

Modelizar y construir representaciones externas sobre la síntesis de proteínas: un estudio de diseño en la escuela secundaria

Modeling and construction of external representations of protein synthesis: A design studio in High School

DOI: 10.7203/DCES.42.20945

Maricel Ocelli

Universidad Nacional de Córdoba. CONICET (Argentina), maricel.occelli@unc.edu.ar

ORCID iD: <http://orcid.org/0000-0002-4516-0644>

Susana Pomar

IPEM 38 "Francisco Pablo De Mauro" (Córdoba, Argentina), profesupomar@gmail.com

ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-2461-0850>

Alma Adrianna Gómez Galindo

Cinvestav Monterrey (Apodaca, Nuevo León, México), agomez@cinvestav.mx

ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-3558-0167>

RESUMEN: Diferentes estudios registran que el estudiantado suele emitir explicaciones lineales entre genotipo y fenotipo en las cuales se pasa por alto el rol de las proteínas. En este trabajo se caracterizan los aprendizajes asociados a la síntesis de proteínas que se promueven al modelizar y construir representaciones externas digitales animadas. Se desarrolló una investigación basada en diseño durante dos años consecutivos (2017-2018) en un 5º año (16 o 17 años) de una escuela secundaria de Córdoba (Argentina). En el primer año se estudió la propuesta de enseñanza que venía desarrollando la docente y en el segundo año se codiseñó una secuencia que planteó la modelización de la síntesis de proteínas y la construcción de representaciones externas digitales animadas. Los resultados indican que la creación de representaciones dinámicas fomentó el razonamiento basado en modelos y el estudiantado logró conectar a los genes con la codificación de proteínas, empezando a superar nociones superficiales asociadas a la relación genotipo-fenotipo.

PALABRAS CLAVE: Genes, TIC, investigación basada en diseño, VIH, representaciones

ABSTRACT: Different studies show that students usually give linear explanations between genotype and phenotype in which the role of proteins is overlooked. In this work, we characterise the learning associated with protein synthesis that is promoted by modelling and building animated digital external representations. Design-based research was developed during two consecutive years (2017-2018) in a 5th year (16 or 17 years old) of secondary school in Córdoba (Argentina). In the first year, we studied the teaching proposal that the teacher had been developing, and in the second year we co-designed a sequence that proposed the modelling of protein synthesis and the construction of animated digital external representations. The results indicate that the creation of dynamic representations fostered model-based reasoning, and the students were able to connect genes with protein coding, beginning to overcome superficial notions associated with the genotype-phenotype relationship.

KEYWORDS: Genes, ICT, design-based research, HIV, representation

Fecha de recepción: mayo de 2021

Fecha de aceptación: julio de 2021

1. INTRODUCCIÓN

La enseñanza de la genética se ha estudiado profusamente en el campo de la didáctica de las ciencias debido a que sus conceptos son esenciales para la comprensión de los procesos biológicos. Sin embargo, esta temática resulta compleja y se han documentado dificultades del estudiantado para su comprensión (Todd y Kenyon, 2016; Stern y Kampourakis, 2017). Específicamente con relación al concepto de gen, diferentes estudios han enfatizado que el estudiantado suele emitir explicaciones lineales entre genotipo y fenotipo en las cuales se pasa por alto el rol de las proteínas (Duncan y Boerwinkel, 2018; Lewis y Kattmann, 2004). A partir de ello, se consideran dos cuestiones relevantes para abordar estos conceptos: la enseñanza basada en modelos y la naturaleza dinámica de los procesos biológicos (Marbach-Ad, Rotbain y Stavy, 2008).

Los modelos científicos escolares son construcciones abstractas en las que se integran ideas para explicar fenómenos biológicos. Un elemento clave para reconocer esta integración de ideas es la construcción de representaciones externas (RE). Una representación es la expresión concreta de un modelo en diversos soportes semióticos (lenguaje natural, imagen, maqueta, etc.) (Buckley, 2000). A través de las RE es posible negociar y regular los significados que el estudiantado pone en juego y visualizar el modelo científico escolar al cual arriban (Pérez-Echeverría, Martí y Pozo, 2010; Gómez Galindo, 2008; Tytler, Prain y Hubber, 2018). A su vez, cuando la construcción de estas RE es mediada por herramientas digitales, como por ejemplo la elaboración de animaciones, se promueve la integración de la naturaleza dinámica y compleja de los procesos representados (Berg, Orraryd, Jahic Pettersson y Hultén, 2019).

En este trabajo se expone una investigación basada en diseño llevada a cabo durante dos años consecutivos que propuso la construcción de diferentes RE para la temática “síntesis de proteínas” en la escuela secundaria. En el primer año, como parte del análisis de las condiciones contextuales, se estudió la propuesta de enseñanza que venía desarrollando la docente. Posteriormente, a partir de los resultados obtenidos, en el segundo año se realizó un estudio de diseño aplicando una secuencia didáctica situada desde la salud humana. El enfoque propuesto se orientó desde el razonamiento basado en modelos para la construcción de animaciones digitales. En función de ello surgen los interrogantes ¿Qué aprendizajes se promueven en una secuencia didáctica sobre síntesis de proteínas? ¿Qué aporta al aprendizaje del tema de síntesis de proteínas la construcción de RE digitales animadas? Así, el objetivo de este trabajo es caracterizar los aprendizajes asociados a la síntesis de proteínas que se promueven al modelizar y construir RE digitales animadas.

2. REFERENTES TEÓRICOS

El concepto de gen constituye un constructo clave en biología ya que permite explicar la herencia genética, la biología del desarrollo y los procesos evolutivos (Jablonka y Lamb, 2013) y resulta esencial para comprender cuestiones vinculadas a procesos fisiológicos y de salud humana. A su vez, numerosos desarrollos biotecnológicos de impacto socio económico y ambiental se basan en él. Sin embargo, su abordaje en la escuela secundaria es de alta complejidad y diferentes estudios han registrado problemáticas vinculadas a su enseñanza y aprendizaje (Todd y Kenyon, 2016). Se destacan dificultades referidas al vocabulario y la terminología específica y su vinculación con conceptos matemáticos y estadísticos. Con frecuencia, el estudiantado explica que los genotipos "dan" fenotipos, pasando por alto los roles de las proteínas (Lewis y Kattmann, 2004; Duncan y Boerwinkel, 2018). Asimismo, el estudiantado suele considerar a los genes como partículas pasivas que generan rasgos de herencia mendeliana simple y muy pocos logran describirlos en términos más modernos, incorporando la codificación de proteínas o la regulación de mecanismos moleculares (Todd y Kenyon, 2016; Stern y Kampourakis, 2017).

En función de esta complejidad conceptual, resulta necesario investigar sobre el abordaje del modelo teórico escolar de la síntesis de proteínas ya que su comprensión se constituye en una base

conceptual para los contenidos de genética. Abordar la construcción de estas ideas desde la modelización es una manera de aproximarse al razonamiento científico, en el cual se vinculan datos empíricos con conceptos teóricos (Adúriz-Bravo, 2015). A su vez, los modelos son abstractos, y para su comunicación se utilizan (RE) a través de diversos registros semióticos (Evagorou, Erduran y Mäntylä, 2015).

