, **en pequeños grupos**, con el objetivo de fortalecer también habilidades sociales y procedimientos de trabajo en equipo (Boal y Expósito, 2011). El EE puede llevarse a cabo **en el aula ordinaria** o a través de enfoques diferentes como **programas extraescolares** (Reyzabal, 2007) o **materias optativas** (Artiles, 2006), que ofrezcan aprendizajes que la propuesta diaria habitual no siempre favorece (Carpintero et al., 2009; Pérez, 2012). El hecho de que permita interrelacionar campos de estudio, con contenidos desligados del currículo oficial, hace que el EE se pueda diseñar desde un enfoque **interdisciplinar** (Boal y Expósito, 2011). Hay que anotar que, incluso siendo extracurriculares, es **importante que se establezca la relación de estas actividades con el currículo regular** (Ferrándiz et al., 2008; Pérez, 2012).

En cuanto a la **tipología de actividades** que se pueden diseñar específicamente para alumnos con AACII, Renzulli y Reis (1991) contemplan tres tipos en su **Modelo de Triada de Enriquecimiento**:

- Actividades tipo I. Exploración general de temas de distintas áreas no cubiertas de forma ordinaria por el currículo oficial.
- Actividades tipo II. Entrenamiento en los procesos de pensamiento y métodos de trabajo e investigación en las áreas anteriores.
- Actividades tipo III de investigación en problemas reales. Suelen ser las que realizan alumnos que tienen interés concreto en un tema determinado y están comprometidos para invertir el tiempo necesario y llevar la iniciativa.

Pérez (2012) y Ferrándiz et al. (2008) proporcionan una serie de **aspectos a tener en cuenta** al diseñar este tipo de intervención. En primer lugar, el objetivo debe ser la construcción de significado para el desarrollo de la capacidad del alumno. La metodología debe ser diversa y la evaluación debe centrarse más en los procedimientos que en los contenidos. Es importante las actividades programadas sean desafiantes para el alumno, de forma que puedan poner a trabajar su potencial. El papel del profesor es

mediar en el aprendizaje del alumno, el cual debe participar de manera activa en su aprendizaje y debe obtener cuanto antes el control del proceso. Finalmente, son fundamentales los enfoques multidisciplinares, presentando actividades que combinen distintas áreas o materias. Las actividades de EE deben incluir los conocimientos previos necesarios para realizarla, junto con los conceptos, destrezas y actitudes a trabajar, así como los recursos a utilizar. Es importante definir claramente las metas para alcanzar los logros y expectativas de los alumnos.

Por último, el EE para alumnos con AACCCII se puede beneficiar especialmente de las ventajas que presenta el uso de ordenadores (Hernández y Borges, 2005; Pérez, 2012). Con el auge de las TIC, y sus virtudes como vehículo para el trabajo activo y autónomo, tanto individual como en grupo, se están presentando en los últimos años programas que fomentan su uso con el objetivo de acomodar el nivel de enseñanza y los modos de aprender que caracterizan a estos alumnos (Hernández y Gutiérrez, 2014; Pérez, 2012; Tourón, Marcos y Tourón, 2010).

En definitiva, el EE es uno de los campos en los que la **innovación** tiene más posibilidades en la actualidad, a la hora de diseñar y desarrollar formas de intervención educativa para alumnos con AACCCII, a la par que una de las respuestas educativas que más beneficia a los alumnos superdotados (Ferrándiz et al., 2008; Pérez, 2012; Rojo et al., 2010).

2.6. Bioinformática

La bioinformática o biología computacional persigue ordenar el conocimiento que se deriva del **análisis de datos biológicos** (Contreras-Moreira, 2014). Su origen se encuentra en la evolución producida por la aplicación de las TIC en la biología molecular, convirtiéndose así en una disciplina completamente nueva (Bruce, Jakobsson, Thakkar, Williamson y Lock, 2003). La necesidad de las herramientas informáticas es fundamental en muchos campos de biología actualmente. Se puede decir que la tecnología casi ha copado, como en muchos otros campos (NSF, 1998), gran parte del tiempo efectivo durante el cual los biólogos realizan la organización, publicación y análisis de sus datos (Gibas y Jambeck, 2001).

La bioinformática es un campo **interdisciplinar**, puesto que conjuga el uso de ordenadores y el trabajo con datos de naturaleza biológica. Las tareas que se realizan en bioinformática pueden ir desde la investigación básica hasta el trabajo puramente

técnico. Algunas **competencias** son **generales**, por lo que son necesarias para la labor de un gran abanico de profesionales, otras son **específicas** de algunos de sus campos, mientras que otras son llevadas a cabo casi en exclusividad por **bioinformáticos**. Debido a esto, en torno a la bioinformática se da un encuentro de profesionales de diversos perfiles académicos y profesionales: informáticos, biomatemáticos, bioestadísticos, biofísicos, genetistas, mejoradores, biólogos moleculares, bioquímicos, biotecnólogos, profesionales de la biomedicina, farmacéuticos en carreras profesionales de investigación, etc.; sin olvidar los bioinformáticos propiamente dichos.

En cuanto a los **ámbitos de estudio**, la bioinformática es un área que se puede ver envuelta en muy diversas proyectos de investigación relacionados con la biología de forma más o menos directa, por lo que se trata de una disciplina muy amplia. Sin embargo, sí que podemos delimitar una serie de ámbitos en los que la bioinformática trabaja de forma específica.

Por un lado, el **trabajo con secuencias biológicas *in silico***, que puede involucrar trabajos de construcción de genomas, análisis de expresión, genómica comparativa, anotación de genomas, comparación de secuencias, análisis filogenéticos y evolutivos, etc. Esta área ha evolucionado muy rápidamente desde sus comienzos, especialmente debido al avance de las tecnologías de secuenciación de ADN (ácido desoxirribonucleico).

Por otro lado, encontramos la **bioinformática estructural**, que se encarga del análisis de datos provenientes de cristalografía de macromoléculas. La principal utilidad de este ámbito es el estudio de la estructura, dinámica y función de macromoléculas, con aplicaciones en campos tan importantes y lucrativos como el diseño de nuevos fármacos.

Por último, la **biología de sistemas** trata de conjugar todos los conocimientos sobre las funciones de las macromoléculas, para trazar redes de interacciones dinámicas que permitan modelar el funcionamiento de los organismos a nivel molecular. En este ámbito la bioinformática es fundamental para relacionar y organizar los datos de investigaciones diversas, optimizar algoritmos, realizar simulaciones, etc.

En el **Anexo II** se incluye una relación de las tareas más comunes que se llevan a cabo en el campo.

2.6.1. Bioinformática en Educación Secundaria

En primer lugar, podemos destacar algunos rasgos de la utilidad de la bioinformática para su uso en Educación Secundaria:

- Se trata de un área **altamente procedimental**, que permite la aplicación y relación de conocimientos estudiados en el currículum, especialmente de Biología e Informática.
- La bioinformática trabaja **intrínsecamente** con las **TIC**. Durante el desarrollo de las tareas de bioinformática se utilizan desde sencillos procesadores de cálculo y navegadores web, hasta entornos de programación o sistemas operativos y de hardware de alto rendimiento.
- De esta forma, contribuye directamente a dos de las **competencias básicas** definidas en la LOMCE (RD 1105/2014):
 - Competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología (CMCT).
 - Competencia digital (CD).
- Además de esto, siendo un campo interdisciplinar, **permite diseñar actividades diversas** y en marcos temáticos adaptados a gran variedad de **contenidos y competencias**.
- La bioinformática **es eminentemente investigadora**. Para algunos autores, se trata de la rama de la biología más propicia para el **trabajo autónomo** y el razonamiento lógico-matemático, y para acercar la investigación a los colegios (Bruce et al., 2003).
 - En base a esto se puede argumentar que el desarrollo de actividades de bioinformática también contribuiría a desarrollar la competencia básica LOMCE (RD 1105/2014) para aprender a aprender (CPAA).
- Permite el acceso directo a **datos reales** en bases de datos (BD) de uso público. Además, es importante destacar que es uno de los pocos campos de investigación en Biología donde se publican casi sistemáticamente tanto los datos crudos, antes de procesarlos, como los datos ya analizados, lo que facilita la repetición o simulación de una investigación.
- Favorece la **democratización de la ciencia**. Gracias al acceso a datos reales se hace posible para los estudiantes llegar incluso a generar nuevo conocimiento científico (Bruce et al., 2003).

Precisamente esa idea de la democratización de la investigación, desde enfoques derivados de los modelos de aprendizaje por descubrimiento, es lo que originó las **primeras propuestas** para incorporar la bioinformática en las aulas (Bruce et al., 2003). Su objetivo no era sustituir a la enseñanza de conceptos de Biología, sino permitir a los estudiantes trabajar para expandir su conocimiento de la materia de forma significativa a través de la indagación (Bruce et al., 2003). Para abordar estos objetivos contaban **herramientas de investigación adaptadas a la docencia** (Jakobsson, 2001; Subramaniam, 1998) y con los programas de la National Science Foundation de los EUA, especialmente a través de un **programa (GK-12)** que llevaba a licenciados e ingenieros a trabajar mano a mano con los docentes durante un año **para integrar el uso de las TIC en la educación de las ciencias** (Bruce et al., 2003; Harnisch et al., 2003).

Pioneros de estos programas como Paul Lock o Kathleen Gabric indican una serie de **ventajas** del uso de la bioinformática en las aulas (Bruce et al., 2003; Gabric, 2003; 2006; Gabric et al., 2004; Harnisch et al., 2003):

- **Cambio** en la percepción de la labor y en la forma de impartir los contenidos de biología por parte **del docente**.
- **Relevancia en el currículum**, con la mejora del nivel de preguntas y discusiones por parte de los alumnos.
- **Intuitividad** de uso de las **herramientas** utilizadas.
- **Los estudiantes son capaces** de utilizar la tecnología cuando se les proponen objetivos claros.
- **Adquisición de competencias** en bioinformática.
- Puesta en práctica de la **capacidad de resolver problemas** de forma autónoma.
- Aumento de las habilidades del **manejo de información latente**.
- Facilidad para llevar a los alumnos del libro de texto a la **exploración de la ciencia real**.
- La bioinformática promueve la **aplicación de la investigación** científica a la enseñanza de la biología.
- Es una herramienta **unificadora**. Permite conectar muchos de los temas que se estudian en biología.
- **Significatividad y permanencia de los aprendizajes**.

- **Compromiso activo** en el proceso de aprendizaje por parte de los alumnos.
- **Aumento de la motivación** por la materia, por el aprendizaje y por la investigación.
- **Incremento de los niveles de participación** tanto en el aula como en el tiempo que invierten los alumnos al margen del horario escolar.
- La bioinformática permite abordar **aspectos sociales, morales y éticos así como cuestiones no resueltas en biología**, relacionados con aspectos de biología, puesto que muchas preguntas surgen espontáneamente de los alumnos mientras manipulan ellos mismos los datos.

Además, otras ventajas del uso de la bioinformática provienen del uso de programas de **visualización** y de la posibilidad de realizar tareas de **simulación** (Campbell et al., 2006; Gabric et al., 2004; Elwess, Latourelle y Cauthorn, 2005).

Bruce et al. (2003), presentan un trabajo en el libro del American Educational Research Association (AERA) Annual Meeting describiendo estos trabajos iniciales, y en el que ya se determinan algunas de las **limitaciones**, especialmente en lo relativo al trabajo de los docentes:

- El uso de una herramienta informática no parecía fácil de adecuar en los currículos.
- Los profesores no expertos tendrían dificultades en comprender la aplicación informática y aprender a manejarla.
- Los datos y las herramientas de análisis y visualización cambian deprisa, por lo que la formación adquirida quedaría pronto obsoleta.
- Reticencia de algunos profesores a los cambios, a aplicar las actividades que sugerían los colaboradores universitarios (Harnisch et al., 2003).

Inspirados por los aspectos positivos del uso de la bioinformática en los institutos, desde principios de este milenio se están desarrollando innumerables proyectos que tratan de fomentar su aplicación en EUA y en otros países (Form y Lewitter, 2011; Maier, 2001; Micklos, Lauter y Nisselle, 2011; Pavesi et al., 2008; Wefer, 2003).

Para terminar, si la bioinformática proporciona un aprendizaje significativo y autónomo, incrementa la motivación por la biología, la investigación y el aprendizaje, y tiene una gran flexibilidad en cuanto a los temas que se pueden tratar y la dificultad

con la que abordarlos, parece por tanto **idónea** para plantearla como propuesta de intervención con **alumnos con AACCH** en Educación Secundaria.

3. Propuesta de intervención

3.1. Introducción

A lo largo de este trabajo se ha desarrollado el marco teórico que sirve de base para plantear el uso de la bioinformática en los institutos y justifica su potencial para su incorporación a programas de EE para alumnos con AACCCII en Educación Secundaria. En este apartado se presenta una propuesta de intervención que responde a la ausencia de la bioinformática en las aulas de nuestro país, antes de la educación universitaria. El **objetivo principal** de la propuesta es proporcionar a los docentes una forma de introducir la bioinformática en programas de EE.

Además, se establece la **relación** de las actividades **con el currículum oficial** de la materia de Biología a lo largo de toda la Educación Secundaria. Se pretende que esta información sea de consideración tanto para los docentes que incorporen estas actividades de la forma más significativa posible y en relación con el temario oficial, como para el debate que pueda surgir en cuanto a la incorporación de la bioinformática al diseño curricular del sistema educativo español.

3.2. Programación general de la propuesta

En conjunto, se han diseñado cinco actividades. La primera es una **actividad de conocimientos previos**. Con esta actividad se cumple un doble objetivo: identificar esos conocimientos previos, que los alumnos deben tener para abordar el resto de actividades, y plantear la forma de dotarles de dichos conocimientos. A continuación, se incluyen las **actividades de bioinformática**, objeto principal de este trabajo, que representan la introducción a algunos contenidos y competencias básicas de esta disciplina. Finalmente, se presenta una **actividad de refuerzo** en la que los alumnos puedan aplicar lo aprendido de forma autónoma, con un enfoque de metodología de investigación.

Esquema de las actividades

En la **Figura 1** se muestra la relación de las actividades, así como los productos obtenidos tras su realización. Las actividades son “Conocimientos previos”, “1. Trabajar con genes”, “2. Genes en el genoma”, “3. Proteínas y biodiversidad” y “Trabajo de investigación”. También se destaca su conexión con el currículum oficial de Biología.

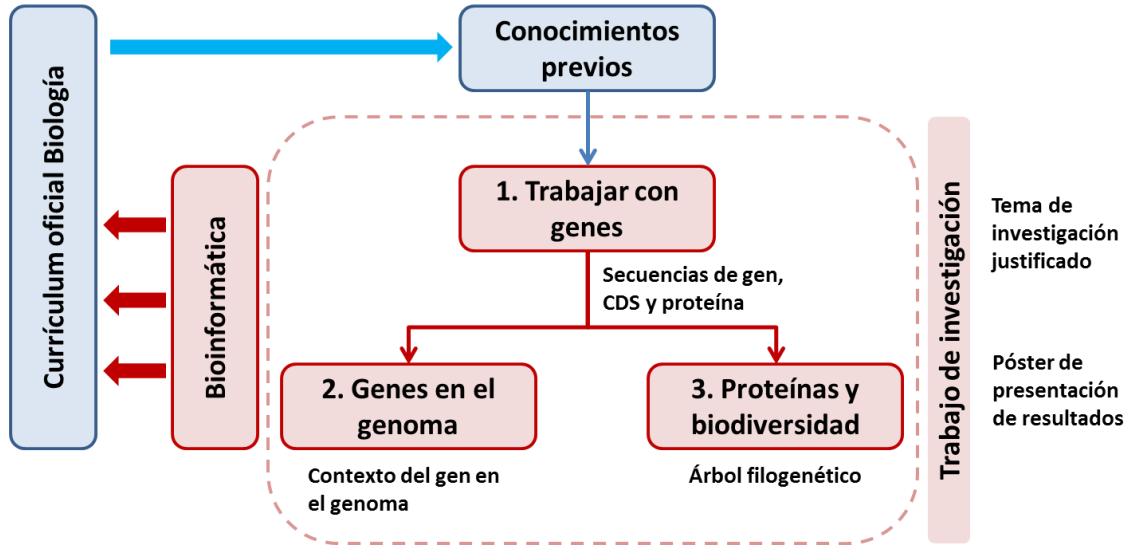


Figura 1. Esquema de las actividades propuestas.

