

El cambio curricular necesario en las Ciencias Naturales para el desarrollo de capital humano en la era genómica

Dra. Filipa Godoy-Vitorino¹
Dr. Rafael Tosado Acevedo²

Resumen

Las Ciencias y Matemáticas prosperan en la era de la revolución de la información con impactos amplios en el conocimiento y forzando que las universidades se posicionen a la vanguardia con la implementación de nuevos cursos y disciplinas que amplíen el conocimiento. Un cambio curricular que afiance un sólido conocimiento en las ciencias básicas garantizará cambios efectivos simultáneamente generando una visión crítica como parte del entrenamiento de los estudiantes en las ciencias naturales. Para afrontar este futuro, las universidades deben crear oportunidades para sus estudiantes y Facultad especialmente en el área de la Bioinformática propiciando entrenamiento en análisis avanzado de datos de secuencias genómicas, construyendo un sistema de aprendizaje fiable uniendo la bioinformática con las Biologías y las Ciencias de Cómputos. Los beneficios son numerosos, tanto para la investigación y la enseñanza en herramientas computacionales avanzadas para el almacenamiento, análisis y presentación de datos biológicos y moleculares emergentes. El segmento que se ha destacado en la bioinformática es la biología computacional que se basa en las técnicas de aplicación y herramientas informáticas a problemas biológicos. La universidad debe ayudar a impulsar el desarrollo de la Bioinformática en el país, con especial énfasis en temas que se consideran de interés para el medio productivo y laboral y así generar recursos humanos capaces de afrontar y resolver problemas biológicos con un alto volumen de datos.

¹Prof^a Investigador Distinguida e Investigadora Principal del Laboratorio de Ecología Microbiana y Genómica, Universidad Interamericana Recinto Metro. fgodoy@intermetro.edu

² Catedrático Asociado, Departamento Ciencias Naturales, Universidad Interamericana Recinto Metro. Director “core lab” y miembro CICA, Centro de Investigaciones Científicas Aplicadas. rtosado@intermetro.edu

Palabras clave: Cambio Curricular, Bioinformática, Microbioma, Secuenciación de nueva generación, Genómica

La biología molecular nos ha enseñado a entender los fenotipos (los rasgos o características de un organismo en base a la expresión genética) y recientemente la genómica, involucrando el manejo de grandes cantidades de datos, ha permitido revelar en detalle como los genes y genomas codifican para diferentes fenotipos e interacciones entre organismos en el ambiente. La Genómica ha permitido el desarrollo de un campo floreciente, el de la Bioinformática, una disciplina que combina la Informática, la Biología y la Tecnología de la Información.

El área de la genómica es compleja y trans disciplinaria e influencia simultáneamente la Ecología, Biología, Ciencias Biomédicas y Microbiología. Ahora más que nunca, es necesario que el estudiante no solamente entienda con claridad la relación genoma-ambiente-fenoma, sino también que sepa manejar un alto volumen de datos de secuencias de DNA e interpretarlos a la luz de la evolución. Para el año 2020, se espera que estas herramientas estén al alcance de la medicina y los profesionales de la salud. Es por esto importante, desde las ciencias básicas, aplicadas y clínicas, que la universidad provea la formación académica y técnica adecuada para el desarrollo científico del país.

A partir del 1990, tras los esfuerzos para dilucidar la información contenida en el genoma humano, se han desarrollado nuevas tecnologías conocidas como *High Throughput Technologies*. Se trata de tecnologías automatizadas que generan una enorme cantidad de datos en muy poco tiempo. La bioinformática ha sido esencial para poder procesar y estudiar el volumen tan grande de datos que, de otro modo, serían imposibles de analizar. La bioinformática utiliza técnicas del campo de las ciencias de cómputos para extraer conocimientos a partir de datos tan complejos como la información almacenada en el ácido desoxirribonucleico (ADN) que compone los cromosomas. Para tener una idea del volumen y la complejidad de la información contenida en el ADN estableceremos una comparación con la manera en que se guarda la información en las computadoras.