Las RE interactúan de modo dialéctico con los modelos permitiendo su exteriorización, pero a su vez su enriquecimiento ya que promueven la adquisición de nuevos conocimientos. En términos de Bruno Latour (1986) se les puede entender como “inscripciones”, herramientas representacionales que pueden complementarse o superponerse. Desde esa perspectiva conceptual, los nuevos conceptos se construyen a través de un proceso de razonamiento recursivo que incluye la visualización, su representación (con dispositivos materiales o simbólicos) y su registro. De esta manera las RE no solo se constituyen en vías para la circulación del conocimiento, son en sí mismas formas de conocer y aprender (Martí, 2017). El conocimiento científico se comunica a través de estas RE que responden a diversas relaciones entre los signos de la representación y su referente conceptual. La relación entre signo y referente puede ser de correspondencia directa o responder a reglas que se establecen para lograr dicha representación. Así, la RE es el resultado de un conjunto de reglas de composición que propician la transformación y comunicación de los conceptos (Pérez-Echeverría et al., 2010). En la lectura de las RE se pone en juego un proceso de interpretación que requiere analizar las reglas de composición utilizadas y la relación establecida con sus referentes.

Por otra parte, la elaboración de una RE promueve procesos pragmáticos y epistémicos. Si pensamos en un gradiente de operaciones cognitivas, en un extremo podemos colocar a la construcción de RE para ampliar o extender la memoria, mientras que en el otro podríamos situar a los procesos de recodificación y traducción de la información. En ambos casos, la función pragmática deviene en otras, ya que para su registro se requiere que la información sea organizada, transformada o procesada en nuevos códigos, es decir recodificada mediante ciertas reglas propias de la sintaxis de un sistema representacional específico, con lo cual se vuelven a su vez en instrumentos o funciones cognitivas que permiten nuevas operaciones. Desde esta perspectiva, comprender un concepto es traducirlo a otro sistema y hacer un uso epistémico de un sistema representacional (Pérez-Echeverría et al., 2010).

En un proceso de modelización, a través de la construcción de RE es posible visualizar el modelo teórico de sustento e intervenir en su formulación negociando y regulando significados. Siguiendo una perspectiva sociocultural de los procesos educativos, la estrategia de colocar al estudiantado como constructor de RE, potencialmente puede constituirse en un dispositivo mediador para la construcción de sus propios saberes (Tytler et al., 2018). Cuando, además, se integran las Tecnologías de la Información y la Comunicación (TIC), se suman actores que amplifican las posibilidades de representación. Siguiendo la “teoría del actor-red” (Latour, 2008), se puede pensar a estas tecnologías en las situaciones educativas como actores no humanos que, a partir de su capacidad de agencia, se ensamblan de modo heterogéneo y también se constituyen en herramientas mediadoras de los procesos de construcción de saberes (Dussel y Trujillo Reyes, 2018).

Específicamente en relación al proceso de síntesis de proteínas, diversos estudios han registrado que la visualización de animaciones digitales fomenta la construcción de conocimiento (Marbach-Ad et al., 2008; Strømme y Mork, 2020). Cuando las TIC son utilizadas por el estudiantado para la construcción de representaciones dinámicas a través de la elaboración de videos con la técnica de slowmotion (Hoban y Nielsen, 2014) o la construcción de animaciones digitales (Berg et al., 2019) se les coloca como autores y productores de conocimiento, favoreciendo el desarrollo de razonamientos científicos complejos. Las animaciones pueden mostrar diferentes comportamientos dinámicos como el movimiento (cambio de posición de los objetos), el crecimiento (cambio de tamaño o forma) u otras alteraciones (cambios de color o textura) (Lowe y Schnotz, 2014).

Lo anterior lleva a considerar que cuando estas animaciones son construidas como RE por parte del estudiantado es posible, por un lado, intervenir constructivamente en sus procesos de modelización, a la vez que identificar el modo en que tiene lugar la dimensión dinámica en el modelo escolar al que arriban. Por ello, a partir de una investigación basada en diseño, este trabajo busca estudiar los aprendizajes asociados a la síntesis de proteínas que se promueven al modelizar y construir RE digitales animadas en la escuela secundaria. El conocimiento así generado por un lado aportará a la caracterización de los aprendizajes mediados por la construcción de RE digitales y por otro, permitirá identificar recorridos didácticos para la modelización de la síntesis de proteínas que podrían recontextualizarse a partir de otras situaciones vinculadas con la salud humana como la actual pandemia COVID 19.

3. METODOLOGÍA

Se realizó una investigación basada en diseño (Confrey, 2006), en una escuela secundaria de la ciudad de Córdoba (Argentina), de gestión pública con Orientación en Ciencias Naturales (40% de carga horaria en espacios curriculares referidos a ciencias naturales y un 60% dirigidos a la formación general). Se trabajó en la asignatura de Biología de un 5° año (16 o 17 años) con una carga horaria de 3 horas cátedras distribuidas en dos días a la semana. La temática de síntesis de proteínas se ubica en la última unidad del programa de la asignatura. La profesora de la asignatura cuenta con más de 20 años de antigüedad docente, forma parte del grupo de investigación desde el que se plantea este trabajo y ha trabajado asiduamente con las representaciones externas en su práctica docente. En el equipo de trabajo la primera autora participó como observadora y llevó adelante el registro de la información, mientras que la segunda fue la profesora que desarrolló la experiencia didáctica con sus estudiantes. Ambas, al lado de la tercera, llevaron adelante los procesos de análisis e interpretación de la información y escritura de este texto.

La investigación se desarrolló en dos ciclos iterativos de tres fases: diseño, implementación y análisis, y re-elaboración (Scott, Wenderoth y Doherty, 2020). En el ciclo uno, denominado estudio contextual, se desarrolló un estudio interpretativo de las situaciones áulicas naturales que llevaba adelante la profesora del curso durante las últimas cuatro semanas de clase del año lectivo 2017 con un grupo de estudiantes por 19 jóvenes. A partir de sus resultados se fundamenta el segundo ciclo, llamado estudio de diseño que implicó el diseño de una secuencia didáctica la cual fue implementada en las últimas semanas de clase del año lectivo subsecuente con un grupo de estudiantes diferente al primero compuesto por 26 jóvenes.

En cada ciclo se grabaron los diálogos que mantuvo el estudiantado en los grupos de trabajo y las exposiciones orales de las representaciones realizadas, se tomaron registros fotográficos y notas de campo. Al final de cada secuencia didáctica el estudiantado completó un cuestionario, de preguntas abiertas con situaciones problemáticas, que tenía por objetivo registrar sus aprendizajes, así como su percepción acerca de la experiencia.

Para caracterizar los aprendizajes y el aporte de las representaciones se generaron categorías interpretativas que emergen de los datos, utilizando el círculo hermenéutico (Weiss, 2017). Para ello, se transcribieron y organizaron los datos, posteriormente se realizó una primera lectura guiada por los interrogantes de investigación. Se construyeron así categorías buscando relaciones de significado y excluyendo información no asociada a las preguntas de investigación. Se continuó con un proceso recursivo de análisis sistemático considerando la relación implícita o explícita de los datos con el contexto más amplio. Además, y para aumentar la confiabilidad de las inferencias, se discutió entre las autoras las interpretaciones al inicio y al final del proceso, generando consensos. Se obtuvieron 4 categorías de análisis que se definen en la Tabla 1.

