



Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de
las Ciencias
ISSN: 1697-011X
revista.eureka@uca.es
Universidad de Cádiz
España

Construcción de modelos de Ingeniería Genética a través de la programación con Scratch

Fussero, Gimena B.; Ocelli, Maricel

Construcción de modelos de Ingeniería Genética a través de la programación con Scratch
Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias, vol. 19, núm. 2, 2022
Universidad de Cádiz, España

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=92069718010>

DOI: https://doi.org/10.25267/Rev_Eureka_ensen_divulg_cienc.2022.v19.i2.2802

Construcción de modelos de Ingeniería Genética a través de la programación con Scratch

Construction of Genetics Engineering models through programming with Scratch

Gimena B. Fussero

Departamento de Enseñanza de la Ciencia y la Tecnología.

Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales.

Universidad Nacional de Córdoba, Argentina

gimenafussero@unc.edu.ar

 <https://orcid.org/0000-0003-0213-0637>

DOI: <https://doi.org/10.25267/>

Rev_Eureka_ensen_divulg_cienc.2022.v19.i2.2802

Redalyc: [https://www.redalyc.org/articulo.oa?](https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=92069718010)

id=92069718010

Maricel Ocelli

Departamento de Enseñanza de la Ciencia y la Tecnología.

Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales.

Universidad Nacional de Córdoba, Argentina

maricel.ocelli@unc.edu.ar

 <https://orcid.org/0000-0002-4516-0644>

Recepción: 30 Diciembre 2020

Revisado: 18 Septiembre 2021

Aprobación: 16 Marzo 2022

RESUMEN:

En este artículo se presenta una investigación centrada en la modelización y en la programación para el aprendizaje de la Ingeniería Genética (IG) en la escuela secundaria. Se diseñó, implementó y analizó una secuencia didáctica en torno a la construcción de insulina recombinante en donde el estudiantado debía realizar modelos programando en Scratch. Los modelos construidos se caracterizaron a partir de tres categorías teóricas vinculadas a modelos biológicos: continuidad, interacción y transformación e integración. De esta manera se obtuvieron tres tipologías de modelos en donde en cada tipo se encuentran representadas las categorías analizadas en diferentes grados de desarrollo. Los estudiantes lograron conceptualizar la IG y la modelización les permitió expresar los factores y procesos necesarios para la construcción de una molécula de ADNr (ADN recombinante) mediante IG.

PALABRAS CLAVE: Prácticas científicas, Modelos, Insulina, Genética, Investigación de diseño.

ABSTRACT:

This article presents a research focused on modeling and programming for the learning to Genetics Engineering (GI) in the high school. We designed, implemented and analyzed a didactic sequence around the construction of recombinant insulin in which the students had to build models by programming in Scratch. The models constructed were characterized from three theoretical categories linked to biological models: continuity, interaction and transformation and integration. Were obtained three types of models, in each type of model the categories analyzed were found in different levels of development. The students were able to conceptualize the GI and the modeling allowed them express the factors and processes necessary for the construction of rDNA molecule (recombinant DNA) using GI.

KEYWORDS: Scientific practices, Models, Insulin, Genetic, Design research.

INTRODUCCIÓN

Una temática que resulta de gran interés en la educación científica es la IG ya que su abordaje brinda oportunidades para trabajar diversas problemáticas científicas a través del análisis de dilemas que se derivan de las aplicaciones de la IG (France 2020, Gardner y Troelstrup 2015, Ocelli y Valeiras 2021, Reiss 2018, Ruiz, López-Banet y Ayuso 2021). También permite el tratamiento de conceptos relacionados a la epigenética ya

que diariamente se publican nuevas investigaciones sobre mecanismos epigenéticos que son incluidos en los proyectos de IG (Jablonka y Lamb 2013) evitando el determinismo biológico (Puig y Jiménez Aleixandre 2015). Para su comprensión, la IG requiere de la construcción de conceptos genéticos que implican diferentes niveles de abstracción y la modelización podría favorecer el desarrollo de modelos explicativos de dichos conceptos.

La modelización como práctica científica ha sido considerada en un gran número de investigaciones evidenciando la importancia de su inclusión en la educación en ciencias (Gilbert y Justi 2018, Oliva 2019). Las actividades centradas en prácticas científicas generan oportunidades para que el estudiantado participe en actividades cognitivas y sociales, desarrolle razonamientos y habilidades propias de la ciencias y se acerque a cómo se construye el conocimiento científico (Crujeiras Pérez y Jiménez Aleixandre 2015, Osborne 2014).

Una herramienta que permite modelizar procesos complejos vinculados a la IG es la programación (Vázquez-Cano y Ferrer Delgado 2015). La programación no se trata solo de una competencia cognitiva que se utiliza para escribir códigos, sino también de una competencia social y cultural requerida para participar en grupos (Valverde Berrocoso, Fernández Sánchez y Garrido Arroyo 2015). Al respecto, la comunidad de programadores en el lenguaje Scratch constituye uno de los más grandes colectivos de programación.

A partir de las posibilidades que brindan los lenguajes de programación y considerando que la modelización exige un alto grado de abstracción, surge el interés de incorporar Scratch en el diseño de secuencias didácticas que impliquen la construcción de una secuencia didáctica para la modelización de la IG a través de la programación en Scratch. Los objetivos de la investigación que se presentan en este trabajo son los siguientes:

- Determinar los conocimientos de IG que construye el estudiantado al participar de la secuencia didáctica.
- Identificar en los proyectos de Scratch los modelos conceptuales de IG construidos por el estudiantado.

MARCO TEÓRICO

La modelización en la Enseñanza de las Ciencias

El objetivo de la educación científica no es crear nuevos conocimientos, sino más bien ayudar al estudiantado a comprender un cuerpo de conocimientos existentes, consensuados y acordados (Osborne 2014, Schwarz, Reiser, Davis, Kenyon, Achér, Fortus, Shwartz, Hug y Krajcik, 2009). Para aproximarse a ello, las prácticas científicas pueden incluirse en las clases de ciencia a través de actividades cognitivas, discursivas y sociales que le permita al estudiantado desarrollar razonamientos, habilidades y argumentaciones propias de la ciencia (Osborne 2014). Desde esta perspectiva, se plantea la necesidad de generar situaciones escolares que incluyan prácticas de indagación, modelización y argumentación del mismo modo en que se encuentran presentes en la comunidad científica (Crujeiras Pérez y Jiménez Aleixandre 2015).

En esta investigación se consideran a los modelos según la concepción semanticista donde son entendidos como construcciones representacionales mediadoras entre el campo teórico y el campo empírico (Adúriz-Bravo 2013). De esta manera los modelos a enseñar proporcionan una representación de los modelos científicos producto de la transposición didáctica (Oliva 2019).

En los últimos años, la modelización como práctica científica ha sido considerada en un gran número de investigaciones en la didáctica de las ciencias evidenciando la importancia de su inclusión en la educación (Bahamonde y Gómez Galindo 2016, Blanco-Anaya y Díaz de Bustamente 2017, Gilbert y Justi 2018). Aquí entendemos a la modelización como un proceso que promueve aprendizajes al trabajar con modelos, desde su construcción, expresión, aplicación, revisión, modificación o cambio por otros (Justi y Gilbert 2002). En diversas investigaciones se han propuesto diferentes maneras de llevar a cabo la práctica de la modelización en ámbitos escolares y ámbitos científicos (Blanco-Anaya y Díaz de Bustamente 2017, Oliva 2019) donde los esquemas propuestos son coherentes con la función de los modelos enunciada por Giere (1999).