El lenguaje de las computadoras está codificado en un sistema binario basado en dos dígitos: 0 y 1. La información genética contenida en la molécula de ADN representa un nivel de complejidad mayor ya que se codifica en cuatro dígitos: T, A, C y G, según los nombres de los nucleótidos o subunidades que la componen (timidina, adenosina, citidina y guanosina). Si adaptamos la información genética al sistema binario, la cantidad de información contenida en una sola célula humana sería equivalente a 1.5×10^9 bytes o 1.5 *Gigabytes*. Con esta cantidad de información sería posible llenar a capacidad dos discos compactos (*CDs*). Se estima que el cuerpo humano adulto tiene aproximadamente cien trillones de células. Esto significa que la totalidad de la información genética codificada en los genes humanos de nuestro cuerpo correspondería a ciento cincuenta *Zettabytes* (10^{21} bytes) o ciento cincuenta trillones de *Gigabytes*. Por otro lado, debemos tomar en cuenta que nuestro cuerpo contiene una cantidad casi equivalente de células no humanas: células de bacterias y otros microbios que habitan nuestro cuerpo y que contribuyen al acervo total de genes que controlan muchos de los procesos de la fisiología humana, tales como la respuesta inmune.

En la década de los ochenta, los primeros esfuerzos en el campo emergente de la bioinformática ocurrieron de manera colaborativa entre biólogos moleculares y expertos de las ciencias de cómputos. Éstos unieron sus conocimientos ante la necesidad de crear algoritmos que permitieran el análisis de datos tan peculiares como lo son las secuencias de nucleótidos del ADN. Surgieron entonces equipos de biólogos moleculares que aprendieron Programación de Computadoras mientras que expertos en las ciencias de cómputos aprendieron la Biología Molecular. Esta colaboración contribuyó al desarrollo de las aproximaciones ómicas que integran el análisis bioinformático en diversas ramas de la Biología. Así surgieron la Genómica, la Proteómica y la Metabolómica, entre otras, las cuales estudian todos los genes, todas las proteínas y todas las reacciones metabólicas que ocurren en una célula, en un tejido o en un individuo de una especie en particular.

Al umbral del segundo milenio, ya existían nuevas generaciones de científicos con la preparación académica, tanto en las ciencias biomoleculares como en las ciencias de cómputos, capaces de incorporar las tecnologías *high throughput* en todos los campos de la ciencia. Los avances del nuevo siglo dieron origen a la colección de *Meta Data* que permite el estudio de los genomas completos de grupos de individuos diferentes. La Meta Genómica, por ejemplo, permite estudiar el total de genes pertenecientes a todas las poblaciones de bacterias presentes en un ambiente en particular. Esta herramienta se puede aplicar al estudio de diversos tipos de ambientes como, por ejemplo, el agua de un lago que sustenta una ciudad, los excrementos fosilizados de los integrantes de una cultura extinta o el intestino de un paciente con cáncer colorrectal.

Por varias generaciones, la educación en ciencias se ha enfocado en la construcción del conocimiento y las actividades curriculares se han basado, casi exclusivamente, en el aprendizaje mediante conferencias. Proveemos al estudiante una gran cantidad de información y avaluamos su capacidad de memorizar la información impartida mediante exámenes objetivos. El contenido de la mayoría de los cursos de ciencias ha cambiado muy poco en los últimos treinta años, a pesar de todos los avances en la tecnología investigativa. Debemos buscar alternativas a la revisión curricular y que nos permitan fortalecer los programas de ciencias incorporando nuevas tecnologías junto con conceptos y competencias de Biología y Química Computacional, de Bioestadísticas y de Bioinformática. La revolución ómica en las ciencias biológicas ha creado una brecha cada vez más grande entre el conocimiento adquirido en el laboratorio de investigación y el conocimiento que se imparte en el salón de clases. Esto es un impedimento a la oportunidad que puedan tener los estudiantes para sacar el máximo provecho a su educación científica y limita su competitividad ante oportunidades de empleo y de estudios postgraduados. La Universidad tiene entonces el reto de actualizar el currículo de los programas de ciencias básicas y aplicadas y de cambiar la manera en que se enseñan dichas materias.