TABLA 1: Categorías de análisis identificadas y su definición

Categorías	Definición
a) Lectura de RE	Relaciones que se identifican entre objetos, representaciones y conceptos, al construir y leer RE.
b) Comunicación grupal	Diálogos establecidos en cada grupo de estudiantes, referidos a la gestión y organización del trabajo y a las ideas involucradas.
c) Construcción de ideas	Generación de explicaciones de los procesos involucrados provistas por el estudiantado en interacción con las RE.
d) Resolución de problemas usando RE	Relaciones que establece el estudiantado entre las RE y el desafío o situación problemática planteada desde el diseño didáctico.

Fuente: elaboración propia

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Ciclo uno: Estudio contextual

La profesora desarrolló los contenidos vinculados a ADN y síntesis de proteína a través de exposiciones dialogadas, complementadas con una guía de estudio que el estudiantado debía resolver utilizando libros de texto u otras fuentes de información. Como estrategia de síntesis y evaluación se propuso que, en grupos de 4 o 5 estudiantes, construyeran una maqueta a modo de RE que incluyera los procesos de replicación del ADN y de síntesis de proteínas, la cual debían explicar oralmente.

El análisis de la implementación de esta secuencia didáctica se realizó a partir de las cuatro categorías, como se detalla a continuación.

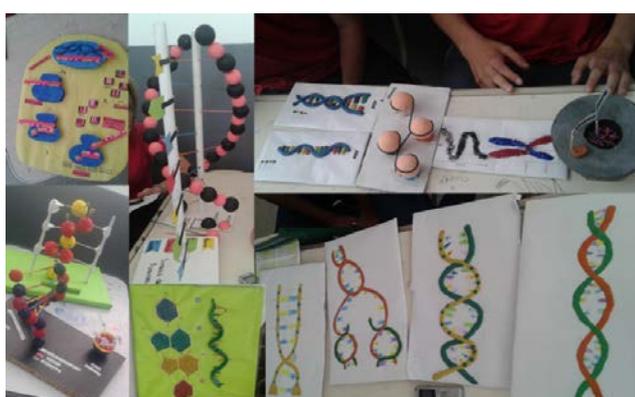
a) Lectura de RE. A partir de los registros de las observaciones de las clases se identificó que, para la elaboración de la maqueta como RE, los grupos de estudiantes continuamente buscaban una imagen de referente. Algunos acudían a imágenes desde sus teléfonos celulares, mientras que otros consultaban los libros de texto y los apuntes (Imagen 1 a).

IMAGEN 1. Fotografías del estudio contextual. a) Imágenes utilizadas por el estudiantado para la construcción de maquetas como RE. b) Representaciones realizadas por los estudiantes

a)



b)



Fuente: elaboración propia

En estas fuentes se detenían en RE ya elaboradas, las cuales les servían como “molde” para copiar o reproducir. Considerando lo anterior podemos afirmar que para la construcción de la RE el estudiantado estableció una relación de correspondencia directa entre la representación a construir y su referente conceptual (Pérez-Echeverría et al., 2010), es decir sin mediar un proceso de transformación y recodificación de la información biológica implicada.

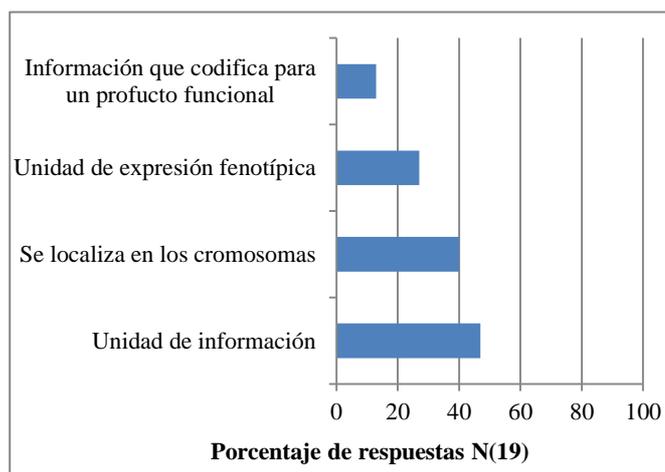
Por otra parte, en relación a las RE construidas por los estudiantes se encontró una diversidad en las producciones, desde diseños planos que reproducían con relieve las fotografías o dibujos presentes en los libros de texto, hasta objetos tridimensionales con alguna posibilidad de movimiento, pero sin incluir la mediación de las proteínas en ningún proceso (Imagen 1 b).

b) Comunicación grupal. En esta categoría se identificó que las discusiones entre las y los estudiantes se centraron en la división de tareas, la organización del grupo y la gestión de los materiales necesarios. A continuación, se presenta un extracto de las discusiones de un grupo de cuatro integrantes en la que se identifica que el objetivo de la conversación es la división de tareas manipulativas, la utilización de materiales y el ensamblaje de la RE:

- E-1: Cómo nos repartimos? Vos hacés la célula
 E-2: Yo los cromosomas o las histonas
 E-1: Y yo hago las cosas esas que quedan en los hilos
 E-3: Mostrame la foto de lo que tengo que hacer
 E-3: Me pasaste la foto? Yo lo voy a hacer en mi casa
 E-1: Vos tenés que hacer los circuitos.
 E-2: No, yo tengo que hacer los cromosomas
 E-1: No, vos hacelo con plastilina o con hilo
 E-2: Si quieren yo hago este y este miren

c) Construcción de ideas. En la Figura 1 se sintetizan las respuestas que las y los estudiantes brindaron en el cuestionario final al solicitarles que explicaran qué entendían por gen. Se destaca que la mayoría del estudiantado aportó respuestas inespecíficas, siendo la más frecuente la expresión general de “unidad de información” (47%), seguida por su localización en los cromosomas, sin explicar su significado. Al igual que lo registrado por Todd y Kenyon (2016), la visión moderna que vincula al gen con la codificación de proteínas o la regulación de mecanismos moleculares fue la respuesta menos frecuente (13%).

FIGURA 1. Porcentaje de respuestas brindadas por el grupo de estudiantes con respecto al concepto de gen, en el estudio contextual



Fuente: elaboración propia

d) Resolución de problemas usando RE. En relación con esta categoría se identificó que durante la construcción de las maquetas el desafío de representar un sistema dinámico generó oportunidades para que el estudiantado pudiera repensar los conceptos y elementos involucrados. La docente al acercarse a los grupos les preguntaba acerca de cuáles eran los significados que le atribuían a los elementos que estaban incluyendo en su maqueta. De modo que la propia docente

propiciaba que la actividad de construir esta representación constituyera una oportunidad para dialogar acerca del proceso biológico, como se ejemplifica con el siguiente diálogo:

Profesora: Bueno ¿Acá qué están haciendo? ¿Por qué pusieron U?

E-1: No sé, no entiendo por qué acá no está la T donde está la A.

Profesora: La A está ahí arriba.

E-1: Sí ¿Y abajo?

Profesora: Está bien, es que en el ADN T va con A, pero ¿Por qué aquí no tiene T?

E-2: No sé.

Profesora: Es que esta hebra de ADN sirve de molde para el ARN. En el ARN en vez de T tiene U.

Para estudiar cómo el estudiantado utilizaba los conceptos de síntesis de ADN y proteínas se propuso la resolución de la siguiente situación problemática:

La Ofloxacina son unas gotas oftalmológicas que se recetan para tratar conjuntivitis por infección bacteriana.

La ofloxacina actúa inhibiendo una enzima esencial para la duplicación, transcripción y reparación del ADN bacteriano. Explica en breves palabras por qué se utiliza esta droga para tratar la conjuntivitis y cómo sería el proceso que ocurre en la eliminación de la infección.