Al resolver actividades de modelización, los estudiantes realizan una constante expresión, revisión y modificación de sus ideas para llegar a la construcción de los modelos (Blanco-Anaya y Díaz de Bustamante 2017). En tal sentido, la integración de la modelización para abordar desarrollos científico-tecnológicos que impactan en la vida cotidiana pueden constituirse en una oportunidad para formar a una ciudadanía crítica (Treagust y Tsui 2013). En particular, nos interesan las innovaciones de IG que generan debates y discusiones que implican y exigen para su participación conocimientos específicos de este campo científico.

La enseñanza de la Ingeniería Genética

La importancia de la educación en IG ha sido reconocida en varios marcos curriculares en todo el mundo (Yarden y Yarden 2013) siendo incluida en los currícula de muchos países en el marco de la Biotecnología (Ruiz *et al.* 2021, France 2020) y en particular para Argentina esta inclusión tuvo lugar desde el año 1993 a través de la Ley Federal de Educación N° 24.145 (Occelli y Valeiras 2021). Sin embargo, diversas investigaciones registran dificultades del estudiantado para la comprensión de esta temática y el avance de las investigaciones en este campo no se condice con el tratamiento que estos conceptos reciben en la educación secundaria (Ruiz *et al.* 2021). Uno de los problemas más significativos radica en que los métodos de la biología molecular involucrados en la IG son desconocidos para la mayoría de los estudiantes y a su vez involucran conceptos abstractos (Yarden y Yarden 2013). Este contexto fomentó el desarrollo de diversas investigaciones para resolver los interrogantes respecto a la enseñanza y al aprendizaje de la IG (France 2020, Gardner y Troelstrup 2015, Occelli y Valeiras 2021, Reinagael y Speth 2016, Reiss 2018, Ruiz, Banet y López-Banet 2017, Ruiz *et al.* 2021). En ellas se destaca la falta de conceptualización de la IG, las dificultades sobre conocimientos básicos sobre genética y microbiología implicados en la IG, el conocimiento del término IG pero no su comprensión ni de los procesos que involucra, confusión entre los conceptos de organismo modificado genéticamente y organismo transgénico, actitudes de aceptación dependiendo del organismo involucrado y del campo de aplicación, el desconocimiento respecto al uso de transgénicos de la vida cotidiana, una correlación positiva entre las actitudes hacia los productos y procesos de la IG y el conocimiento respecto a sus derivados, el desconocimiento de cómo se realiza la evaluación de los riesgos de las aplicaciones biotecnológicas, escaso conocimiento sobre el concepto de ADN, su transmisión y el pensamiento multinivel necesarios para comprender la expresión génica. En función de ello, se considera necesario que el estudiantado construya no sólo los conocimientos genéticos básicos sino también conocimientos específicos de casos reales y la IG se constituye en un campo para aproximarse a dichos conocimientos.

Los recursos digitales y la programación en la enseñanza de la Ingeniería Genética

La IG plantea temáticas vinculadas a los desafíos actuales de la alfabetización científica y demanda la comprensión de muchos procesos y agentes biológicos microscópicos que requieren de altos niveles de abstracción para su entendimiento (France 2020). En ese escenario, la modelización se presenta como una vía para mejorar la comprensión de los procesos que no son visibles a simple vista y que tienen lugar en diferentes niveles. Asimismo, diversas investigaciones destacan que se utilizan animaciones y simulaciones en la enseñanza de las ciencias, especialmente para enseñar procesos dinámicos (Domènech-Casal 2020, Treagust y Tsui 2013). En esta línea, las representaciones multinivel que ofrecen las simulaciones presentan posibilidades para fomentar el aprendizaje basado en modelos (Buckley y Quellmalz 2013). Cuando una animación simula procesos reales permite que el estudiantado ejecute experimentos virtuales que de otra manera no serían factibles en un laboratorio escolar y les permite enfocarse en conceptos abstractos

particulares (Yarden y Yarden 2013). También existe coincidencia en que la visualización y la modelización constituyen un componente importante en el desarrollo de la ciencia (Gilbert 2004).

En este entorno tener la habilidad de manejar el lenguaje de las computadoras se considera un nuevo alfabetismo indispensable para participar de la realidad digital (Román-González, Pérez-González y Jiménez-Fernández 2016). La programación es una competencia cognitiva que se utiliza para codificar y también es una competencia social y cultural que se usa para participar en grupos y una de las mayores comunidades la representa Scratch. Según Resnick y Rusk (2020) Scratch está siendo introducido en el currículum de diversos países porque fomenta el pensamiento creativo y el desarrollo del pensamiento computacional al ofrecer actividades cuya resolución implica poner en juego una perspectiva creativa, investigativa y exploratoria. Asimismo, las clases de Biología son contextos ideales para el desarrollo del pensamiento computacional porque los procesos biológicos son considerados sistemas y comprender cómo funciona un sistema requiere de pensamiento algorítmico y habilidades de resolución de problema para construir modelos que permitan explicar y predecir (Peel y Friedrichsen 2018). De hecho, en la construcción del conocimiento científico, la relación entre las computadoras y las simulaciones reorientó las prácticas de la comunidad científica introduciendo nuevas formas de producción científica (Lenhard, Küppers y Shinn 2007). Considerando lo anterior, Scratch se constituye como una herramienta para mediar la modelización en la construcción del conocimiento científico escolar.

METODOLOGÍA

Esta investigación se desarrolló con la metodología conocida como *Investigaciones basadas en diseño* las cuales se orientan a generar conocimientos tendientes a mejorar las prácticas de enseñanza estrechando la relación entre la práctica educativa y la teoría. El objetivo se centra en comprender la ecología de aprendizaje y desarrollar conocimientos que permitan analizar y transformar a otros contextos educativos asentando el estrecho vínculo entre la enseñanza y el aprendizaje de un tema en particular (Guisasola y Oliva 2020).

Las investigaciones de este corte se caracterizan por responder a dos tipos de metas. Una meta pedagógica vinculada a los procesos que se buscan promover con el estudiantado que participa del diseño y una meta teórica referida al conocimiento que se espera construir a partir del análisis de los datos obtenidos (Ponte, Carvalho, Mata-Pereira y Quaresma 2016). En este estudio la meta pedagógica se refiere a fomentar aprendizajes de IG a partir de la modelización. Desde la meta teórica se busca aportar conocimiento acerca de la construcción de conceptos y modelos referentes a la IG a partir de situaciones contextualizadas.

Contexto de toma de datos

La investigación se llevó adelante en una escuela secundaria, de gestión privada, ubicada en la ciudad de Córdoba (Argentina). Se trabajó en un 5° año (entre 16 y 17 años de edad) con orientación Ciencias Naturales, en el espacio curricular de Biología organizado en dos clases semanales, una de 80 minutos y otra de 40 minutos. La investigadora (quien es la primera autora de este trabajo) y la docente del curso co-diseñaron la secuencia y fue esta última quien la implementó. Se desarrollaron dos ciclos iterativos en dos años lectivos consecutivos. En el primer ciclo participaron 35 estudiantes y en el segundo ciclo el grupo estuvo compuesto por 34 estudiantes. Los resultados del primer ciclo permitieron evaluar el diseño, reformular la propuesta y llevar adelante el segundo ciclo iterativo que es el que se presenta con detalle en este artículo.

Fases de investigación

La investigación se organizó en tres fases: preparación, implementación y análisis (Guisasola y Oliva 2020).