Las revisiones curriculares suelen ser procesos lentos que podría tomar un par de años en implantarse. Para preparar al científico del siglo XXI debemos estimular el pensamiento crítico con destrezas de investigación, de solución de problemas, de colaboración y de comunicación. Sugerimos el uso de herramientas educativas de naturaleza transdisciplinaria que puedan ser incorporadas en actividades extra y co curriculares. El debate, el estudio de casos investigativos, la escritura de propuestas de investigación y la utilización de simulaciones computadorizadas pueden ser incorporadas en los cursos sin alterar sustancialmente el currículo al punto de requerir una revisión formal.

Los planes de estudio actuales, en muchas instituciones que sirven a grupos minoritarios, apenas incluyen la base genética y matemática dentro del contexto bioquímico o de patrones de herencia y no integra de un punto de vista multidisciplinario la ecología, la genómica o la bioinformática.

En el año 2007, la *American Association for the Advancement of Science (AAAS)*, con el apoyo del *Howard Hughes Medical Institute (HHMI)*, de los *National Institutes of Health (NIH)* y de la *National Science Foundation (NSF)* comenzó un esfuerzo colaborativo que culminó dos años más tarde en una convención educativa nacional. Allí se reunieron educadores de ciencias, administradores universitarios y gerenciales de agencias públicas y privadas de diversas partes de los Estados Unidos. La convención nacional titulada *Vision and Change in Undergraduate Biology Education* se llevó a cabo los días del 15 al 17 de julio de 2009 en la ciudad de Washington, DC.

Durante la convención, los participantes hicieron recomendaciones que incluyeron, entre otros temas: (1) las destrezas y competencias que los estudiantes de ciencias deben obtener de los cursos que componen el currículo de Biología; (2) la incorporación de métodos pedagógicos innovadores y experiencias de investigación en cursos individuales y en programas de biología; (3) el avalúo; (4) la capacitación del profesorado actual y futuro; (5) los tipos de cambios que son necesarios a nivel institucional; y (6) el desarrollo de herramientas para facilitar la aplicación de todas estas ideas en cursos específicos, en

programas de clases y en instituciones académicas. Los trabajos de ésta convención se recogieron en un documento titulado: *Vision and Change in Undergraduate Biology Education: A Call to Action*. La versión más reciente se puede acceder en el siguiente enlace:

<http://visionandchange.org/files/2013/11/aaas-VISchange-web1113.pdf>

En el Recinto Metro de la Universidad Interamericana de Puerto Rico ya hemos dado los primeros pasos integrando el uso de la Bioinformática en el currículo de ciencias. Un ejemplo es el curso de Ecología Microbiana (MICR4010), que incluye un laboratorio que se dedica a implementar técnicas de producción y análisis de ADN para el estudio de las comunidades microbianas a través del uso de plataformas (*pipelines*) de código abierto para el análisis de las secuencias biológicas. Los datos que se analizan son en su gran mayoría datos públicos, accedidos usando el National Library of Medicine (NLM) de los Institutos Nacionales de la Salud (NIH), así como bases de datos públicas de Europa (Institutos Max Planck y Pasteur) y el EBI (European Bioinformatics Institute). Los estudiantes se familiarizan con las bases de datos y cómo interpretar patrones con esos datos. Las metodologías incorporadas en este curso abren la puerta a la exploración de nuevas aproximaciones aplicadas al estudio de comunidades microbianas, permitiendo el análisis simultáneo de la caracterización taxonómica y las funciones que pueden desempeñar las especies que componen dichas comunidades.

En los cursos de Química Orgánica y de Química Computacional se ha integrado el uso de programados de modelaje molecular aplicados al estudio y el diseño virtual de moléculas. En los cursos de Bioquímica de la Fisiología Humana y Microbiología General se ha integrado el estudio de casos investigativos. De igual manera, en los cursos de Biología Celular y Molecular e Inmunología, se han incorporado la modalidad de debates con actividades de aprendizaje activo que combinan el uso de simulaciones computarizadas para la solución de casos investigativos y el análisis bioinformático de secuencias de ADN y proteínas.

