

DOI: <https://doi.org/10.56712/latam.v5i4.2227>

Modelamientos *in silico* un mecanismo de enseñanza – aprendizaje en contexto virtual a estudiantes de biotecnología en pandemia COVID-19

In silico modeling a teaching – learning mechanism in virtual context to biotechnology students in pandemic COVID-19

Isabel Coello

isbelperalta@hotmail.com

<https://orcid.org/0000-0001-8125-3859>

Universidad Estatal Península de Santa Elena
Santa Elena – Ecuador

Darwin Mera

xavimera25@hotmail.com

<https://orcid.org/0009-0007-3933-0233>

Universidad Estatal Península de Santa Elena
Santa Elena – Ecuador

Janeth Galarza

jgalarza@upse.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-7315-6036>

Universidad Estatal Península de Santa Elena
Santa Elena – Ecuador

Jimmy Villón

jvillonm@upse.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-6984-7280>

Universidad Estatal Península de Santa Elena
Santa Elena – Ecuador

Artículo recibido: 03 de junio de 2024. Aceptado para publicación: 17 de junio de 2024.
Conflictos de Interés: Ninguno que declarar.

Resumen

La crisis provocada por la pandemia COVID-19 condujo a las universidades a reestructurar rápidamente sus programas de estudios. El área experimental de las ciencias biológicas se vio afectada ya que los laboratorios presenciales son parte integral de la educación superior. Este hecho, llevó a que la materia de biotecnología adopte su programa de estudios a laboratorios virtuales y modelamientos *in silico*. De esta manera el objetivo de este trabajo es mejorar la formación académica en tiempos críticos, utilizando los modelamientos *in silico* como un mecanismo de enseñanza-aprendizaje en el contexto de laboratorios virtuales con estudiantes de biotecnología. Para simular procesos biotecnológicos en *Dunaliella salina* se tomó como modelo el gen *psy*, la amplificación del gen por PCR, resguardo del gen, la caracterización de la enzima y la biosíntesis de los carotenoides. Las aptitudes y conocimientos adquiridos fueron evaluados a través de una encuesta a 156 estudiantes que cursaron la materia de biotecnología-UPSE. Los modelamientos *in silico* demostraron que el gen *psy* comparte una alta similitud y cobertura superior a 81% con otras especies vegetales, la amplificación resultó en un producto de 1218 pb. Mientras la estructura proteica alcanzó un 0,69 QMING y la activación de la cascada de señalización celular demostró a 5 genes involucrados en la biosíntesis de los carotenoides. Finalmente, la percepción positiva a favor de los laboratorios virtuales alcanzó el 70,83%. La aplicación de modelamientos *in silico* permitieron simular procesos biológicos experimentales y comprender la materia de biotecnología de manera efectiva en tiempos de no

presencialidad.

Palabras clave: laboratorios virtuales, modelamientos in silico, gen psy, biosíntesis carotenoides

Abstract

The global crisis caused by the COVID-19 pandemic led universities to quickly restructure their study programs to an e-learning model. The experimental area of biological sciences was affected since in-person laboratories are an integral part of higher education. This fact led the subject of biotechnology to adopt its study program to remote teaching with virtual laboratories and in silico modeling. In this way, the objective of this work is improve academic training in critical times, using in silico modeling as a teaching-learning mechanism in the context of virtual laboratories with biotechnology students. To simulate biotechnological processes in *Dunaliella salina*, the psy gene was taken as a model where the molecular characterization, the amplification of the gene by PCR and protection of the gene, the characterization of the enzyme and the biosynthesis of carotenoids were demonstrated. The skills and knowledge acquired were evaluated through a survey of 156 students who were studying biotechnology-UPSE subject. In silico modeling demonstrated that the psy gene shares a high similarity and coverage greater than 81% with other plant species, 72 conserved zones, 45 variable zones, the amplification resulted in a 1218 bp product. While the protein structure reached 0.69 QMING and the activation of the cell signaling cascade demonstrated 5 genes involved in the biosynthesis of carotenoids. Finally, the positive perception in favor of virtual laboratories reached 70.83%. Conclusions: the application of virtual laboratories and in silico modeling made it possible to simulate experimental biological processes and understand the subject of biotechnology effectively in times of non-presence.

Keywords: virtual laboratories, in silico modeling, psy gene, carotenoid biosynthesis

Todo el contenido de LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades, publicados en este sitio está disponibles bajo Licencia Creative Commons . 

Cómo citar: Coello, I., Mera, D., Galarza, J., & Villón, J. (2024). Modelamientos *in silico* un mecanismo de enseñanza – aprendizaje en contexto virtual a estudiantes de biotecnología en pandemia COVID-19. *LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades* 5 (4), 13 – 34.
<https://doi.org/10.56712/latam.v5i4.2227>

INTRODUCCIÓN

La crisis mundial provocada por la pandemia COVID-19 nos cambió inesperadamente las acciones de enseñanza presencial a la enseñanza remota (on-line) (Mhlanga & Moloi, 2020; Albarello et al., 2021). Las universidades del mundo se adaptaron rápidamente al nuevo horizonte, reestructurando la metodología de clases con actividades sincrónicas y asincrónicas, los docentes buscaron estrategias de enseñanza para cumplir con los programas de estudio y los estudiantes desarrollaron prácticas de estudio colaborativas valiéndose de diferentes dispositivos digitales (Hodges et al., 2020). Para la universidad ecuatoriana no fue la excepción, se activó la Enseñanza Remota Emergente como única forma de continuar las actividades académicas en el contexto de crisis sanitaria por COVID-19 con la finalidad de cumplir los objetivos de aprendizaje (Araujo et al., 2020). En consecuencia, se presentó un impacto negativo en el área biológica, una disciplina académica en la que las habilidades prácticas y experimentales lo adquieren en laboratorios presenciales, y que en estas condiciones no se podían realizar (Rolak et al., 2020; Rose, 2020).

Para afrontar este problema, el programa de Biotecnología de la Carrera de Biología perteneciente a la Facultad de Ciencias del Mar-Universidad Estatal Península de Santa Elena, UPSE-Ecuador, adaptó su programa de estudios a la enseñanza remota (on-line) con laboratorios virtuales, que son herramientas educativas sustanciales que permiten a los estudiantes realizar prácticas experimentales y comprender las materias científicas de manera efectiva (Dunne & Ryan, 2010). Si bien, los laboratorios virtuales no pueden reemplazar por completo a los laboratorios físicos, sin embargo, son una parte integral de la educación científica, ayudan a los estudiantes a realizar los experimentos en un entorno real, comparar los resultados con valores estándares, repetir el experimento hasta comprender el concepto en un tiempo flexible ya sea de manera individual o en grupo utilizando una interfaz basada en computadoras lo cual conlleva a disminuir costos operacionales en comparación con un laboratorio presencial (Kapilan et al., 2021). Por tanto, los laboratorios virtuales proporcionan una solución importante en la educación de pregrado y posgrado ante un evento de crisis (Bączek et al., 2021; Ripoll et al., 2021).

Una iniciativa reciente llamada modelamientos in silico son parte de los laboratorios virtuales que permiten simular procesos biológicos experimentales haciendo uso de softwares, programas bioinformáticos y recursos computacionales (D'Arcy et al., 2020). Respecto a la utilidad de los modelamientos in silico en la educación superior durante el período de crisis por la pandemia COVID-19, fue una gran alternativa de enseñanza. Los estudiantes utilizaron modernas y gratuitas herramientas bioinformáticas, bases de datos y software para solucionar un problema biológico (Lorenz et al., 2021; Asraf et al., 2022). Está descrito que el aprendizaje mejorado por la tecnología ayuda a los estudiantes a construir una sólida base de conocimientos y a las instituciones educativas a alcanzar la excelencia académica (Makransky et al., 2019).

Con la finalidad de mejorar la formación académica en tiempos críticos, se presenta la utilidad de los modelamientos in silico como un mecanismo de enseñanza aprendizaje en el contexto de laboratorios virtuales con estudiantes de biotecnología-UPSE.

METODOLOGÍA

Diseño

Esta investigación se caracteriza por aplicar un diseño cuantitativo experimental in silico basado en modelamientos computacionales haciendo uso de softwares, bases de datos y programas bioinformáticos para caracterizar genes y predecir la activación de sistemas biológicos antes de llevar a pruebas experimentales físicas.

