

La transformación digital en la enseñanza de la Bioinformática

Oristela Cuellar Justiz 1*, Nilda Delgado Yanes 2, Hugo Arnaldo Martínez Noriega 3

¹ Universidad de las Ciencias Informáticas. Facultad de Ciencias y Tecnologías Computacionales, Departamento de Bioinformática. Carretera a San Antonio Km 21/2.Torrens.La Lisa, La Habana. oristelacj@uci.cu.

² Universidad de las Ciencias Informáticas. Facultad de Ciencias y Tecnologías Computacionales, Departamento de Bioinformática. Carretera a San Antonio Km 21/2.Torrens.La Lisa, La Habana. nildady@uci.cu.

³ Universidad de las Ciencias Informáticas. Facultad de Ciencias y Tecnologías Computacionales, Departamento de Bioinformática. Carretera a San Antonio Km 21/2.Torrens.La Lisa, La Habana. hugomn@uci.cu.

* Autor para correspondencia: oristelacj@uci.cu

Resumen

La Bioinformática es una ciencia transdisciplinaria, en la que confluyen la Informática y las Ciencias de la Vida como la Bioquímica, la Biología, la Química y la Física, entre otras; que se enfoca en la investigación, desarrollo y/o aplicación de herramientas informáticas para la solución de problemas biológicos, médicos o biotecnológicos, en general aquellos que impliquen la adquisición, almacenamiento, organización, análisis y visualización de datos químico-biológico-estructurales. La transformación digital de la enseñanza implica la integración estratégica de tecnologías digitales en los procesos educativos, con el fin de mejorar la calidad, accesibilidad y personalización del aprendizaje. Este cambio no solo implica adoptar herramientas tecnológicas, sino también redefinir metodologías, roles docentes y modelos pedagógicos para adaptarse a las necesidades de la sociedad actual. A medida que enfrentamos desafíos, es esencial aprovechar las oportunidades que brinda esta transformación para preparar a los futuros profesionales de la bioinformática en un campo en constante evolución. El objetivo de este trabajo es identificar y describir herramientas bioinformáticas que contribuyan a la transformación digital de la enseñanza de la bioinformática.

Palabras clave: bioinformática, transformación digital, transformación digital educativa, softwares educativos.

Temática: Ecosistemas digitales de aprendizaje; Educación virtual y tecnología educativa

Introducción

La Bioinformática es una ciencia transdisciplinaria, en la que confluyen la Informática y las Ciencias de la Vida como la Bioquímica, la Biología, la Química y la Física, entre otras; que se enfoca en la investigación, desarrollo y/o aplicación de herramientas informáticas para la solución de problemas biológicos, médicos o biotecnológicos, en general aquellos que impliquen la adquisición, almacenamiento, organización, análisis y visualización de datos químico-biológico-estructurales.(Colectivo de autores, 2017) La bioinformática tiene como objetivo principal entender procesos biológicos mediante el desarrollo de herramientas computacionales, algoritmos y bases de datos que permitan gestionar y analizar grandes volúmenes de información, como secuencias de ADN, estructuras de proteínas o interacciones entre moléculas. La bioinformática es esencial para descifrar la complejidad de la vida en la era de los "big data" biológicos, acelerando descubrimientos en salud, biotecnología y ciencias ambientales.(Xiong, 2006) (Welch et al., 2014)

La transformación digital es el proceso de integración de tecnologías digitales en todos los aspectos de una organización, modificando su operación, cultura y propuesta de valor para adaptarse a un entorno en constante evolución. No se limita a la adopción de herramientas tecnológicas, sino que implica un cambio estratégico y cultural para mejorar la eficiencia, innovación y experiencia del cliente (Jedynak et al., 2021).

