

Biomodel: 20 años construyendo y compartiendo bioquímica interactiva

Ángel Herráez

Bioquímica y Biología Molecular
Departamento de Biología de Sistemas. Universidad de Alcalá

Estimados compañeros bioquímicos:

Este otoño se cumplirán 20 años desde que me inicié en la creación de materiales web de apoyo a la docencia y al aprendizaje. Así es, según los registros^{1,2} en noviembre de 1998 construí la primera versión de lo que luego se llamaría Biomodel. En aquel momento, teníamos que usarla instalando los archivos en un aula con una veintena de ordenadores y convocando a los alumnos a una sesión presencial. Afortunadamente, unos meses después (abril de 1999) pude dar de alta un espacio en el servidor web de mi universidad para mantener el material centralizado, más fácilmente actualizable y mucho más accesible. Y así ha seguido siendo hasta hoy, con progresivas adiciones y las actualizaciones necesarias para mantener el funcionamiento en una tecnología de internet cambiante. La necesidad de asignar un nombre al espacio se solventó gracias a la inspiración de mi compañera Cristina Tejedor: “Biomodel”, que se acompaña a modo de subtítulo descriptivo con “Páginas de complemento al estudio de bioquímica y biología molecular”. Confío en que todos hayáis pasado por ahí en algún momento y le hayáis podido sacar provecho, pues para eso está.

LOS COMIENZOS

¿Cómo empezó esta aventura o, mejor dicho, por qué? Descubrí el material del profesor Eric Martz³, que mostraba en el ordenador modelos estructurales de biomoléculas en un formato tridimensional con el que uno podía interactuar, girándolo, acercando o alejando el punto de vista, cambiando el estilo de la representación de bolas y varillas a esferas o cintas... Me pareció una ayuda excepcional para comprender las biomoléculas, y me puse a la tarea de redactar y construir modelos para apoyar mis clases. Por entonces, se trató de unas secciones con la estructura de ácidos nucleicos (desde las bases y su emparejamiento hasta la hélice doble del DNA bicatenario) y la de motivos proteicos de interacción con el DNA. Con eso pude montar una sesión para que los alumnos pasasen por eso que llamábamos “prácticas informáticas” complementando la asignatura de biología

molecular. Al poco tiempo, contacté con el profesor José Ramón López (UVa), que había traducido algunos módulos de estructura de proteínas de Eric, y acordamos combinar nuestros materiales para tener un contenido más amplio, en español, en ambas universidades. Más adelante el catálogo de secciones en Biomodel fue creciendo progresivamente con RNA, complejos de RNA con proteínas, bicapa lipídica... Por el camino, entre 2001 y 2010 el contenido de Biomodel formó parte de BioROM, donde aunábamos esfuerzos combinando los materiales en español de hasta 30 profesores de varias universidades y países para que estuvieran disponibles en formato CD-ROM⁴.

DISEÑO INSTRUCTIVO

Más que proporcionar aquí una enumeración de contenidos, me parece relevante comentar en algún detalle la estrategia que, poco a poco, he ido elaborando en cuanto al diseño de los materiales. La inspiración inicial procedió del formato ofrecido por Eric en forma de plantillas para página web; en ellas, una zona grande de la pantalla se dedicaba al modelo y, a su lado, se mostraba un guión escrito, con no mucho texto y con enlaces y botones que hacen que el modelo se muestre en formas preparadas de antemano para ir ilustrando los puntos clave que anticipamos resultarán instructivos. Se prepara de este modo un material auto-guiado, que los alumnos podrán usar sin la presencia del profesor pero que les va llevando por aquello que queremos que comprendan. Por otra parte, hay libertad para *trastear* con el modelo, para explorar la estructura saliéndose del guión. Creo que en todo el desarrollo posterior de materiales en Biomodel (ya no sólo estructuras moleculares) he seguido manteniendo esta idea de simultanear un recorrido pautado con una autonomía de exploración, así como de integrar en el propio material todo el guión de trabajo y las ayudas necesarias, en lugar de que residan en documentos independientes y externos. Como principio importante, no se trata de tener algo que el profesor utilice para enriquecer su clase —aunque de hecho puede hacerlo así—, sino de que el alumno disponga luego de ese mismo material durante