Participantes

Para cumplir con la programación de las clases de Biotecnología, Carrera de Biología-UPSE, se aplicaron laboratorios virtuales basados en modelamientos in silico a una población de 156 estudiantes que cursaron la materia durante el período lectivo 2021-1 (53 estudiantes); 2021-2 (44 estudiantes) y 2022-1 (59 estudiantes).

Instrumentos

Los estudiantes recibieron una explicación y demostración completa por parte del docente sobre el manejo de softwares, programas bioinformáticos, plataformas, ingreso a base de datos moleculares (Galarza et al., 2018, 2020). La enseñanza-aprendizaje se reforzó con revisión de tutoriales, y material didáctico proporcionado para cada tema. Los laboratorios virtuales fueron evaluados con la presentación de informes, en donde se evidenciaban los resultados experimentales in silico junto con respuestas a preguntas del tema tratado. Al final de cada período lectivo, se aplicó un cuestionario de 10 preguntas con base en la escala de linkert para evaluar el nivel de confianza en el manejo y aplicabilidad de las herramientas bioinformáticas y modelamientos in silico en el aprendizaje de la materia de biotecnología (Varchetta et al., 2020).

Procedimiento

Para iniciar con los laboratorios virtuales, los estudiantes descargaron la secuencia del gen de interés biotecnológico, fitoeno sintasa psy de *Dunaliella salina* código MN732755.1, desde la base de datos moleculares NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) (Raaen et al., 2020). La misma que fue sometida a un alineamiento usando la herramienta Blast (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) (Lai et al., 2020). Para la amplificación del gen psy se aplicó la técnica reacción en cadena de la polimerasa (PCR) in silico, utilizando un par de partidores que fueron evaluados en el programa Oligo Calc: Oligonucleotide Properties Calculator (<http://biotools.nubic.northwestern.edu/OligoCalc.html>). La amplificación fue evaluada en el programa Primer-Blast (NCBI) (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/index.cgi?LINK_LOC=BlastHome) (Atawodi et al., 2010).

Un patrón de restricción in silico también fue parte de los laboratorios virtuales, para lo cual se seleccionaron 6 enzimas de restricción que cortan más de dos veces sobre la secuencia de ADN de interés. La selección de enzimas y el modelamiento se realizó usando el software NEBcutter (<https://nc3.neb.com/NEBcutter/>) (Pillacela et al., 2020). Posteriormente, el resguardo del gen de interés se efectuó mediante una clonación in silico en un vector de clonación/expresión que pueda ser integrado fácilmente a una célula anfitriona. Este diseño fue modelado en el software BVTech plasmid (<https://bvtech-plasmid-1.soft112.com/>), (Galarza et al., 2016, 2018). A continuación, se utilizó la herramienta BioRender para demostrar la transformación de la célula anfitriona.

Por otra parte, se procedió a la caracterización de la enzima fitoeno sintasa psy (QIW94438.1), utilizando el Swiss-Servidor (<https://swissmodel.expasy.org/>) y la plataforma en línea RasModel (<http://biomodel.uah.es/>) (Gajda, 2013). Finalmente, la activación y función enzimática fue diseñada utilizando el software en línea BioRender (<https://app.biorender.com>); fundamentada en la información científica (Shi et al., 2020; Xu & Harvey, 2019).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Alineamiento de secuencias

El resultado descriptivo del alineamiento mediante el programa Blast nos demuestra una amplia relación del gen psy de *Dunaliella salina* con otras microalgas, plantas perennes y terófitas. Nuestro análisis sólo se basa en aquellas especies que comparten una alta similitud y alto porcentaje de

cobertura (sobre el 80%). Nótese que el gen psy de *Dunaliella salina* mantiene un 100% de similitud y de cobertura con *Dunaliella primolecta*, así mismo con *Dunaliella bardawil* comparten un 99% de similitud y un 97% de cobertura. Mientras con *Dunaliella parva* y otra cepa de *D. salina* comparte el 81% tanto de similitud como de cobertura, como se observa en la tabla 1.

Tabla 1

Alineamiento del gen psy de Dunaliella salina generado por el programa Blast

| Descripción | Nombre científico | % de cobertura | % de similitud e identidad | Tamaño pb | N° de acceso |
|---|------------------------------|----------------|----------------------------|-----------|--------------|
| Dunaliella salina isolate PSY carotene synthesis related protein mRNA, complete cds | <i>Dunaliella salina</i> | 100 | 100.00 | 1305 | MN732755.1 |
| <i>Dunaliella bardawil</i> strain 847 phytoene synthase mRNA, complete cds | <i>Dunaliella salina</i> | 97 | 99.76 | 1275 | EU328287.1 |
| <i>Dunaliella primolecta</i> genome assembly, chromosome: 1 | <i>Dunaliella primolecta</i> | 100 | 100.00 | 19719606 | OU611751.1 |
| <i>Dunaliella parva</i> strain FACHB-815 phytoene synthase mRNA, complete cds | <i>Dunaliella parva</i> | 81 | 81.97 | 1611 | KY069272.1 |
| <i>Dunaliella salina</i> phytoene synthase mRNA, complete cds | <i>Dunaliella salina</i> | 81 | 81.97 | 1260 | AY601075.1 |

Nota: Se presenta la similitud y cobertura con especies que guardan relación sobre un 81%.

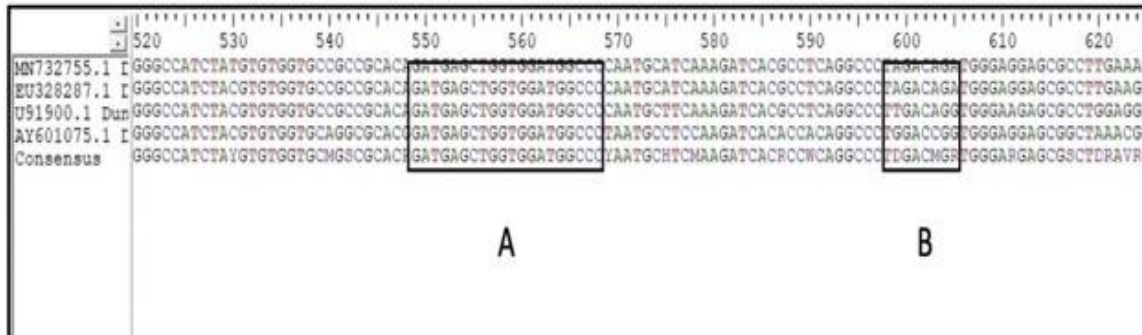
El programa Blast también entregó un resumen gráfico del alineamiento, donde se puede corroborar el porcentaje de cobertura entre las secuencias analizadas, puede observarse en la gráfico 1.

Alineamiento múltiple

El alineamiento múltiple fue generado por BioEdit 7.7, donde presentó 72 regiones conservadas y 74 regiones variables entre las 4 secuencias de géneros *Dunaliella* con alta similitud. Además, se obtuvo la secuencia consenso. El gráfico 3 muestra una región parcial del alineamiento.

Gráfico 3

Vista parcial (625 nucleótidos) de un alineamiento múltiple de 4 secuencias del gen *psy* pertenecientes al género *Dunaliella*. A: región conservada; B: región variable.



Fuente: Datos generados por el programa BioEdit 7.7.

Amplificación del gen *psy* por PCR in silico

A partir de las regiones conservadas se diseñaron un par de partidores universales, PSY-003F Forward (5'-ATGGCACAGCGAACAGCAACTT-3') y PSY-003R Reverse (5'-CTTGGACTTAGGCACGTATGC-3'), que cumplieron con los parámetros idóneos para una amplificación real, como se observa en la tabla 2. La amplificación del gen *psy* por PCR in silico generó un producto de 1218 pb (ver gráfico 4). La secuencia molde utilizada para la amplificación del gen *psy* fue la secuencia consenso.