En particular en la educación superior la utilización de la tecnología digital se reconoce como una medida estratégica a tenerse en cuenta en el diseño de las políticas educativas a seguirse por las instituciones de educación superior (IES) (Chinkes & Julien, 2019) (De Pablos Pons, 2018) (Moreira et al., 2022) (Romero Carbonell et al., 2023)

La transformación digital de la enseñanza implica la integración estratégica de tecnologías digitales en los procesos educativos, con el fin de mejorar la calidad, accesibilidad y personalización del aprendizaje. Este cambio no solo implica adoptar herramientas tecnológicas, sino también redefinir metodologías, roles docentes y modelos pedagógicos para adaptarse a las necesidades de la sociedad actual (Moreira et al., 2022) (Quiñónez et al., 2025) (Keller, 2007). La transformación digital educativa en la enseñanza de la bioinformática no solo mejora el acceso a recursos y herramientas,

sino que también fomenta un aprendizaje más colaborativo e interdisciplinario. A medida que enfrentamos desafíos, es esencial aprovechar las oportunidades que brinda esta transformación para preparar a los futuros profesionales de la bioinformática en un campo en constante evolución (Mulder et al., 2018). Es por ello que el objetivo de este trabajo es identificar herramientas informáticas que contribuyan a la transformación digital en la enseñanza de la bioinformática. El trabajo está estructurado en introducción, desarrollo, resultados y discusión, conclusiones y referencias bibliográficas.

Desarrollo

En Cuba, la educación superior ha estado marcada por un enfoque en la formación integral del estudiante. Sin embargo, la necesidad de adaptarse a las nuevas tecnologías y metodologías educativas es imperativa. La transformación digital ha revolucionado múltiples sectores, y la educación no es la excepción. En Cuba, el avance hacia la digitalización educativa se ha vuelto esencial. Este artículo aborda como a partir de la identificación e integración de herramientas digitales en las disciplinas de la carrera Bioinformática es posible mejorar el proceso de enseñanza-aprendizaje y preparar a los estudiantes de la carrera para enfrentar los desafíos del mundo actual en esta rama.

Los autores de este trabajo somos los jefes los de las disciplinas Matemática, Química y Matemática Aplicada de la carrera de bioinformática de la Universidad de las Ciencias Bioinformáticas es por ello que se abordan a continuación las herramientas informáticas que se han identificado y con las se ha trabajado en las asignaturas de estas disciplinas.

Herramientas informáticas en las disciplinas Matemática y Matemática Aplicada

La disciplina Matemática tiene 4 asignaturas que se imparten en los 3 primeros semestres de la carrera y la disciplina Matemática Aplicada 3 que se imparten del tercero al quinto semestre de la carrera. En estas disciplinas se han identificado y usado los softwares Geogebra, Mathematica, Matlab, R, QM for Windows, Phyton. Se han identificado también herramientas online disponibles por ejemplo en <https://matrixcalc.org/>; <https://www.calculadora-de-derivadas.com/>; <https://www.calculadora-de-integrales.com/>, <https://www.phpsimplex.com> entre otras.

GeoGebra es un software de matemáticas dinámico que combina geometría, álgebra, cálculo y estadísticas en una única plataforma. Es una herramienta que permite a los usuarios visualizar y explorar conceptos matemáticos de manera interactiva(Chacón et al., 2021).

QM para Windows incluye métodos de cálculo para PERT/CPM, Programación Lineal, Análisis de Decisiones, Problemas de Transporte, Funciones Estadísticas, etc.

Mathematica es un software de cálculo simbólico y numérico desarrollado por Wolfram Research. Es ampliamente utilizado en matemáticas, física, ingeniería, y otras disciplinas científicas y técnicas debido a su capacidad para realizar cálculos complejos, manipular expresiones matemáticas simbólicas, y generar gráficos de alta calidad(Wolfram, 2003).

Matlab es un entorno de programación y lenguaje de alto nivel desarrollado por MathWorks, Es ampliamente utilizado en diversas disciplinas, debido a su capacidad para manejar matrices y realizar cálculos complejos de forma eficiente(Herrera et al., 2016).

