

Puesta en práctica de una secuencia didáctica utilizando un simulador para la enseñanza de Genética de Poblaciones

Matías Paczkowski¹, Manuel Alonso²

^{1,2}Universidad de Buenos Aires, Ciclo Básico Común, Departamento de Ciencias Biológicas.
Buenos Aires, Argentina.

¹matias_gabriel@yahoo.com; ²malonso@cbc.uba.ar

Resumen

Este trabajo presenta los resultados obtenidos con estudiantes universitarios novatos a quienes se les propuso resolver una secuencia didáctica, que incluye la utilización de un simulador, para el aprendizaje de modelos inherentes a la Genética de Poblaciones (GP). La utilización del simulador acompañando las actividades propuestas presenta el beneficio didáctico de que se puedan contrastar predicciones con resultados de forma sencilla, sin recurrir a cálculos matemáticos, sino simplemente al cambio de proporciones de colores de una barra que presenta el *software*.

Palabras clave: GENÉTICA DE POBLACIONES; SECUENCIAS DIDÁCTICAS; SIMULADOR.

Introducción

Este trabajo presenta los resultados obtenidos con estudiantes universitarios novatos a quienes se les propuso resolver una secuencia didáctica (SD), que incluye la utilización de un simulador, para el aprendizaje de modelos inherentes a la Genética de Poblaciones (GP). La propuesta se presenta dentro del marco teórico del modelo TPACK (*Technological Pedagogical Content Knowledge*) (Koehler, 2009).

Metodología

Se utilizó una SD de tres actividades con estudiantes de la asignatura Biología e Introducción a la Biología Celular del Ciclo Básico Común, primer ciclo de estudios de la Universidad de Buenos Aires (n = 22). La SD incluyó la utilización de un programa (<https://sites.google.com/view/drmascarpone-es>) que ejecuta simulaciones con distintas variables inherentes a la evolución biológica, tales como extensos tiempos evolutivos, presión de selección y otras propias de la GP. En la pantalla, se muestra la proporción de alelos y genotipos de una población ficticia de peces con gráficos de barras y cartesianos.

Resultados y Discusión

Antes de comenzar, se explicó con imágenes el funcionamiento del programa y el significado de las barras de colores que indican la proporción de alelos y genotipos que se encuentran en la población. En cada actividad, se efectuaron las siguientes preguntas: Antes

de correr la simulación: P1) ¿Qué pensás que sucederá con la proporción de individuos "FF", "Ff" y "ff" al correr la simulación? Después de correr la simulación: P2) ¿Qué sucedió con tales proporciones?, P3) ¿Cómo podés explicar lo sucedido?

Actividad 1: estudia cómo se modifica, en una población, la frecuencia de un alelo dominante ventajoso que inicialmente está en menor proporción que el recesivo. Se seleccionó el gen "Dientes aserrados" que tiene dos alelos, "F" y "f" con dominancia completa, el dominante con ventaja adaptativa. En la función "Determinar las opciones génicas o genotípicas dentro de cada locus", se eligió 5% para el valor de "F". Respuestas: P1) El 59% de los estudiantes aseguró que "FF" aumentaría (correcto), el 59% que aumentaría "Ff" (parcialmente correcto) y el 68% que "ff" disminuiría (correcto). En el caso de los "Ff", las respuestas se consideran parcialmente correctas, dado que, si bien primero aumentará su frecuencia, luego disminuirá. A continuación, se corrió la simulación hasta la generación N° 200. Respuestas: P2) El 77% de los estudiantes indicó que el genotipo "FF" aumentó su frecuencia, el 14% que "Ff" aumentó, el 36% se percató de que "Ff" primero aumentó y luego disminuyó, y el 73% indicó que "ff" disminuyó. P3) Solamente el 36% utilizó una justificación evolutiva para explicar su respuesta. La respuesta correcta es que los individuos "FF" y "Ff" tienen ventaja para alimentarse frente a los "ff" y, por tanto, sobreviven y se reproducen en mayor medida. La proporción del alelo "F" aumenta, primero en heterocigosis y luego en homocigosis, lo cual ocasiona que los "Ff" primero aumenten y luego disminuyan. En esta actividad se agregó una cuarta pregunta: ¿Por qué tarda en desaparecer el alelo "f"? Se obtuvieron 7 respuestas: 5 afirman que es debido a que "f" es muy abundante al inicio, y 2 a que "f" está "oculto" en los heterocigotas.