Tabla 2

Partidores universales diseñados para la amplificación del gen psy del género Dunaliella

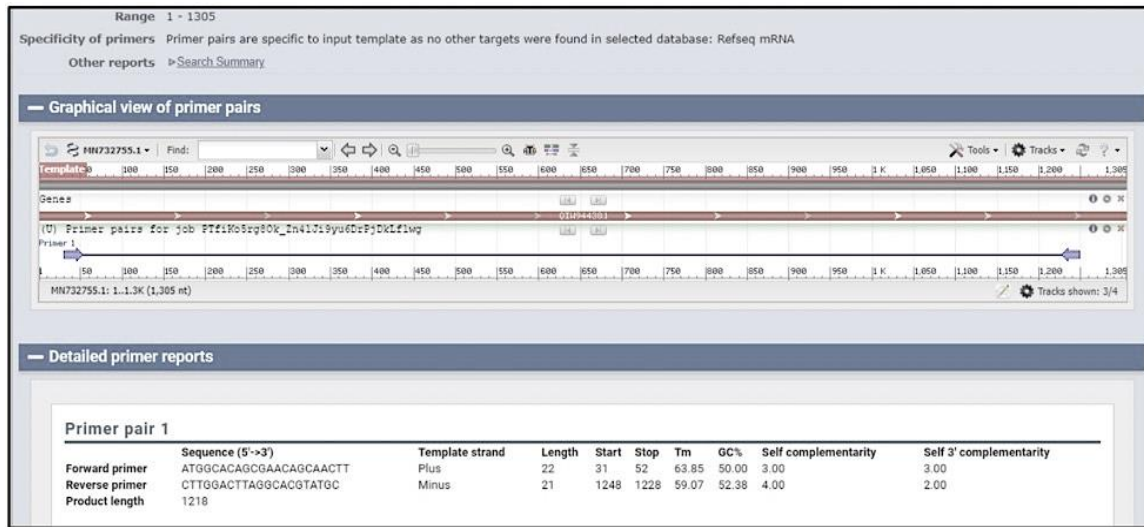
| Gen | Código | Secuencia (5'→3') | Largo (pb) | CG (%) | Tm (°C) | Tamaño Ampliación (pb) |
|-----|----------|------------------------|------------|--------|---------|------------------------|
| Psy | PSY-003F | ATGGCACAGCGAACAGCAACTT | 22 | 50 | 63 | 1218 |
| | PSY-003R | CTTGGACTTAGGCACGTATGC | 21 | 52 | 59 | |

Nota: Los partidores fueron evaluados en el programa Oligo Calc: Oligonucleotide Properties Calculator

Fuente: Datos generados por el software Primer-Blast (NCBI).

Gráfico 4

Resultado de la amplificación por PCR in silico del gen psy utilizando los partidores PSY-003F y PSY-003R. El modelamiento presenta un producto amplificado de 1218 pb



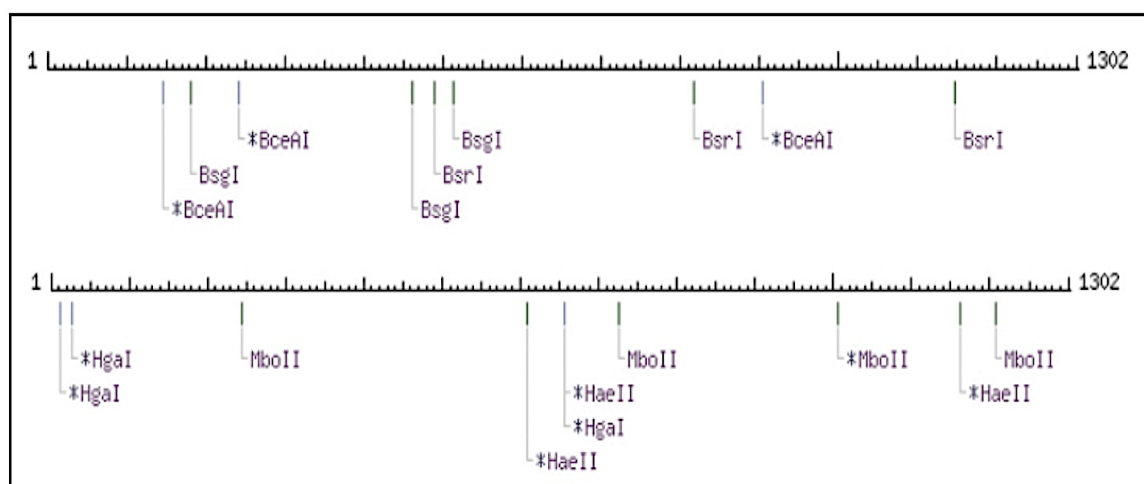
Fuente: Programa Primer Blast.

Patrones de restricción modelados in silico

La secuencia del gen psy de *Dunaliella salina* fue corrida en el programa Restriction Map del software BioEdit 7.7, donde se seleccionaron 6 enzimas de restricción BceAI, BsgI, BsrI, HgaI, MboII y HaeII y que luego fueron modelados in silico utilizando el programa NEBcutter 2.0 donde se demuestra la ubicación y el tamaño de los fragmentos como puede verse en los gráficos 5 y 6.

Gráfico 5

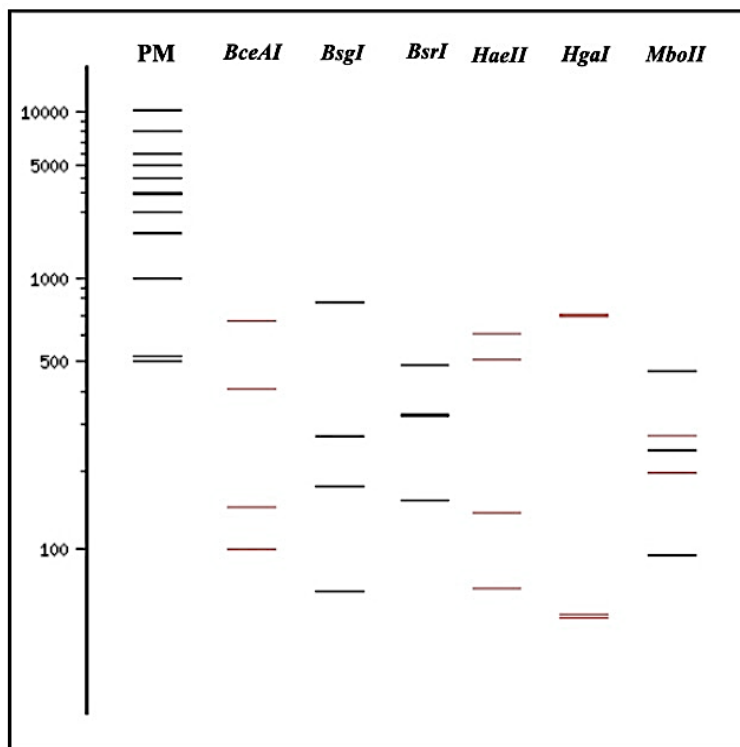
Mapa de restricción lineal modelado in silico



Fuente: Datos generados por el programa NEBcutter 2.0.

Gráfico 6

Modelamiento *in silico* del patrón de restricción del gen *psy* de *Dunaliella*



Nota: Las líneas corresponden al tamaño de los fragmentos producidos por la digestión con las enzimas (BceAI, BsgI, BsrI, HaeII, HgaI y MboII), PM: marcador de peso molecular 1 Kb.

Fuente: Datos generados por el programa NEBcutter 2.0.

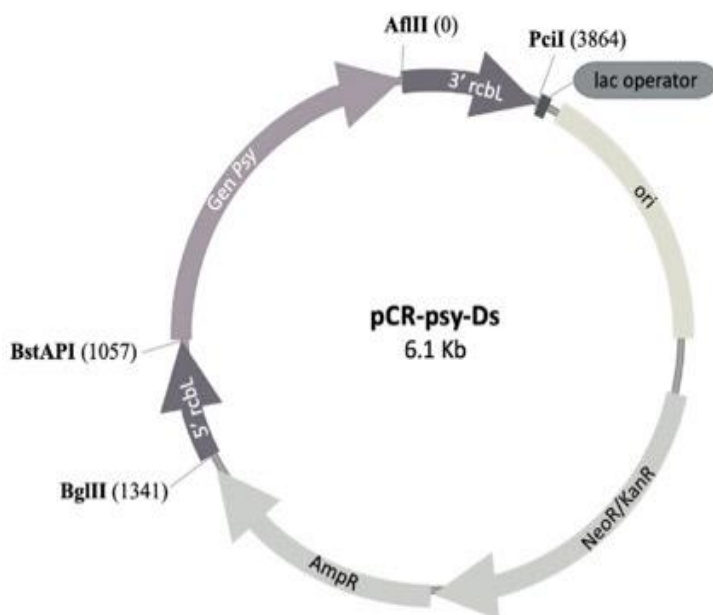
Clonación *in silico* del gen *psy*

Con la finalidad de resguardar la secuencia del gen *psy* se procedió al clonamiento *in silico*. Para lo cual se diseñó el cassette de clonación llamado inserto 5'rcbL/gen *psy*/rcbL3' de 2142 pb, donde 5'rcbL y 3'rcbL corresponde al promotor y terminador del gen que codifica para la ribulosa bifosfato carboxilasa (RuBisCo) respectivamente.