Fase de preparación: Se diseñó la secuencia didáctica de modo colaborativo entre la docente del curso y la investigadora tomando como eje la construcción de insulina recombinante (http://www.proy.bioweb-educ.a.efn.uncor.edu/?page_id=368). Para el diseño de las actividades se siguió el modelo propuesto por Thieman y Palladino (2010) quienes mencionan el siguiente esquema para la construcción de una molécula de ADNr:

1. Identificación y generación de fragmentos de ADN (gen de interés) utilizando enzimas de restricción.
2. Elección de un vector y su posterior corte con las enzimas de restricción utilizadas para aislar el gen de interés.
3. Unión del gen de interés y el vector, utilizando la enzima ligasa, formando la molécula de ADNr.
4. Las moléculas de ADNr se transfieren a una célula huésped (normalmente una bacteria) en el proceso conocido como transformación.
5. Dentro de las células huésped se produce la replicación de las moléculas de ADNr, es decir se producen clones.
6. Finalmente se produce la extracción y purificación del producto.

También se diseñaron los instrumentos que permitieron la recolección de los datos. Se construyeron cuestionarios a modo de pre y post test (http://www.proy.bioweb-educ.a.efn.uncor.edu/?page_id=368) que fueron realizados de manera individual por cada estudiante. Ambos cuestionarios fueron validados por dos expertas en metodología de la investigación educativa y por un grupo de estudiantes de 5° año pertenecientes a otro curso de la misma institución que participaron de manera voluntaria.

Las actividades se plantearon de manera que el estudiantado pudiera integrar conocimientos desarrollados durante su trayectoria educativa. Una vez seleccionados los contenidos específicos se comenzaron a delimitar las actividades. Se tomó como referencia un estudio de caso de enseñanza de las ciencias propuesto por Shaffer (2013) donde se realiza un recorrido desde los primeros tratamientos para la diabetes hasta la producción de insulina recombinante como desarrollo científico-tecnológico.

En el primer ciclo, el diseño se organizó en cuatro clases que transcurrieron durante dos semanas. Las etapas de modelización que se observaron en este ciclo fueron: la elección de signos, códigos y un lenguaje para la posterior construcción del modelo y su expresión en diferentes lenguajes (Oliva 2019). A su vez, se identificó una tendencia a presentar explicaciones genéticas deterministas en los modelos construidos. Estos resultados permitieron evaluar el diseño y reformularlo considerando dos cuestiones. Por un lado, se estructuró un diseño que permitiera un acercamiento más profundo al proceso biológico y la inclusión de otras etapas del ciclo de modelización no incluidas en la primera secuencia (justificación, familiarización y puesta a prueba) (Oliva 2019) lo cual nos llevó a extender la propuesta a cinco semanas de clases. Por otro, se agregaron actividades que incorporan a la epigenética en el desarrollo y el tratamiento de la diabetes para evitar visiones deterministas.

Fase de implementación: en el segundo ciclo la secuencia fue implementada durante cinco semanas consecutivas (Tabla 1). La totalidad de las actividades tuvieron lugar en la sala de informática de la institución donde cada grupo de estudiantes, compuesto por dos integrantes, contaba con una computadora para el desarrollo de las consignas (Figura 1). Las instancias de trabajo individual no involucraban el uso de computadoras. Al comenzar cada clase la docente indicaba las actividades a realizar. Durante toda la secuencia se realizó un registro de campo de la dinámica de las clases.

TABLA 1

Se muestran las actividades realizadas por el estudiantado durante cada semana y los instrumentos y estrategias que permitieron el registro de los datos.

SEMANA	OBJETIVOS	ETAPAS DE MODELIZACIÓN	SECUENCIA DIDÁCTICA	ACTIVIDADES DE REGISTRO
1	<ul style="list-style-type: none"> -Conocer a la programación a través de un lenguaje de programación visual (Scratch). -Reconocer a la síntesis de proteínas representada en Scratch. 	Propósito de un nuevo modelo sobre un fenómeno.	<ul style="list-style-type: none"> -Contacto con Scratch (login y reconocimiento de la interfaz). -Identificación de un proceso biológico (Síntesis de proteínas) representado a través de Scratch. 	<ul style="list-style-type: none"> -Pre test. -Notas de campo de las observaciones de clase. -Análisis documental.
2	<ul style="list-style-type: none"> -Resignificar al genoma humano utilizando los conocimientos referentes al código genético. -Interpretar contenidos relacionados al código genético a través de su representación en Scratch. -Conocer los principales hechos que dieron lugar al descubrimiento de la insulina. 	Familiarización con el objeto o fenómeno.	<ul style="list-style-type: none"> -Observación de un video (Genoma humano). -Recuperación de contenidos desarrollados en la asignatura. -Modificación de un proyecto en Scratch (Código genético). -Observación de un video (Descubrimiento de la insulina). 	<ul style="list-style-type: none"> -Notas de campo de las observaciones de clase. -Análisis documental. -Análisis de los proyectos elaborados en Scratch.
3	<ul style="list-style-type: none"> -Identificar los principales procesos y factores involucrados en la construcción de una molécula de ADN_r en los desarrollos de la IG. -Diseñar un proyecto en Scratch que muestre la obtención de insulina recombinante a través de la IG. -Reflexionar sobre sus modelos iniciales. 	Elección de un sistema de signos y códigos.	<ul style="list-style-type: none"> -Lecturas y observación de videos (IG). -Comienzo de la construcción del proyecto en Scratch (Obtención de la insulina recombinante). -Actividades de seguimiento de su propio proyecto. 	<ul style="list-style-type: none"> -Notas de campo de las observaciones de clase. -Análisis documental. -Análisis de los proyectos elaborados en Scratch.
4	<ul style="list-style-type: none"> -Emplear Scratch para expresar la obtención de insulina recombinante a través de la IG. -Reflexionar sobre sus modelos analizando los factores y los procesos biológicos presentes en sus proyectos. 	Elaboración de una primera versión del modelo eligiendo un formato.	<ul style="list-style-type: none"> -Continuación de la construcción del proyecto en Scratch. -Análisis de componentes y procesos biológicos incluidos en el proyecto. 	<ul style="list-style-type: none"> -Notas de campo de las observaciones de clase. -Análisis documental. -Análisis de los proyectos elaborados en Scratch.
5	<ul style="list-style-type: none"> -Reflexionar sobre sus propios modelos, y sobre modelos de sus compañeros, analizando los factores y los procesos biológicos presentes, con fines metacognitivos. -Reconstruir proyectos en Scratch que incluyan componentes epigenéticos en el desarrollo de la diabetes. 	Puesta a prueba del modelo.	<ul style="list-style-type: none"> -Finalización del proyecto en Scratch. -Actividades de seguimiento de su propio proyecto y el de compañeros. -Actividad componentes epigenéticos de la diabetes (Anexo). -Modificación de un proyecto (Epigenética). 	<ul style="list-style-type: none"> -Notas de campo de las observaciones de clase. -Análisis documental. -Análisis de los proyectos elaborados en Scratch. -Post test. -Entrevistas a grupos focales.



FIGURA 1

Sala de informática donde el grupo de estudiantes llevó a cabo la totalidad de las actividades. Se puede observar instancias en donde trabajaron en grupos de dos estudiantes.

Fase de análisis: con el propósito de cumplir con los objetivos de la investigación buscando aportar conocimientos acerca de la construcción de conceptos y modelos referentes a la IG a partir de situaciones contextualizadas (meta teórica) se llevó a cabo una triangulación metodológica a partir de la información aportada por las diferentes estrategias de recolección utilizadas durante la fase de implementación. Las categorías de análisis surgieron de la regularidad de los datos obtenidos y de la comparación de los mismos con investigaciones similares a esta.