Temporalización

Al tratarse de una propuesta de intervención de carácter genérico, la temporalización puede ser **altamente variable** según el marco temático y los objetivos con el que se implemente, para qué tipo de alumnos vaya dirigido, si se va a plantear su desarrollo individual o en grupo, en qué grado el trabajo de los alumnos será autónomo, si la actividad se lleva a cabo en el aula ordinaria, fuera del aula, en horario extraescolar, etc. A pesar de esto, se incluye en el **Anexo III** un esquema de temporalización, teniendo en cuenta dichas limitaciones de previsión.

3.3. Actividades

En este apartado se desarrollan cada una de las actividades propuestas. Con cada actividad se proporcionan los **contenidos** a trabajar (conceptuales, procedimentales y actitudinales). Para algunas de las actividades se indican también algunos contenidos relacionados que pueden ser utilizados para ampliar la información respecto a temas específicos.

Además, se especifican los **objetivos** y **criterios de evaluación** que deben servir para determinar las metas alcanzadas con cada actividad y para evaluar el aprendizaje logrado por los alumnos. Se incluye además una tabla por actividad, en las que se identifican los elementos de la materia de Biología del **currículo oficial**, a lo largo

de toda la etapa de Educación Secundaria, que se trabajan de forma directa o indirecta en esta propuesta. Aquellos aspectos del currículum más íntimamente relacionados con las actividades se han destacado del resto.

A continuación, se especifican los **recursos** necesarios para llevar a cabo la práctica, y se indica la **metodología**, si procede (ver epígrafe siguiente), que debería seguirse para trabajar las actividades con los alumnos. Se incluye un **esquema** del desarrollo propuesto para cada actividad, que puede servir de guía para su implementación.

Metodología

Se trata de una metodología basada en los **modelos constructivistas**, de forma que se plantean nuevos contenidos a medida que se van adquiriendo los conocimientos previos para poder realizarlos. Debe seguirse un **enfoque operativo-participativo**, en el que cada alumno trabaja activamente con el ordenador. Se debe dar a los alumnos **tiempo suficiente** para que lleven un ritmo apropiado a sus capacidades, de forma que puedan **experimentar** con las distintas herramientas, parámetros y datos que vayan encontrando en el desarrollo de las actividades. La finalidad es que indaguen, realizando de primera mano operaciones de bioinformática básicas, y se aventuren a plantear cuestiones y puedan detenerse a reflexionar y relacionar las actividades con el temario de Biología de las clases ordinarias. De esta forma, se persigue que el aprendizaje sea **significativo** y no quede en una mera ejecución de una sucesión de operaciones. Además, el trabajo se puede plantear para que los alumnos trabajen de forma individual o realizando distintos tipos de **agrupamientos**, por lo general con un número reducido de alumnos por equipo.

Por otro lado, la **propuesta** se ha realizado de forma **modular**, por lo que se pueden realizar todas las actividades en el orden aquí indicado, o se puede tomar una de ellas de forma aislada. Debería proporcionarse un **guion** de cada actividad a los alumnos para que trabajen de forma **autónoma**. Las dudas pueden ir resolviéndose a medida que surjan, o reservando unos minutos al final de cada sesión para cuestiones. También pueden proponerse otras alternativas, como crear un foro para que queden registradas las dudas y participen distintos alumnos en su debate y resolución.

Estas notas generales son comunes a las cinco actividades. A continuación, se dan pautas más específicas **para las tres actividades de bioinformática**, ya que la metodología es básicamente común:

- Es posible **intercalar explicaciones** durante las actividades, para aclarar conceptos o contenidos de ampliación, especialmente cuando se pretenda dar una breve reseña teórica para facilitar el desarrollo de la actividad. Por ejemplo, se puede realizar una explicación de la relación entre secuencia de un gen, la parte codificante o CDS y la secuencia de proteína. O se pueden dar unas explicaciones sobre el formato FASTA y la importancia de los formatos para manejar datos en bioinformática.
- También puede ser interesante el detenerse a **poner en común** alguno de los **resultados** de búsqueda más relevantes, especialmente en aquellos casos en que hay una cantidad de información importante (GenBank o GenomeBrowser, por ejemplo) y sea necesario guiar a los alumnos hacia la información relevante para la actividad.

Las actividades de conocimientos previos y de refuerzo constan de su propio apartado de metodología, ya que se plantean de una forma ligeramente distinta.

3.3.1. Actividad inicial: conocimientos previos

Este apartado incluye dos núcleos de información. En primer lugar, se identifican los elementos de la materia de Biología del **currículo oficial** de Educación Secundaria (RD 1105/2014) que deberían tener adquiridos los alumnos para abordar la actividad. Esto supone que se podrá determinar de manera general y aproximada el curso académico que deben estar cursando los alumnos para poder realizar la actividad. Sin embargo, esta propuesta de intervención está dirigida principalmente a su uso como EE, por lo que en el caso de los alumnos con AACII, que es un grupo heterogéneo, se deben **evaluar los conocimientos de los alumnos**. De esta forma, se podrá **diseñar una actividad inicial adaptada** a cada alumno que les proporcione la forma de alcanzar los conocimientos necesarios antes de abordar el resto de la programación de esta propuesta.

Contenidos

- Biología y Geología, 1º y 3º de ESO
 - Bloque 3. La biodiversidad en el planeta Tierra.
 - La célula. Características básicas de la célula procariota y eucariota, animal y vegetal.
 - Sistemas de clasificación de los seres vivos. Concepto de especie. Nomenclatura binomial.

- Reinos de los Seres Vivos. Moneras, Protoctistas, Fungi, Metafitas y Metazoos.
- Invertebrados: Poríferos, Celentéreos, Anélidos, Moluscos, Equinodermos y Artrópodos. Características anatómicas y fisiológicas.
- Vertebrados: Peces, Anfibios, Reptiles, Aves y Mamíferos. Características anatómicas y fisiológicas.
- Plantas: Musgos, helechos, gimnospermas y angiospermas. Características principales, nutrición, relación y reproducción.
- Bloque 4. Las personas y la salud. Promoción de la salud.
 - Niveles de organización de la materia viva.
- Biología y Geología, 4º de ESO
 - Bloque 1. La evolución de la vida.
 - La célula.
 - Ciclo celular.
 - Los ácidos nucleicos.
 - ADN y Genética molecular.
 - Proceso de replicación del ADN.
 - Concepto de gen.
 - Expresión de la información genética.
 - Código genético.
 - Mutaciones. Relaciones con la evolución.
 - La herencia y transmisión de caracteres. Introducción y desarrollo de las Leyes de Mendel.
 - Base cromosómica de las leyes de Mendel.
 - Aplicaciones de las leyes de Mendel.
 - Ingeniería genética: técnicas y aplicaciones. Biotecnología. Bioética.
 - Origen y evolución de los seres vivos. Hipótesis sobre el origen de la vida en la Tierra.
 - Teorías de la evolución. El hecho y los mecanismos de la evolución.

Por último, hay que añadir que se deberían incluir como parte de la actividad inicial unos contenidos de **introducción a la bioinformática**, para proporcionar a los

alumnos su definición, su utilidad, su campo de estudio y su metodología y técnicas más importantes, antes de abordar las actividades de la propuesta.

Objetivos

No se especifican en el RD 1105/2014. De forma general, los objetivos de esta actividad sería la adquirir los contenidos que permitan cumplir los criterios de evaluación indicados a continuación.

Criterios de evaluación

La numeración (entre paréntesis) corresponde a los números asignados a cada criterio de evaluación en el Anexo 1 del RD 1105/2015.

- **Biología y Geología, 1º y 3º de ESO**
 - **Bloque 3. La biodiversidad en el planeta Tierra.**
 - (1) Reconocer que los seres vivos están constituidos por células y determinar las características que los diferencian de la materia inerte.
 - (4) Categorizar los criterios que sirven para clasificar a los seres vivos e identificar los principales modelos taxonómicos a los que pertenecen los animales y plantas más comunes.
 - (5) Describir las características generales de los grandes grupos taxonómicos y explicar su importancia en el conjunto de los seres vivos.
 - (6) Caracterizar a los principales grupos de invertebrados y vertebrados.
 - (8) Utilizar claves dicotómicas u otros medios para la identificación y clasificación de animales y plantas.
 - **Bloque 4. Las personas y la salud. Promoción de la salud.**
 - (1) Catalogar los distintos niveles de organización de la materia viva: células, tejidos, órganos y aparatos o sistemas y diferenciar las principales estructuras celulares y sus funciones.
- **Biología y Geología, 4º de ESO**
 - **Bloque 1. La evolución de la vida.**
 - (2) Identificar el núcleo celular y su organización según las fases del ciclo celular a través de la observación directa o indirecta.
 - (3) Comparar la estructura de los cromosomas y de la cromatina.

- (4) Formular los principales procesos que tienen lugar en la mitosis y la meiosis y revisar su significado e importancia biológica.
- (5) Comparar los tipos y la composición de los ácidos nucleicos, relacionándolos con su función.
- (6) Relacionar la replicación del ADN con la conservación de la información genética.
- (7) Comprender cómo se expresa la información genética, utilizando el código genético.
- (8) Valorar el papel de las mutaciones en la diversidad genética, comprendiendo la relación entre mutación y evolución.
- (9) Formular los principios básicos de Genética Mendeliana, aplicando las leyes de la herencia en la resolución de problemas escritos.
- (11) Conocer algunas enfermedades hereditarias, su prevención y su alcance social.
- (12) Identificar las técnicas de la ingeniería genética: ADN recombinante y PCR.
- (15) Valorar las aplicaciones de la tecnología del ADN recombinante en la agricultura, la ganadería, el medio ambiente y la salud.
- (16) Conocer las pruebas de la evolución. Comparar lamarckismo, darwinismo y neodarwinismo.
- (17) Comprender los mecanismos de la evolución destacando la importancia de la mutación y la selección. Analizar el debate entre gradualismo, saltacionismo y neutralismo.

De este análisis de contenidos y criterios de evaluación del currículum oficial se desprende que **Biología y Geología de 4º de ESO** es una materia fundamental para adquirir los conocimientos necesarios para poder realizar actividades básicas de bioinformática. En concreto, los esfuerzos por diseñar una actividad inicial para evaluar y trabajar los conocimientos previos deberían girar en torno al **Bloque 1** (La evolución de la vida) de dicho curso, incluyendo algunos contenidos y criterios de evaluación de cursos anteriores. Esto supone que, en general, las actividades propuestas en este trabajo podrían abordarse a partir de 4º de la ESO y, especialmente, con alumnos de

Bachillerato. Con los alumnos con AACCCII desde 1º a 3º de ESO (quizás también de 4º de ESO) se requeriría poner a los alumnos a dicho nivel en los bloques indicados.

Recursos

Cuestionario de evaluación inicial, que puede utilizarse también para comprobar la adquisición de los aprendizajes tras la actividad.

Guion de la actividad y cuestionario de autoevaluación.

Metodología y esquema de la actividad

En primer lugar, se realizaría la evaluación de los alumnos mediante un **cuestionario inicial** con elementos creados a partir de los criterios de evaluación indicados.

En base al resultado de dicho cuestionario, se llevará a cabo el diseño de una **actividad de adquisición de conocimientos**, incluyendo aquellos de los que carecen los alumnos. Esto puede realizarse mediante clases de exposición, a modo de una clase normal, utilizando recursos de apoyo como una presentación de diapositivas; o puede llevarse a cabo como una actividad más del programa que los alumnos deben trabajar de forma autónoma. Para ello se les proporcionará el guion correspondiente, el cual puede ser presentado a modo de caza del tesoro o *webquest*, por ejemplo. En este último caso será muy importante incorporar un cuestionario de autoevaluación para que los propios alumnos puedan evaluar su aprendizaje y mejorarlo.

En ambos casos se deberá realizar una **evaluación final** que permita comprobar que los alumnos cumplen los criterios de evaluación propuestos. Sería conveniente realizar también una sesión de cuestiones, dudas o debate, de forma que puedan reforzarse los conocimientos adquiridos y los alumnos tengan claros los conceptos básicos necesarios para que el resto de actividades sean significativas.

Finalmente, se llevará a cabo la **introducción de la bioinformática** y se mostrará a los alumnos la metodología que se va a seguir para su desarrollo, según se vaya a implementar el programa: trabajo autónomo, establecimiento de agrupamientos si procede, recogida y presentación de resultados, evaluación, etc.

3.3.2. Actividad 1: trabajar con genes

Esta actividad se ha planteado como una introducción a los rudimentos de la bioinformática, realizando algunas operaciones básicas de carácter general, que llevan a cabo perfiles profesionales muy diversos de manera rutinaria. Se trata de que el alumno tenga un primer contacto con las BD de secuencias, buscando en ellas un gen de interés, y aprenda sobre los distintos campos y formatos que puede encontrar como resultado. Al terminar la actividad, el alumno debe haber obtenido las secuencias del gen de interés. En el **Anexo IV** se da un ejemplo del tipo de resultado que debería obtener el alumno.

Contenidos

- a. Conexión a un servidor de datos biológicos.
- b. Búsqueda de un gen en una BD.
- c. Discriminación del gen de interés entre los resultados de la búsqueda.
- d. Identificación de la información relevante del gen.
- e. Las BD y la utilidad de los identificadores.
- f. La importancia de las BD de acceso público.
- g. Cómo se expresa la longitud del gen: la unidad en pares de bases (*base pairs*).
- h. Diferencias entre el segmento del gen y el de la CDS.
- i. Relación entre la CDS y la secuencia de proteína.
- j. Obtención de las secuencias de ADN, CDS y proteína.

Contenidos de ampliación:

- El NCBI y otros servidores similares.
- Las BD, las BD biológicas, las BD del NCBI.
- Gen, secuencia codificante y proteína. La transcripción, el “splicing”, la traducción, el código genético.

Objetivos

1. Conectar a un servidor de datos biológicos.
2. Buscar un gen en una BD.
3. Identificar el gen de interés entre los resultados de la búsqueda.
4. Identificar la información relevante del gen.
5. Describir la utilidad de los identificadores en las BD.
6. Explicar la importancia de las BD de acceso público.

7. Especificar la unidad en que se mide la longitud de una secuencia de un gen *in silico*.
8. Describir la diferencia entre gen y CDS.
9. Identificar la secuencia de proteína codificada en el gen y confirmar su relación directa con la CDS.
10. Obtener las secuencias de ADN, CDS y proteína.