La clonación *in silico* se modeló sobre el vector comercial pCR2.1-TOPO de 3.9 Kb, que contenía un sitio múltiple de clonaje (SMC), origen de replicación (ORI) y un gen de resistencia a karamicina como marcador de selección. El inserto, fue integrado en el SMC, flanqueado por las enzimas BglIII y PciI el nuevo vector recombinante toma el nombre de pCR-*psy*-Ds que alcanza un tamaño de 6.1 Kb (ver gráfico 7).

Gráfico 7

Diseño del vector de clonación pCR-psy-Ds (6.1 Kb)



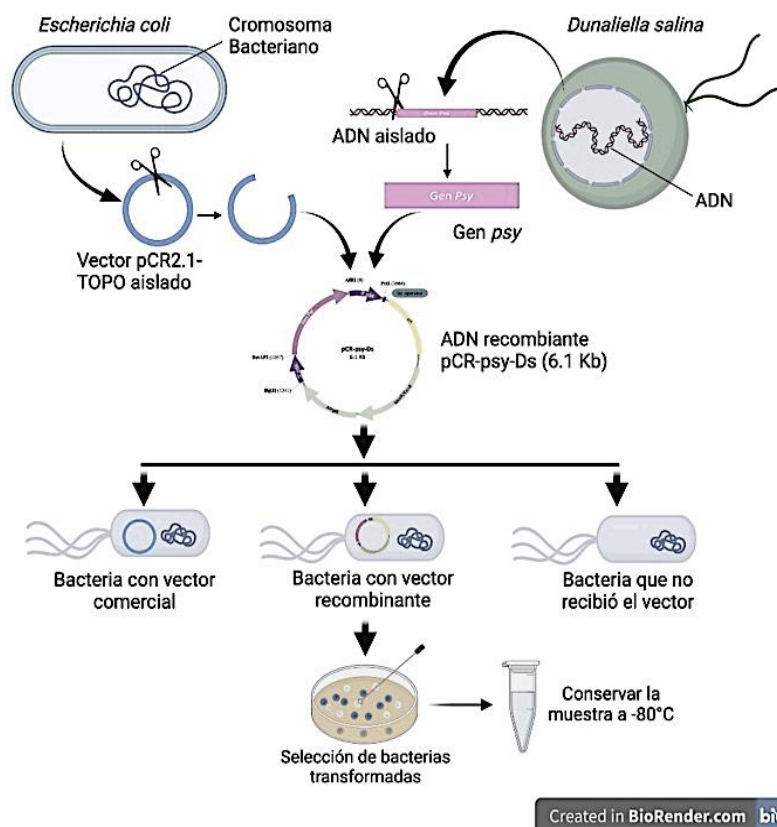
Fuente: Modelo obtenido con el programa SnapGene.

Transformación bacteriana

El vector recombinante pCR-psy-Ds, fue integrado en el citoplasma de bacterias competentes artificiales (*Escherichia coli*) a través de un procedimiento llamado método de choque térmico, donde la membrana celular crea poros temporales que permiten el ingreso del ADN recombinante. Como el procedimiento es al azar en la transformación bacteriana puede presentarse tres alternativas: i) bacterias que integran el vector recombinante, ii) bacterias que integran el vector comercial, iii) bacterias que no integran ningún vector. Finalmente, se seleccionarán sólo las colonias blancas que contienen el vector recombinante para ser guardadas en congelación -80C como puede observarse en el gráfico 8.

Gráfico 8

Esquema sobre la transformación de bacterias



Fuente: Modelamiento obtenido en el programa BioRender.

Caracterización de los aminoácidos de la enzima psy (fitoeno sintasa)

La composición total de aminoácidos de la enzima psy fueron 434, siendo las más abundantes alaninas (8,53%), leucina (8,53%), arginina (8,06%), glutamina (7,83%) y serina (6.45%), los demás aminoácidos se presentaron en menor cantidad. Los aminoácidos Alanina y Leucina se clasifican como hidrofóbicos no esencial y esencial respectivamente, son ampliamente utilizados para la biosíntesis de proteínas. Arginina es un aminoácido esencial y está involucrado en la función inmune. Mientras que, Glutamina es un aminoácido no esencial que proporciona nitrógeno a las actividades metabólicas del cuerpo y Serina aminoácido no esencial involucrado en la función catalítica de muchas enzimas, La tabla 3 presenta la composición de aminoácidos de la enzima psy obtenida desde BioEdit 7.7.

Tabla 3

Composición de aminoácidos de la enzima psy

| Aminoácido | Abreviatura | Número de apariciones | Mol% | Esencial/No esencial |
|------------|-------------|-----------------------|------|----------------------|
| Alanina | Ala | 37 | 8.53 | No esencial |
| Glutamato | Glu | 24 | 5.53 | No esencial |
| Glicina | Gly | 25 | 5.76 | No esencial |
| Isoleucina | Ile | 21 | 4.84 | Esencial |
| Lisina | Lys | 24 | 5.53 | Esencial |
| Leucina | Leu | 37 | 8.53 | Esencial |

| | | | | |
|-----------|-----|----|------|-------------|
| Prolina | Pro | 23 | 5.30 | No Esencial |
| Glutamina | Gln | 34 | 7.83 | No esencial |
| Arginina | Arg | 35 | 8.06 | Esencial |
| Serina | Ser | 28 | 6.45 | No esencial |
| Treonina | Thr | 19 | 4.38 | Esencial |
| Valina | Val | 23 | 5.30 | Esencial |

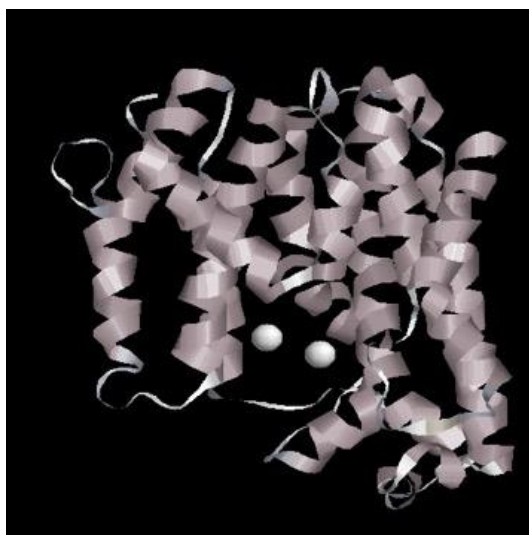
Fuente: Obtenido aplicando el programa BioEdit 7.7.

Caracterización de la enzima psy utilizando RasMol

La plantilla del modelo teórico de la enzima psy se obtuvo desde el programa SwissModel, alcanzando un valor QMEANDisCo Global de 0.69 ± 0.05 , que significa que el modelo es fiable. A partir de esta plantilla, la secuencia de aminoácidos fue corrida en el programa RasMol 2.7, mismo que entregó las siguientes características: un monómero de estructura secundaria con 2 ligandos de unión al ión magnesio, formada por 12 hélices alfa, 2 cadenas A y B, 293 grupos, 2398 átomos y 2455 enlaces (ver figura 1).