su tiempo de estudio y, más aún, de que cualquiera pueda utilizarlo sin depender de una asignatura o un profesor. Entiendo que con esto se abre la posibilidad de usar el material para el aprendizaje autónomo –una idea que, por puro sentido común, anticipaba uno de los principios que luego nos han venido dados como parte del proceso de renovación metodológica asociada a la reforma de las titulaciones (la *bolonización*, si me permitís la licencia).

EL RETO TÉCNICO

Aprender a conseguir archivos de modelos moleculares, a personalizar su aspecto y a escribir páginas web eran etapas lógicas en esta tarea. Afortunadamente, siempre se pudo contar con la ayuda generosa de otros que nos habían precedido. Lo que no era tan previsible era que aquello que un año funcionaba sin pegas en los navegadores de internet, de pronto dejaría de hacerlo. La causa: cambios en los estándares de los navegadores.

Primero, Netscape inventó el concepto de conectores (*plugins*) y gracias a eso se desarrolló *Chemscape Chime* a partir de *Rasmol*; ahí comenzó la posibilidad de incluir los modelos moleculares dentro de la propia página web, solución ideal para nuestros intereses. Pero Netscape sucumbió en favor de otros navegadores más pujantes y con ello la posibilidad de incorporar *Chime* se hizo más y más difícil para el usuario y el administrador de las aulas de ordenadores. Tocó, pues, encontrar o inventar nuevas soluciones. Afortunadamente, un microbiólogo de Salamanca (disculpad que ahora no pueda localizar su nombre) captó el interés de Michael T. Howard, un informático que visitaba España de sabático y quien altruistamente remodeló *Jmol* para que admitiera todo lo que muchos teníamos escrito para *Chime*. Hubo que adaptar las páginas, pero *Jmol* parecía la solución maravillosa a nuestros problemas pues corría sobre *Java*, y ello lo hacía compatible con los tres sistemas operativos dominantes del momento: *Windows*, *MacOS* y *Linux*, y los respectivos programas navegadores de internet.

Pasaron los años y, de nuevo, algo se agitó en el mundo de la red mundial: las miniaplicaciones *Java* podían usarse con malas intenciones, debido a lo cual se fueron aplicando cada vez más restricciones a su uso dentro de las páginas web. *Jmol* se volvió un juguete obsolecente. Pero una vez más la fortuna nos sonrió con alguien que vino al rescate: Bob Hanson, un profesor estadounidense de química orgánica, con aficiones múltiples,

que había tomado unos años antes el revelo en el desarrollo de *Jmol*; por cierto, añadiendo un montón de prestaciones nuevas y ampliando el programa a estructuras de materiales, cristalográficas, orbitales atómicos y moleculares, vibraciones, posibilidad de modificar el modelo, trazado de objetos... Bob consiguió en unos meses lo que todos dábamos por irrealizable: convertir el programa en una versión que mantuviese la misma funcionalidad pero fuera independiente de *Java*. El nuevo *JSmol* (con “js” de *JavaScript*) utiliza los estándares modernos de las páginas web (*html5*) y así se muestra directamente en los navegadores, sin necesidad de instalar



Cartel del 20º aniversario de Biomodel.

Materiales web de apoyo a la docencia y al aprendizaje.