Se encontró que el 50% del estudiantado no respondió a esta consigna, un 30% brindó respuestas inespecíficas, por ejemplo “*para evitar que la enfermedad avance*”, y solo un 20% logró relacionar al antibiótico con la reproducción del ADN y la infección bacteriana.

Considerando estos resultados, se advierte que la mayoría del estudiantado no logró construir una visión funcional del proceso biológico de síntesis de ADN y proteínas. Al igual que lo registrado por Bahamonde y Gómez Galindo (2016), se identifica que la utilización de un soporte semiótico de maqueta para representar un modelo escolar de arriba, sin la inclusión de otras estrategias de enseñanza que medien el proceso de representación, parece propiciar la identificación de los componentes y sustancias involucradas, pero no la construcción conceptual del fenómeno como un proceso, ni su integración como parte del funcionamiento de un sistema más amplio.

Por otra parte, la presentación de la situación problemática luego de realizar las maquetas como RE, no promovió la integración de las ideas construidas. Tal como plantean Tytler et al., (2018), la orquestación de un desafío o reto en una secuencia didáctica resulta un aspecto clave en el diseño de situaciones didácticas mediadas por RE. En este caso, se esperaba que la resolución del problema al final de la secuencia didáctica, fomentara la aplicación y transferencia de las ideas construidas a nuevas situaciones. Sin embargo, los datos señalan que la actividad no se constituyó en un reto que permitiera al estudiantado dar sentido al proceso de síntesis de proteínas, por lo que el estudiantado buscó representaciones ya elaboradas, realizó un proceso de “copiado” y resolvió el problema sin integrar lo aprendido al elaborar la representación.

Considerando los resultados obtenidos para las cuatro categorías se identifican áreas de oportunidad en el diseño didáctico del estudio contextual, que se constituyen en desafíos a superar para el siguiente ciclo de la investigación. En primer lugar, durante la construcción de las maquetas el estudiantado utilizó sus teléfonos celulares, pero solo con la finalidad de buscar información o visualizar otras representaciones que les sirvieran de “molde”, haciendo una lectura de las RE como correspondencia directa. De este modo no aprovecharon las potencialidades de estos recursos para representar a los procesos biológicos. En segundo lugar, la utilización de un soporte semiótico de maqueta propició la identificación de los componentes y elementos del modelo, como ADN, ARN, ácidos nucleicos, enzimas y proteínas. Sin embargo, el estudiantado no logró construir un modelo funcional al dejar fuera de la representación a los procesos de síntesis de proteínas como parte sustancial de un sistema biológico abierto. Por último, la ausencia de una situación problemática desafiante que estructurara la construcción de las RE debilitó las oportunidades de aprendizajes que

se vinculan a las actividades de representación, es decir la posibilidad de traducir el concepto a otro sistema de representación y explicitar sus relaciones.

4.2 Ciclo dos: Estudio de diseño

Diseño: El diseño de actividades basado en los resultados del estudio contextual buscó atender las áreas de oportunidad y dar respuesta a los desafíos planteados por cada categoría de análisis. Considerando la necesidad de generar un desafío, el diseño didáctico se estructuró a partir de una situación problemática que se constituyera en un reto y estructurara la actividad de representación. A través de las actividades se buscó potenciar los procesos de modelización, en los que las RE apoyaran la construcción de explicaciones científicas escolares y fomentaran la integración de los procesos de síntesis de proteínas en el contexto de un sistema complejo, como es el sistema inmunológico humano. Por último, se plantearon actividades que impulsaran el uso productivo de las TIC aprovechando sus posibilidades para la construcción de representaciones dinámicas.

La secuencia planificada y desarrollada en el ciclo de diseño

Se diseñó una secuencia de 12 clases que inició con el abordaje de las biomoléculas hasta llegar al proceso de síntesis de proteínas (Tabla 2). Durante las clases, la docente integró diversas formas de representación (Imagen 2). Específicamente, en la cuarta clase, se planteó al estudiantado una situación basada en el caso de Stephen Crohn, quien fue conocido por presentar una mutación para una proteína de la membrana celular de los linfocitos (mutación por delección de 32 pares de bases - CCR5 delta 32) que le confirió “resistencia” al virus del VIH, y que fue estudiada cuando la enfermedad del SIDA comenzó a reconocerse como una problemática mundial. En función de estos estudios fue posible esclarecer gran parte del mecanismo de infección del virus, específicamente el modo en que ingresan las partículas virales a las células T (Samson et al., 1996).

TABLA 2. Actividades llevadas a cabo en la secuencia didáctica del estudio de diseño

Clase	Temas	Actividades
1	Las biomoléculas y su composición química I	Resolución del Pretest. Guía de preguntas acerca de la estructura de cada biomolécula (ADN, ARN, Proteínas, Lípidos y Glúcidos) y su función.
2	Las biomoléculas y su composición química II	Construcción de una molécula de ADN en Origami ¹ : visualización de un video de la técnica de Origami y utilización de una imagen como plantilla.
3	El ADN y su función en las células	Exposición oral de las representaciones de Origami por parte del estudiantado.
4	El ADN y su función en las células	Presentación del caso de “Stephen Crohn”. Visualización de un video de la infección del VIH.
5	Síntesis de proteínas	Exposición de la profesora acerca del proceso de síntesis de proteína. Visualización de videos sobre transcripción y traducción. Actividades de reflexión y escritura.
6	Síntesis de proteínas y mutaciones	Resolución de actividades de lápiz y papel utilizando el código genético. Análisis de una mutación para la secuencia que codifica para la hemoglobina humana.
7	Síntesis de proteínas y mutaciones	Resolución de actividades utilizando la aplicación para dispositivos móviles “Nucleic Acid Converter” que permite ingresar códigos de

¹ <https://www.youtube.com/watch?v=0jOapfqVZlo>

		ADN para la obtención de proteínas. Identificación de otros soportes de representación a partir de escuchar música del ADN ¿Cómo suena la insulina?
8	Una cuestión de evidencias	Lectura de textos argumentativos. Análisis de dos modelos diferentes para explicar la “resistencia” al VIH de algunas personas.
9	Construcción de la animación I	Trabajo grupal para la construcción de una animación digital que explique el proceso de infección y el caso de “resistencia” al VIH.
10	Construcción de la animación II	
11	Compartiendo las animaciones producidas I	Exposición y explicación al grupo clase de las animaciones producidas.
12	Compartiendo las animaciones producidas II	Resolución del Pos test

Fuente: elaboración propia

Para presentar el caso, se compartió al estudiantado un texto expositivo con el relato de la situación de Stephen Crohn, quien a pesar de no haber tomado precauciones y haber tenido contacto sexual con personas infectadas con el VIH, no desarrolló nunca la enfermedad del SIDA. Stephen Crohn se presentó ante un grupo de médicos y científicos para que pudieran estudiar qué estructura o mecanismo lo convertía en “resistente” o “inmune” al VIH. A partir de la lectura de este texto, se solicitó al estudiantado elaborar una explicación. Para ello, durante las cuatro clases subsiguientes (de la clase 5 a la 8), se desarrollaron diversas actividades que permitieron el abordaje de la síntesis de proteínas en el contexto del caso estudiado (Tabla 2).

IMAGEN 2. Fotografías de las situaciones áulicas que tuvieron lugar durante el estudio de diseño. a) Resolución de situaciones de problemáticas de lápiz y papel; b) construcción de una molécula de ADN con la técnica de origami; c) construcción de una representación dinámica; d) exposición oral.