Figura 1

Modelamiento in silico de la enzima psy donde se presenta las características estructurales



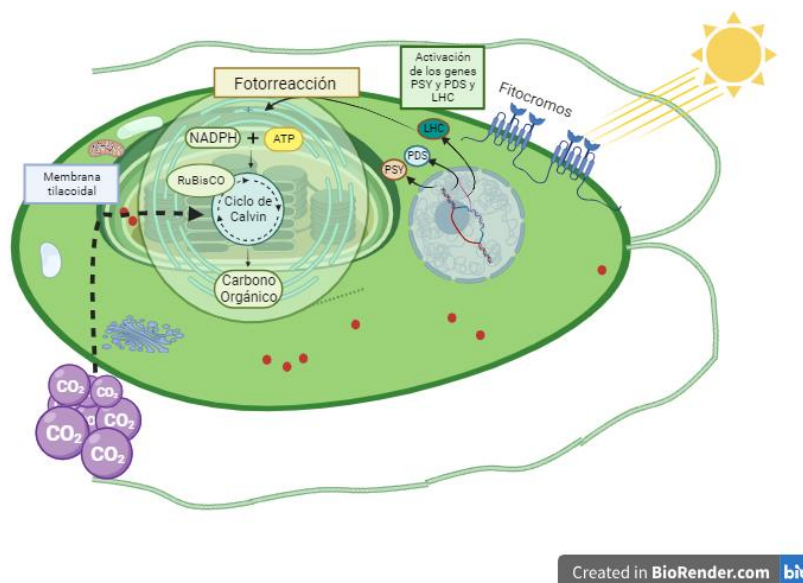
Fuente: Modelo obtenido con RasMol 2.7.

Diseño de la función de la enzima psy in silico en condiciones de crecimiento vegetativo en Dunaliella salina

En condiciones normales de luz, la intensidad de flujo de fotones es controlado por los fitocromos (proteína fotorreceptora) quienes desencadenan una cascada de señalización celular activando los genes que codifican para el complejo de proteínas captadoras de luz (LHC) y la cadena de transporte de electrones fotosintéticos, mejorando el crecimiento celular y la fotosíntesis a través de la absorción de energía por la clorofila y el complejo de plastoquinona (PQ) (ver figura 2). En condiciones vegetativas la microalga mantiene su coloración verde traslúcida y forma periforme biflagelada (Shi et al., 2020).

Figura 2

Diseño in silico de la cascada de señalización de Dunaliella salina en condiciones de crecimiento vegetativo



Created in BioRender.com bio

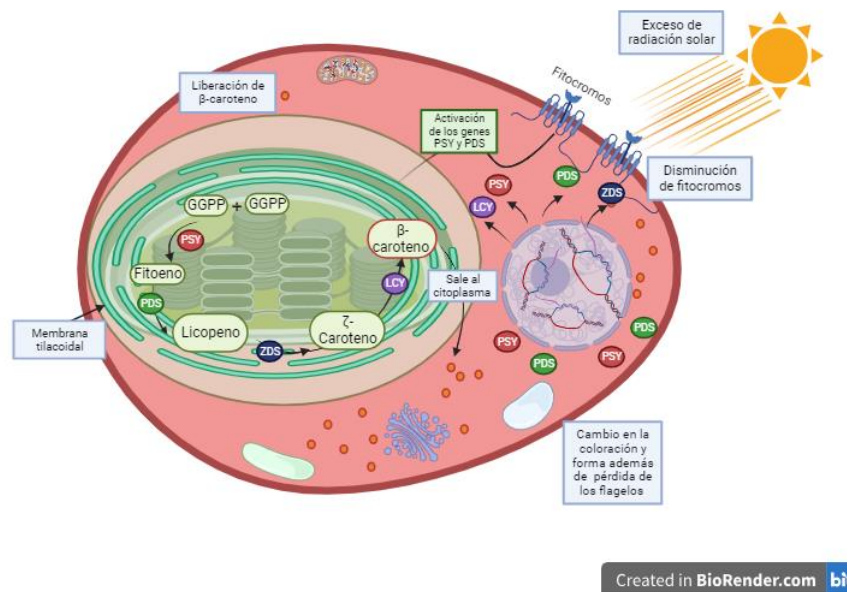
Fuente: Modelamiento obtenido en el programa BioRender.

Activación y función de las enzimas psy en la producción de β -caroteno en Dunaliella salina

En condiciones de estrés por alta intensidad lumínica el flujo de fotones también es controlado por los fitocromos, estos a su vez desencadenan una cascada de señalización celular donde aumentan los niveles de expresión de los genes relacionados con el complejo citocromo b6f y genes de la biosíntesis de carotenoides: fitoeno sintasa (psy), fitoeno desaturasa (pds), β -caroteno desaturasa (zds) y licopeno beta ciclasa (lcyb). Y reduce significativamente la expresión de genes relacionados con del aparato fotosintético, incluidas las proteínas captadoras de luz, las proteínas del centro de reacción y las proteínas relacionadas con la transferencia de electrones. La biosíntesis de carotenoides empieza con la condensación de dos moléculas de geranylgeranylpirofosfato GGPP para producir el primer carotenoide incoloro fitoeno que es el precursor de todos los demás carotenoides coloreados incluido β -caroteno. Como estrategia de fotoprotección, la microalga aumenta la producción del β -caroteno y acumula en el citoplasma de la célula tornándose en una coloración naranja intenso como se observa en la figura 3 (Xu & Harvey, 2019; Polle et al., 2020).

Figura 3

Diseño in silico de la activación y función de las enzimas psy en la producción de B-caroteno en *Dunaliella salina*



Fuente: Modelado con BioRender.

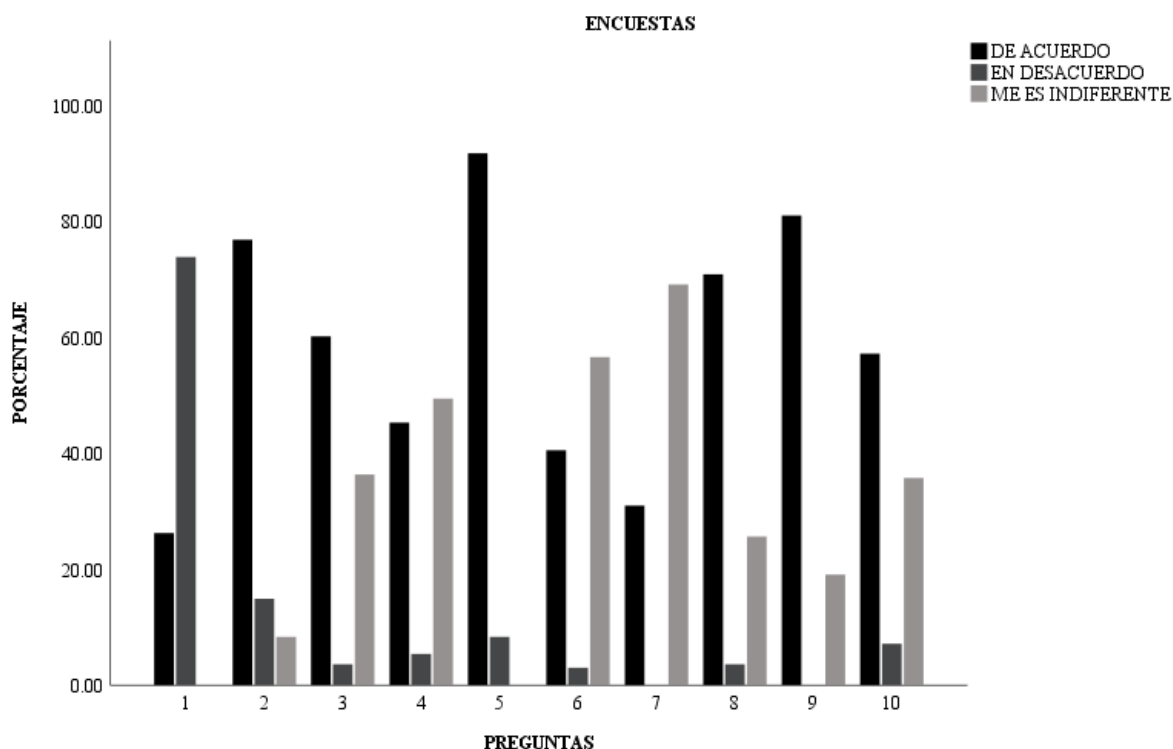
Análisis de encuestas realizadas a los estudiantes que cursaron la materia de Biotecnología