Crterios de evaluaci3n

1. Conecta a un servidor de datos biol3gicos mediante un navegador web.
2. Busca un gen en la BD correcta del NCBI.
3. Identifica el gen de inter3s entre los resultados de la b3squeda.
4. Identifica la informaci3n relevante del gen: identificador, longitud, organismo y taxonom3a, segmento del gen, segmento de la secuencia codificante, traducci3n a prote3na.
5. Describe la utilidad de los identificadores en las BD.
6. Explica la importancia de las BD de acceso p3blico.
7. Especifica la unidad (pares de bases, *base pairs* y bp) en que se mide la longitud de una secuencia de un gen *in silico*.
8. Describe la diferencia entre gen y CDS.
9. Confirma la relaci3n directa de la secuencia de prote3na con la CDS.
10. Obtiene las secuencias de ADN, CDS y prote3na correctamente.

En la **Tabla 1** al final de la actividad se incluye su relaci3n con la materia de Biolog3a en el curr3culo oficial.

Recursos

Un ordenador con conexi3n a internet y con navegador web.

Un guion de la actividad y un cuestionario de autoevaluaci3n.

En el **Anexo V** se incluyen una serie de recursos que pueden utilizarse para programar los contenidos de ampliaci3n.

Esquema de la actividad

1. Abrir el navegador web.
2. Conectar a <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
3. Seleccionar la BD "Nucleotide".

4. Buscar el nombre del gen que nos interesa.
 - a. Identificar el resultado del gen que nos interesa entre todos los devueltos por el servidor.
5. Recoger información relevante sobre el gen
 - a. Longitud del ADN del gen.
 - b. Identificador de GenBank “Accession”.
 - c. Determinar el organismo del que procede el gen y su taxonomía.
 - d. Localizar los campos “gene” y “CDS”: comparar las coordenadas.
 - i. Diferencia entre gen y CDS.
 - e. Localizar la traducción a proteína del campo “CDS” (propiedad “translation”).
6. Obtener las secuencias relevantes sobre el gen de interés.
 - a. Localizar la secuencia de ADN del gen de interés.
 - b. Identificar las distintas partes del gen sobre la secuencia de ADN, pulsando con el ratón en los campos correspondientes.
 - c. Extraer la secuencia del gen, la CDS y la secuencia de proteína en formato FASTA.
 - i. Para la secuencia del gen y la CDS es suficiente con pulsar el campo correspondiente y seleccionar el formato FASTA.
 - ii. Para la secuencia de proteína se puede coger directamente el contenido de la propiedad “translation”, precediéndolo de una cabecera FASTA (“>nombre_proteína”), pero resulta más ilustrativo realizar la traducción del CDS a proteína, utilizando el código genético *in silico*, lo cual puede ser útil cuando tengamos que predecir la proteína codificada por un gen cualquiera.
 1. Por ejemplo, se puede utilizar la herramienta <http://web.expasy.org/translate/> usando como datos de entrada la secuencia FASTA del CDS del gen.
 2. Comparar la secuencia de proteína obtenida con la que aparece en GenBank.

Tabla 1. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad “Trabajar con genes”.

Materia	Curso	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación
Biología y Geología	1º ESO, 3º ESO	1	La metodología científica. Características básicas.	1 Utilizar adecuadamente el vocabulario científico en un contexto preciso y adecuado a su nivel.
				2 Buscar, seleccionar e interpretar la información de carácter científico y utilizar dicha información para formarse una opinión propia, expresarse con precisión y argumentar sobre problemas relacionados con el medio natural y la salud.
				3 Realizar un trabajo experimental con ayuda de un guión de prácticas de laboratorio o de campo describiendo su ejecución e interpretando sus resultados.
		3	Sistemas de clasificación de los seres vivos. Concepto de especie. Nomenclatura binomial.	4 Categorizar los criterios que sirven para clasificar a los seres vivos e identificar los principales modelos taxonómicos a los que pertenecen los animales y plantas más comunes.
				8 Utilizar claves dicotómicas u otros medios para la identificación y clasificación de animales y plantas.
Biología y Geología	4º ESO	1	Los ácidos nucleicos.	5 Comparar los tipos y la composición de los ácidos nucleicos, relacionándolos con su función.
			ADN y Genética molecular.	7 Comprender cómo se expresa la información genética, utilizando el código genético.
			Concepto de gen.	
			Expresión de la información genética.	
			Código genético.	
Biología y Geología	1º bachillerato	1	Características de los seres vivos y los niveles de organización.	1 Especificar las características que definen a los seres vivos.
			Bioelementos y biomoléculas.	2 Distinguir bioelemento, oligoelemento y biomolécula.
			Relación entre estructura y funciones biológicas de las biomoléculas.	3 Diferenciar y clasificar los diferentes tipos de biomoléculas que constituyen la materia viva y relacionándolas con sus respectivas funciones biológicas en la célula.
				4 Diferenciar cada uno de los monómeros constituyentes de las macromoléculas orgánicas.
			5 Reconocer algunas macromoléculas cuya conformación está directamente relacionada con la función que desempeñan.	
4	La clasificación y la nomenclatura de los grupos principales de seres vivos.	2 Interpretar los sistemas de clasificación y nomenclatura de los seres vivos.		
Biología	1º bachillerato	1	Las moléculas orgánicas. Glúcidos, lípidos, prótidos y ácidos nucleicos.	3 Reconocer los diferentes tipos de macromoléculas que constituyen la materia viva y relacionarlas con sus respectivas funciones biológicas en la célula.
				4 Identificar los tipos de monómeros que forman las macromoléculas biológicas y los enlaces que les unen.
				5 Determinar la composición química y describir la función, localización y ejemplos de las principales biomoléculas orgánicas.
	2º bachillerato	3	La genética molecular o química de la herencia. Identificación del ADN como portador de la información genética. Concepto de gen.	1 Analizar el papel del ADN como portador de la información genética.
			El ARN. Tipos y funciones.	3 Establecer la relación del ADN con la síntesis de proteínas.
			La expresión de los genes. Transcripción y traducción genéticas en procariontes y eucariotes. El código genético en la información genética.	4 Determinar las características y funciones del ARN.
				5 Elaborar e interpretar esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.

3.3.3. Actividad 2: genes en el genoma

En esta segunda actividad se aborda el trabajo directo con las secuencias de un gen, como las obtenidas en la actividad anterior. Se trata de que el alumno entre en contacto con los procedimientos básicos de alineamiento de secuencias a través de servidores web, encontrando de esta forma información sobre el genoma del organismo con el que está trabajando. Acerca del genoma, se tratan las características básicas y los elementos que puede contener a través de la anotación, para que el alumno se familiarice con la nomenclatura y grafismo básicos, y sea capaz de comprender el contexto en el que se ubica cualquier gen. Además, se trabaja el alineamiento de CDS al ADN genómico como competencia necesaria para buscar secuencias obtenidas a partir de transcritos. A lo dicho hay que añadir que para realizar esta actividad como se ha propuesto debe existir un ensamblaje del genoma con el que trabajar. En caso de que no exista, podría adaptarse la actividad para realizar alineamientos a especies relacionadas u otros recursos alternativos.

Contenidos

1. Localización del genoma de un organismo concreto.
2. Identificación de algunos datos imprescindibles sobre un genoma con el que se va a trabajar.
3. La anotación de los genomas. Formatos más comunes.
4. La secuenciación de genomas como esfuerzo compartido por la comunidad científica.
5. Búsqueda de un gen en un genoma.
6. Alineamiento de secuencias.
7. La importancia de citar las herramientas bioinformáticas.
8. Identificación de los resultados más relevantes de un alineamiento.
9. Determinación de las diferencias existentes entre dos secuencias.
10. Visualización del contexto de un gen en el genoma.
11. Alineamiento de CDS a ADN genómico.

Contenidos de ampliación:

- Genomas secuenciados en la actualidad.
- Proyecto Genoma Humano y proyectos de resecuenciación más importantes en organismos modelo.
- Tecnologías e instrumentos de secuenciación.

- Ensamblaje de secuencias y genomas. Calidad y grado de acabado de los genomas.
- Variabilidad del tamaño de los genomas en los diversos organismos.

Objetivos

1. Localizar la información disponible del genoma de un organismo concreto.
2. Identificar los datos imprescindibles sobre un genoma con el que se va a trabajar.
3. Describir qué es la anotación de genomas y citar los formatos más comunes.
4. Valorar el esfuerzo de colaboración de la comunidad científica en el marco de la secuenciación de genomas.
5. Encontrar la localización de un gen en un genoma.
6. Describir el alineamiento de secuencias y su utilidad.
7. Valorar la importancia de citar las herramientas bioinformáticas.
8. Identificar los resultados más relevantes de un alineamiento.
9. Determinar las diferencias existentes entre dos secuencias.
10. Describir el contexto de un gen en el genoma.
11. Alinear CDS a ADN genómico.

Criterios de evaluación

1. Localiza la información disponible del genoma de un organismo concreto.
2. Identifica los datos imprescindibles sobre un genoma con el que se va a trabajar.
3. Describe qué es la anotación de genomas y cita los formatos más comunes.
4. Reconoce el esfuerzo de colaboración de la comunidad científica en el marco de la secuenciación de genomas.
5. Encuentra la localización de un gen en un genoma.
6. Describe el alineamiento de secuencias y su utilidad.
7. Valora la importancia de citar las herramientas bioinformáticas.
8. Identifica los resultados más relevantes de un alineamiento.
9. Determina las diferencias existentes entre dos secuencias.
10. Describe el contexto de un gen en el genoma.
11. Alinea CDS a ADN genómico.

En la **Tabla 2** al final de la actividad se incluye su relación con la materia de Biología en el currículum oficial.

Recursos

Un ordenador con conexión a internet y con navegador web.

Un guion de la actividad y un cuestionario de autoevaluación.

En el **Anexo VI** se incluyen una serie de recursos que pueden utilizarse para programar los contenidos de ampliación.

Esquema de la actividad

1. Se debe partir de las secuencias obtenidas en la actividad anterior.
 - a. Si no se hubiera realizado, se deben proporcionar las secuencias del gen y de la CDS del gen de interés para esta actividad.
2. Una vez se tienen las secuencias, cambiar la BD del NCBI a “Genome” y buscar el organismo en cuestión. Identificar información relevante sobre el genoma:
 - a. Versión del ensamblaje.
 - b. Número de genomas disponibles para la especie.
 - c. Formatos de anotación: GFF, RefSeq, GenBank.
 - d. Longitud promedio (mediana) del genoma de la especie.
 - e. Número de proteínas promedio (mediana) del genoma de la especie.
 - f. Cariograma.
 - g. Publicaciones científicas asociadas (por ejemplo, para el genoma humano se referencian nada menos que 3.439 en febrero de 2016), tratando de identificar algunos de los distintos grupos de investigación y su origen.
3. Buscar el gen de interés en el genoma mediante el programa Blast.
 - a. Localizar el campo donde introducir la secuencia FASTA del gen.
 - b. Comprobar qué BD hay disponibles para el genoma de la especie.
 - c. Comprobar que hay algunas variantes del algoritmo de búsqueda: megablast, blastn, etc. Cada uno de ellos es adecuado para tareas distintas.
 - d. Realizar la búsqueda con Blast.
4. Comprobar el resultado obtenido con Blast, identificando la información más relevante.
 - a. Campo “Program”: tiene un enlace “Citation”. Aclarar que cuando se utiliza una herramienta informática, hay que citarla en las publicaciones como cualquier otro recurso o referencia que se utilice.

- b. Diagrama resumen de los resultados de Blast: alineamientos y código de colores en base a una puntuación “score” que asigna el programa.
 - c. Descripción de cada resultado: explicar especialmente el campo “ident”, que marca la similitud entre la secuencia de entrada y el resultado encontrado.
 - d. Visualizar el alineamiento de uno de los resultados para comprender por qué Blast considera que las secuencias son semejantes: identificar diferencias si las hay, y de qué tipo son (“gaps” y “mismatches”).
 - e. Comprobar la información adicional que se puede obtener de alguno de los resultados pulsando el enlace de la columna “Accession”. Esta información variará, será más o menos completa, según genoma de referencia con el que se esté trabajando.
 - i. Se puede identificar información como el cromosoma en el que está ubicado nuestro gen de interés, por ejemplo trabajando con el genoma humano.
5. Visualizar la posición del gen de interés en el genoma a partir del resultado anterior.
- a. Mediante la opción “Graphics”.
 - b. Mediante “Map viewer”.
6. Visualizar la posición del gen de interés en el “Genome Browser” si está disponible el genoma del organismo con el que se está trabajando.
- a. Ir a la página del “Genome Browser” (<https://genome.ucsc.edu/index.html>).
 - b. Comprobar los genomas disponibles en “Genomes”.
 - c. Buscar la CDS del gen de interés (para mostrar que se pueden realizar búsquedas únicamente con la CDS).
 - i. Ir a “Tools” → “Blat”.
 - ii. Introducir la CDS de nuestro gen y buscar.
 - iii. Comprobar que los resultados son similares a los obtenidos con el Blast del NCBI.
 - iv. Elegir el primer resultado pulsando en la opción “browser”.
 - v. Comprobar los elementos existentes en la posición de nuestra búsqueda: genes, variantes, etc.

Tabla 2. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad “Genes en el genoma”.

Materia	Curso	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación
Biología y Geología	1º ESO, 3º ESO	1	La metodología científica. Características básicas.	1 Utilizar adecuadamente el vocabulario científico en un contexto preciso y adecuado a su nivel.
				2 Buscar, seleccionar e interpretar la información de carácter científico y utilizar dicha información para formarse una opinión propia, expresarse con precisión y argumentar sobre problemas relacionados con el medio natural y la salud.
		3	Sistemas de clasificación de los seres vivos. Concepto de especie. Nomenclatura binomial.	3 Realizar un trabajo experimental con ayuda de un guión de prácticas de laboratorio o de campo describiendo su ejecución e interpretando sus resultados.
Biología y Geología	4º ESO	1	Los ácidos nucleicos.	8 Utilizar claves dicotómicas u otros medios para la identificación y clasificación de animales y plantas.
			ADN y Genética molecular.	5 Comparar los tipos y la composición de los ácidos nucleicos, relacionándolos con su función.
			Concepto de gen.	7 Comprender cómo se expresa la información genética, utilizando el código genético.
			Expresión de la información genética.	8 Valorar el papel de las mutaciones en la diversidad genética, comprendiendo la relación entre mutación y
Biología y Geología	1º bachillerato	1	Características de los seres vivos y los niveles de organización.	1 Especificar las características que definen a los seres vivos.
			Relación entre estructura y funciones biológicas de las biomoléculas.	3 Diferenciar y clasificar los diferentes tipos de biomoléculas que constituyen la materia viva y relacionándolas con sus respectivas funciones biológicas
				4 Diferenciar cada uno de los monómeros constituyentes de las macromoléculas orgánicas.
				5 Reconocer algunas macromoléculas cuya conformación está directamente relacionada con la función que
Biología	1		Las moléculas orgánicas. Glúcidos, lípidos, proteínas y ácidos nucleicos.	3 Reconocer los diferentes tipos de macromoléculas que constituyen la materia viva y relacionarlas con sus respectivas funciones biológicas en la célula.
				4 Identificar los tipos de monómeros que forman las macromoléculas biológicas y los enlaces que les unen
				5 Determinar la composición química y describir la función, localización y ejemplos de las principales biomoléculas orgánicas.
				1 Analizar el papel del ADN como portador de la información genética.
				3 Establecer la relación del ADN con la síntesis de proteínas.
	3		La genética molecular o química de la herencia. Identificación del ADN como portador de la información genética. Concepto de gen.	4 Determinar las características y funciones del ARN.
			El ARN. Tipos y funciones.	5 Elaborar e interpretar esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.
			La expresión de los genes. Transcripción y traducción genéticas en procariontes y eucariotes. El código genético en la información genética.	6 Definir el concepto de mutación distinguiendo los principales tipos y agentes mutagénicos.
			Las mutaciones. Tipos. Los agentes mutagénicos.	9 Analizar los progresos en el conocimiento del genoma humano y su influencia en los nuevos tratamientos.
			Implicaciones de las mutaciones en la evolución y aparición de nuevas especies.	
			Proyecto genoma: repercusiones sociales y valoraciones éticas de la manipulación genética y de las nuevas terapias génicas.	