Para identificar en los proyectos de Scratch los modelos conceptuales de IG construidos por el estudiantado se adaptaron categorías propuestas por Bahamonde y Gómez Galindo (2016) resultando las siguientes ideas: *continuidad* (la construcción de una molécula de ADN_r como un proceso continuo); *interacción* (la construcción de una molécula de ADN_r requiere de la participación e interacción controlada de diferentes factores) y *transformación e integración* (una vez que la molécula de ADN_r fue construida es integrada a diferentes sistemas con los cuales interacciona al tiempo que desarrolla su función).

Para operacionalizar la idea de *continuidad* se consideraron los siguientes procesos involucrados en la construcción de una molécula de ADN_r: a) Identificación y generación de fragmentos de ADN (gen de interés) utilizando enzimas de restricción, b) Elección de un vector y su corte con las enzima de restricción, c) Unión del gen de interés y el vector formando la molécula de ADN_r, d) Transformación de las bacterias con el ADN_r, e) Clonación de las bacterias y f) Extracción y purificación del producto (insulina recombinante). A partir de la cantidad de procesos que los estudiantes modelaron en sus proyectos se establecieron tres categorías respecto a la continuidad: Nivel *alto* (cuando se incluyen cinco o seis procesos); Nivel *medio* (cuando se incluyen tres o cuatro procesos) y Nivel *bajo* (cuando se incluyen dos, uno o ningún proceso).

De manera similar a lo propuesto anteriormente y con la finalidad de analizar la idea de *interacción* se consideraron los siguientes factores: a) Gen de interés (insulina), b) Vector, c) Enzimas de restricción, d) ADN_r, e) Bacterias y f) Marcadores. Aquí también se estableció un gradiente para el análisis del desarrollo de esta idea a partir de tres niveles: Nivel *alto* (se encuentran representados cinco o seis factores), Nivel *medio* (se encuentran representados tres o cuatro factores) y Nivel *bajo* (se encuentran representados dos, uno o ningún factor).

Finalmente, la idea de *transformación e integración* fue considerada en los modelos que incluyeron los procesos de extracción y purificación del producto de interés (insulina recombinante).

En base a lo anterior, se estableció la siguiente trayectoria de progresión (Tabla 2) siendo el modelo tipo III el que representa de manera más cercana al modelo actualmente aceptado por la comunidad científica.

TABLA 2
Trayectoria de progresión de los modelos construidos por el estudiantado

Modelos	Ideas		
	Continuidad (procesos)	Interacción (factores)	Transformación e integración
Tipo I	Nivel bajo (0, 1 o 2 procesos)	Nivel bajo (0, 1 o 2 factores)	Ausente
Tipo II	Nivel medio (3 o 4 procesos) o Nivel alto (5 o 6 procesos)	Nivel medio (3 o 4 factores) o Nivel alto (5 o 6 factores)	Ausente
Tipo III	Nivel medio (3 o 4 procesos) o Nivel alto (5 o 6 procesos)	Nivel medio (3 o 4 factores) o Nivel alto (5 o 6 factores)	Presente

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Aprendizajes de IG construidos por los estudiantes

En los análisis que se presentan a continuación se realizó una comparación entre los resultados obtenidos en el pre y post test para identificar y caracterizar los aprendizajes construidos de IG.

En cuanto al concepto de IG (Figura 2) se destaca que, si bien al inicio el 47% del estudiantado expresa una idea de IG más vinculada a lograr determinados fines que al proceso que permite lograr modificaciones en los organismos, luego de participar en la secuencia la mayor parte del grupo logró definir a la IG como una ciencia/tecnología relacionada con ADN/genes (59%). Este cambio se puede apreciar al observar que en el pre test el 47% del estudiantado hizo mención a la manipulación de ADN/genes para determinados fines sin indicar cómo es el proceso que permite realizar dichos cambios (*“Manipulación del ADN o de los genes con la finalidad de obtener un resultado determinado”*). Por su parte, si bien en el pre test solo el 24% de las respuestas se encontraron en el grupo que identificó a la IG como una ciencia/tecnología/técnica relacionadas con ADN/genes, luego de la participación de la secuencia dicho porcentaje cambió a 59% (*“El conjunto de técnicas y pasos a realizar por el cual se combina y modifica y se manipula el ADN de unos o varios organismos”*, *“Una técnica que permite a los científicos manipular los genes y modificarlos para la obtención de una proteína o sustancia de interés”*). Este cambio da cuenta de un mayor desarrollo conceptual en las respuestas y muestra la construcción de una idea sistémica del proceso y la identificación de los pasos necesarios para que se desarrolle en su totalidad. Estos resultados concuerdan con los presentados por Gardner y Troelstrup (2015) quienes encontraron que la mayor parte del estudiantado conoce que la Biotecnología moderna se encuentra asociada a cambios en el ADN para determinados fines.

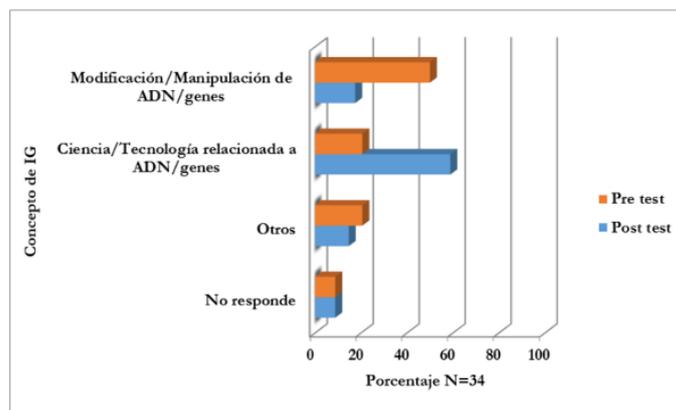


FIGURA 2
 Conceptualizaciones respecto a la IG que el estudiantado expresó antes y después de la concreción de la secuencia de actividades

Posteriormente, con el propósito de evitar el determinismo biológico dentro de las implicaciones sociales de la genética se propusieron actividades en donde se pusieron en interacción diferentes factores causales y ambientales en el desarrollo de la diabetes. Se mostraron escenarios hipotéticos referidos a dos personajes que presentaban diferentes tipos de diabetes y a su vez sus estilos de vida diferían respecto a su alimentación y a su actividad física. Cuando se indagó respecto al tipo de insulina que se debería utilizar de acuerdo al tipo de diabetes que presentaba cada personaje, el 100% indicó que deberían utilizar insulina recombinante. Además, el 53% especificó el tipo de insulina que debería usar cada personaje (Humalog que actúa rápidamente para tratar los picos hiperglucémicos o Lantus cuya acción es prolongada para regular los niveles de glucosa a lo largo del día) mientras que el 47% restante no realizó ninguna especificación. Respecto a los hábitos de los personajes se les indicó a los estudiantes que señalaran si algún hábito debería ser modificado y en el caso de ser positiva su respuesta que indicaran cuáles cambiarían y de qué manera lo harían. El 76% de las respuestas mostraron que tanto los hábitos respecto a la alimentación y como al ejercicio físico debían ser modificados y además especificaron qué hábito debía modificar cada personaje (*“Maite debería hacer ejercicio y Juana debería evitar la comida chatarra. Maite en lugar de usar su tiempo en el ocio se podría dedicar a ejercitarse y Juana debería mejorar sus hábitos alimenticios reemplazando la chatarra por comida más saludable”*). El 18% señaló que debían modificar los hábitos, pero sin realizar especificaciones (*“Deberían hacer ejercicio y comer más saludable”*). De lo anterior se desprende que incluir este tipo de ejemplos contribuye a una representación menos simplista o centrada en un determinismo genético. De hecho, la interacción ambiente-genética se menciona en los materiales educativos, donde se incluyen ejemplos de los diferentes tipos de cánceres y la diabetes al igual que en este caso (Treagust y Tsui 2013). De este modo, se focalizó en las interacciones entre diferentes niveles de organización biológica como los genes y la postgenómica (Reinagael y Speth 2016).