Los resultados de las encuestas aplicadas a estudiantes que cursaron la materia de biotecnología período 2021-1; 2021-2 y 2022-1, se presentan en la figura 12, donde se evidencian las aptitudes y conocimientos adquiridos sobre modelamientos in silico durante el desarrollo de la materia de biotecnología. Así tenemos que, el 73,81% indican estar de acuerdo respecto al tener dificultades para familiarizarse con las herramientas bioinformáticas (pregunta 1), y el 76,79% indican que los programas bioinformáticos le ayudaron a aclarar conocimientos teóricos (pregunta 2). Mientras que, el 60,12% corroboran que se sienten fortalecidos utilizando tecnología computacional (pregunta 3). Al haber modelado sistemas biológicos se les preguntó, ¿cree que su nivel de aprendizaje está a la par con el avance de la tecnología? sólo el 45,24% responde que estaba de acuerdo, mientras el 49,40% responde que le es indiferente, (pregunta 4). Se les preguntó si las prácticas virtuales basadas en el uso de la tecnología computacional fueron didácticas, el 91,67% indicó que estaba de acuerdo, (pregunta 5). Al preguntar, si en tiempos de pandemia COVID-19, las prácticas virtuales basadas en modelamientos in silico compensan el aprendizaje en biotecnología sólo el 40,48% indica que estaba de acuerdo, mientras el 56,54% dice que le es indiferente, (pregunta 6). Al consultar, si conoce la importancia de la aplicación de programas bioinformáticos y modelamientos in silico en estudios de biotecnología sólo el 30,95% indicó que estaba de acuerdo, mientras el 69,05% indicó que le es indiferente (pregunta 7). También se preguntó, si recomienda las prácticas de laboratorios virtuales como alternativa a la enseñanza-aprendizaje en biotecnología, el 70,83% responde estar de acuerdo con recomendarla (pregunta 8). Al preguntar, si tiene la oportunidad de realizar trabajo experimental de biotecnología, acudiría primero a los diseños in silico el 80,95% indica que estaba de acuerdo, (pregunta 9). Finalmente, cuando se les pregunta si considera que en la enseñanza-aprendizaje de la materia de biotecnología es fundamental complementar la experimentación presencial con herramientas bioinformáticas y modelamientos in silico, el 57,15% dijo que estaba de acuerdo, mientras el 35,71% indicó que le es indiferente (pregunta 10). Las encuestas permitieron conocer las destrezas

que los estudiantes desarrollaron sobre la utilidad de las herramientas bioinformáticas y modelamientos in silico en el aprendizaje de la materia de biotecnología, conociendo más profundamente el nivel de satisfacción con el uso de las mismas, destacando la aceptación por parte de los involucrados.

Gráfico 7

Respuestas en % a las 10 preguntas realizadas a 156 estudiantes que cursaron la materia de Biotecnología período 2021-1; 2021-2 y 2022-1



El gen psy, que codifica para la enzima fitoeno sintasa (psy) de la microalga *Dunaliella salina* tiene importancia en la biotecnología por estar involucrado en la ruta metabólica de la producción de los carotenoides. Los carotenoides son potentes antioxidantes muy utilizados para mejorar la salud humana y animal (Wan et al., 2019). En este trabajo se utiliza la enzima psy como patrón de estudio para modelar in silico la caracterización molecular y producción de carotenoides usando programas bioinformáticos a través de laboratorios virtuales. Así lo demuestran Liang et al. (2023), quienes realizan experimentos de la actividad catalítica de la enzima psy in silico e in vitro para demostrar la actividad carotenogénica de la microalga *Dunaliella salina*. Mientras Pillacella et al. (2020) caracterizan los genes fitoeno desaturasa (pds) en la microalga *Haematococcus* sp.

Muchos diseños de sistemas biológicos se han realizado in silico haciendo uso de los programas, softwares, plataformas, bases de datos y herramientas bioinformáticas tales como: BioEdit, Blast, NEBcutter, SwissModel, RasMol, BioRender entre otros, que han permitido conocer la activación y función de las moléculas funcionales. Así, Jakimiuk et al. (2022), demuestran in silico la actividad inhibidora de diferentes flavonoides frente a la tirosinasa para bloquear la producción de la melanina. Bajo estos conceptos in silico y haciendo uso de las herramientas bioinformáticas, nosotros presentamos un modelo del crecimiento vegetativo de la microalga *Dunaliella*, donde se presenta la ruta de la producción de la clorofila en condiciones ambientales normales y las características principales de la microalga, y en condiciones de estrés por alta iluminación se activa la cascada de

señalización de la ruta metabólica de los carotenoides, en donde la microalga cambia de morfología y adquiere la coloración naranja debido a la producción de los carotenoides (Polle et al., 2020).

Chen et al. (2022) indican que, para trabajar en biotecnología se deben conocer los genes a nivel molecular haciendo uso de las secuencias de ADN o ARN resguardadas en la base de datos NCBI. Así Couso et al. (2011), presenta la sobreexpresión de un gen de fitoeno sintasa clonado en la microalga *Chlamydomonas reinhardtii* para aumentar la producción de carotenoides. Mientras, el proceso de clonación en una célula anfitriona ya sea por cisgénesis o intragénesis fue demostrado por Galarza et al. (2016).

Respecto a la aplicación de los laboratorios virtuales en estudios de las ciencias biológicas existen varias aportaciones y pruebas concluyentes que revelan la alta idoneidad. Así, Bykuseenge et al. (2022), realizan una exhaustiva revisión de literatura sobre la efectividad de los laboratorios virtuales en la enseñanza-aprendizaje en biología, quienes concluyen que los laboratorios virtuales son efectivos ya que mejoran la comprensión conceptual de los estudiantes, las habilidades prácticas, la motivación y las actitudes hacia la biología. Así mismo, Ali et al. (2022) realizan un análisis importante sobre la contribución de los laboratorios virtuales en la mejora de la enseñanza-aprendizaje de las ciencias biológicas donde se incluyen modelamientos *in silico* y uso de softwares, plataformas, y demás simuladores experimentales. Por lo que recomiendan su uso en la enseñanza como un medio para involucrar activamente a los estudiantes en investigaciones científicas.

De acuerdo con Rashidovna et al. (2023), la implementación de laboratorios virtuales en las instituciones educativas permite, por una parte, experimentar con los equipos y materiales que corresponden al laboratorio real, y por otra, familiarizarse con herramientas bioinformáticas para el desarrollo de habilidades prácticas en actividades profesionales. Bajo este contexto nosotros preparamos el laboratorio virtual para estudiantes de biotecnología donde tienen la oportunidad de conocer los equipos, materiales, reactivos, así como familiarizarse con las herramientas bioinformáticas para un trabajo experimental *in silico* como es el caso del estudio del gen *psy* que codifica para la enzima fitoeno sintasa, mismos que al desarrollarse de manera presencial son muy costosos, no se cuenta con todos los equipos y conllevan mucho tiempo de trabajo. Así mismo, lo indican Sriadhi et al. (2022) y Rashidovna et al. (2023) que la versatilidad de los laboratorios virtuales compensan las carencias económicas de ciertas instituciones educativas que no disponen de equipos y suministros. Por lo tanto, los estudiantes pueden formar habilidades prácticas de forma independiente en el tiempo conveniente para ellos, sin limitarse a los tiempos y la lejanía territorial de la institución educativa.

La información aquí presentada nos conduce a sugerir que los laboratorios virtuales son una excelente oportunidad para involucrar a los estudiantes con la tecnología y en paralelo, evitar interrupciones imprevistas, como sucedió en los años 2020 y 2021 debido a la pandemia. Este hecho está en concordancia con Vasiliadou (2020) y Araujo et al. (2020), quienes afirman que a pesar de todos los desafíos que involucran aplicar los laboratorios virtuales y modelamientos *in silico*, existen ventajas en la educación moderna tanto a nivel de satisfacción como en el cumplimiento de los objetivos del aprendizaje. Mientras Castro et al. (2020), indican que el trabajo docente incluye buscar estrategias de enseñanza-aprendizaje en tiempos de no presencialidad. Así nosotros, apostamos a la aplicación de nuevas experiencias de formación de profesionales, y a resaltar la importancia de cómo las impotencias las convertimos en una oportunidad de mejora sobre nuestra labor docente.