3.3.4. Actividad 3: proteínas y biodiversidad

En esta última actividad que se plantea los alumnos deben realizar alineamientos a BD de secuencias generales, tanto de ADN como de proteínas. De esta forma, comprenderán su utilidad, así como la universalidad del código genético en biología. Trabajar con ADN y proteínas debe facilitar su comprensión sobre las distintas posibilidades del trabajo en bioinformática y cómo la elección está condicionada por los datos de partida y el objetivo de la investigación. Finalmente, adquirirán competencias básicas de comparación entre organismos y reconstrucción de sus relaciones evolutivas. Los resultados de esta práctica serán una tabla de organismos e identidad de alineamiento, una serie de secuencias de proteína de distintas especies de organismos, un alineamiento múltiple esas secuencias y un árbol filogenético que compare dichas especies. En el **Anexo VII** se muestra un ejemplo del tipo de resultados que puede obtener el alumno tras la actividad.

Contenidos

1. Tipos de alineamiento con Blast.
2. Alineamiento de una secuencia de ADN a una BD de secuencias de ADN general.
3. Determinación de los resultados relevantes de un alineamiento a una BD de secuencias general.
4. Alineamiento de una secuencia de proteína a una BD de proteínas general.
5. Establecimiento de las diferencias en los resultados de un alineamiento de ADN y un alineamiento de proteínas.
6. Realización de una clasificación filogenética de organismos mediante alineamiento múltiple y creación de árboles filogenéticos.

Objetivos

1. Discriminar los distintos tipos de alineamiento que se pueden realizar con Blast y para qué se utiliza cada uno.
2. Alinear una secuencia de ADN a una BD de secuencias de ADN general.
3. Determinación de las especies obtenidas como resultado de un alineamiento, incluyendo su nombre científico y su nombre vernáculo.
4. Alinear una secuencia de proteína a una BD de proteínas general.
5. Describir y justificar las diferencias en los resultados de un alineamiento de ADN y un alineamiento de proteínas.

6. Realizar una clasificación filogenética de organismos mediante alineamiento múltiple y creación de árboles filogenéticos.

Criterios de evaluación

1. Discrimina los distintos tipos de alineamiento que se pueden realizar con Blast y para qué se utiliza cada uno.
2. Alinea una secuencia de ADN a una BD de secuencias de ADN general.
3. Determinación de las especies obtenidas como resultado de un alineamiento, incluyendo su nombre científico y su nombre vernáculo.
4. Alinea una secuencia de proteína a una BD de proteínas general.
5. Describe y justifica las diferencias en los resultados de un alineamiento de ADN y un alineamiento de proteínas.
6. Realiza una clasificación filogenética de organismos mediante alineamiento múltiple y creación de árboles filogenéticos.

En la **Tabla 3** al final de la actividad se incluye su relación con la materia de Biología en el currículum oficial.

Recursos

Un ordenador con conexión a internet y con navegador web.

Un guion de la actividad y un cuestionario de autoevaluación.

Esquema de la actividad

1. Partir de las secuencias de ADN y de proteína de la actividad 1.
 - a. Si no se hubiera realizado, se deben proporcionar las secuencias de ADN y de proteína del gen de interés para esta actividad.
2. Volver a la página inicial del NCBI y entrar a la herramienta Blast.
3. Explicar los distintos tipos de Blast que se pueden hacer y para qué sirven: “nucleotide blast”, “protein blast”, “blastx”, “tblastn” y “tblastx”. Seleccionar “nucleotide blast”.
4. Realizar la búsqueda del gen de interés introduciendo la secuencia de ADN en formato FASTA. La búsqueda debe ser sobre la BD “nt/nr” y con “megablast”.
 - a. Explicar el tipo de BD que es “nt/nr” y su utilidad.
5. Analizar los resultados obtenidos del alineamiento.
 - a. Localizar los organismos, diferentes del original, para los que se encuentran resultados.

- b. Realizar una tabla ordenada de mayor a menor identidad con los nombres de esos organismos, incluyendo sus nombres científicos y vernáculos y la identidad resultado del alineamiento. Incluir un máximo de 10 organismos.
6. Realizar el mismo análisis pero ahora con la secuencia de proteína.
 - a. Se puede realizar también en el NCBI, pero vamos a utilizar un servidor distinto para aprender su uso: conectar a Uniprot (<http://www.uniprot.org>).
 - b. Ir a la herramienta Blast, observar las distintas BD disponibles en Uniprot. Explicar el parámetro “E-Threshold”.
 - c. Introducir la secuencia de la proteína del gen de interés y realizar la búsqueda en la BD “UniProtKB”.
 - d. Completar la tabla del punto anterior con los organismos nuevos que se encuentren en estos resultados y añadiendo la identidad obtenida en este alineamiento para los organismos que ya estuvieran en dicha tabla. En total incluir un máximo de 15 organismos.
7. Observar las identidades obtenidas para los organismos encontrados tanto con ADN como con proteína. Explicar por qué las identidades con búsqueda de proteínas son mayores habitualmente. Explicar en qué casos interesa realizar la búsqueda con ADN y en qué casos con proteína.
8. Realizar una comparación de las secuencias de distintos organismos.
 - a. En base a las identidades obtenidas respecto a la secuencia original, tratar de establecer a primera vista qué organismos están más emparentados con el organismo inicial de la actividad.
 - b. Recoger las secuencias de proteína en FASTA de los organismos de la tabla para los que haya habido resultado en Uniprot. Crear un documento con la secuencia de proteína original y las recogidas en este punto.
 - c. Realizar un alineamiento múltiple con Clustal Omega (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>)
 - i. Explicar la diferencia, especialmente en utilidad, de los alineamientos múltiples frente a los que son entre dos secuencias únicamente.
 - d. Analizar el alineamiento resultante de introducir las proteínas de los organismos anteriores en el programa.

- e. Comprobar el árbol filogenético y qué podemos inferir acerca del parentesco de los distintos organismos analizados.

Tabla 3. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad “Proteínas y biodiversidad”.

Materia	Curso	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación
Biología y Geología	1º ESO, 3º ESO	1	La metodología científica. Características básicas.	1 Utilizar adecuadamente el vocabulario científico en un contexto preciso y adecuado a su nivel.
				2 Buscar, seleccionar e interpretar la información de carácter científico y utilizar dicha información para formarse una opinión propia, expresarse con precisión y argumentar sobre problemas relacionados con el medio natural y la salud.
				3 Realizar un trabajo experimental con ayuda de un guión de prácticas de laboratorio o de campo describiendo su ejecución e interpretando sus resultados.
		3	Sistemas de clasificación de los seres vivos. Concepto de especie. Nomenclatura binomial.	4 Categorizar los criterios que sirven para clasificar a los seres vivos e identificar los principales modelos taxonómicos a los que pertenecen los animales y plantas
				8 Utilizar claves dicotómicas u otros medios para la identificación y clasificación de animales y plantas.
Biología y Geología	4º ESO	1	Los ácidos nucleicos.	5 Comparar los tipos y la composición de los ácidos nucleicos, relacionándolos con su función.
			ADN y Genética molecular.	7 Comprender cómo se expresa la información genética, utilizando el código genético.
			Concepto de gen.	8 Valorar el papel de las mutaciones en la diversidad genética, comprendiendo la relación entre mutación y evolución
			Expresión de la información genética.	17 Comprender los mecanismos de la evolución destacando la importancia de la mutación y la selección. Analizar el debate entre gradualismo, saltacionismo y neutralismo.
			Código genético.	18 Interpretar árboles filogenéticos, incluyendo el humano.
			Mutaciones. Relaciones con la evolución. Teorías de la evolución. El hecho y los mecanismos de la evolución.	
Biología y Geología	1º bachillerato	1	Relación entre estructura y funciones biológicas de las biomoléculas.	3 Diferenciar y clasificar los diferentes tipos de biomoléculas que constituyen la materia viva y relacionándolas con sus respectivas funciones biológicas en la célula.
				4 Diferenciar cada uno de los monómeros constituyentes de las macromoléculas orgánicas.
				5 Reconocer algunas macromoléculas cuya conformación está directamente relacionada con la función que desempeñan.
		4	La clasificación y la nomenclatura de los grupos principales de seres vivos.	2 Interpretar los sistemas de clasificación y nomenclatura de los seres vivos.
				9 Relacionar la biodiversidad con el proceso evolutivo.

Continúa en la página siguiente.

(continuación de la página anterior)

Materia	Curso	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación
Biología	2º bachillerato	1	Las moléculas orgánicas. Glúcidos, lípidos, prótidos y ácidos nucleicos.	3 Reconocer los diferentes tipos de macromoléculas que constituyen la materia viva y relacionarlas con sus respectivas funciones biológicas en la célula.
				4 Identificar los tipos de monómeros que forman las macromoléculas biológicas y los enlaces que les unen.
				5 Determinar la composición química y describir la función, localización y ejemplos de las principales biomoléculas orgánicas.
		3	La genética molecular o química de la herencia. Identificación del ADN como portador de la información genética. Concepto de gen.	1 Analizar el papel del ADN como portador de la información genética.
			La expresión de los genes. Transcripción y traducción genéticas en procariontes y eucariotas. El código genético en la información genética.	3 Establecer la relación del ADN con la síntesis de proteínas.
			Las mutaciones. Tipos. Los agentes mutagénicos.	6 Definir el concepto de mutación distinguiendo los principales tipos y agentes mutagénicos.
			Implicaciones de las mutaciones en la evolución y aparición de nuevas especies. Evidencias del proceso evolutivo	11 Diferenciar distintas evidencias del proceso evolutivo
				12 Reconocer, diferenciar y distinguir los principios de la teoría darwinista y neodarwinista.
			Darwinismo y neodarwinismo: la teoría sintética de la evolución.	13 Relacionar genotipo y frecuencias génicas con la genética de poblaciones y su influencia en la evolución.
			La selección natural. Principios. Mutación, recombinación y adaptación.	14 Reconocer la importancia de la mutación y la recombinación.
Evolución y biodiversidad.	15 Analizar los factores que incrementan la biodiversidad y su influencia en el proceso de especiación.			

3.3.5. Actividad de refuerzo: trabajo de investigación

Como repaso de los contenidos de las actividades anteriores, y con el objetivo de reforzar el aprendizaje, principalmente de los procedimientos seguidos, se propone que los alumnos realicen el mismo análisis anterior pero de forma autónoma y creativa.

Contenidos

Los de las actividades anteriores, en un contexto elegido por los alumnos. Además se trabajan contenidos de metodología de investigación: búsqueda y selección de información, justificación de un tema de investigación, presentación de resultados de investigación.

Objetivos

1. Reforzar los conocimientos adquiridos, especialmente los procedimentales.
2. Seleccionar y justificar un tema de investigación.
3. Presentar los resultados adecuadamente.

Criterios de evaluación

1. Realiza de forma autónoma el proceso de indagación y análisis aprendido con las actividades anteriores.
2. Selecciona el tema de forma justificada.
3. Presenta adecuadamente los resultados.

La relación de esta actividad con el currículum oficial abarca las relaciones establecidas para las actividades anteriores, lógicamente al tratarse esta de una actividad de refuerzo. No obstante, se incluye al final de la actividad la **Tabla 4**, en la que se indican sus relaciones específicas con contenidos de investigación de la materia de Biología en el currículum oficial.

Recursos

Un ordenador con conexión a internet y con navegador web.

Los guiones de las actividades anteriores.

Software para la realización de una presentación de diapositivas, que puede ser utilizado también para producir un póster de resultados.

Metodología

En éste caso se trata de que los alumnos realicen las actividades de forma totalmente autónoma, simulando en lo posible la actividad investigadora en todas sus etapas.

Por un lado, se les debe dar tiempo suficiente para elegir un tema de investigación; principalmente con qué gen van a trabajar y cuál va a ser su organismo de referencia. Durante el proceso de decisión se les puede guiar y dar unas pautas, o se pueden establecer dinámicas, como el torbellino de ideas, para que los alumnos puedan contar con un abanico de opciones entre las cuales elegir.

La actividad se puede plantear para que la realicen en una serie de sesiones en el centro, o como un pequeño proyecto a desarrollar en casa, por su cuenta. Además, la actividad se puede plantear para trabajo individual o en pequeño grupo. En este último caso se pueden establecer medidas para que los miembros de cada grupo se coordinen, como puede ser un foro, una wiki o un tiempo de las sesiones dedicadas a “reunión de grupo”.

Por último, se establecerá un espacio, real o virtual, a través del cual los alumnos presenten los productos que obtengan como resultado de su trabajo. Estos trabajos se

pueden utilizar como parte del proceso de evaluación del aprendizaje y de la actividad, como se desarrollará más adelante.

Esquema de la actividad

1. Los alumnos buscarán información para seleccionar un gen de su interés con el que trabajar.
 - a. Se les puede orientar de forma que busquen genes de enfermedades importantes en humanos o genes muy conservados con los que realizar análisis filogenéticos, como actina, tubulina o hemoglobina.
2. Deberán localizar la información relevante sobre el gen; especialmente las secuencias de ADN y proteína.
3. Deberán localizar el genoma o la referencia más completa del organismo objeto de su estudio o de una especie relacionada.
4. Estudiarán el contexto del gen de interés en el genoma, incluyendo el cromosoma en el que se encuentra y genes adyacentes u otro tipo de elementos genéticos en la zona.
5. A continuación, los alumnos deberán realizar una comparación de sus secuencias con las de los organismos que ellos elijan y construir un árbol filogenético.
6. Se dará libertad para, a partir de ahí, ampliar los resultados con información adicional, si se dispone de tiempo. Para ello se les propondrá que busquen información en <http://www.uniprot.org> y en <http://www.genecards.org>.
 - a. En estas páginas los alumnos pueden encontrar información que les sorprenda y que pueden decidir integrar en sus trabajos, como la localización subcelular de la proteína de estudio, o su estructura tridimensional interactiva.
7. Finalmente, los alumnos deberán crear una presentación de diapositivas y/o un póster con los que ilustrar sus resultados, pudiéndose simular un pequeño congreso si hay varios alumnos implicados.

Tabla 4. Entradas del currículum oficial relacionadas con la actividad de refuerzo “Trabajo de investigación”.