De manera complementaria se aprovechó para averiguar los conocimientos del estudiantado respecto al componente hereditario de la diabetes sabiendo que existe una predisposición genética a la enfermedad pero que también hay elementos desencadenantes del entorno. Para tal fin se tomó a uno de los personajes de las situaciones anteriores y se consultó al estudiantado sobre la posibilidad de que la descendencia de dicho personaje (que padecía diabetes tipo 1) desarrollara diabetes. El 53% indicó que sí puede la descendencia desarrollar diabetes (*“Si podrían tener diabetes porque es una enfermedad hereditaria”*), mientras que un 29% indicó tanto que sí como que no (*“Se tiene que cuidar porque tiene más posibilidad y más vulnerable a poseer diabetes pero no es directamente”*). El 18% restante señaló que los hijos no tendrían diabetes (*“No necesariamente los hijos de Juana deben tener diabetes, a pesar de ser una enfermedad hereditaria influyen mucho los hábitos de la persona como por ejemplo las horas de sueño, la buena alimentación y hacer ejercicio”*). Si bien se sigue observando que los estudiantes consideraban a la diabetes como una enfermedad hereditaria, y de

hecho esta enfermedad contiene un componente de este tipo, la otra mitad consideró que es posible que no se herede, lo que inclina a dichas explicaciones hacia la epigenética, lo cual coincide con el posicionamiento actualmente vigente y aceptado por la comunidad científica (Puig y Jiménez Aleixandre 2015, Jablonka y Lamb 2013).

Identificación en los proyectos de Scratch de los modelos conceptuales de IG

En la secuencia de actividades planteadas el estudiantado construyó y explicó modelos llevando a cabo algunas etapas de las consideradas en el ciclo de modelización (Oliva 2019) como: disponer de experiencia respecto al fenómeno a modelizar, la elección de signos, códigos y un lenguaje para la posterior construcción del modelo, su expresión en diferentes lenguajes y su puesta a prueba. El estudiantado organizado en grupos de dos integrantes construyeron un total de 14 proyectos donde se analizaron las ideas de *continuidad*, *interacción* y *transformación e integración*.

Continuidad. Considerando los niveles establecidos, el 58% de los modelos realizados en Scratch se encuentran en la categoría *medio*, es decir, en ellos se hallan representados tres o cuatro de los procesos considerados. Los restante niveles, *alto* y *bajo*, se encontraron representados ambos por el 21%. Esto podría indicar que la idea de continuidad se encuentra presente en los modelos construidos por los grupos en relación a la construcción de una molécula de ADN_r. Al respecto Yarden y Yarden (2013) encontraron resultados similares al informar que el uso de animaciones digitales fue ventajoso para los estudiantes ya que les permitió la comprensión de procesos biotecnológicos.

Respecto a los procesos vinculados a la IG que se consideraron para operacionalizar la idea de *continuidad* (Figura 3) a) Identificación y generación del gen de interés junto a c) Unión del gen de interés con el vector fueron los procesos representados con mayor porcentaje, ambos con el 79% mientras que b) Elección de un vector fue el proceso menos representado con un porcentaje del 14%. A pesar de que no incluyeron todos los procesos involucrados, estos resultados evidencian que el grupo de estudiantes fue capaz de construir modelos a partir de determinados aspectos de un fenómeno biológico, en este caso la construcción de una molécula de ADN_r, lo que les permitió mostrar los mecanismos explicativos y las relaciones entre los componentes de dichos mecanismos sin incluir necesariamente a todos los procesos involucrados (Schwartz *et al.* 2009).

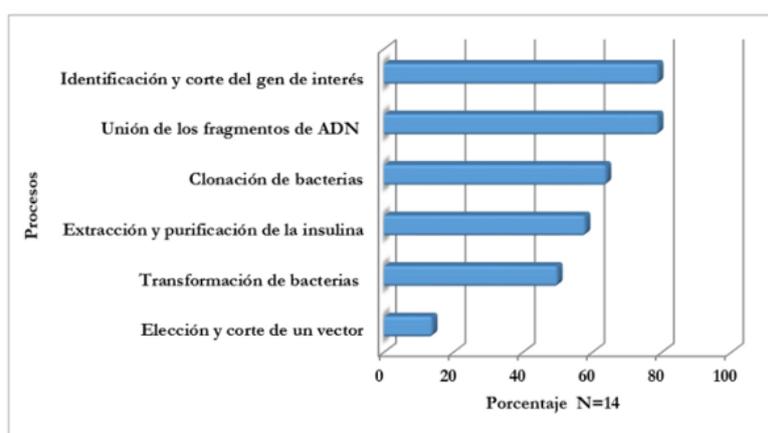


FIGURA 3
Procesos vinculados a la IG utilizados para operacionalizar la idea de continuidad que fueron incluidos en los modelos de los estudiantes

Cuando se les consultó respecto a si creían que habían representado en su totalidad a los procesos necesarios para la construcción de una molécula de ADN_r, el 32% consideró que sí mientras que un 64% indicó que no, correspondiéndose el porcentaje restante a quienes no respondieron. Estos resultados mostrarían

que el estudiantado puede reconocer la ausencia en sus modelos de algunos procesos necesarios para la construcción de una molécula de ADNr lo que indicaría que las consignas de tipo metacognitivo, como esta, les permite reflexionar sobre sus modelos construidos, revisarlos y potencialmente mejorarlos (Schwarz *et al.* 2009), lo cual también responde a procesos que se suceden en los ciclos de modelización. Posteriormente, quienes indicaron que debían agregar algún proceso, se les consultó respecto a cuál/es procesos agregarían. Se observan, con las proporciones más altas c) Unión del gen de interés con el vector (72%), d) Transformación de bacterias (61%) y f) Extracción y purificación de la insulina (56%). Estos últimos dos procesos no fueron incluidos en los modelos realizados en Scratch lo cual podría deberse a que no tuvieron las herramientas, cognitivas referidas a la IG o a la programación, para incluir dichos procesos en sus modelos. Estos resultados también podrían relacionarse con el hecho de que este grupo de estudiantes tuvo su primer acercamiento con este contenido en esta secuencia sumado a que fue su primera experiencia con la programación.

Interacción. Teniendo en cuenta los niveles establecidos para la idea de *interacción* el 50% de los modelos se encuentran dentro del nivel *medio* mientras que el nivel *alto* se halla representado por el 29% y 21% restante se correspondía al nivel *bajo*. En el nivel *alto* los modelos incluyen a casi la totalidad de los factores considerados lo que implicaría que el estudiantado pudo adquirir la idea de la *interacción* en la construcción de una molécula de ADNr. En el caso de los modelos que se encuentran en el nivel *medio* si bien no incorporaron todos los conceptos necesarios para lograr la mayor interacción posible, sí incluyeron factores como el páncreas, los péptidos precursores de la insulina, la glucosa y el desarrollo de la diabetes los cuales se encontraban abarcados en las situaciones problemáticas de la secuencia didáctica para contextualizar la propuesta.