En la novena clase, como actividad de integración, se propuso la creación de una representación digital dinámica de una simplificación del modelo que permite explicar la resistencia al VIH. Para la construcción de la representación se organizó al estudiantado en grupos de trabajo y se puso a su disposición una traducción de la presentación en Power Point de “PRACCIS” (Promoting Reasoning and Conceptual Change in Science)² referida a la temática (Rinehart, Duncan, Chinn, Atkins y Di Benedetti, 2016). Por último, en las clases 11 y 12, cada grupo expuso sus presentaciones de modo oral a todo el grupo clase.

Análisis de la implementación del diseño

a) Lectura de RE. El estudiantado utilizó notebooks y netbooks de la escuela o propias y sus teléfonos móviles personales tanto para lectura de RE como para la construcción de la representación digital. A partir de los diálogos establecidos en los grupos de trabajo, se identificó que la actividad fomentó el análisis de los elementos a representar, su carácter dinámico y su significado, tal como se ejemplifica en el siguiente diálogo establecido al interior de un grupo mientras construían su animación:

E1: ¿Ahora? ¿Ponemos esto acá?

E2: Lo dejemos igual como la que ya hicimos, cópialo y pégalo ahí.

E3: No, si lo ponés ahí no se va a notar. Tenemos que hacer otra cosa.

E2: No, ¿Por qué?

E3: Fíjate, acá no entra el virus. Hay que cambiarlo.

E4: Podés hacer como que viene llegando pero rebota o no puede entrar.

E1: Bueno, entonces pego acá el mismo dibujito de la membrana, pero le saco esto que tiene acá.

E3: Claro, es que no está la proteína, la tenés que sacar.

E2: Entonces ahí agregale el cartelito que diga que no tiene la proteína receptora CCR5.

Podemos aventurar que, el diseño didáctico propuesto fomentó el aprovechamiento de las potencialidades de representación dinámica que ofrecen los dispositivos tecnológicos, con lo cual los dispositivos actuaron como herramientas que mediaron una actividad epistémica, en tanto les permitía analizar otras RE, representar los modelos construidos, revisarlos y transformarlos.

b) Comunicación grupal. En este segundo ciclo se registró en numerosas ocasiones la explicación entre pares, tanto entre integrantes del mismo grupo de trabajo como entre grupos. Un ejemplo, se presenta a continuación, a partir de una situación que tuvo lugar en la sexta clase mientras resolvían problemas de lápiz y papel. Un grupo de estudiantes no lograba resolver la siguiente actividad: *Considerando la siguiente secuencia de ADN escribe para qué secuencia de aminoácidos de una proteína codifica: AGCAGTAGAAGG. Observa el resultado y explica por qué a partir de secuencias diferentes se obtienen estos aminoácidos.* Ante ello, le piden ayuda a una compañera de otro grupo quien desarrolla una explicación utilizando el código circular:

Tenés que leer las letras de a tres y buscar en el código con la letra que comienza y después vas buscando las que siguen hasta que llegás a esta última que te dice cuál es el aminoácido, pero acá todas terminan dando siempre serina porque varias combinaciones te pueden dar como resultado un mismo aminoácido (Estudiante del Grupo 2, 16 años).

La demanda cognitiva del problema y el trabajo en grupo fomentó el diálogo entre el estudiantado, colocándolos en un rol activo y protagónico. La diversidad de niveles de comprensión

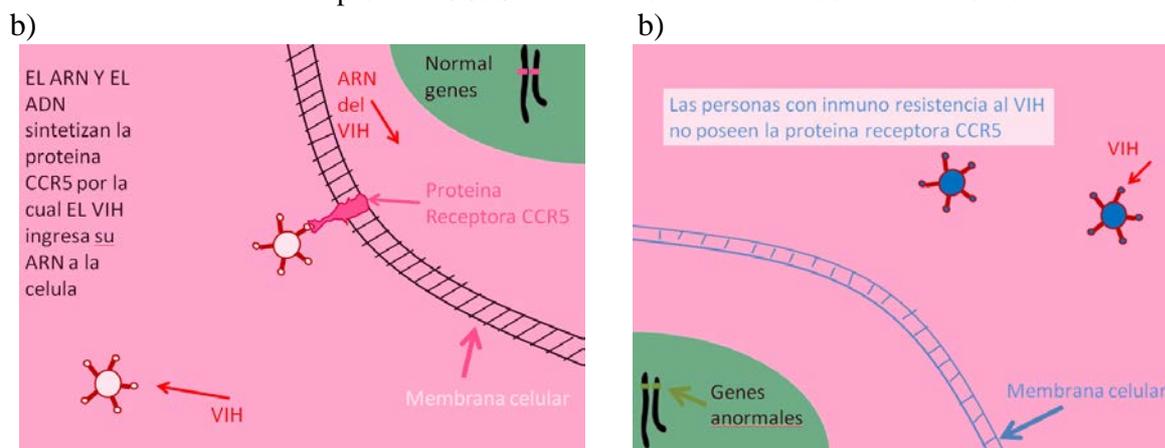
² <http://www.praccis.org/>

entre el estudiantado permitió la colaboración, siendo algunos capaces de explicar a sus pares los procesos biológicos implicados y las formas de afrontar la resolución de los problemas.

c) Construcción de ideas. En relación al contenido de las representaciones generadas, todas utilizaron como marco de referencia el modelo conceptual de síntesis de proteínas para lograr responder al problema presentado. En la Imagen 3 se presentan dos capturas de pantalla de algunas de las representaciones generadas por un grupo de estudiantes, para explicar el ingreso del VIH en personas que tienen la proteína CCR5 (Imagen 3 a) y para la situación en la que el VIH no ingresa en las células por ausencia de la proteína CCR5 en la membrana celular (Imagen 3 b). Puede observarse la señalización de la proteína receptora y su relación explícita a la presencia de inmuno resistencia. Así mismo, durante la exposición de las representaciones se identifica la alusión a la síntesis de proteínas y el proceso de ingreso del virus a la célula. En el siguiente extracto de la exposición oral de una estudiante, se identifica lo antes mencionado:

En las personas que se infectan con VIH, su ADN sintetiza la proteína CCR5 receptora, el VIH se une a la proteína, el virus se fusiona con la membrana celular e ingresa su ADN a la célula. En cambio las personas que son inmunes al VIH no sintetizan la proteína CCR5 debido a una delección en su ADN, como no está la proteína CCR5 no puede ingresar el virus a la célula (Estudiante del Grupo 4, 16 años).

IMAGEN 3. Captura de pantalla de la animación final generada por un grupo de estudiantes para representar a) el ingreso del VIH en personas que tienen la proteína CCR5 y b) Sin ingreso del virus por ausencia de la proteína CCR5 en la membrana celular. Estudio de diseño.