Materia	Curso	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación
Biología y Geología	1º ESO, 3º ESO	1	La metodología científica. Características básicas.	1 Utilizar adecuadamente el vocabulario científico en un contexto preciso y adecuado a su nivel.
				2 Buscar, seleccionar e interpretar la información de carácter científico y utilizar dicha información para formarse una opinión propia, expresarse con precisión y argumentar sobre problemas relacionados con el medio natural y la salud.
				3 Realizar un trabajo experimental con ayuda de un guión de prácticas de laboratorio o de campo describiendo su ejecución e interpretando sus resultados.
		4*	Proyecto de investigación.	1 Planear, aplicar e integrar las destrezas y habilidades propias del trabajo científico.
				2 Elaborar hipótesis y contrastarlas a través de la experimentación o la observación y la argumentación.
				3 Utilizar fuentes de información variada, discriminar y decidir sobre ellas y los métodos empleados para su obtención.
				4 Participar, valorar y respetar el trabajo individual y en equipo.
				5 Exponer y defender en público el proyecto de investigación realizado.

*También en el bloque 4 de Biología y Geología de 4º de ESO

3.4. Evaluación

La evaluación sería el **instrumento para** observar, recoger y analizar información significativa para la **mejora** del diseño de las actividades (Boal y Expósito, 2011). Cualquier estrategia de atención a la diversidad debe ser evaluada **en todas sus etapas** (Ferrándiz et al., 2008). Una propuesta siempre es susceptible de mejora y además no tiene porqué resultar siempre igual de eficaz (Ferrándiz et al., 2008). La evaluación puede contemplar a **todos los participantes** directos e indirectos del programa, incluyendo a los alumnos, profesores (también el tutor y colaboradores), organizadores, familias y evaluadores externos (Ferrándiz et al., 2008; Rojo et al., 2010).

En el caso de este trabajo, hay **dos aspectos principales** a evaluar: el aprendizaje de los alumnos con las actividades y la calidad del diseño.

Respecto al **aprendizaje de los alumnos**, la evaluación deberá ser (Boal y Expósito, 2011):

- **Continua:** a lo largo de todo el proyecto. Para ello se pueden tomar como referencia los criterios de evaluación incluidos en las actividades.
 - **Inicial:** a partir de los criterios de evaluación incluidos en la actividad de conocimientos previos.
 - **Desarrollo:** a partir de los criterios de evaluación incluidos en las actividades de bioinformática. Estos se pueden incluir en elementos de autoevaluación, coevaluación y heteroevaluación. Para facilitar el trabajo autónomo se ha incluido como requisito la presencia de instrumentos de autoevaluación en la implementación de las actividades. Además, siguiendo los modelos de AACCI, puede ser adecuado realizar una evaluación de los productos generados por los alumnos con cada una de las actividades.
 - **Final:** además de los instrumentos habituales (examen escrito u oral), pueden evaluarse los productos creados para la actividad final de refuerzo como evaluación final del aprendizaje de los alumnos.
- **Sistemática:** los instrumentos de evaluación se diseñarán antes de la puesta en marcha de las actividades.

- **Integral:** se evaluará el logro de objetivos relacionados con contenidos conceptuales, procedimentales y actitudinales. En esta propuesta se hará hincapié especialmente en los procedimientos adquiridos, debido a la naturaleza de la bioinformática y a que se trata de EE para alumnos AACCI.
- **Flexible:** teniendo en cuenta las características de los alumnos y el contexto concreto en que se desarrolle el programa.

Respecto a la evaluación de la propuesta de intervención se tomarán en cuenta:

- a) **Aspectos formales** de las actividades. Calidad textual, lógica y simbólica, expresión, claridad. Los agentes que participarán de esta evaluación serán principalmente los docentes u organizadores que incluyan las actividades en sus programaciones o programas de EE.
- b) **Aspectos técnicos** de la propuesta. Estructura de la propuesta, conexión entre actividades y desarrollo lógico del programa, contenidos que pueden resultar prescindibles o aquellos que no se han considerado en la propuesta y se deberían incorporar, elementos incluidos en la estructura de cada actividad. La evaluación se realizará a través de los docentes y organizadores de programas de EE.
- c) **Capacidad de integración** de las actividades en programas de EE. Facilidad para implementar cada actividad y el conjunto de la propuesta, grado de generalidad y versatilidad de las actividades para poder adaptarlas a distintos contenidos, objetivos e intereses, facilidad relacionarlas con el resto de elementos de los programas de EE, conocimiento de los docentes sobre el tema o capacidad de adquirirlo. De nuevo, la evaluación de este aspecto se centrará en los docentes y organizadores de programas de EE.
- d) **Grado de satisfacción** con la propuesta desde un punto de vista pedagógico. Se indica para cada aspecto a continuación qué participantes podrían ser evaluados:
 - a. Valoración del **contenido** introducido, por su relevancia para alumnos con AACCI en Educación Secundaria. Profesores y evaluadores externos.
 - b. Valoración de la relación del contenido con el **currículo oficial**. Profesores y evaluadores externos.
 - c. Valoración de la **operatividad** de la propuesta, del **interés y motivación por los procedimientos** que se llevan a cabo durante las

actividades **y por los resultados** que se obtienen. Alumnos, profesores y evaluadores externos.

- d. Valoración del **aprendizaje alcanzado** por los alumnos, tanto en relación a los contenidos nuevos como a los conocimientos previos de la materia de Biología. Alumnos, profesores y evaluadores externos.
- e. Valoración del **grado de implicación** de los alumnos con el desarrollo de las actividades. Alumnos, profesores, organizadores de programas de EE, familias y evaluadores externos.
- f. Valoración del **reto que supone** la implementación del programa para los alumnos. Alumnos, profesores y evaluadores externos.
- g. Valoración del efecto que tiene la realización de la propuesta con la **motivación e interés** de los alumnos por la **materia de Biología, la investigación científica y el aprendizaje**. Alumnos, profesores, organizadores de programas de EE, familias y evaluadores externos.

La evaluación deberá ser **cuantitativa y cualitativa**, a través de:

- Rúbricas de evaluación proporcionadas a los participantes (cuantitativa).
- Encuestas con escalas de valoración (cuantitativa)
- Entrevistas (cualitativa).
- Productos generados por los alumnos (cualitativa).

4. Discusión y conclusiones

Discusión

La bioinformática **no forma parte del currículum** del sistema educativo español hasta la Educación Superior. Su uso en Educación Secundaria seguramente haya sido escaso y sin publicar. Incluso en otros países donde se ha demostrado la bondad de su incorporación a las escuelas, como EUA, probablemente siga estando ausente de los estándares de la mayoría de estados o aparezca de forma demasiado vaga, sin la guía necesaria para que los docentes concreten sus programaciones (Wefer y Sheppard, 2008).

Uno de los motivos fundamentales para su ausencia en los colegios podría ser la necesidad de los profesores de **formación específica** para poder impartir la materia (Machluf y Yarden, 2013). Otra causa podría residir en que los docentes desarrollen **intervenciones que no publican**, por lo que la ausencia sería, en parte, aparente. El presente trabajo podría facilitar el contacto de los docentes con la contribución potencial que puede aportar la bioinformática a su labor y con algunos de los conocimientos necesarios para poder impartirla.

Otra condición que puede impedir el uso de la bioinformática con alumnos de Educación Secundaria puede ser la **resistencia a incluir nuevos contenidos** en un currículum ya saturado. Sin embargo, la bioinformática **puede incorporarse** al currículum de Biología **reescribiendo** los contenidos existentes (Wefer y Sheppard, 2008). En este trabajo se describe la estrecha relación de la bioinformática con el currículum de la materia de Biología y se propone su uso en los cursos superiores de Educación Secundaria, en base a los resultados obtenidos.

Sin embargo, para determinar la forma de integrar en la práctica estos contenidos es necesario **continuar investigando** y conocer cómo los profesores y alumnos responden a las propuestas y qué temas son los más apropiados para ser incluidos en los estudios de Educación Secundaria. Indagar sobre la incorporación de la bioinformática a los institutos permitirá a la Educación Secundaria no quedarse atrás (Machluf y Yarden, 2013) y **adaptarse para responder** a la revolución ocurrida en la biología moderna (Wefer y Sheppard, 2008).

En concreto, en el caso de las AACCCII, para la incorporación de nuevas estrategias se requieren más trabajos que lleven las propuestas a la práctica (Hernández y Gutiérrez, 2014). Precisamente, la **limitación** más importante de este trabajo radica en la falta de una puesta en marcha que proporcione información empírica. Así, no es posible valorar con certeza la calidad de la propuesta y solo se puede especular acerca de su eficacia. Esta puede verse condicionada por muchos factores, como la organización de los centros y de los programas de EE, los recursos disponibles (materiales, personales y temporales), la motivación y formación de los profesores y los intereses y motivaciones de los alumnos concretos a quienes se dirija la intervención.

No obstante, la aplicación de la **bioinformática para el trabajo con alumnos de AACCCII** sí es una posibilidad inmediata y la revisión realizada en este trabajo lleva a insistir en las características idóneas de este campo para su incorporación en programas de EE. Para que esto sea factible, propuestas como la que se presenta en este documento deben facilitar la implementación de las actividades por parte de los docentes. A pesar de la posible dificultad que puedan encontrar, no se ha querido renunciar en este trabajo a favorecer su autonomía para diseñar intervenciones adaptadas a sus necesidades. De esta forma, el planteamiento genérico de las actividades de esta propuesta pretende que puedan incluirse en marcos temáticos muy variados, ya sean parte del currículum oficial o como parte un proyecto centrado en un tema específico. En el **Anexo VIII** se muestra un ejemplo de una implementación, basada en esta propuesta, concebida como parte de un proyecto de EE cuyo vehículo conductor es el estudio de la diabetes por parte de un alumno de 2º de ESO con AACCCII. De nuevo, si el diseño genérico de esta propuesta ha sido un acierto habrá de ser confirmado en un futuro a través de resultados que se obtengan de su aplicación real y su eficacia.

Conclusiones

1. El marco teórico revisado ha permitido establecer las características de los alumnos con AACCCII, así como los modelos relevantes de cara a abordar la atención a sus necesidades. Además, se han puesto de relieve las ventajas y limitaciones de los programas de EE y del uso de la bioinformática en las aulas de Educación Secundaria que encuentran los expertos del campo.
2. La identificación de los contenidos de bioinformática que pueden ser impartidos en Educación Secundaria ha revelado una estrecha relación con un amplio número de contenidos del currículum oficial de la materia de Biología.

3. El establecimiento de los conocimientos previos necesarios para realizar las actividades, de un hilo conceptual que las relaciona y de un trabajo de investigación que refuerce el aprendizaje autónomo permite plantear la propuesta en concordancia con el enfoque constructivista que se pretendía.
4. El carácter interdisciplinar y de investigación, su amplia relación con diversos contenidos de Biología, así como la versatilidad y autonomía propias de las TIC, son características que hacen de la bioinformática una fuente idónea de actividades para programas de EE con alumnos con AACCII.
5. De los resultados se revela que 4º de ESO es un curso con contenidos fundamentales para poner en práctica la intervención propuesta. Por tanto, se podría enfocar su implementación para alumnos con AACCII de toda la etapa y para todos los alumnos de cursos superiores, especialmente bachillerato.
6. Los recursos materiales necesarios para llevar a cabo las actividades se reducen al uso de un ordenador con conexión a internet, además de un guion con autoevaluación que se proporcione al alumno.
7. La evaluación del programa debería considerar tanto el aprendizaje del alumno como el conjunto de la propuesta, para su mejora. En ambos casos es fundamental obtener información de todos los agentes de la comunidad educativa relacionados con el programa. Los productos de las propias actividades pueden ser relevantes para evaluar la calidad de la propuesta en su puesta en práctica con alumnos con AACCII.
8. En conjunto, se ha diseñado un conjunto de actividades que pueden ser implementadas para su incorporación a programas de EE con alumnos de AACCII de Educación Secundaria.

5. Referencias bibliográficas

- Alonso, J. A. (2006). La atención a los alumnos superdotados a lo largo de una década (1996-2006). En N. Rajadell, M. Valera y L. Carreras (Coords.), *I Jornadas nacionales sobre escuela y altas capacidades*. Barcelona: Universidad de Barcelona.
- Arocas, E., Martínez, P. y Martínez, M. D. (2009). *Intervención con el alumnado de altas capacidades en Educación Secundaria Obligatoria*. Conselleria de Educación (Ed.), CCAA Valenciana: KOLOR Litógrafos SL.
- Artiles, C. (2006). La atención educativa al alumnado con altas capacidades intelectuales desde un programa institucional a largo plazo financiado y dirigido por la administración educativa de la Comunidad Autónoma de Canarias. En N. Rajadell, M. Valera y L. Carreras (Coords.), *I Jornadas nacionales sobre escuela y altas capacidades*. Barcelona: Universidad de Barcelona.
- Balagué i Bertran, P. y Vela, R. (2006). Las oportunidades educativas del talento creativo artístico y la superdotación en el Sistema Educativo en Cataluña (SECAT). Las enseñanzas artísticas. En N. Rajadell, M. Valera y L. Carreras (Coords.), *I Jornadas nacionales sobre escuela y altas capacidades*. Barcelona: Universidad de Barcelona.
- Binet, A., Simon, T. y Kite, E. (1916). *The intelligence of the feeble-minded*. Baltimore, MD: Williams and Wilkins Co.
- Boal, M. T. y Expósito, M. M. (2011). Medidas de intervención específicas para alumnos con altas capacidades en la Comunidad de Madrid: respuestas educativas y programa de enriquecimiento. En J. C. Torrego (Coord.), *Alumnos con altas capacidades y aprendizaje cooperativo*. Madrid: Fundación SM.
- Bruce, B. C., Jakobsson, E. G., Thakkar, U., Williamson, J. E. y Lock, P. R. (2003). Democratizing bioinformatics research in a high school biology classroom. *American Educational Research Association (AERA) Annual Meeting*, Chicago, IL.

- Calero, M. D., García, B. y Gómez, T. (2007). *El alumno con sobredotación intelectual. Conceptualización, evaluación y respuesta educativa*. Sevilla, Junta de Andalucía, Consejería de Educación, 2007
- Campbell, A. M., Zanta, C. A., Heyer, L. J., Kittinger, B., Gabric, K. M. and Adler, L. (2006). DNA microarray wet lab simulation brings genomics into the high school curriculum. *CBE Life sciences education*. 5, 332-339.
- Carreras, L. (2016a). Repercusiones emocionales del niño/a con altas capacidades intelectuales. Recuperado el 16 de febrero de 2016 de <http://www.mentor.cat/uploads/2/5/2/4/25246316/repercusiones.pdf>
- Carreras, L. (2016b). Diversidad cognitiva en el alumno superdotado. Recuperado el 16 de febrero de 2016 de <http://www.mentor.cat/uploads/2/5/2/4/25246316/diversidad.pdf>
- Carpintero, E., Cabezas, D. y Pérez, L. (2009). Inteligencias múltiples y altas capacidades. Una propuesta de enriquecimiento basada en el modelo de Howard Gardner. *Fáisca*, 14(16), 4-13.
- Castiglione, F. y Carreras, L. (2001). *Mitos sociales en superdotación*. Recuperado el 16 de febrero de 2016 de <http://www.mentor.cat/uploads/2/5/2/4/25246316/mitossociales.pdf>
- Contreras-Moreira, B. (2014). Prólogo. En A. Sebastián y A. Pascual-García (Eds.), *Bioinformática con Ñ*. CreateSpace: <http://www.createspace.com>
- Davies, G., Armstrong, N., Bis, J. C., Bressler, J., Chouraki, V., Giddaluru, S. et al. (2015). Genetic contributions to variation in general cognitive function: a meta-analysis of genome-wide association studies in the CHARGE consortium (N=53949). *Molecular Psychiatry*, 20, 183-192. doi:10.1038/mp.2014.188
- Elwess, N. L., Latourelle, S. M., and Cauthorn, O. (2005). Visualizing 'junk' DNA through bioinformatics. *J. Biol. Educ*, 39, 76-80.
- Feldhusen, J. F. (1991). Identification of gifted and talented youth. En M. C. Wang, M. C. Reynolds y H. J. Walberg (Eds.), *Handbook of special education*. Oxford: Pergamon Press.