Luego de finalizar el semestre los estudiantes fueron evaluados a través de una encuesta la misma que nos permitió conocer la percepción que tenían sobre la utilidad de los laboratorios virtuales y la aplicación de nuevas herramientas tecnológicas, a través del uso de equipos computacionales, softwares y programas que modelan los sistemas biológicos después de haber cursado la materia de biotecnología. Los resultados fueron satisfactorios, puesto que las preguntas que estaban

relacionadas con el nivel de complejidad para familiarizarse con las herramientas bioinformáticas alcanzaron un 73,81%, esto favoreció a la hora de aplicar los conocimientos recibidos en clase, con un 76,79% a favor de los laboratorios virtuales como herramientas de aprendizaje. Aunque a la hora de responder si alcanzó un aprendizaje de alto nivel que va a la par con el desarrollo tecnológico, sólo un 45,24% respondió afirmativamente. Las preguntas que estaban relacionadas con la utilidad de los laboratorios virtuales y modelamientos in silico en tiempos difíciles de no presencialidad como alternativa a la enseñanza-aprendizaje indicaron un 70,83% que recomendarían este tipo de enseñanza. Esta respuesta fue fortalecida al preguntar si tuviera la oportunidad de realizar experimentos de carácter biotecnológico, acudiría primero a los laboratorios virtuales y modelamientos in silico, el 80,95% indicó que estaban de acuerdo. Esta respuesta conduce a entender que los estudiantes conocen que no hay trabajo biotecnológico que no aplique primero un análisis bioinformático in silico previo a su experimentación práctica. Para finalizar la encuesta, los estudiantes dejaron claro con un 57,15%, que en la enseñanza-aprendizaje de la materia de biotecnología es fundamental el trabajo experimental presencial. Estos resultados están en concordancia con Mas' ud et al. (2022), quienes basados en la percepción de los estudiantes a través de encuestas reconocen que los estudiantes eligen que el aprendizaje en los laboratorios presenciales es más efectivo que los laboratorios virtuales. Mientras las percepciones, experiencias y actitudes de la enseñanza mediante laboratorios virtuales evaluadas en las encuestas aplicadas por Aldwairi (2022), respaldan la adopción y aceptación de los laboratorios virtuales. De forma general, el aprendizaje basado en laboratorios virtuales y modelamientos in silico aplicados en la materia de biotecnología tuvo un impacto positivo. Estos resultados están en concordancia con Saputri & Saifuddin (2022), quienes demostraron a través de cuestionarios que un 75% de los estudiantes dieron una percepción positiva sobre la enseñanza mediante laboratorios virtuales.

Por otra parte, Asraf et al. (2022) indican que las modernas herramientas bioinformáticas, bases de datos y software fueron eficientes para resolver problemas de costos y tiempo en el desarrollo de prácticas de laboratorio de biología presencial que no se pudieron hacer durante el período de cierre en tiempos de la pandemia COVID-19. Este hecho, abre las puertas a investigadores y estudiantes de las ciencias biológicas de todo el mundo a desarrollar proyectos de investigación basados en e-Learning.

De acuerdo con Araujo et al. (2020), en Ecuador como varios países del mundo se introdujo la enseñanza en línea de manera repentina a causa de la Pandemia COVID-19, lo cual nos condujo a la búsqueda de nuevas estrategias de enseñanza-aprendizaje que hoy se han convertido en un catalizador para el cambio educativo. Así también, lo confirman Ripoll et al. (2021), que en el aprendizaje de las ciencias biológicas en el mundo han cambiado a métodos basados en laboratorios virtuales y modelamientos in silico produciendo un gran impacto positivo en la educación superior. Nuestro trabajo es importante porque se demuestra la utilidad de los laboratorios virtuales y modelamientos in silico como un mecanismo de enseñanza aprendizaje en el contexto virtual en tiempos de pandemia COVID-19 a estudiantes de biotecnología de la Universidad Estatal Península de Santa Elena. Este hecho, puede tener un impacto favorable en la enseñanza de biotecnología en los próximos cursos académicos en tiempo de no presencialidad o de presencialidad.

CONCLUSIÓN

La aplicación de modelamientos in silico permitieron simular procesos biológicos experimentales y comprender la materia de biotecnología de manera efectiva en tiempos de no presencialidad, destacando que las herramientas virtuales son una buena alternativa para la enseñanza-aprendizaje de la materia.

Las herramientas virtuales desempeñaron un papel crucial en la formación profesional contemporánea, las plataformas de aprendizaje en línea, los simuladores virtuales y las aplicaciones interactivas no

solo facilitaron el acceso a recursos educativos de alta calidad, sino que también ofrecieron entornos de aprendizaje dinámicos y adaptativos, más aún en situaciones imprevistas como una pandemia, garantizando la continuidad de la educación y formación profesional.

La integración de tecnologías virtuales demostró ser esencial para mantener altos estándares educativos, incluso en situaciones adversas, asegurando una formación integral y de calidad.

REFERENCIAS

Albarello, F. J., Hernando Arri, F., & García Luna, A. L. (2021). El uso del smartphone para la gestión del trabajo colaborativo en estudiantes de educación superior argentina durante la pandemia del COVID-19. *Contratexto*, (36), 65-85. <http://dx.doi.org/10.26439/contratexto2021.n036.5195>

Aldwairi, M. (2022). Evaluating virtual laboratory platforms for supporting on-line information security courses. arXiv preprint. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2208.12612>

Ali, N., Ullah, S., & Khan, D. (2022). Interactive Laboratories for Science Education: A Subjective Study and Systematic Literature Review. *Multimodal Technologies and Interaction*, 6(10), 85. <https://doi.org/10.3390/mti6100085>

Araujo, L. E., Ochoa, J. F., & Vélez, C. (2020). El claroscuro de la universidad ecuatoriana: los desafíos en contextos de la pandemia de COVID-19. *Revista Digital de Investigación en Docencia Universitaria*, 14(2). <https://dx.doi.org/10.19083/ridu.2020.1241>

Asraf, S. S., Sivakkanni, A., Sneha, M., Janani, S., Jashin, P., & Jemimal, A. M. (2022). In Silico Based Bioinformatics Project During the COVID-19 Lockdown Period: An Alternative to Wet Lab Study. *Journal of Engineering Education Transformations*, 35(3). Recuperado de <https://sciresol.s3.us-east-2.amazonaws.com/srs-j/jeet/pdf/volume-35/Issue-3/JEET%20Final%2026%20January%202022-82-87.pdf>

Atawodi, S., Atawodi, J., & Dzikwi, A. (2010). Polymerase chain reaction: Theory, practice and application: A review. *Sahel Medical Journal*, 13(2), 54-63. Recuperado de <http://hdl.handle.net/123456789/2607>

Bączek, M., Zagańczyk-Bączek, M., Szpringer, M., Jaroszyński, A., & Woźakowska-Kapłon, B. (2021). Students' perception of online learning during the COVID-19 pandemic: a survey study of Polish medical students. *Medicine*, 100(7). doi: 10.1097/MD.00000000000024821

Byukusenge, C., Nsanganwimana, F., & Tarmo, A. P. (2022). Effectiveness of Virtual Laboratories in Teaching and Learning Biology: A Review of Literature. *International Journal of Learning, Teaching and Educational Research*, 21(6), 1-17. <https://doi.org/10.26803/ijlter.21.6.1>

Castro, M. S., Paz, M. L., & Cela, E. M. (2020). Aprendiendo a enseñar en tiempos de pandemia COVID-19: nuestra experiencia en una universidad pública de Argentina. *Revista digital de investigación en docencia universitaria*, 14(2). <http://dx.doi.org/10.19083/ridu.2020.1271>

Chen, H. H., He, Y. J., Liang, M. H., Yan, B., & Jiang, J. G. (2022). The expression pattern of β -carotene ketolase gene restricts the accumulation of astaxanthin in *Dunaliella* under salt stress. *Journal of cellular physiology*, 237(2), 1607–1616. <https://doi.org/10.1002/jcp.30647>

Couso, I., Vila, M., Rodriguez, H., Vargas, M. A., & León, R. (2011). Overexpression of an exogenous phytoene synthase gene in the unicellular alga *Chlamydomonas reinhardtii* leads to an increase in the content of carotenoids. *Biotechnology progress*, 27(1), 54-60. <https://doi.org/10.1002/btpr.527>