Las herramientas en línea ofrecen varias ventajas en comparación con software más complejo y especializado como Mathematica y Matlab. no requieren instalación, se puede acceder a ellas rápidamente sin necesidad de configurar entornos de desarrollo, tienen interfaces más simples y fáciles de usar, no es necesario tener conocimientos avanzados en programación o matemáticas para utilizarlas, son excelentes para estudiantes que están aprendiendo conceptos matemáticos, se actualizan automáticamente, por lo que siempre se tiene acceso a la versión más reciente sin necesidad de descargar actualizaciones. Es importante destacar que Mathematica y Matlab ofrecen funcionalidades más avanzadas, una mayor capacidad de personalización, y herramientas más robustas para análisis complejos, simulaciones y programación, lo cual puede ser crucial en entornos profesionales o de investigación.

Como ya se señalaba en la introducción la bioinformática es un campo interdisciplinario que combina biología, informática, química y matemáticas para analizar y comprender datos biológicos. En este contexto, la utilización de software como R y Python se vuelve esencial, especialmente en la enseñanza de asignaturas como Probabilidades y Estadística, y Simulación. Estos lenguajes no solo facilitan el aprendizaje teórico, sino que también permiten a los estudiantes aplicar conceptos en situaciones prácticas y reales(Hothorn & Everitt, 2009) (Chambers, 2008)(Challenger-Pérez et al., 2014).

R es ampliamente reconocido por su capacidad en el análisis estadístico y la visualización de datos. En el ámbito de la bioinformática, permite a los estudiantes realizar análisis complejos de datos genómicos y proteómicos de manera efectiva. La riqueza de paquetes disponibles en R, como Bioconductor, proporciona herramientas específicas para el análisis de datos biológicos, lo que resulta en una curva de aprendizaje más suave para los estudiantes. El manejo adecuado de los datos es fundamental para obtener conclusiones precisas en investigaciones biológicas.

Por otro lado, Python ha ganado popularidad en la bioinformática debido a su versatilidad y facilidad de uso. Su sintaxis clara y su amplia gama de bibliotecas, como Biopython (Chapman & Chang, 2000), permiten a los estudiantes realizar tareas desde la manipulación de datos hasta la implementación de algoritmos complejos de aprendizaje automático. Esto es

especialmente relevante en la simulación computacional, donde los estudiantes pueden modelar procesos biológicos y simular experimentos, lo que les ayuda a desarrollar un pensamiento crítico y habilidades analíticas.

Además, la capacidad de R y Python para manejar grandes volúmenes de datos es fundamental en la bioinformática, donde los conjuntos de datos pueden ser extremadamente grandes y complejos. Los estudiantes aprenden a utilizar técnicas de procesamiento de datos y análisis estadístico que son esenciales para la interpretación de resultados en investigaciones biomédicas.

Herramientas informáticas en la disciplina química

Una de las ideas rectoras en el estudio de la Química es la relación entre las propiedades físicas y químicas y la estructura molecular de las sustancias, por lo que facilitar el estudio de este tema puede ser uno de los principales objetivos de la disciplina en la carrera de Ingeniería en Bioinformática.

La utilización de modelos moleculares en la explicación de la representación de las sustancias orgánicas data del siglo anterior, pero en este siglo se incorpora el uso de software CHEMSK (Becerril & Chávez, 2016) dentro de los cuales se encuentran: el Chemlab (simulador de prácticas de laboratorios y en sus versiones más actuales de estructuras moleculares) el Chem Office Ultra (Paquete de programas que se utilizan para modelar estructuras moleculares) y el CHEM 3D que simula estructuras que pueden ser visualizadas mediante la representación de modelos moleculares ya conocidos, como el modelo de bolas y vástagos o el modelo compacto y permite dibujar estructuras tan complejas como los carbohidratos, las proteínas o los ácidos nucleicos, con el que se puede hacer más comprensible los conceptos relacionados con las estructuras químicas, como el ChemOffice 2012 y otras versiones posteriores (Delgado Yanes & Reyes Cárdenas, 2014) (Narayanaswamy et al., 2013).