Por último, considerando a los modelos incluidos en el nivel *bajo* no se observó el desarrollo de la idea de *interacción*. Estos resultados podrían explicarse por el hecho de que la IG involucra procesos y conceptos biológicos y que los mismos deben comprenderse para poder construir saberes de IG y en este caso en particular para construir modelos que involucran a la IG para la producción de insulina recombinante.

En cuanto a los factores incorporados en los proyectos, a) Gen de interés y b) Vector fueron incluidos en el 86% de los modelos seguidos por e) Bacterias (71%) y por d) ADNr en cantidades iguales (58%). Estos resultados mostrarían que los factores que son necesarios en las primeras etapas de la construcción de una molécula de ADNr son los más reconocidos por los estudiantes, pero los que se requieren para las etapas finales son menos identificados.

Sin embargo, cuando se les consultó mientras estaban construyendo los modelos de IG qué factores todavía debían incluir en sus modelos, nombraron a b) Vector (57%), c) Enzimas de restricción (54%) y e) Bacterias (46%) lo que demostraría que identifican no sólo a los factores iniciales en la construcción de ADNr sino también a otros implicados en instancias posteriores. Por lo tanto, dado que reconocen a estos conceptos como necesarios podrían extrapolarlos a otras situaciones donde se requiera la construcción de una molécula de ADNr o bien comprender el origen de otros productos transgénicos.

Transformación e integración. Finalmente, la idea de transformación e integración fue desarrollada por el 58% de las y los estudiantes quienes incluyeron en sus modelos al proceso de f) Extracción y purificación del producto de interés, la insulina recombinante.

Siguiendo la trayectoria de progresión propuesta (Tabla 2) se encontró un gradiente respecto a los modelos de IG construidos por los grupos donde el modelo tipo I (Figura 4) se encuentra representado por el 21%, el modelo tipo II (Figura 5) por el 50% y finalmente el modelo tipo III (Figura 6) por el 29% lo que indicaría que la participación en la secuencia de actividades favoreció que el estudiantado construyera modelos de IG cuya mayoría muestra un desarrollo conceptual. En suma, estos resultados indican que involucrar al grupo de estudiante en prácticas de modelización les permitió la revisión de sus modelos al trabajar en situaciones contextualizadas.

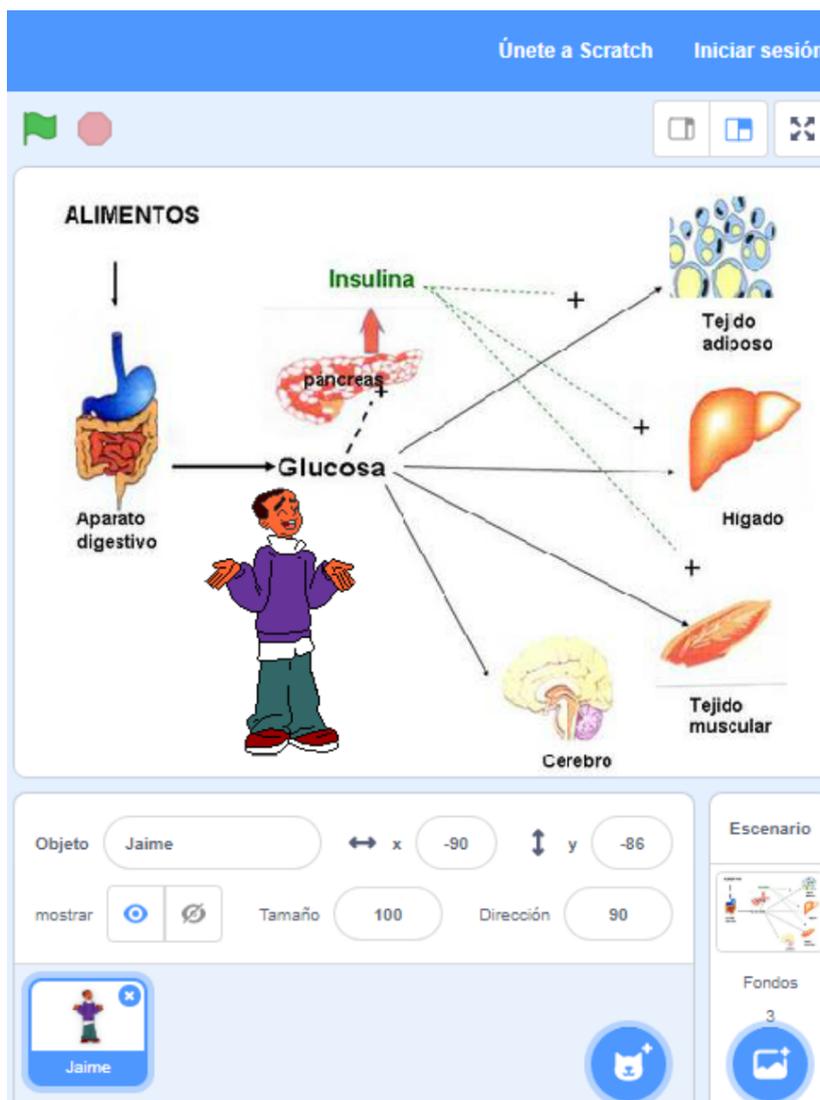


FIGURA 4

Modelo tipo I donde la idea de continuidad e interacción se encontraban en el nivel bajo (no se identifican procesos ni factores) y la idea de transformación e integración se encontraba ausente.

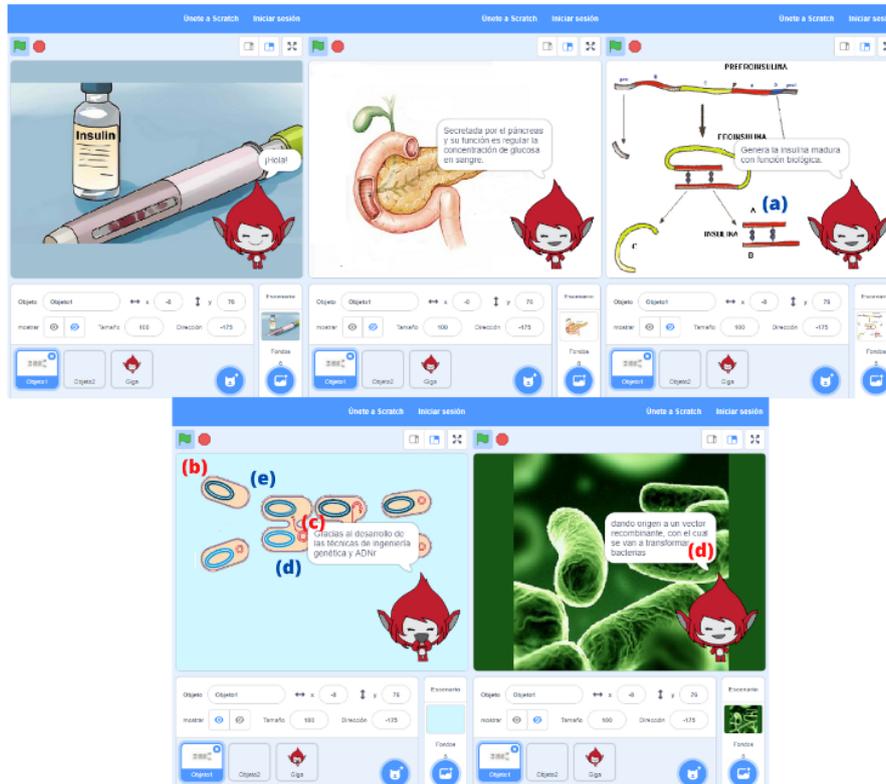


FIGURA 5

Modelo tipo II donde la idea de continuidad se encuentra representada por los procesos: b) Elección de un vector y su corte con las enzimas de restricción, c) Unión del gen de interés con el vector formando la molécula de ADNr y d) Transformación de las bacterias con el ADNr (indicados en letras de color rojo). En este modelo la idea de interacción está simbolizada por los siguientes factores: a) Gen de interés, b) Vector y e) Bacterias (indicados en letras de color azul).