D'Arcy, D. M., Van Pham, T. T., Bachiller, M. N., Fotaki, N., & Persoons, T. (2020). Using in silico process simulation tools in pharmacy education: Considerations for pivoting to online learning. *Pharmacy Education*, 20(2), 124-135. <https://doi.org/10.46542/pe.2020.202.124135>

Dunne, J., & Ryan, B. (2010). Improving the undergraduate laboratory learning experience through redesigned teaching and assessment strategies integrating transferable skills and focusing on feedback. *Teaching Fellowships*, 21, 1-8. Recuperado de <https://arrow.tudublin.ie/fellow/21>

Gajda, M. J. (2013). hpdb–haskell library for processing atomic biomolecular structures in protein data bank format. *BMC research notes*, 6(1), 1-7. doi:10.1186/1756-0500-6-483

Galarza, J. I., Delgado, N., & Henríquez, V. (2016). Cisgenesis and intragenesis in microalgae: promising advancements towards sustainable metabolites production. *Applied microbiology and biotechnology*, 100. <https://doi.org/10.1007/s00253-016-7948-z>

Galarza, J. I., Gimpel, J. A., Rojas, V., Arredondo-Vega, B. O., & Henríquez, V. (2018). Over-accumulation of astaxanthin in *Haematococcus pluvialis* through chloroplast genetic engineering. *Algal research*, 31, 291-297. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2018.02.024>

Galarza, J., Crespín, K., & Tufiño, C. (2020). Rapid Molecular Identification of *Tetraselmis* Using Enzymatic Digestion of the 18S rDNA Gene. *International Journal of Genetics and Genomics*, 8(3), 114. doi: 10.11648/j.ijgg.20200803.14

Hodges, C. M., Moore, S. S., Lockee, B., Trust, T., & Bond, A. (2020). The difference between emergency remote teaching and online learning. *Educause Review*. Virginia Tech Online. Recuperado de <http://hdl.handle.net/10919/104648>

Jakimiuk, K., Sari, S., Milewski, R., Supuran, C. T., Şöhretoğlu, D., & Tomczyk, M. (2022). Flavonoids as tyrosinase inhibitors in in silico and in vitro models: Basic framework of SAR using a statistical modelling approach. *Journal of Enzyme Inhibition and Medicinal Chemistry*, 37(1), 427-436. <https://doi.org/10.1080/14756366.2021.2014832>

Kapilan, N., Vidhya, P., & Gao, X. Z. (2021). Virtual laboratory: A boon to the mechanical engineering education during covid-19 pandemic. *Higher Education for the Future*, 8(1), 31-46. <https://doi.org/10.1177/2347631120970757>

Lai, A., Bergna, A., Acciarri, C., Galli, M., & Zehender, G. (2020). Early phylogenetic estimate of the effective reproduction number of SARS-CoV-2. *Journal of medical virology*, 92(6), 675-679. <https://doi.org/10.1002/jmv.25723>

Liang, M. H., Xie, S. R., Dai, J. L., Chen, H. H., & Jiang, J. G. (2023). Roles of Two Phytoene Synthases and Orange Protein in Carotenoid Metabolism of the β -Carotene-Accumulating *Dunaliella salina*. *Microbiology Spectrum*. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00069-23>

Lorenz, S., Amsel, A. K., Puhmann, N., Reich, M., Olsson, O., & Kümmerer, K. (2021). Toward application and implementation of in silico tools and workflows within benign by design approaches. *ACS Sustainable Chemistry & Engineering*, 9(37), 12461-12475. <https://doi.org/10.1021/acssuschemeng.1c03070>

Makransky, G., Mayer, R. E., Veitch, N., Hood, M., Christensen, K. B., & Gadegaard, H. (2019). Equivalence of using a desktop virtual reality science simulation at home and in class. *Plos one*, 14(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214944>

Mas' ud, A., Sundari, S., & Azahraa, I. F. (2022). Characteristics and Effectiveness of Blended Learning Through Reality Laboratory and Virtual Laboratory Activities in Genetics Course. *Journal of Biology Learning*, 4(1), 31-38. <https://doi.org/10.32585/jbl.v4i1.2205>

Mhlanga, D., & Moloi, T. (2020). COVID-19 and the digital transformation of education: What are we learning on 4IR in South Africa?. *Education sciences*, 10(7). <https://doi.org/10.3390/educsci10070180>

Pillacela, B., Galarza, J., & Tufiño, C. (2020). Reliability of in silico Modeling Based on Restriction Patterns for the Study of the Carotenogenic Gene *pds* of *Haematococcus* sp. *International Journal of Microbiology and Biotechnology*, 5(1), 16-21. doi: 10.11648/j.ijmb.20200501.13

Polle, J. E., Calhoun, S., McKie-Krisberg, Z., Prochnik, S., Neofotis, P., Yim, W. C., ... & Magnusson, J. K. (2020). Genomic adaptations of the green alga *Dunaliella salina* to life under high salinity. *Algal Research*, 50. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2020.101990>

Raaen, K., Sørsum, H., & Gonzalez, R. (2020). IT bachelor capstone project during lockdown: Student experiences. In *Norsk IKT-konferanse for forskning og utdanning* (No. 4). Recuperado de <https://ojs.bibsys.no/index.php/NIK/article/view/818>

Rashidovna, M. F., Sobirovich, S. S., & Nematovich, H. I. (2023). Analysis of Existing Virtual Laboratories. *New Scientific Trends and Challenges*, 78-83. Recuperado de <https://openconference.us/index.php/trends/article/view/524>

Ripoll, V., Godino-Ojer, M., & Calzada, J. (2021). WITHDRAWN: Teaching Chemical Engineering to Biotechnology students in the time of COVID-19: Assessment of the adaptation to digitalization. *Education for Chemical Engineers*, 34, 94-105. <https://doi.org/10.1016/j.ece.2020.11.001>

Rolak, S., Keefe, A. M., Davidson, E. L., Aryal, P., & Parajuli, S. (2020). Impacts and challenges of United States medical students during the COVID-19 pandemic. *World journal of clinical cases*, 8(15). doi: 10.12998/wjcc.v8.i15.3136

Rose, S. (2020). Medical student education in the time of COVID-19. *Jama*, 323(21). doi:10.1001/jama.2020.5227

Saputri, E. Z., & Saifuddin, M. F. (2022). Student Perception on Biology Subject Using Virtual Laboratory. *Indonesian Journal of Biology Education*, 4(2), 1-6. <http://dx.doi.org/10.31002/ijobe.v4i2.4522>

Shi, T. Q., Wang, L. R., Zhang, Z. X., Sun, X. M., & Huang, H. (2020). Stresses as first-line tools for enhancing lipid and carotenoid production in microalgae. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2020.00610>


Sriadhi, S., Hamid, A., & Restu, R. (2022). Web-based virtual laboratory development for basic practicums in science and technology. *TEM Journal*, 11(1), 396. Recuperado de <https://www.ceeol.com/search/article-detail?id=1026151>

Varchetta, M., Frascchetti, A., Mari, E., & Giannini, A. M. (2020). Adicción a redes sociales, Miedo a perderse experiencias (FOMO) y Vulnerabilidad en línea en estudiantes universitarios. *Revista Digital de Investigación en Docencia Universitaria*, 14(1). <http://dx.doi.org/10.19083/ridu.2020.1187>

Vasiliadou, R. (2020). Virtual laboratories during coronavirus (COVID-19) pandemic. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, 48(5), 482-483. <https://doi.org/10.1002/bmb.21407>

Wan, C., Chen, B. L., Zhao, X. Q., & Bai, F. W. (2019). Stress response of microalgae and its manipulation for development of robust strains. *Microalgae Biotechnology for Development of Biofuel and Wastewater Treatment*, 95-113. doi:10.1007/978-981-13-2264-8_5

Xu, Y., & Harvey, P. J. (2019). Red Light Control of β -Carotene Isomerisation to 9-cis β -Carotene and Carotenoid Accumulation in *Dunaliella salina*. *Antioxidants* (Basel, Switzerland), 8(5). <https://doi.org/10.3390/antiox8050148>

Todo el contenido de **LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades**, publicados en este sitio está disponibles bajo Licencia [Creative Commons](#) .