- Feldhusen, J. F. (1992). Talent identification and development education (TIDE). *Proceedings of the Second Assian Conference of Giftedness: Growing up gifted and talented*. 199-206.
- Feldman, D. H. (1980). *Beyond universals in cognitive development*. Norwood, NJ: Ablex.
- Feldman, D. H. (2015). Por qué son importantes los niños prodigio. *Revista de Educación*. 368, 158-173. doi:10.4438/1988-592x-re-2015-368-295
- Ferrándiz, C., Ferrando, M. y Rojo, A. (2008). Intervención educativa en alumnado con altas capacidades intelectuales. En *Atención a la diversidad. Materiales para la formación del profesorado*. Murcia: Servicio de Atención a la Diversidad, 30-64.
- Form, D. y Lewitter, F. (2011). Ten Simple Rules for Teaching Bioinformatics at the High School Level. *PLoS Comput Biol*, 7(10): e1002243. doi:10.1371/journal.pcbi.1002243
- Gabric, K. (2003). Bioinformatics in the Biology Classroom. *Actionbioscience*, Recuperado el 13-12-2015 de <http://www.actionbioscience.org/education/gabric.html>
- Gabric, K. (2006). Bioinformatics, collaboration and lifelong learning. *Focus on microbiology education*. 12(3), 2-3.
- Gabric, K., Comstock, S. L., Moore, S., Harnisch, D., Bruce, B. C. y Buell, J. (2004). What science and technology mean to the High School learner: impact of the NSG GK-12. In Richard Ferdig, Caroline Crawford, Roger Carlsen, Niki Davis, Jerry Price, Roberta Weber & Dee Anna Willis (Eds.), *Proceedings of Society for Information Technology & Teacher Education International Conference 2004* (pp. 4643-4650). Chesapeake, VA: Association for the Advancement of Computing in Education.
- Gagné, F. (1991). Toward a differentiated model of giftedness and talent. En N. Colángelo y G. A. Davis (Eds.), *Handbook of gifted education*. Boston: Allyn and Bacon.
- Gagné, F. (1999). My convictions about the nature of human abilities, gifts and talents. *Journal for the education of the gifted*. 22, 109-136.

- Gardner, H. (1983). *Frames of mind: the theory of multiple intelligences*. New York: Basic Books.
- Gardner, H. (1999). *Inteligencias múltiples: la teoría en la práctica*. Barcelona: Paidós.
- Gibas, C., y Jambeck, P. (2001). *Developing bioinformatics computer skills*. Cambridge, MA: O'Reilly & Associates.
- Gómez, M. T. y Mir, V. (2011). *Altas capacidades en niños y niñas : detección, identificación e integración en la escuela y en la familia*. Madrid: Narcea.
- Guilford, J. P. (1967). *The nature of intelligence*. New York: McGraw Hill.
- Harnisch, D., Comstock, S. L., Thakkar, U., Moore, S., Bruce, B. C., Jakobsson, E., et al. (2003). Scientists becoming teachers: Lessons learned from teacher partnerships. *Proceedings of Society for Information Technology and Teacher Education*, 2902-2908. Norfolk: VA: Association for the Advancement of Computing in Education.
- Hernández, C. M. y Borges, A. (2005). Un programa de aprendizaje autorregulado para personas de altas capacidades mediante el uso de herramientas telemáticas. *Revista electrónica de investigación psicoeducativa*, 7(3), 233-252.
- Hernández, D., Ferrándiz, C., Prieto, M. D., Sáinz, M., Ferrando, M. y Bermejo. R. (2011). Inteligencia exitosa y atención a la diversidad del alumno de alta habilidad. *Aula Abierta*, 39(2), 103-112.
- Hernández, D. y Gutiérrez, M. (2014). El estudio de la alta capacidad intelectual en España: análisis de la situación actual. *Revista de Educación*, 364, 251-272. doi:10.4438/1988-592X-RE-2014-364-261
- Jakobsson, E. (2001) The biology student workbench project. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, 29, 165-166.
- Jiménez, C. (2002). Escuela inclusiva, alumnos superdotados y nuevo marco legal de la educación. *Revista de Educación*, 329(2002), 161-180.
- LOMCE. (2013). Ley Orgánica 8/2013, de 9 de diciembre, para la mejora de la calidad educativa. Boletín Oficial del Estado, 295, de 10 de diciembre de 2013.

- López, V. (2007). La inteligencia social: aportes desde su estudio en niños y adolescentes con altas capacidades cognitivas. *PSYKHE*, 16(2), 17-28.
- Machluf, Y. y Yarden, A. (2013). Integrating bioinformatics into senior high school: design principles and implications. *Briefings in bioinformatics*, 14(5), 648-660. doi:10.1093/bib/bbt030
- Maier, A. (2001). Building phylogenetic trees from: investigating polar bear and giant panda ancestry. *Am. Biol. Teach.*, 63, 642-646.
- Marland, S. P. (1972). Education of the gifted and talented. *VI Report to U.S. Congress*. EUA: Commissioner of Education.
- MEC. Ministerio de Educación y Cultura. (2000). *Alumnos precoces, superdotados y de altas capacidades*. España: Secretaría General Técnica del MEC.
- Mendioroz, A. M. y Guardian, B. D. (2014). El empleo de la V de Gowin para responder a las necesidades educativas del alumnado con Altas Capacidades en Educación Superior, en el Área de Computación. *REDU*, 12(4), 457-473.
- Micklos, D., Lauter, S. y Nisselle, A. (2011). Lessons from a Science Education Portal. *Science*, 334, 1657-1658. doi: 10.1126/science.1197074
- Miguel, A. y Moya, A. (2011). Conceptos generales del alumno con altas capacidades. En J. C. Torrego (Ed), *Alumnos con altas capacidades y aprendizaje cooperativo*. Madrid: Fundación SM.
- Mönks, F. J. (1992). Development of gifted children: the issue of identification and programming. En F. J. Mönks y W. A. M. Peters (Eds.), *Talent for the future*. Assen/Maastricht, The Netherlands: Van Gorcum.
- Mönks, F. y Mason, E. (2000). Developmental psychology and giftedness: theories and research. En K. A. Heller, F. J. Mönks y H. Passow (Eds.), *International handbook of research and development of giftedness and talent* (2a. ed.). Oxford: Pergamon Press.
- NSF. National Science Foundation. (1998). *Information technology: Its impact on undergraduate education in science, mathematics, engineering, and technology*. Arlington, VA: National Science

- Pavesi, G., Siccardi, A., Viale, G., Grazioli, C., Calciolari, T., Tenchini, M. L. y Plevani, P. (2008). Hedgehogs, humans and high-school science. *EMBO Rep*, 9, 208–211.
- Pérez, L.F. (2012). Programas educativos para alumnos con alta capacidad: sistemas de enriquecimiento. En *Alumnos superdotados y talentosos: identificación, evaluación e intervención. Una perspectiva para docentes (2ª ed.)*. México: Editorial El Manual Moderno.
- Pérez, L., López, E.T., Del Valle, L. y Ricote, E. (2008). Más allá del currículum: programas de enriquecimiento extraescolar. La experiencia del programa Estrella. *Faísca*, 13(15), 4-29.
- Pietro, L., Sainz, M. y Fernández, M. C. (2012). Estudio de la superdotación en España. *Revista AMAzónica*, 10(3), 48-78.
- RAE. (Sin fecha). Diccionario de la Real Academia de la Lengua Española. *Superdotado, da*. Recuperado el 13 de febrero de 2016 de <http://dle.rae.es>
- Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre, por el que se establece el currículo básico de la Educación Secundaria Obligatoria y del Bachillerato. Boletín Oficial del Estado, 3, de 3 de enero de 2015.
- Renzulli, J. S. (1978). What makes giftedness? Reexamining a definition. *Phi Delta Kappa*, 60, 180-184.
- Renzulli, J. S. (1990). 'Torturing data until they confess': an analysis of the analysis of the three-ring conception of giftedness. *Journal for the education of the gifted*, 13(4), 309-331.
- Renzulli, J. S. (2000). El concepto de los tres anillos de la superdotación. Un modelo de desarrollo para una productividad creativa. En M. Y. Benito (Coord.), *Intervención e investigación psicoeducativas en alumnos superdotados*. Salamanca, España: Amarú.
- Renzulli, J. S. (2008). La educación del sobredotado y el desarrollo del talento para todos. *Revista de psicología*, 26(1), 23-42.

- Renzulli, J. S. y Reis, S. M. (1991). The Schoolwide Enrichment Model: a comprehensive plan for the development of creative productivity. En N. Colangelo y A. Davis (Eds.), *Handbook of gifted education*. EUA: Allyn and Bacon.
- Reyzábal, M. V. (Coord.), *Respuestas educativas a los alumnos con altas capacidades intelectuales*. Madrid, Consejería de Educación de la Comunidad de Madrid, 2007.
- Rodríguez, C., González-Castro, P., Álvarez, D., González-Pienda, J.A., Álvarez, L., Núñez, J. C. et al. (2010). Un modelo educativo de adaptación curricular en alumnos de altas capacidades. *REIFOP*, 13(1), 147-158.
- Rojo, A., Garrido, C., Soto, G., Sáinz, M., Fernández, M. C. y Hernández, D. (2010). Talleres de enriquecimiento extracurricular para alumnos de altas habilidades. *REIFOP*, 13(1), 137-146.
- Sastre-Riba, S. (2008). Niños con altas capacidades y su funcionamiento cognitivo diferencial. *Rev Neurol*, 46(S1), S11-S16.
- Silverman, L. K. (1997). The construct of asynchronous development. *Peabody Journal of Education*, 72(3&4), 36-58.
- Spain, S. L., Pedroso, I., Kadeva, N., Miller, M. B., Iacono, W. G., McGue, M. et al. (2015). A genome-wide analysis of putative functional and exonic variation associated with extremely high intelligence. *Molecular Psychiatry*, advance online publication. doi: 10.1038/mp.2015.108
- Spearman, C. (1927). *The abilities of man*. New York: Mac-Millan.
- Sternberg, R. J. (1985). *Beyond IQ – a triarchic theory of human intelligence*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Sternberg, R. J. (2000). Successful intelligence: a unified view of giftedness. En C. F. M. van Lieshout y P. G. Heymans (Eds.), *Developing talent across the life-span: A festschrift for Franz Mönks*. Hove, UK: Psychology Press.
- Sternberg, R. J. y Zhang, L. (1995). What do we mean by giftedness? A pentagonal implicit theory. *Gifted Child Quarterly*, 39, 88-94. doi:10.1177/001698629503900205

- Subramaniam, S. (1998). The Biology Workbench-A seamless database and analysis environment for the biologist. *Proteins: Structure, Function, and Genetics*, 32(1), 1-2.
- Tannenbaum, A. J. (1986). Giftedness a psychosocial approach. En R. J. Sternberg y J. E. Davidson (Eds.), *Conceptions of giftedness*. Cambridge, MA: Cambridge University Press.
- Tannenbaum, A. J. (1997). The meaning and making of giftedness. En N. Colángelo y A. Davis (Eds.), *Handbook of gifted education*. Boston: Allyn and Bacon.
- Terman, L. M. (1925). Mental and physical traits of a thousand gifted children. En *Genetic Studies of Genius*, Vol. 1. EUA: Stanford University Press.
- Terman, L. M. y Oden, M. H. (1947). The gifted child grows up: twenty-five years' follow-up of a superior group. En *Genetic Studies of Genius*, Vol. 4. Stanford, CA: Stanford University Press.
- Thurstone, L. L. (1938). Primary mental abilities. *Psychometric Monographs*, 1, 1-121.
- Tourón, J., Marcos, G. y Tourón, M. (2010). La educación online con alumnos de alta capacidad intelectual. Evaluación de una intervención en el ámbito de las Matemáticas. *REIFOP*, 13(1), 119-135.
- Wefer, S. H. (2003). Name that gene: an authentic classroom activity incorporating bioinformatics. *Am. Biol. Teach.*, 65, 610-613.
- Wefer, S. H. y Sheppard, K. (2008). Bioinformatics in High School biology curricula: a study of state science standards. *CBE Life sciences education*, 7, 155-162.
- Zavala, M. A. (2012). Modelos teóricos de la superdotación, el talento y las aptitudes sobresalientes. En M. Valádez, J. Betancourt y M. A. Zavala (Eds.), *Alumnos superdotados y talentosos. Identificación, evaluación e intervención*. (2ª. ed.). México: Editorial Manual Moderno.

Anexos

Anexo I

Algunos ejemplos de otros modelos cognitivos.

El **Modelo WISC** de Sternberg está conformado por cuatro factores (Sternberg, 2005 citado por Miguel y Moya, 2011):

- Wisdom (sabiduría). Atributo más alto en la excelencia. Aplicar la inteligencia y la creatividad de la mejor manera, obteniendo un balance emocional a todos los niveles: interpersonal, intrapersonal y extrapersonal.
- Intelligence. Capacidad de aprendizaje y adaptación.
- Synthesis. Unión de todos los factores. Habilidad de aplicar todas las variables en una sola respuesta.
- Creativity. Aplicación de la inteligencia para crear ideas nuevas para solucionar problemas o responder de modo diferente a la tarea.

Las investigaciones de **Jackson y Butterfield**, se centran especialmente en las **estrategias metacognitivas** utilizadas por las personas superdotadas. Los resultados de sus trabajos indican que los niños superdotados tendrían unos procesos de memoria, un conocimiento y unas estrategias para solucionar problemas más eficaces que los sujetos normales, para lo cual el uso eficaz de estrategias metacognitivas sería clave (Arocas et al., 2009).

Finalmente, **Borkowski y Peck** trabajan también en metacognición, pero enfocan sus estudios hacia las estrategias relacionadas con la **planificación** y con el **control de la memoria** (Arocas et al., 2009). Según estos autores, los niños superdotados consiguen un rendimiento superior por disponer de unos procesos y estrategias de memorización y aprendizaje de información diversa, diferentes de los que utilizan niños más cercanos al promedio. Otra conclusión interesante de sus trabajos relacionados con la **transferencia** es que los componentes que subyacen a la cognición de los niños superdotados son complejos y multifacéticos (Arocas et al., 2009).

Anexo II

Tabla de tareas de bioinformática.

Perfil bioinformático	Perfil biológico	Perfil informático	Perfil general de investigación
Análisis de secuencias biológicas	Visualización de datos biológicos	Administración de equipos y redes de comunicación	Diseño de experimentos
Análisis de datos de secuenciación masiva	Búsqueda de información en bases de datos biológicas	Administración de sistemas operativos	Interpretación de resultados de experimentos
Construcción y anotación de genomas	Incorporación de datos a bases de datos biológicas	Creación de bases de datos	Publicación de artículos científicos
Análisis de datos de microarrays	Realización de análisis filogenéticos	Creación de programas cliente y servidor	Revisión de artículos científicos
Análisis de datos de fenómica	Genómica comparativa	Desarrollo de programas para investigación	
Diseño de estrategias y algoritmos para análisis de datos biológicos	Análisis genéticos, estructura de poblaciones, asociación	Gestión de sistemas de almacenamiento de datos	
Análisis funcional y estructural de macromoléculas	Análisis de la expresión génica		
Redes de información, biología de sistemas y simulación			

Anexo III

Temporalización estimada de las actividades propuestas.