Fuente: Captura de pantalla de las presentaciones generadas por el grupo de estudiantes N° 4, quienes realizaron una modificación de la presentación en Power Point de "PRACCIS"³

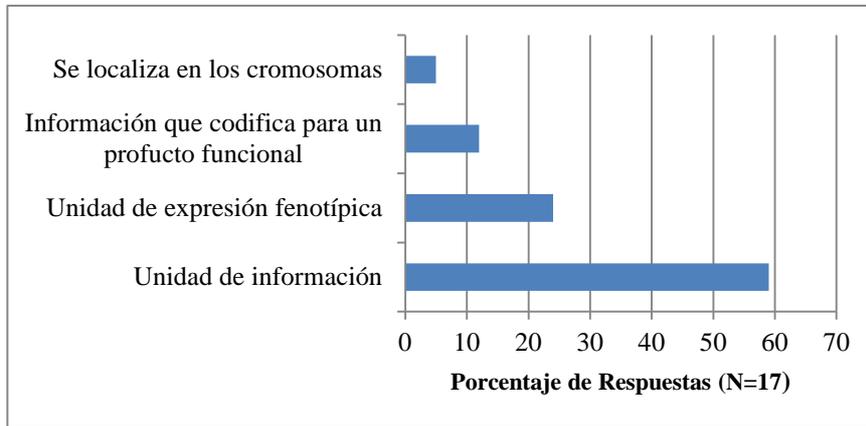
La elaboración de representaciones digitales y su exposición oral permitieron la expresión de los modelos escolares de modo dinámico. Esta potencialidad de las animaciones de apoyar la comunicación del carácter dinámico del proceso (Lowe y Schnotz, 2014), permitió reconocer cómo esta dimensión toma lugar en el modelo escolar de arriba del estudiantado. En este caso se identifica una recodificación de la información estableciendo relación de correspondencia (Pérez-Echeverría et al., 2010) entre la información genética, la síntesis de una proteína y su relación con un fenotipo específico en relación a la infección del VIH.

A partir de los cuestionarios finales, se observa respecto al concepto de gen que la mayoría (59 %) indicó que se trata de "unidades de información genética" sin brindar mayores precisiones (Figura 2). Un 24 % lo asoció a la expresión fenotípica y solo algunos incorporaron el concepto de gen como un producto funcional (12%). Identificamos que, nuevamente, al pedir al estudiantado

³ <http://www.praccis.org/>

una definición de gen, predomina una concepción que se podría vincular a los procesos de herencia mendeliana simple en desmedro de la visión moderna, tal como se ha registrado en otras investigaciones (Todd y Kenyon, 2016). Esto parece indicar que, incluso cuando el estudiantado alcanza una comprensión del proceso, la conceptualización y definición de gen aún requiere de la realización de otras actividades.

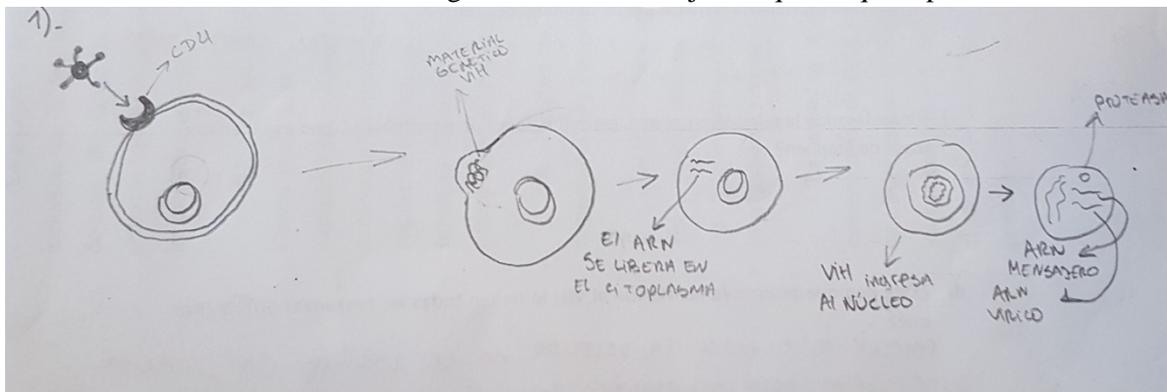
FIGURA 2 - Porcentaje de respuestas del estudiantado con respecto a qué entienden por gen. Cuestionario final estudio de diseño



Fuente: Elaboración propia

Por otra parte, se observa que la totalidad del grupo de estudiantes fue capaz de representar la acción del virus para ingresar a las células y explicarlo; incluso la mitad expresó con detalle los nombres de las enzimas y los procesos involucrados, tal como puede observarse en la Imagen 4.

IMAGEN 4. Detalle de la representación del mecanismo de infección del Virus del HIV realizado por un estudiante en el cuestionario final. Consigna: Realiza un dibujo o esquema que represente la acción del VIH



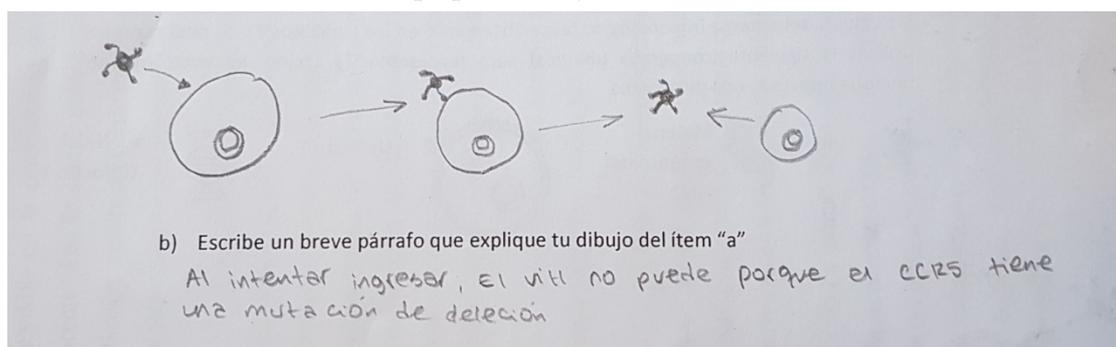
Fuente: Elaboración propia

El estudiantado acompañó estas representaciones con explicaciones específicas del proceso de infección representado, incorporando los procesos de transcripción, traducción y síntesis de proteínas. Un ejemplo es la siguiente respuesta:

El VIH se conecta con la célula receptora, ingresa el ARN y se transcribe a ADN el ADN se duplica y luego ingresa al núcleo, se sintetiza el ARNm y ARN vírico (luego se traduce a proteína vírica) y por último el virion se libera de la célula (Cuestionario final, estudiante 7, 17 años).

En función de estas respuestas, se destaca que el grupo de estudiantes logró transformar la información y recodificarla en códigos propios en función de la sintaxis de su sistema representacional, generando oportunidades epistémicas (Pérez-Echeverría et al., 2010), al trabajar con problemas específicos. Casi todo el grupo (solo 1 estudiante no respondió esta pregunta), logró construir esquemas y explicaciones referidas al mecanismo de acción que se expresa como “resistencia al VIH” en las personas que presentan una mutación para el co receptor CCR5. Un ejemplo de este tipo de respuesta se presenta en la Imagen 5.

IMAGEN 5. Detalle de la representación y explicación del mecanismo de resistencia a la infección del Virus del HIV realizado por un estudiante en el cuestionario final. Consigna: a) Representa cómo crees que el gen actúa en el cuerpo de Stephen dotándolo de resistencia al virus del VIH; b) Escribe un breve párrafo que explique tu dibujo del ítem “a”



Fuente: Elaboración propia

d) Resolución de problemas usando RE. Las respuestas brindadas en el cuestionario final ilustran que la actividad de representación implicó para el estudiantado un razonamiento “basado en modelo”, en el cual los datos o la evidencia que se fue construyendo durante toda la secuencia didáctica les permitió generar una representación explicativa del modelo teórico. Esta representación coloca en interacción el “genotipo”, que en este caso específico hacía referencia a la información genética (gen para la proteína CCR5), con la “síntesis de las proteínas” de las membranas celulares de los linfocitos y, en función de la respuesta ante el ingreso del VIH, establecer la conexión con el “fenotipo”. Así, la representación de este modelo teórico, en este caso en particular, se acercó a una visión moderna de la concepción de gen al integrar en su análisis a la codificación de proteínas.