La Inter Metro ofrece además la única Maestría en Microbiología Molecular en Bioinformática en todo el Caribe. Su misión es formar recursos humanos competentes y dotados con conocimientos avanzados de microbiología molecular y de análisis de secuencias genéticas. Los egresados de este programa podrán llevar a cabo actividades científicas y profesionales dentro del ámbito de la bioinformática y el estudio de ecosistemas microbianos particulares, a la misma vez que desarrollarán destrezas cónsonas con los valores éticos, de objetividad y de liderazgo que se esperan de un científico.

En la última década, han surgido proyectos y consorcios de educadores e investigadores preocupados por el futuro de la educación en las ciencias y que proveen herramientas educativas dirigidas al desarrollo de destrezas de análisis cuantitativo, de solución de problemas y de comunicación. Algunos de éstos grupos proveen oportunidades de adiestramiento para estudiantes y facultad (ver lista de recursos curriculares al final de este artículo). También, en el Recinto Metro de la UIPR hemos ofrecido talleres de análisis bioinformático para estudiantes subgraduados, graduados y de nivel secundario que han sido exitosos en integrar competencias de interés para este campo.

Estos esfuerzos procuran impulsar el desarrollo de la Bioinformática en el país y lograr recursos humanos profesionales capaces de encarar con solvencia la resolución de problemas de relativa importancia en el área, con amplios conocimientos en la Bioinformática y la interpretación de un gran volumen de datos. El pasado 7 de octubre, el Fideicomiso de Ciencia, Tecnología e Investigación para Puerto Rico auspició en el *Ponce Health Sciences University* el *Puerto Rico Bioinformatics Meet-up*, donde se discutieron planes y sugerencias para impulsar la Bioinformática en el país. Allí nos dimos cita miembros de la facultad de Inter Metro, de la Universidad de Puerto Rico recintos de Ciencias Médicas, Rio Piedras y Mayagüez, del *Ponce Health Sciences University* y de la Universidad Metropolitana. Se discutieron las estrategias que el país necesita para impulsar la bioinformática en la isla. La Inter Metro en su programa de Educación Continuada ofrece también un curso de *Bioinformática avanzada para Microbiólogos* de 10 horas cuyo objetivo es capacitar a los participantes en la interpretación de datos obtenidos de secuencias genéticas y la aplicación de los principios técnicos y teóricos para el estudio de microbiomas. El curso incluye

talleres donde los participantes utilizan programados sofisticados para el estudio de la genómica microbiana y la filogenética molecular y está disponible a aquellos educadores que deseen integrar la bioinformática al currículo de sus cursos de ciencias.

Lo que tratamos de proponer en este artículo es una reflexión trans disciplinaria que permita unir la Ecología, la Genómica y el uso de las nuevas tecnologías para el desarrollo de capital humano desde la Inter Metro y que sea capaz de competir en el mercado global. Las nuevas generaciones de estudiantes requieren experiencias de aprendizaje más dinámicas que una clase basada únicamente en conferencias al estilo de nuestra época de estudiantes. La integración de actividades de bioinformática representa una herramienta de análisis excelente para el desarrollo de experiencias de investigación en el salón de clase. La integración de las nuevas tecnologías en el currículo subgraduado, junto con actividades de aprendizaje activo, pueden contrarrestar los problemas de retención, además de ayudar a reducir la creciente brecha entre el laboratorio de investigación y el salón de clases. Es sumamente importante que los estudiantes se familiaricen con las bases de datos y cómo interpretar patrones con esos datos.

A continuación, incluimos una lista de recursos curriculares auspiciados por consorcios y proyectos sin fines de lucro que apoyan la integración de nuevas tecnologías en los cursos de ciencias biológicas.

Todos ofrecen recursos libres de costo y de fácil acceso en La red. Algunos ofrecen talleres de adiestramiento incluyendo fondos para cubrir parte de los gastos a facultad y/o estudiantes que cualifiquen. Además, incluyen algunos enlaces a bases de datos y a herramientas que le permitirán a los lectores el implementar algunas actividades de Bioinformática como la caracterización de genes.