Actividad inicial: conocimientos previos.

Actividad	Tarea	Tiempo estimado de operación	Observaciones
Actividad inicial	Evaluación inicial	-	Según el número de alumnos
	Adquisición de conocimientos	-	Según los contenidos a impartir y la metodología a seguir
	Evaluación final	-	Según el número de alumnos
	Introducción a la bioinformática	30 minutos	Tiempo estimado de exposición oral

Actividad 1: trabajar con genes.

Actividad	Tarea	Tiempo estimado de operación	Observaciones
Trabajar con genes	Conexión a las bases de datos	5-10 minutos	-
	Búsqueda de un gen de interés	5 minutos	-
	Recogida de información relevante	15-20 minutos	Según qué explicaciones se incorporen
	Obtención de las secuencias del gen	15 minutos	-

Actividad 2: genes en el genoma.

Actividad	Tarea	Tiempo estimado de operación	Observaciones
Genes en el genoma	Búsqueda del genoma	5 minutos	-
	Recogida de información relevante	15-20 minutos	Según qué explicaciones se incorporen
	Búsqueda del gen de interés en el genoma	5 minutos	-
	Comprobación de los resultados	15-20 minutos	Según qué explicaciones se incorporen
	Visualización del contexto genómico	10 minutos	-
	Búsqueda del CDS en el genoma	5 minutos	-
	Visualización del contexto genómico	10-15 minutos	-

Actividad 3: proteínas y biodiversidad.

Actividad	Tarea	Tiempo estimado de operación	Observaciones
Proteínas y biodiversidad	Tipos de alineamiento de secuencias	15 minutos	Tiempo estimado de exposición oral
	Búsqueda del gen de interés en una base de datos general	5 minutos	
	Comprobación de los resultados	15-20 minutos	Según qué explicaciones se incorporen
	Recopilación de especies y porcentaje de identidad	15-20 minutos	-
	Búsqueda de la proteína de interés en una base de datos general	5 minutos	-
	Recopilación de especies y porcentaje de identidad	15-20 minutos	-
	Diferencias entre alineamientos de ADN y de proteínas	15 minutos	Tiempo estimado de exposición oral
	Alineamiento múltiple de secuencias de proteína	10 minutos	-
	Análisis de un árbol filogenético	15-20 minutos	Según qué explicaciones se incorporen

Actividad de refuerzo: trabajo de investigación.

Actividad	Tarea	Tiempo estimado de operación	Observaciones
Trabajo de investigación	Búsqueda de información para seleccionar un gen de partida	30 minutos	-
	Selección de organismos a comparar	30 minutos	-
	Realización de las actividades de bioinformática	60-120 minutos	Según si se trabaja en grupo o de forma individual, según la información que se pida recopilar, etc.
	Búsqueda de información adicional sobre genes	30 minutos	-
	Creación de un póster o diapositivas para presentar los resultados	60 minutos	-
	Presentación de resultados	-	Según si la sesión se plantea como una exposición de pósters o una conferencia de presentaciones, según si se incluye el debate de los resultados obtenidos, turnos de preguntas, etc.

Anexo IV

Ejemplo de resultados que pueden obtener los alumnos tras realizar la actividad 1.

Human insulin gene, complete cdsGenBank: J00265.1

Gene

```
>(gi|186429:2186-4044, gi|186430:1-825) Human insulin gene
AGCCCTCCAGGACAGGCTGCATCAGAAGAGGCCATCAAGCAGGTCTGTTCCAAGGGCCTTTGCGTCAGGT
GGGCTCAGGGTTCAGGGTGGCTGGACCCAGGCCCCAGCTCTGCAGCAGGGAGGACGTGGCTGGGCTCG
TGAAGCATGTGGGGGTGAGCCAGGGGCCCAAGGCAGGGCACCTGGCCTTCAGCCTGCCCTCAGCCCTGC
CTGTCTCCAGATCACTGTCTTCTGCCATGGCCCTGTGGATGCGCCTCTGCCCTGCTGGCGCTGCTG
GCCCTCTGGGGACCTGACCCAGCCGACGCTTTTGTGAACCAACACCTGTGCGGCTCACACCTGGTGGAA
CTCTCTACCTAGTGTGCGGGGAACGAGGCTTCTTCTACACACCCAAGACCCGCCGGGAGGCAGAGGACCT
GCAGGGTGTAGCCAACCGCCATTGCTGCCCTGGCCGCCCCAGCCACCCCTGCTCCTGGCGCTCCAC
CCAGCATGGGCAGAAGGGGGCAGGAGGCTGCCACCCAGCAGGGGGTCAGGTGCACCTTTTTTAAAAAGA
TTCTCTTGGTCACGTCCATAAAAGTGACCAGCTCCCTGTGGCCAGTCAGAATCTCAGCCTGAGGACGGTG
TTGGCTTCGGCAGCCCCGAGATACATCAGAGGGTGGGCACGCTCCCTCCCTCCACTCGCCCCCAAACAAA
TGCCCCGCAGCCATTTCTCCACCCCTCATTTGATGACCGCAGATTCAAGTGTTTTGTAAAGTAAAGTCC
GGGTGACCTGGGGTACAGGGTGCACCCAGCTGCCCTGCCCTCTGGGGGAACACCCCATCACGCCCCGAGGA
GGGCGTGGCTGCCCTGAGTGGGCCAGACCCCTGTCGCCAGCCTCACGGCAGCTCCATAGTCAGGAGA
TGGGGAAGATGCTGGGGACAGGCCCTGGGGAGAAGTACTGGGATCACCTGTTTCAGGCTCCCCTGTGACG
CTGCCCGGGGGCGGGGAAGGAGGTGGGACATGTGGGCGTTGGGGCCTGTAGGTCCACACCCAGTGTGGG
TGACCTCCCTTAACCTGGGTCCAGCCGGCTGGAGATGGGTGGGAGTGCACCTAGGGCTGGCGGGCA
GGCGGGCACTGTGTCTCCCTGACTGTGTCTCCTGTGTCCCTCTGCCTCGCCGCTGTTCCGGAACCTGCT
CTGCGCGGCACGCTCCTGGCAGTGGGGCAGGTGGAGCTGGGCGGGGGCCCTGGTGCAGGCAGCCTGCAGCC
CTTGGCCCTGGAGGGTCCCTGCAGAAGCGTGGCATTGTGGAACAATGCTGTACCAGCATCTGCTCCCTC
TACCAGCTGGAGAACTACTGCAACTAGACGCAGCCTGCAGGCAGCCCCACACCCGCCGCTCCTGCACCG
AGAGAGATGGAATAAAGCCCTTGAACCAGCCCTGCTGTGCCGCTGTGTGTCTTGGGGGGCCCTGGGCCAA
GCCCCACTTCCCGGCACTGTTGTGAGCCCCCTCCAGCTCTCTCCACGCTCTCTGGGTGCCACAGGTGCC
AACGCCGGCCAGGCCAGCATGCAGTGGCTCTCCCCAAAGCGGCCATGCCGTGTTGGCTGCCCTGCTGCCCC
CACCTGTGGCTCAGGTCCAGTATGGGAGCTTCGGGGGTCTCTGAGGGGCCAGGGATGGTGGGGCCACT
GAGAAGTGACTTCTTGTTCAGTAGCTCTGGACTCTTGGAGTCCCCAGAGACCTTGTTCAGGAAAGGGAAT
GAGAACATTCAGCAATTTTCCCCCACCTAGCCCTCCCAGGTTCTATTTTTAGAGTTATTTCTGATGGA
GTCCCTGTGGAGGGAGGAGGCTGGGCTGAGGGAGGGGGTCTCGAGGGAGGAGCCCGGGGCTGGGGTACGG
AGGCCCTCTGCACATCTTAGAGTAAAAAAGCAGGAGAGGCTGGGTGCGGTGGCTCATGCCATAAATCCCA
GCACTTTAGGAGGCTGAGGCGGGCAGATCACCTGAGGTGGGAGTTCAAGACCAGCCTGACCAACAGGGA
GAAACCCCATCTTTACTAAAATACAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCACATGCCGTGAATCCCAGATATT
CGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCGCTTGAACCTGGGAAGCAGAGGTTGCGCTGAGCCGAGATGGCACCAT
TGCCTCCAGCTGGGCAACGAGAGCGAAAACCTCCGTCTCAAAAAAACAACAAAAAATCAAAAACAAT
CAAAAAACAAGCAGGAGGGGCTCTGAGGTGCCCTGCAACACCCAGGTACAATCCGTGGCCCTGAGGCCCA
TCACAGGGAAGGGTCTTTGCAGCTCTTTCAACCCAGCCAGCATCCAAGGAAGCCAGGGCAGGGAG
AAACCTCAGCTGCACCATCAGAGCTCAGAACAGAGAAGGCAGAAATTAGCAGGGAGTGGGGCTGGGGAGG
CTTCTTAGAAGACGTGTCTCCCGCTTGTGGCACTGAGGCCCTGAGGATGGGTCCATACTGGGCCCCCA
CTGCCAGGGATGCAGATCCGGCCCACTGCTGAAAATCTGTGCTCCTGGAGCCTCCCTCCTGTTTATGGGCC
ACAGGCTGTGAAAACCCAGAGTCTCCAGGCAGCAAGTTTTGTTTTGTTTTTGTGTTTTGTTTTGCTTGT
TGTTTTTGTAGAGTCTGCTCGTCA
```

CDS

```
>(gi|186429:2424-2610, 3397-3542) Human insulin gene
ATGGCCCTGTGGATGCGCCTCCTGCCCTGCTGGCGCTGCTGGCCCTCTGGGGACCTGACCCAGCCGCAG
CCTTTGTGAACCAACACCTGTGCGGCTCACACCTGGTGAAGCTCTCTACCTAGTGTGCGGGGAACGAGG
CTTCTTCTACACACCCAAGACCCGCCGGGAGGCAGAGGACCTGCAGGTGGGGCAGGTGGAGCTGGGCGGG
GGCCCTGGTGCAGGCAGCCTGCAGCCCTTGGCCCTGGAGGGGTCCCTGCAGAAGCGTGGCATTGTGGAAC
AATGCTGTACCAGCATCTGCTCCCTCTACCAGCTGGAGA ACTACTGCAACTAG
```

Protein → <http://web.expasy.org/translate/> → output format: Compact

```
>insulin
```

```
MALWMRLPLLLALLALWGPDPAAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAEDLQVQVELGGG
PGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSI CSLYQLENYCN
```

Anexo V

Recursos para los contenidos de ampliación para la actividad “Trabajar con genes”.

- El NCBI y otros servidores similares.
 - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/home/about/>
 - https://es.wikipedia.org/wiki/Centro_Nacional_para_la_Informaci%C3%B3n_Biotecnol%C3%B3gica
 - <http://www.ebi.ac.uk/>
 - https://es.wikipedia.org/wiki/Instituto_Europeo_de_Bioinform%C3%A1tica
 - <http://www.insdc.org/>
- Las bases de datos, las bases de datos biológicas, las bases de datos del NCBI.
 - <https://www.youtube.com/watch?v=yoeV4Ex8C8U>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=MRmmPJId5-k>
 - <http://biogenic-colombia.blogspot.com.es/2013/03/bases-de-datos-la-informacion-biologica.html>
 - https://es.wikipedia.org/wiki/Base_de_datos_biol%C3%B3gica
 - <http://fbio.uh.cu/sites/bioinfo/index.html>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=Phxkg5H5Q6E>
 - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>
 - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>
 - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK153518/>
- La transcripción, el “splicing”, la traducción, el código genético.
 - <https://www.youtube.com/watch?v=h3b9ArupXZg>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=fosaIUSeXs>
 - https://www.youtube.com/watch?v=jvxEg_ZmZNA
 - <https://www.dnalc.org/view/16933-3D-animation-of-DNA-to-RNA-to-protein.html>
 - <https://www.dnalc.org/view/16941-2D-Animation-of-Alternative-RNA-Splicing.html>

Anexo VI

Recursos para los contenidos de ampliación de la actividad “Genes en el genoma”.

Recursos para los contenidos de ampliación:

- Genomas secuenciados en la actualidad y variabilidad de sus tamaños en las diversas especies de organismos.
 - <http://www.ensembl.org/info/about/species.html>
 - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/>
- Proyecto Genoma Humano y proyectos de resecuenciación más importantes en organismos modelo.
 - <http://www.genome.gov/11510905>
 - <http://bioinformatica.uab.es/base/base3.asp?sitio=ensayosgenetica&anar=pgh>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=fFqfyTxz9Co>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=gMp6MWtpaNM>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=YOgDa5aWs-4>
 - <http://www.unav.es/ocw/genetica/tema-1-4.html>
 - <http://www.1000genomes.org/>
 - <http://1001genomes.org/>
- Tecnologías e instrumentos de secuenciación.
 - <https://www.youtube.com/watch?v=jFCD8Q6qSTM>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=womKfikWlxM>
 - <https://www.youtube.com/watch?v=NHCJ8PtYCFc>
- Ensamblaje de secuencias y genomas. Calidad y grado de acabado de los genomas.
 - <https://www.youtube.com/watch?v=-gVh3z6MwdU>
 - <http://arbor.revistas.csic.es/index.php/arbor/article/viewFile/609/611>
 - <http://www.elcultural.com/revista/ciencia/Guigo-y-Abril-Arte-final-para-el-genoma/13181>
 - <https://www.dnalc.org/view/15307-The-data-structure-of-the-human-genome-poetry-or-prose-Jim-Kent.html>

- <https://www.dnalc.org/view/15314-Genome-assembly-repeats-and-reading-the-genome-Jim-Kent.html>

Anexo VII

Ejemplo de resultados que pueden obtener los alumnos tras realizar la actividad 3.