FIGURA 6

Modelo tipo III donde la idea de continuidad está representada por los procesos: a) Identificación y generación de fragmentos de ADN (gen de interés) utilizando enzimas de restricción, b) Elección de un vector y su corte con las enzimas de restricción, c) Unión del gen de interés y el vector formando la molécula de ADNr y f) Extracción y purificación del producto (insulina recombinante) (indicados en letras de color rojo). En este modelo la idea de interacción se encuentra simbolizada por los siguientes factores: a) Gen de interés (insulina), b) Vector, c) Enzimas de restricción, d) ADNr y e) Bacterias (indicados en letras de color azul). Ambas ideas se inscriben en los niveles medio/alto establecidos previamente. Finalmente, la idea de transformación e integración se encuentra representada a través del proceso f) Extraer y purificar el producto (indicado con la letra “f” en color rojo).

En el caso particular de la insulina recombinante, adquiere relevancia ya que para poder comprender las enfermedades que tienen un componente genético, como la diabetes, la modelización genera un escenario que le permite al estudiantado desarrollar procesos de razonamiento (Blanco-Anaya y Díaz de Bustamante 2017). Además el uso y la construcción de simulaciones favoreció el desarrollo de habilidades no sólo propias de la Biología (Buckley y Quellmalz 2013, Domènech-Casal 2020) sino también relacionadas a las tecnologías digitales como lo son el desarrollo del pensamiento computacional en el modelado de procesos biológicos (Peel y Friedrichsen 2018).

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES DIDÁCTICAS

En cuanto al concepto de IG se evidenció que promover la construcción de modelos que involucren animaciones permitió que el estudiantado comprendiera los aspectos mecanicistas involucrados en la IG y fomentó su conceptualización. En relación a la práctica científica de la modelización, implicar al estudiantado en la construcción de modelos, en lugar de trabajar con modelos proporcionados por docentes

brinda oportunidades para modelizar y proponer explicaciones respecto a un proceso particular (Gilbert y Justi 2018). El caso de la insulina recombinante, adquirió relevancia ya que para poder comprender las enfermedades que tienen un componente genético, como la diabetes, la práctica de la modelización ofreció un contexto para desarrollar procesos de razonamiento. Además, pudieron reconocer en sus modelos la ausencia de algunos procesos y factores necesarios para la construcción de ADN_r lo que evidencia que la modelización favoreció que revisen sus modelos y adviertan el carácter previsional y perfectible del conocimiento científico (Osborne 2014).

A su vez, la situación que se utilizó para contextualizar el aprendizaje -la producción de insulina recombinante- permitió la inclusión de los aspectos epigenéticos involucrados en el desarrollo de las enfermedades con un componente genético. Este contexto promovió en el estudiantado el análisis respecto a las interacciones entre diferentes niveles de organización biológica evitando explicaciones lineales y simplistas de procesos que involucran a la genética (Puig y Jiménez Aleixandre 2015).

En síntesis, la construcción de modelos a partir de la programación les permitió comprender las relaciones causales entre diferentes moléculas, así como la función ontológica de las mismas siendo dicha comprensión fundamental para entender los procesos implicados en la IG, principalmente la construcción de una molécula de ADN_r. En este caso, las animaciones digitales (proyectos de Scratch) que fueron realizadas por el grupo de estudiantes se constituyeron en una herramienta mediadora que les permitió construir modelos de IG.

Si bien la secuencia mostrada en esta investigación permitió la construcción de conocimientos de IG por parte del estudiantado, es necesario remarcar que el primer contacto con un lenguaje de programación puede resultar una dificultad en la implementación de este tipo de secuencias.

Enseñar ciencias en torno a modelos teóricos le permite al estudiantado recrear de manera significativa en el aula un cuerpo de conocimientos para comprender el funcionamiento del mundo (Schwartz *et al.* 2009). Lo anterior implica desafíos para didactas de las ciencias en cuanto a la responsabilidad de generar de manera colaborativa con docentes secuencias didácticas que brinden alternativas para que el estudiantado modelice en el marco de las prácticas científicas. En este escenario se considera oportuno generar nuevas investigaciones donde se diseñen secuencias didácticas que impliquen ciclos de modelización completos, con sus correspondientes trayectorias de progresión mediados por lenguajes de programación textual como lo es Python. Al respecto, constan variados estudios en donde se documenta la primera aproximación a la programación utilizando lenguajes visuales como Scratch y el posterior pasaje a la programación textual siendo Python uno de los lenguajes más utilizados para dicha migración ya que su sintaxis es simple, tiene un alto nivel de expresividad, se encuentra disponible una gran cantidad de recursos educativos abiertos y se trata de un software libre (García Monsálvez 2017) por lo que resulta un lenguaje con muchas potencialidades para la modelización.

AGRADECIMIENTOS

Grupo de investigación EDUCEVA-CienciaTIC. Secretaría de Ciencia y Tecnología (SECyT). Universidad Nacional de Córdoba (UNC). Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT). Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica (FONCyT).

REFERENCIAS

Adúriz-Bravo A. (2013) A semantic view of scientific models for science education. *Science and Education* 22 (7), 1593-1611. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11191-011-9431-7>