El software PerkinElmer ChemOffice Professional es un simulador de estructuras moleculares en soporte digital el cual puede manipularse fácilmente una vez instalado en una computadora personal. (Delgado Yanes & Cuellar Justiz, 2021)

Existen otros softwares educativos que simulan estructuras en sistema operativo Linux como: Avogadro, Jmol y Pymol que son editores moleculares en 3D con herramientas de optimización geométrica que se utilizan en los años terminales de la carrera por la vinculación que tienen con la asignatura Biología Estructural Computacional.

Resultados y discusión

La carrera de Bioinformática en la Universidad de las Ciencias Informáticas (UCI) de Cuba ha implementado metodologías innovadoras para la enseñanza. Uno de los aspectos más destacados ha sido la realización de talleres prácticos donde se han utilizado lenguajes de programación como R y Python para abordar problemas reales en el campo de la bioinformática. Estas experiencias no solo han enriquecido el aprendizaje de los estudiantes, sino que también han contribuido a su formación profesional.

En uno de los talleres, los estudiantes se enfrentaron al desafío de analizar datos genómicos de diversas especies. Utilizando R, los alumnos aprendieron a aplicar técnicas de análisis estadístico para identificar patrones y correlaciones en los datos. La implementación de códigos en R permitió a los estudiantes realizar visualizaciones efectivas que facilitaron la interpretación de los resultados. Este enfoque práctico no solo fomentó un aprendizaje activo, sino que también despertó el interés de los estudiantes por la investigación.

Otro ejemplo significativo fue un taller centrado en la simulación de procesos biológicos. En este caso, los estudiantes utilizaron Python para modelar la propagación de enfermedades infecciosas. A través de la creación de algoritmos y la implementación de simulaciones, los alumnos pudieron observar cómo diferentes factores, como la tasa de infección y las medidas de control, impactaban en la dinámica de la enfermedad. Esta experiencia no solo les proporcionó habilidades técnicas, sino que también les enseñó a pensar críticamente sobre problemas complejos en el ámbito de la salud pública. Además, los talleres fomentaron la colaboración entre los estudiantes, quienes trabajaron en equipos para resolver problemas. Esta dinámica grupal permitió que los alumnos compartieran conocimientos y experiencias, fortaleciendo así su capacidad para trabajar en entornos multidisciplinarios. La interacción con sus compañeros y la discusión de enfoques diferentes enriquecieron su aprendizaje y los prepararon para futuros proyectos en el ámbito profesional.

Las experiencias adquiridas en estos talleres han dejado una huella positiva en la formación de los estudiantes de bioinformática. Muchos de ellos han continuado su trayectoria académica y profesional aplicando las habilidades adquiridas en estos entornos prácticos. Se ha demostrado que la integración de herramientas como R y Python en la enseñanza de la bioinformática no solo es efectiva, sino que también es esencial para preparar a los estudiantes para los desafíos del mundo real.

En el caso de las asignaturas de la disciplina Química y Bioinformática se han utilizado los softwares educativos en las prácticas de laboratorio ya que están instalados los simuladores con herramientas de optimización geométrica y que ayudan al cálculo de propiedades atómicas en macromoléculas.

Conclusiones

La transformación digital de la enseñanza no trata de sustituir al docente, sino de potenciar su labor con herramientas que enriquezcan el aprendizaje. Luego de la búsqueda de herramientas informáticas se identificaron un conjunto de ellas para su uso principalmente en las clases prácticas y de laboratorios de las disciplinas Matemática, Matemática Aplicada y Química entre otras que sirven de base a las asignaturas de la disciplina de la especialidad. El trabajo realizado ha contribuido a la formación de profesionales preparados para desempeñar un papel crucial tanto en la investigación científica como en la industria, facilitando el análisis y la interpretación de datos biológicos complejos.