Tabla de alineamientos de ADN y proteína

Organismo	Nombre común	nt/nr	Uniprot
Gorilla gorilla	Gorila	96%	100%
Pongo abelii	Orangután de Sumatra	94%	-
Pongo pygmaeus	Orangután de Borneo	94%	99,10%
Pan troglodytes	Chimpancé	98%	98,20%
Chlorocebus aethiops	Cercopiteco verde	90%	97,30%
Papio anubis	Papión oliva	-	96,40%
Tupaia chinensis	Tupaia	-	91,80%
Aotus trivirgatus	Marikiná norteño	83%	-
Macaca mulatta	Macaco Rhesus	91%	-
Macaca fascicularis	Macaco cangrejero	-	98,20%
Nomascus leucogenys	Gibón de mejillas blancas	92%	-
Canis lupus familiaris	Perro	-	88,20%
Equus caballus	Caballo	-	88,20%
Rhinolophus ferrunequinum	Murciélago grande de herradura	-	88,20%
Ictidomys tridecemlineatus	Ardilla de tierra	-	89,10%
Cricetulus griseus	Hámster chino	-	86,40%

>insulin

```
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

>Gorilla gorilla

```
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

>Pongo pygmaeus

```
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAQAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

>Pan troglodytes

```
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAFAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

>Macaca fascicularis

```
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAFAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
PQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

>Chlorocebus aethiops

```
MALWMRLLPLLALLLALWGPDVPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
PQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

```
>Papio anubis
MALWMRLLPLLALLLALWGPDSPVPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
PQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN

>Tupaia chinensis
MALWTRFLPLLALLLALWGPEPAPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREVED
SQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEVPPQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN

>Canis lupus familiaris
MALWMRLLPLLALLLALWAPAPTRAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKARREVED
LQVRDVELAGAPGEGGLQPLALEGALQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN

>Equus caballus
MALWTRLLPLLALLLALWSPSPARAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKARREAED
PQVGQVEELGGGPGGLGGLQPLALAGPQQKRGIVEQCCTGICSLYQLENYCN

>Rhinolophus ferrumequinum
MALWMRLLPLLALLLALWTPAPAQAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKARREVED
PQAGQVELGGGPGTGLQSLALEGPPQKRGIVDQCCTSICSLYQLENYCN

>Ictidomys tridecemlineatus
MALWTRLLPLLALLLALGPDPAQAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKSRREVEE
QQGGQVELGGGPGAGLPQPLALEMALQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
```

Alineamiento múltiple

Clustal Omega

CLUSTAL O(1.2.1) multiple sequence alignment

```
Canis
MALWMRLLPLLALLLALWAPAPTRAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKARREVED
Rhinolophus
MALWMRLLPLLALLLALWTPAPAQAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKARREVED
Equus
MALWTRLLPLLALLLALWSPSPARAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKARREAED
Ictidomys
MALWTRLLPLLALLLALGPDPAQAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKSRREVEE
Tupaia
MALWTRFLPLLALLLALWGPEPAPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREVED
Papio
MALWMRLLPLLALLLALWGPDSPVPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
Macaca
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
Chlorocebus
MALWMRLLPLLALLLALWGPDVPVAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
insulin
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
Gorilla
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
Pongo
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAQAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
Pan
MALWMRLLPLLALLLALWGPDPAFVNQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKTRREAED
***** *:*****.***** *
*****:***.*:
```

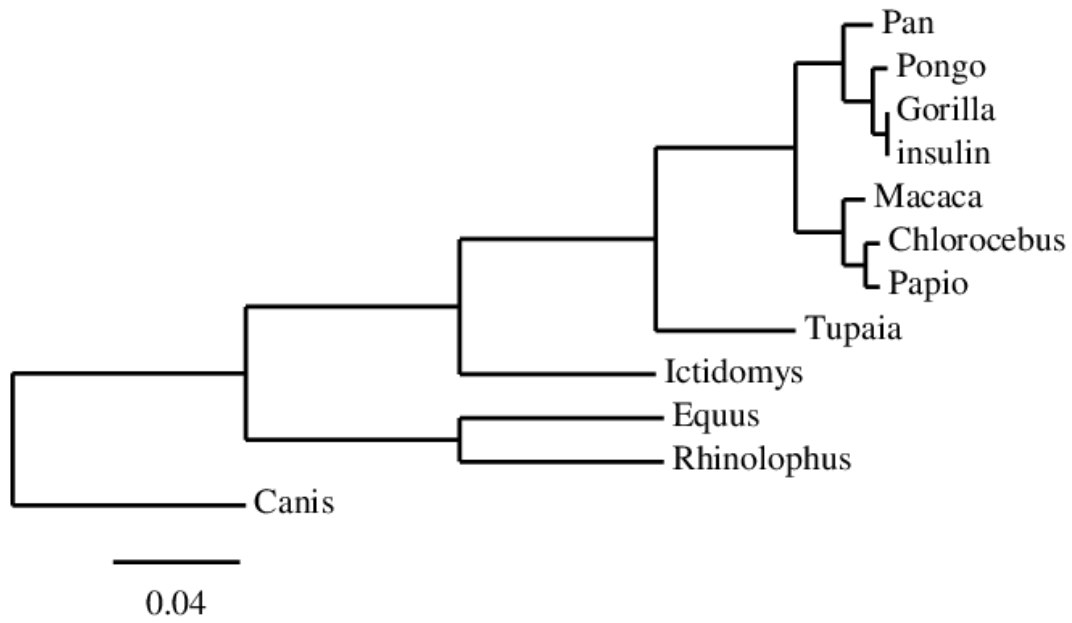
Canis LQVRDVELAGAPGEGGLQPLALEGALQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN

Rhinolophus	PQAGQVELGGGPGTGGLQSLALEGPPQKRGIVDQCCTSICSLYQLENYCN
Equus	PQVGQVEELGGGPGGLGGLQPLALAGPQQKRGIVEQCCTGICSLYQLENYCN
Ictidomys	QQGGQVELGGGPGAGLPQPLALEMALQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Tupaia	SQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEVPPQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Papio	PQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Macaca	PQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Chlorocebus	PQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
insulin	LQVGQVELGGGP-AGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Gorilla	LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Pongo	LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
Pan	LQVGQVELGGGPGAGSLQPLALEGSLQKRGIVEQCCTSICSLYQLENYCN
	* : **.*. * * * * * : ***.*****

Árbol filogenético

Newick format tree

```
(
Canis:0.0736025,
(
(
Rhinolophus:0.0644711,
Equus:0.0644711):0.0676447,
(
Ictidomys:0.0618752,
(
Tupaia:0.0442165,
(
(
Papio:0.00457458,
Chlorocebus:0.00457458):0.00689141,
Macaca:0.00689141):0.0151444,
(
(
insulin:0,
Gorilla:0):0.0045957,
Pongo:0.0045957):0.00923677,
Pan:0.00923677):0.0151444):0.0442165):0.0618752):0.0676447):0.0736025):
0.0736025;
```



Anexo VIII

Ejemplo del guión para el alumno de la implementación de una actividad cogiendo contenidos de las actividades 1, 2 y 3 de esta propuesta. El gen con el que trabajar es la insulina, puesto que la actividad se enmarca en un proyecto interdisciplinar sobre la diabetes. La actividad iba dirigida a un alumno con AACII de 2º de ESO. Los cuadros al margen contienen contenidos de ampliación. Previa a la actividad, se sostuvo una reunión con el alumno en la que se comprobaron sus conocimientos previos y se reforzaron los conceptos necesarios para realizarla.

Unas pequeñas prácticas de bioinformática

Localizando la secuencia de DNA de la insulina

Visitar la página del NCBI (mira el cuadro 1) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Arriba hay un desplegable con muchas bases de datos (donde se lee “All Databases”). Algunas de ellas tienen nombres más o menos reconocibles: “Gene”, “Genome”, “Protein”, etc. Selecciona la base de datos “Nucleotide”, que es la base de datos principal que contiene secuencias de DNA conocidas (también se puede acceder directamente

con <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore>). En el campo de texto para la búsqueda introducir “Insulin”. Uno de los resultados debería decir:

“Human insulin gene, complete cds” (mira el cuadro 2)

Dice que es una secuencia de 4.044 pares de bases (parejas de nucleótidos) de DNA lineal. Aparecen más resultados ¿a qué corresponden? Bueno, esto no es lo principal por el momento... sigamos adelante.

Cuadro 1. Si quieres saber qué es el NCBI

https://en.wikipedia.org/wiki/National_Center_for_Biotechnology_Information

Hay otros recursos similares, en Europa <http://www.ebi.ac.uk/> y en Japón <http://www.ddbj.nig.ac.jp/> principalmente.

Cuadro 2. “complete cds” se refiere a que es la secuencia codificante completa, ya que “cds” significa *coding sequence*, pero esto no es importante ahora.

Pincha en el resultado anterior, el de la insulina humana (o bien en el enlace que dice “GenBank”). Vemos que aparecen una serie de campos, que son toda la información que necesitamos sobre la secuencia que estamos viendo. Por ejemplo, el campo “Accession” es un identificador único de cada secuencia en la base de datos, que podemos utilizar como si fuera su DNI, para nombrarla inequívocamente (en el caso de nuestra secuencia “J00265”, salvo que hayamos elegido distinta secuencia de la insulina humana).

Vamos a prestar nuestra atención en el campo “Features”. Aquí es donde se van a indicar las distintas estructuras que han sido identificadas en la secuencia de DNA que estamos estudiando. Por ejemplo, el campo “gene” nos dice en qué posición dentro de la secuencia de DNA que tenemos está realmente codificado el gen

(join(2186..4044,J00268.1:1..825) es una forma rara de decir que el gen está entre las posiciones 2186 y 4044 no? ;)). En cambio, si miras el campo “CDS” (coding sequence), hay dos rangos de posiciones (join(2424..2610,3397..3542)), es decir, la secuencia codificante está partida en dos dentro del gen. ¿¡Chocante no!?. No hace falta que ahora mismo entiendas esto ni tampoco qué son todos los campos de “Features”. Pero que veas que dentro de una secuencia de DNA pueden identificarse varias estructuras (mira el cuadro 3).

Cuadro 3. Una pregunta adicional. Entre los atributos del campo “CDS” vemos un atributo “translation”. ¿A qué corresponde el valor que hay asignado a dicho atributo? Si lo adivinas genial, si no, preguntamos sin problemas. Una pista jeje

<https://www.youtube.com/watch?v=xeRpgXKOJrY>

No perdamos de vista lo que estamos estudiando...

<https://www.youtube.com/watch?v=OlHez8gwMgw>

Búsqueda del gen de la insulina en el genoma humano

En el paso anterior hemos localizado el gen de la insulina humana. En la misma página anterior, más abajo, tenemos el campo “ORIGIN”, que es nada menos que la secuencia de DNA. En bioinformática, son muy importantes para la práctica diaria los formatos de los datos. Es decir, de qué forma específica se organiza la información. Por ejemplo, el DNA que has podido ver en “ORIGIN” está en un formato concreto (en cada fila, el número ordinal de cada nucleótido en la secuencia, seguido de un espacio y 60 nucleótidos, estos separados por espacios en 6 grupos de 10 nucleotidos). El formato es

importante porque cuando pretendemos utilizar una secuencia con distintos programas informáticos, estos tienen que saber interpretar la información que les damos! El formato más habitualmente usado con secuencias de DNA es el formato FASTA. Si vuelves a la parte superior de la pantalla de nuestro gen, deberías ver un enlace llamado “FASTA”. Si pinchas en dicho enlace, puedes ver de nuevo la secuencia de DNA, pero esta vez en formato “FASTA”, es decir, con una cabecera de texto que empieza por el símbolo “>”, seguido de datos sobre el gen (identificador, tipo de secuencia, anotaciones, etc). Después de la cabecera viene la secuencia de DNA.

Bien, pues vamos a probar la secuencia FASTA con algún programa. Primero selecciónala y cópiala (Ctrl+C, o botón derecho y copiar, ya sabes...). Ahora, vamos a cambiar de base de datos, en el desplegable de arriba, de “Nucleotide” vamos a “Genome”. ¿Lo tienes? Bien pues introduce en la búsqueda “Homo sapiens”. ¡En la página resultante de la búsqueda tienes un montón de información del genoma humano! Curioseas cuanto quieras, pero vamos a hacer una cosa práctica. Vamos a localizar el gen de la insulina en el genoma. Por supuesto, hoy día esto ya se conoce, pero gracias a que tienes la secuencia FASTA y el genoma está secuenciado, podrías encontrar la posición del gen de la insulina como si nunca antes se hubiera identificado su posición. ¿Cómo?

Arriba en la página del genoma hay un recuadro con la frase “BLAST against Homo sapiens genome, transcript, protein” (si no la ves, seguro que sabes usar Ctrl+F verdad? :P). Blast, de hecho, es el programa que vamos a utilizar. Es un programa que alinea secuencias, es decir, compara unas secuencias con otras y encuentra su equivalencia más probable, posición a posición. Volvamos a la práctica, pincha en “genome”. Verás que entras en una página donde arriba del todo dice “Blast”, y tiene un formulario donde introducir distintos campos. El campo principal es la secuencia que queremos buscar, fíjate, justo debajo de donde dice “Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)”. ¿Ves? ya te dice que uno de los formatos que acepta es una secuencia FASTA ¿verdad? Pues entonces pega la que tienes en el portapapeles, la de la insulina, en dicho campo. Hecho esto, ve un poco más abajo y pincha en el botón azul grande, abajo a la izquierda, que dice “Blast”. Básicamente lo que estamos haciendo es pedirle al servidor que busque la secuencia de nuestro gen en tooodo el genoma del ser humano, que como sabes es enorme, así que le va a costar unos segundos... Durante esos segundos puedes tratar de imaginar cuánto nos costaría a nosotros encontrar la

secuencia de 4.044 nucleótidos que tenemos en los enormes volúmenes de libros que abarcaría el genoma humano. Seguro que antes de que lo imagines ya se ha terminado la búsqueda jeje

Si todo ha ido bien, deberías tener dos resultados. Fíjate bien, abajo, en los alineamientos, donde hay un montón de nucleótidos enlazados a otros por símbolos. Por ejemplo, el símbolo “|” significa que el nucleótido es el mismo en ambas secuencias. El programa ha sido capaz de encontrar nuestra secuencia en el genoma, emparejando además cada nucleótido de nuestra secuencia a un nucleótido del genoma. ¿Hay diferencias entre las secuencias? Es decir, ¿ves algún punto donde los nucleótidos no coincidan? ¿Reduce esto el porcentaje de identidad, de parecido, de nuestro alineamiento por debajo del 100%? ¿Cuál es el porcentaje de identidad que hemos obtenido? Un poco más difícil aún, si te fijas en los alineamientos, dice desde qué coordenadas iniciales hasta que coordenadas finales de ambas secuencias, se han podido alinear. ¿Serías capaz de dibujar a mano un esquema muy muy sencillo de cómo alinean, desde dónde hasta dónde, ambas secuencias? Una pregunta muy importante, ¿en qué cromosoma concluirías que está el gen de la insulina en el genoma humano? No te preocupes por la cantidad de conceptos teóricos, todo esto lo puedes resolver con calma, poco a poco, o preguntándonos a nosotros si te hace falta. Apúntate todas las dudas que tienes. Pero te aseguro que es un gran paso si has conseguido identificar nuestro cromosoma.

Si aún quieres saber YA qué son los cromosomas exactamente

<https://www.youtube.com/watch?v=tsVHWbXqum8>

El gen de la insulina humana, y algunos más

Vamos a hacer una última búsqueda con nuestra secuencia de DNA de la insulina. Vuelve a la página inicial del NCBI. A la derecha, bajo “Popular resources” deberías ver la opción “Blast”. Pincha ahí. Verás en la página que se abre una sección donde dice “Choose a BLAST program to run”. Ya entraremos, si quieres, en otra práctica, a ver qué son los distintos programas de Blast. Por ahora, elige la opción “nucleotide blast”. Pega en el formulario que aparece la secuencia de la insulina de nuevo. Más abajo, donde dice “Database” debería estar seleccionada “Nucleotide collection (nr/nt)”. Bien, pulsa el botón de “Blast” abajo del todo. Ahora la base de datos en la que vamos a buscar vuelve a ser enorme, nada menos que todas las secuencias de DNA del NCBI, de la colección no

redundante eso sí ;) Como resultado, tendrás decenas de alineamientos. Muchos de ellos serán a secuencias de ser humano. ¿Podrías recopilar una lista con los distintos organismos que aparecen en el resultado? ¿Cuál es la mayor identidad de alineamiento (campo “Ident”) que tienes para cada organismo? Si ordenas la lista por dicho campo, ¿qué puedes inferir de la similitud de la secuencia de DNA de la insulina entre las distintas especies?

Eso es todo, si has superado esta primera aventurilla en la bioinformática es que tienes buenos genes, o eres, como buen maño, ¡muy cabezón! ¡Saludos amigo!