- Bahamonde N., Gómez Galindo A.G. (2016) Caracterización de modelos de digestión humana a partir de sus representaciones y análisis de su evolución en un grupo de docentes y auxiliares académicos. *Enseñanza de las Ciencias* 34 (1), 129-147. DOI: <https://doi.org/10.5565/rev/ensciencias.1748>
- Blanco-Anaya P., Díaz de Bustamante J. (2017) Análisis del nivel de desempeño para la explicación de fenómenos de forma científica en una actividad de modelización. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 14 (3), 505-530. <http://hdl.handle.net/10498/19504>
- Buckley B.C., Quellmalz E.S. (2013) Supporting and assessing complex biology learning with computer-based simulations and representations. En D.F. Treagust, C.Y. Tsui (Eds.), *Multiple Representations in Biological Education. Models and Modeling in Science Education* (pp 247-268). Dordrecht: Springer. DOI: https://doi.org/10.1007/978-94-007-4192-8_14
- Crujeiras Pérez B., Jiménez Aleixandre M.P. (2015) Desafíos planteados por las actividades abiertas de indagación en el laboratorio: articulación de conocimientos teóricos y prácticos en las prácticas científicas. *Enseñanza de las Ciencias* 33 (1), 63-84. DOI: <http://doi.org/10.5565/rev/ensciencias.1469>
- Domènech-Casal J. (2020) Construyendo un simulador de ecosistemas. Una experiencia STEM de enseñanza de dinámica de los ecosistemas, funciones matemáticas y programación. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 17 (3), 3202. DOI: http://doi.org/10.25267/Rev_Eureka_ensen_divulg_cienc.2020.v17.i3.3202
- France B. (2020) Socially Acute Questions: How Biotechnology Can Provide Context and Content for Discussion in Food Technology Education. En M. Rutland, A. Turner (Eds.), *Food Education and Food Technology in School Curricula* (pp 273-282). Cham: Springer. DOI: http://doi.org/10.1007/978-3-030-39339-7_18
- García Monsálvez J.C. (2017). Python as First Textual Programming Language in Secondary Education. *Education in the Knowledge Society*, 18(2), 147-162.
- Gardner G.E., Troelstrup A. (2015) Student's Attitudes Toward Gene Technology: Deconstructing a Construct. *Journal of Science Education and Technology* 24 (5), 519-523. <http://doi.org/10.1007/s10956-014-9542-4>
- Giere R.N. (1999) Using Models to Represent Reality. En L. Magnani, N.J. Nersessian, R. Thagard (Eds.) *Model-Based Reasoning in Scientific Discovery* (pp. 41-58). Dordrecht: Springer. DOI: http://doi.org/10.1007/978-1-4615-4813-3_3
- Gilbert J.K. (2004) Models and modelling: Routes to a more authentic science education. *International Journal of Science and Mathematics Education* 2 (2), 155-130. DOI: <http://doi.org/10.1007/s10763-004-3186-4>
- Gilbert J.K., Justi R. (2018). Introducing Modelling into School Science. En J. Yeo, T. Teo, K.S Tang (Eds.) *Science Education Research and Practice in Asia-Pacific and Beyond* (pp 25-38). DOI: http://doi.org/10.1007/978-981-10-5149-4_2
- Guisasola J., Oliva J.M. (2020) Nueva sección especial de REudEDUC sobre investigación basada en el diseño de secuencias de enseñanza. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 17 (3), 3001. DOI: http://doi.org/10.25267/Rev_Eureka_ensen_divulg_cienc.2020.v17.i3.3001
- Jablonka E., Lamb M.J. (2013) *Evolución en cuatro dimensiones*. Buenos Aires: Capital Intelectual.
- Justi R., Gilbert J.K. (2002) Modelling teacher's views on the nature of modelling implications for the education of modellers. *International Journal of Science Education* 24 (4), 369-387. DOI: <http://doi.org/10.1080/09500690110110142>
- Lenhard, J., Küppers, G. y Shinn, T. (2007). *Simulation: Pragmatic Constructions of Reality*. Nueva York: Springer-Verla.
- Ocelli M. y Valeiras N. (2021). Knowledge and Attitudes towards Biotechnology in High School Students in Córdoba, Argentina. *Journal of Science Education* 21 (2), 44-50.
- Oliva J.M. (2019) Distintas acepciones para la idea de modelización en la enseñanza de las ciencias. *Enseñanza de las Ciencias* 37 (2), 5-24. DOI: <http://doi.org/10.5565/rev/ensciencias.2648>
- Osborne J. (2014) Teaching Scientific Practices: Meeting the Challenge of Change. *Journal of Science Teacher Education* 25 (2), 177-196. DOI: <http://doi.org/10.1007/s10972-014-9384-1>

- Pell A., Friedrichsen P. (2018) Algorithms, Abstractions and Iterations: Teaching Computational Thinking Using Protein Synthesis Translation. *The American Biology Teacher* 80 (1), 21-28.
- Ponte J.P., Carvalho R., Mata-Pereira J., Quaresma M. (2016) Investigação baseada em design para compreender e melhorar as práticas educativas. *Quadrade* 25 (2), 77-98.
- Prokop P., Leskiva A., Kubiak M., Diran C. (2007) Slovakian students' knowledge of and attitudes toward biotechnology. *International Journal of Science Education* 29 (7), 895-907. DOI: <http://doi.org/10.1080/09500690600969830>
- Puig B., Jiménez Aleixandre M. P. (2015) El modelo de expresión de los genes y el determinismo en los libros de texto de ciencias. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 12 (1), 55-65.
- Reinagel A., Speth E.B. (2016) Beyond the Central Dogma: Model-Based Learning of How Genes Determine Phenotypes. *Life Sciences Education* 15 (1), 1-13. DOI: <http://doi.org/10.1187/cbe.15-04-0105>
- Reiss M.J. (2018) Worldviews in Biology Education. En K. Kampourakis, M.J. Reiss (Eds.) *Teaching Biology in Schools. Global Research, Issues and Trends* (pp- 263-274). Nueva York: Routledge. DOI: <http://doi.org/10.4324/9781315110158>
- Resnick, M., Rusk, N. (2020). Coding at a Crossroads. *Communications of ACM*, 63(11), 120-127.
- Román-González J.M., Pérez-González J.C., Jiménez-Fernández, C. (2016) Which cognitive abilities underlie computational thinking? Criterion validity of the Computational Thinking Test. *Computers in Human Behavior* 72, 678-691. DOI: <http://doi.org/10.1016/j.chb.2016.08.047>
- Ruiz C., Banet E., López-Banet L. (2017) Conocimientos de estudiantes que inician el Bachillerato sobre nociones básicas de Genética y aplicaciones de la Biotecnología. *Enseñanza de las Ciencias*, N° extra, 1421-1428. <http://ddd.uab.cat/record/184436?In=ca>
- Ruiz C., López-Banet L., Ayuso E. (2021) Conocimientos y valoraciones de estudiantes de bachillerato sobre la utilización de aplicaciones biotecnológicas. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 18 (1), 1102. DOI: http://doi.org/10.25267/Rev_Eureka_ensen_cienc.2021.v18.il.1102
- Schwarz C.V., Reiser B.J., Davis E.A., Kenyon L., Achér A., Fortus D., Shwartz Y., Hug B., Krajcik J. (2009) Developing a learning progression for scientific modeling: Making scientific modeling accessible and meaningful for learners. *Journal of Research in Science Teaching* 46 (6), 632-654. DOI: <http://doi.org/10.1002/tea.20311>
- Shaffer J.F. (2013) From Cow Juice to a Billion Dollar Drug, With Some Breakthroughs in Between. National Center for Case Study Teaching in Science. http://sciencecases.lib.buffalo.edu/collection/detail.html?case_id=684
- Thieman, W. J. y Palladino, M. A. (2010). Introducción a la Biotecnología. 2ª edición. Madrid: Editorial Pearson Educación.
- Treagust D.F., Tsui C.Y. (2013) *Multiple Representations in Biological Education. Models and Modeling in Science Education*. Dordrecht: Springer. DOI: <http://doi.org/10.1007/978-94-007-4192-8>
- Valverde Berrocoso J., Fernández Sánchez M.R., Garrido Arroyo M.C. (2015) El pensamiento computacional y las nuevas ecologías del aprendizaje. *Revista de Educación a Distancia* 46 (3). http://www.um.es/ead/red/46/valverde_et_al.pdf
- Vázquez-Cano E., Ferrer Delgado D. (2015) La creación de videojuegos con Scratch en Educación Secundaria. *Communications Papers Media Literacy y Gender Studies* 4 (6), 63-73.
- Yarden H., Yarden A. (2013) Learning and Teaching Biotechnology Methods Using Animations. En D.F. Treagust, C.Y. Tsui (Eds.) *Multiple Representations in Biological Education. Models and Modeling in Science Education* (pp 93-108). Dordrecht: Springer. DOI: http://doi.org/10.1007/978-94-007-4192-8_6

INFORMACIÓN ADICIONAL

Para citar este artículo: Fussero, G. B. y Occelli, M. (2022) Construcción de modelos de Ingeniería Genética a través de la programación con Scratch. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 19(2), 2802. doi: 10.25267/Rev_Eureka_ensen_divulg_cienc.2022.v19.i2.2802