Referencias bibliográficas

- Becerril, F., & Chávez, L. M. (2016). *Chemsketch para aprender química orgánica*.
- Chacón, F. Y. C., Fernández, F. E. B., Ferrer, L. R. G., & Mendocilla, W. E. C. (2021). Geogebra: Herramienta tecnológica para el aprendizaje significativo de las matemáticas en universitarios. *Horizontes. Revista de Investigación en Ciencias de la Educación*, 5(18), 382-390.
- Challenger-Pérez, I., Díaz-Ricardo, Y., & Becerra-García, R. A. (2014). El lenguaje de programación Python. *Ciencias Holguín*, 20(2), 1-13.
- Chambers, J. M. (2008). *Software for data analysis: Programming with R* (Vol. 2, Número 1). Springer.
- Chapman, B., & Chang, J. (2000). Biopython: Python tools for computational biology. *ACM Sigbio Newsletter*, 20(2), 15-19.
- Chinkes, E., & Julien, D. (2019). Las instituciones de educación superior y su rol en la era digital. La transformación digital de la universidad: transformadas o transformadoras? *Ciencia y Educación*, 3(1), 21-33.
- Colectivo de autores. (2017). *Plan de estudios E de la carrera de Ingeniería en Bioinformática*. La Habana.
- De Pablos Pons, J. (2018). Las tecnologías digitales y su impacto en la Universidad. Las nuevas mediaciones. *RIED-Revista Iberoamericana De Educación a Distancia*, 21(2).
- Delgado Yanes, N., & Cuellar Justiz, O. (2021). *El uso de software educativos en la enseñanza de la Química en la carrera Bioinformática*.
- Delgado Yanes, N., & Reyes Cárdenas, Y. (2014). *El uso del software educativo en los laboratorios escolares de Química*. VIII Congreso Internacional Didáctica de las Ciencias. La Habana: Palacio de Convenciones.
- Herrera, A. M., Suhandri, H. F., Realini, E., Reguzzoni, M., & De Lacy, M. C. (2016). goGPS: open-source MATLAB software. *GPS solutions*, 20, 595-603.
- Hothorn, T., & Everitt, B. S. (2009). *A handbook of statistical analyses using R*. Chapman and Hall/CRC.
- Jedynak, M., Czakon, W., Kuźniarska, A., & Mania, K. (2021). Digital transformation of organizations: What do we know and where to go next? *Journal of Organizational Change Management*, 34(3), 629-652.
- Keller, C. (2007). *Virtual learning environments in higher education—A study of user acceptance*. Linkopings Universitet (Sweden).
- Moreira, M. A., Pallás, A. G., Acosta, J. M., & Alonso, J. J. S. (2022). La transformación digital de la docencia universitaria. *Profesorado, Revista de Currículum y Formación del Profesorado*, 26(2), 1-5.
- Mulder, N., Schwartz, R., Brazas, M. D., Brooksbank, C., Gaeta, B., Morgan, S. L., Pauley, M. A., Rosenwald, A., Rustici, G., & Sierk, M. (2018). The development and application of bioinformatics core competencies to improve bioinformatics training and education. *PLoS computational biology*, 14(2), e1005772.
- Narayanaswamy, V. K., Rissdörfer, M., & Odhav, B. (2013). Review on cambridgeSoft ChemBioDraw ultra 13.0 v. *Int J Theor Appl Sci*, 5, 45-49.
- Quiñónez, V. T. Á., Quiñónez, I. I. C., Quiñónez, B. F. C., & Chere, W. D. G. (2025). Transformación digital en la educación superior. *Dominio de las Ciencias*, 11(1), 154-169.
- Romero Carbonell, M., Romeu, T., Guitert, M., & Bautista, P. (2023). La transformación digital en la educación superior: El caso de la UOC. *RIED. Revista Iberoamericana de Educación a Distancia*, 2023, 26 (1).
- Welch, L., Lewitter, F., Schwartz, R., Brooksbank, C., Radivojac, P., Gaeta, B., & Schneider, M. V. (2014). Bioinformatics curriculum guidelines: Toward a definition of core competencies. *PLOS computational biology*, 10(3), e1003496.
- Wolfram, S. (2003). *The mathematica book*. Wolfram Research, Inc.
- Xiong, J. (2006). *Essential bioinformatics*. Cambridge University Press.