Al solicitar al estudiantado que argumentaran si todas las personas tenían “el gen” para la resistencia a la infección del VIH, el 75 % establece relaciones específicas entre genotipo, fenotipo y las proteínas, indicando respuestas como: “*Cuando ocurre la delección, las proteínas para el desarrollo del VIH en el sistema inmunológico no se codifican*” (Cuestionario final, estudiante 9, 17 años).

Los datos indican que la actividad permitió poner en juego ideas no lineales, ya que el estudiantado incluyó en sus descripciones el rol de las proteínas en la relación entre fenotipo y genotipo (Duncan y Boerwinkel, 2018). Cabe señalar que, si bien al solicitarles definiciones de gen sus respuestas son inespecíficas y se acercan a modelos conceptuales de herencia mendeliana simple, ante situaciones contextuales como el caso discutido en clase, logran expresar ideas que provienen de modelos conceptuales cercanos a la visión moderna de los genes exponiendo el rol de las proteínas en su expresión. De este modo, la resolución de un problema dio sentido a la actividad de construir RE del proceso de síntesis de proteínas y promovió el razonamiento basado en modelo (Tytler, Prain y Hubber, 2018).

5. CONCLUSIONES

En este trabajo se desarrolló una investigación basada en diseño que integró la modelización la construcción de RE y el uso de TIC como herramientas para representar. A partir de ello se caracterizaron los aprendizajes asociados a la síntesis de proteínas que se promueven al modelizar y construir RE digitales animadas.

En relación a la lectura de RE se destaca que se utilizaron las TIC para la construcción de representaciones dinámicas y para transformar e integrar elementos, construyendo un sistema basado en reglas de composición y estableciendo relaciones de correspondencia. Por lo tanto, las TIC mediaron los procesos de interpretación y construcción de las RE y permitieron animar la síntesis de proteínas de modo secuencial promoviendo una visión dinámica del proceso.

La comunicación grupal se caracterizó por la gestión del trabajo y la discusión de las ideas centrales del modelo biológico a representar. El trabajo promovió explicaciones entre pares y colocó al estudiantado en un rol activo y protagónico. Por lo tanto, el diseño didáctico centrado en la construcción de RE dinámica en grupos de estudiantes, al lado de un problema demandante pero asequible, generó oportunidades para la negociación y la co-construcción de ideas.

Específicamente, con respecto a la construcción de ideas, se identificó la construcción de un concepto de síntesis de proteína desde una perspectiva moderna, conectando a la información genética con la síntesis de una proteína específica y su relación con un fenotipo particular al respecto de la infección del VIH. A su vez, las relaciones conceptuales establecidas por el estudiantado entre el modelo conceptual y la representación lograda se plantearon como resultado de un conjunto de decisiones y reglas de composición, y no de correspondencia directa entre signo y referente (Pérez Echeverría et al., 2009).

Asimismo, al considerar que gran parte del estudiantado brindó respuestas generales en cuanto al concepto de gen referidas a “unidades de información genética” se identifica la necesidad de incorporar actividades de reflexión, transferencia y abstracción. En este sentido, son valiosos los aportes de Queiroz de Cavalho, Beltramini y Segnini Bossolan (2018), quienes enfatizan que la principal dificultad que se advierte no es la formulación de conceptos sobre la síntesis de proteínas, sino su definición y aplicación. Por lo tanto, es posible pensar que para lograr su integración en el marco conceptual de la genética se requeriría continuar trabajando con actividades que promuevan la redefinición de estos conceptos, la construcción de varios modelos y su síntesis teórica.

Con respecto la resolución de problemas usando RE, la secuencia didáctica centrada en una situación problemática, fomentó el razonamiento basado en modelos, estableciendo relaciones entre los fenómenos o hechos del mundo y las ideas teóricas que los explican. Esta relación teoría – fenómeno o problema de salud, logró plantear un reto al estudiantado que dio sentido a la construcción de sus representaciones acerca de la síntesis de proteínas, generando oportunidades epistémicas. En este sentido, es posible decir que el problema presentado se convirtió en un “hecho paradigmático”, es decir en un caso ejemplar que puede funcionar como analogía para explicar otros hechos bajo el mismo enfoque teórico (Izquierdo, 2005) y a la larga promover la construcción robusta del concepto de gen.

Por otra parte, en el análisis de resultados se advierten algunas limitaciones del trabajo. En particular, las reflexiones solicitadas al estudiantado se encontraron circunscriptas al caso presentado, por lo que no sería posible afirmar que a partir de esta experiencia podrían resolver otras situaciones en las que se pusieran en juego los conceptos de síntesis de proteínas. Para ello, sería necesario desarrollar experiencias que brinden oportunidades de transferir estos conocimientos a nuevas situaciones problemáticas y, en términos de investigación, estudiar el alcance de dicha transferencia.

A su vez, la naturaleza de las investigaciones basadas en diseño requiere de ciclos iterativos de diseño y análisis (Scott et al., 2020). En este trabajo solo se presentó el desarrollo de un ciclo de análisis para el diseño que permitió identificar desafíos y líneas de trabajo. Por lo tanto, a partir de

esta información se espera continuar con el proceso de investigación y llevar adelante un nuevo ciclo de diseño y análisis.

Por último, si bien los resultados aquí reseñados se obtuvieron a partir de un diseño contextualizado para la infección del VIH, los aprendizajes refieren a un constructo esencial de la biología que no solo permite explicar procesos genéticos, sino que resulta valioso para comprender numerosos desarrollos biotecnológicos. Las vacunas resultan un ejemplo de un producto biotecnológico que se basa en conceptos genéticos y que suscita debates sociales. Diversos estudios han puesto en evidencia la estrecha relación existente entre el conocimiento científico que poseen las personas y las decisiones que toman sobre la vacunación (Baytelman, Iordanou y Constantinou, 2020). Es por ello que en un escenario como el que actualmente plantea la pandemia de la COVID 19, los conocimientos que permiten comprender la producción y el funcionamiento de las vacunas resultan de interés para la didáctica de las ciencias. En este sentido, el diseño didáctico presentado puede ser adaptado considerando como marco contextual la infección del virus SARS-CoV-2 a fin de permitir al estudiantado comprender los diferentes desarrollos biotecnológicos para la producción de vacunas, participar de estos debates y tomar decisiones desde marcos de conocimiento científico. Asimismo, la integración de esta nueva situación problemática en el diseño didáctico aquí presentado se podría constituir en una oportunidad para transferir los conocimientos de síntesis de proteínas.