Recursos curriculares:

1. *BioQUEST, Curriculum Consortium* - <http://bioquest.org>
2. *Case It! Molecular Biology Simulations for Case-Based Learning in Biology* - <http://www.caseitproject.org>
3. *Network for Integrating Bioinformatics in Life Science Education (NIBLSE)* - <https://qubeshub.org/groups/niblse>
4. *Science Case Network* - <http://sciencecasenet.org>
5. *Quantitative Undergraduate Biology Education and Synthesis (QUBES)* - <https://qubeshub.org>
6. *Chemistry Collaborations Workshops and communities of Scholars (CCWCS)* - <http://www.ccwcs.org>
7. *National Center for Case Study Teaching in Science* - <http://sciencecases.lib.buffalo.edu/cs/>
8. *SHODOR – National Resource for Computational Science Education* - <http://www.shodor.org>
9. *National Science Digital Library (NSDL)* - <https://nsdl.oercommons.org>
10. *Scalable Computing and Leading Edge Innovative Technologies (SCALE-IT)* - <http://scaleit.utk.edu>
11. *National Institute for Mathematical and Biological Synthesis (NIMBioS)* - <http://www.nimbios.org>
12. *American Society for Microbiology Conference on Undergraduate Education (ASMCUE)* - <http://www.asmcue.org>
13. *Institute Pasteur tools for Robust Phylogenetic Analysis* <http://www.phylogeny.fr>
14. *The Galaxy Project* - open, web-based platform for data intensive biomedical research. <https://usegalaxy.org>
15. *Tools for DNA/RNA and other biomolecules through the European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI)* <http://www.ebi.ac.uk/services>

Agradecimientos:

Los autores fueron auspiciada con fondos del US NIH National Institute of General Medical Sciences INBRE award P20 GM103475

Referencias bibliográficas:

Grigoryev, Y. (2012, Marzo 16). *How Much Information is Stored in the Human Genome?*

Accesado en Septiembre 16, 2016, de <http://bitesizebio.com/8378/how-much-information-is-stored-in-the-human-genome/>

American Association for the Advancement of Science, & National Science Foundation.

(2009, Julio 17). *Vision and Change in Undergraduate Biology Education: A call to Action.*

Accesado en Septiembre 18, 2016, de <http://visionandchange.org/files/2013/11/aaas-VISchange-web1113.pdf>

Este documento corresponde al informe final de una conferencia nacional organizada por la *American Association for the Advancement of Science* con el auspicio del *National Science Foundation Directorate for Education and Human Resources Division of Undergraduate Education, Directorate for Biological Sciences.*

Levine, A. G. (2014, Junio 13). *An Explosion of Bioinformatics Careers. Science*, 344(6189), 2014th ser., 1303-1306.

Bergland, M., Klyczek, K., Lin, C., Lundeberg, M., Tosado-Acevedo, R., Toro, A., . . . Wolter, B. (2012, July 27). *Engaging Students in Molecular Biology via Case-Based Learning. Science*, 337(6093), 426-427.

Wolter, B., Lundeberg, M. A., Bergland, M., Klyczek, K., Tosado, R., Toro, A., & White, D. (2013, Abril). *Student Performance in a Multimedia Case-Study Environment. Journal of Science Education and Technology*, 22(2), 215-225.

Crosby, O. (2002, Fall). *New and Emerging Occupations*. Accesado en September 16, 2016, de <http://stats.bls.gov/careeroutlook/2002/fall/art02.pdf>

Crosby, O., & Moncarz, R. (2006, Fall). *The 2004-14 Job Outlook for College Graduates*. Accesado en September 16, 2016, from <http://www.bls.gov/careeroutlook/2006/fall/art03.pdf>

Torrey, E., & Terrell, D. (2015, September). Should I get a master's degree? Retrieved September 17, 2016, from <http://www.bls.gov/careeroutlook/2015/article/should-i-get-a-masters-degree.htm>