Actividad 2: compara los resultados de la Actividad 1 cuando el alelo ventajoso es recesivo. Se reinició el simulador, se eligió el gen "olfato" que presenta los alelos "F" y "f" con dominancia completa y con el alelo recesivo que aporta una ventaja evolutiva. Se seleccionó 5% para la frecuencia de "f". Nuevamente, en la pantalla de "Presiones de selección" se dejó los valores por defecto. Respuestas: P1) El 64% aseguró que "FF" disminuiría, el 32% que "Ff" sólo aumentaría, el 32% predijo correctamente que "Ff" primero aumentaría y luego disminuiría, el 68% que "ff" aumentaría y, el 9% que "ff" disminuiría. El 5% de respuestas incluyeron una explicación evolutiva. En este caso, la respuesta correcta es que los individuos "ff" aumentarán (son ventajosos), "FF" disminuirán y los "Ff" primero aumentarían y luego disminuirían. La proporción del alelo "f", a diferencia de "F" en la actividad anterior, es muy baja al iniciar, por tanto, es poco probable que los individuos que porten ese alelo se reproduzcan y, así, aumente su frecuencia. Ésta aumenta muy lentamente durante muchas generaciones hasta que llega al 50% y ahí se produce un aumento súbito. Al final, los alelos "f" erradican completamente a los "F". A continuación, se corrió la simulación hasta la generación N° 800 (se aumentó el número para poder observar el cambio de frecuencia de "f"). Respuestas: P2) El 45% registra que "FF" disminuyó su frecuencia, el

5% que "Ff" aumentó, el 23% que "Ff" disminuyó, el 9% que "Ff" aumentó y luego disminuyó, y el 64% que "ff" aumentó su frecuencia. P3). Sólo el 14% justificó su respuesta con conceptos de biología evolutiva.

Actividad 3: plantea cómo evoluciona la población cuando los individuos con ventaja son los heterocigotas. Se utilizó el gen "amilasa", que tiene dos alelos "F1" y "F2" con codominancia. El genotipo "F1F2" es el ventajoso y los genotipos homocigotos son igualmente desventajosos. Se eligió 10% para la frecuencia de "F1" y se dejaron los valores por defecto de la pantalla "Presiones de selección". Respuestas: P1) El 23% asegura que "F1" aumentará su frecuencia, el 23% que "F2" la disminuirá, el 55% que "F1F1" se incrementará, el 73% que "F1F2" aumentará, y el 64% que "F2F2" disminuirá. Luego se corrió la simulación por 200 generaciones. Respuestas: P2) El 18% registró que "F1F1" aumentó su proporción, 27% que "F1F2" aumentó y 18% que "F2F2" disminuyó su frecuencia. La respuesta correcta debe considerar que los individuos "F1F1" y "F2F2" nunca desaparecen porque los "F1F2" al reproducirse podrían dejar descendientes de esos genotipos. P3) El 13,6% utilizó alguna explicación evolutiva.

Reflexiones finales

Existen distintos ejemplos de SD acerca de la temática que incluyen simuladores. De hecho, una SD con una versión previa del programa fue utilizada para indagar obstáculos epistemológicos en el aprendizaje de la GP en estudiantes universitarios novatos (Paczkowski y Alonso, 2016). Otro ejemplo es la SD que utiliza el programa *Evo/ve* (Soderberg y Price, 2003). Sin embargo, el programa aquí utilizado ofrece numerosas variables y calcula además de frecuencias génicas, las genotípicas. Por tanto, permite mostrar el comportamiento de estas últimas, según la selección sea positiva sobre el alelo dominante o el recesivo, o cuando los heterocigotas tienen una ventaja adaptativa. Asimismo, al presentar los resultados no sólo con gráficos cartesianos, sino de barras, simplifica la interpretación. Se muestra el carácter facilitador de la SD, en el marco del TPACK, con un programa de fácil ejecución que, sin recurrir a cálculos matemáticos, permite contrastar predicciones con resultados, incluyendo numerosas variables.

Referencias bibliográficas

- Koehler, M. J., y Mishra, P. (2009). What is technological pedagogical content knowledge? *Contemporary Issues in Technology and Teacher Education*, 9(1), 60-70.
- Paczkowski, M. G., y Alonso, M. (2016). Utilización de una simulación para la indagación de obstáculos en el aprendizaje de genética de poblaciones. En: *Memorias de las XII Jornadas Nacionales, VII Congreso Internacional de la Enseñanza de la Biología y III Congreso Internacional de Enseñanza de las Ciencias (CIEC)*.
- Soderberg, P., y Price, F. (2003). An examination of problem-based teaching and learning in population genetics and evolution using *EVOLVE*, a computer simulation. *Int. J. Sci. Educ.*, 25(1), 35-55.