Referencias

- Adúriz-Bravo, A. (2015). Pensamiento “basado en modelos” en la enseñanza de las ciencias naturales. *Revista del Instituto de Investigaciones en Educación. Facultad de Humanidades – UNNE*, 6 (6), 20-31. DOI: 10.30972/riie.063680
- Bahamonde, N. y Gómez Galindo, A.A. (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: 10.5565/rev/ensciencias.1748
- Baytelman A., Iordanou K. y Constantinou C.P. (2020) Epistemic beliefs and prior knowledge as predictors of the construction of different types of arguments on socioscientific issues. *Journal of Research in Science Teaching* 57, 1199–1227. DOI: 10.1002/tea.21627
- Berg, A., Orraryd, D., Jahic Pettersson, A. y Hultén, M. (2019). Representational challenges in animated chemistry: self-generated animations as a means to encourage students’ reflections on sub-micro processes in laboratory exercises. *Chemistry Education Research and Practice* 20, pp. 710-737. DOI: 10.1039/C8RP00288F
- Buckley, B. (2000). Interactive multimedia and model-based learning in biology. *International Journal of Science Education*, 22(9), 895-935. DOI: 10.1080/095006900416848
- Confrey, J. (2006). Chapter 9: The Evolution of Design Studies as Methodology. En R.K. Sawyer (Ed.), *The Cambridge Handbook of the Learning Science* (pp. 135-152). Nueva York: Cambridge University Press.
- Duncan, R.G. y Boerwinkel, D.J. (2018). Molecular Biology. En K. Kampourakis y M.J. Reiss (Ed.), *Teaching Biology in Schools. Global Research, Issues, and Trends* (pp. 35-47). New York: Routledge.
- Dussel, I. y Trujillo Reyes, B.F. (2018). ¿Nuevas formas de enseñar y aprender? Las posibilidades en conflicto de las tecnologías digitales en la escuela. *Perfiles Educativos*, 40(Especial), 142-178. doi: 10.22201/iisue.24486167e.2018.Especial.59182
- Evagorou, M., Erduran, S. y Mäntylä, T. (2015). The role of visual representations in scientific practices: from conceptual understanding and knowledge generation to ‘seeing’ how science works. *International Journal of STEM Education*, 2 (11). DOI: 10.1186/s40594-015-0024-x
- Gómez Galindo, A.A. (2008). Construcción de explicaciones multimodales: ¿Qué aportan los diversos registros semióticos? *Revista Latinoamericana de Estudios Educativos*, 4(2), 83-99.

- Hoban G. y Nielsen W. (2014) Creating a narrated stop-motion animation to explain science: The affordances of "Slowmation" for generating discussion. *Teaching and Teacher Education* 42, 68-78. DOI: 10.1016/j.tate.2014.04.007
- Izquierdo Aymerich, M. (2005). Hacia una teoría de los contenidos escolares. *Enseñanza de las Ciencias*, 23(1), 111-122.
- Jablonka, E. y Lamb, M.J. (2013). Evolución en cuatro dimensiones. Genética, epigenética, comportamientos y variación simbólica en la historia de la vida. Buenos Aires: Capital Intelectual.
- Latour, B. (1986). Visualisation and Cognition: Drawing Things Together. En H. Kellick (Ed.), *Knowledge and Society, Studies in the Sociology of Culture Past and Present* 6 (pp. 1-40). Jai Press.
- Latour, B. (2008). Reensamblar lo social: una introducción a la teoría del actor-red. Buenos Aires: Manantial.
- Lewis, J. y Kattmann, U. (2004). Traits, genes, particles and information: re-visiting students' understandings of genetics. *International Journal of Science Education* 26 (2), 195-206. DOI: 10.1080/0950069032000072782
- Lowe, R.K. y Schnotz, W. (2014). Animation principles in multimedia learning. En R.E. Mayer (Ed.), *Cambridge handbooks in psychology. The Cambridge handbook of multimedia learning* (pp. 513–546). Cambridge University Press. DOI: 10.1017/CBO9781139547369.026
- Marbach-Ad, G., Rotbain, Y. y Stavy, R. (2008). Using computer animation and illustration activities to improve high school students' achievement in molecular genetics. *Journal of Research in Science Teaching*, 45(3), 273–292. DOI: 10.1002/tea.20222
- Martí, E. (2017). Body, culture and cognition: avoiding reductionist temptations. *Estudios de Psicología*, 38 (1), 140-168. DOI: 10.1080/02109395.2016.1268392
- Pérez-Echeverría, M.P., Martí, E. y Pozo, J.I. (2010). Los sistemas externos de representación como herramientas de la mente. *Cultura y Educación*, 22 (2), 133-147. DOI: 10.1174/113564010791304519
- Queiroz de Cavalho, J.C., Beltramini, L.M. y Segnini Bossolan, N.R. (2018). Using a board game to teach protein synthesis to high school students. *Journal of Biological Education*, 53 (2), 157-164. DOI: 10.1080/00219266.2018.1469532
- Rinehart, R.W., Duncan, R.G., Chinn, C.A., Atkins, T.A. y Di Benedetti, J. (2016). Critical design decisions for successful model-based inquiry in science classrooms. *International Journal of Designs for Learning*, 7 (2), 17–40. DOI: 10.14434/ijdl.v7i2.20137
- Samson, M., Libert, F., Doranz, B.J., Rucker, J., Liesnard, C., Farber, C.M.; Saragosti, S., Lapumérroulie, C., Cognaux, J., Forceille, C.; Muyltermans, G., Verhoshstede, C., Burtonboy, G., Georges, M., Imai, T., Rana, S., YI, Y., Smyth, R.J., Collman, R.G., Domst, R., Vassart, G. y Parmentier, M. (1996). Resistance to HIV-1 infection in Caucasian individuals bearing mutant alleles of the CCR-5 chemokine receptor gene. *Nature*, 382, 722-725. DOI: 10.1038/382722a0
- Scott, E.E., Wenderoth, M.P. y Doherty, J.H. (2020). Design-Based Research: A Methodology to Extend and Enrich Biology Education Research. *CBE—Life Sciences Education*, 19 (3), 19:es11. DOI: 10.1187/cbe.19-11-0245
- Stern, F. y Kampourakis, K. (2017). Teaching for genetics literacy in the post-genomic era. *Studies in Science Education*, 53 (2), 193-225. DOI: 10.1080/03057267.2017.1392731
- Strømme, T.A., Mork, S.M. (2020). Students' Conceptual Sense-making of Animations and Static Visualizations of Protein Synthesis: a Sociocultural Hypothesis Explaining why Animations May Be Beneficial for Student Learning. *Research in Science Education*. DOI: 10.1007/s11165-020-09920-2

- Todd, A. y Kenyon, L. (2016). Empirical Refinements of a Molecular Genetics Learning Progression: The Molecular Constructs. *Journal of Research in Science Teaching*, 53(9), 1385-1418. DOI: 10.1002/tea.21262
- Tytler, R., Prain, V. y Hubber P. (2018). Representation Construction as a Core Science Disciplinary Literacy. In: KS. Tang y K. Danielsson (Ed.), *Global Developments in Literacy Research for Science Education* (pp. 301-317). Springer, Cham.
- Weiss, E. (2017). Hermenéutica y Descripción Densa versus Teoría Fundamentada. *Revista Mexicana de Investigación Educativa*, 22(73), 637-654. <https://www.comie.org.mx/revista/v2018/rmie/index.php/nrmie/article/view/28>

CÓMO CITAR ESTE ARTÍCULO

Occelli, M., Pomar, S. y Gómez Galindo, A.A. (2022). Modelizar y construir representaciones externas sobre la síntesis de proteínas: un estudio de diseño en la escuela secundaria. *Didáctica de las ciencias experimentales y sociales*, 42, 119-136. DOI: 10.7203/DCES.42.20945