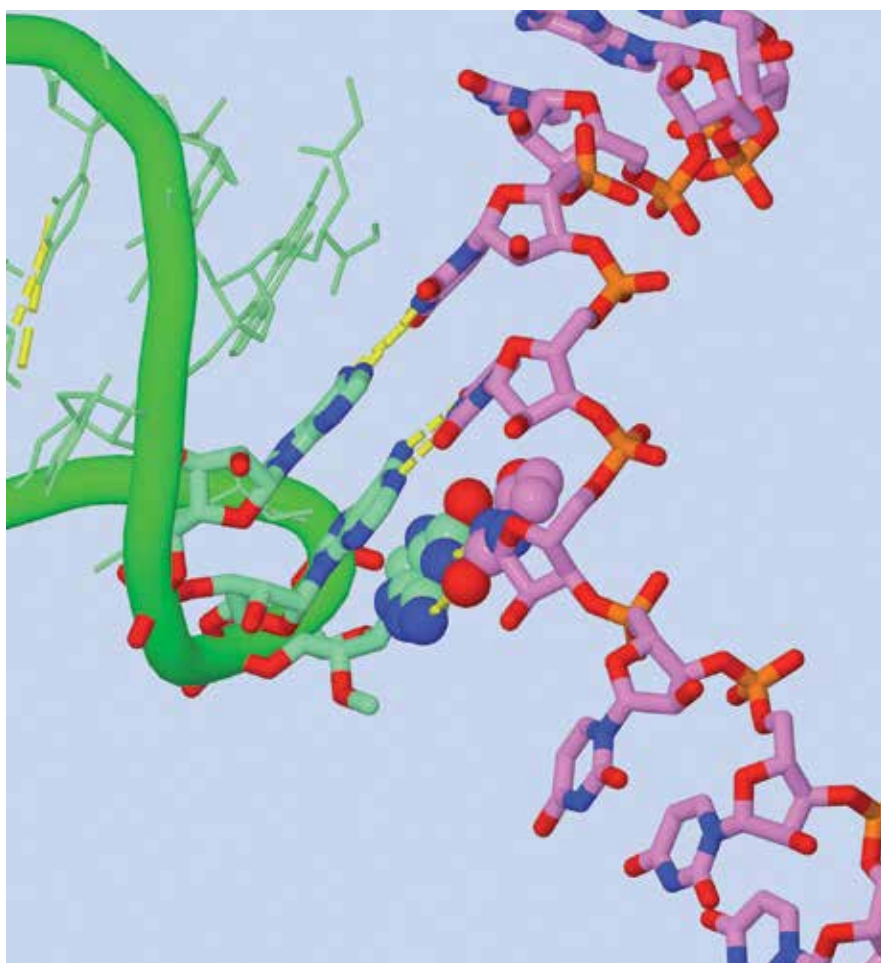
ningún programa y sin amenazas de seguridad. Y sigue siendo compatible con distintos sistemas operativos, incluidos ahora los de las tabletas y teléfonos.

Cada una de estas dos crisis con transición tecnológica supuso, por supuesto, la necesidad de readaptar los materiales que ya teníamos para ajustarlos a los nuevos formatos. Más de una excelente página con orientación docente se ha perdido a causa de estas transiciones, pero no así Biomodel que ha mantenido su operatividad a la par que crecía.

NO TODO ES ESTRUCTURA

Si bien la posibilidad de mostrar la estructura de las moléculas usando modelos tridimensionales fue el *leitmotiv* de esta sede web, poco a poco se le han ido incorporando otros tipos de material. Una gran ventaja de las páginas

html es que admiten gran diversidad de formatos en sus contenidos. En algunos casos, se ha tratado de materiales que encontré en inglés y me parecieron interesantes para apoyar mis asignaturas, como los módulos de citogenética, el vídeo documental del genoma humano, las animaciones de John Giannini o los cortos de cine del Walter & Eliza Hall Institute y del Howard Hughes Medical Institute. Contactados los autores del material original, siempre se han mostrado de acuerdo en que yo lo adaptase con una versión en español y la publicase en mi sede web. De nuevo, ejemplos de colaboración fructífera.



Interacción entre anticodón y codón
(tinyurl.com/tmRNA)

Otra línea de acción que me ha interesado y poco a poco va expandiéndose es el desarrollo de simulaciones de diversos procesos y, en especial, de técnicas de laboratorio. Este tipo de material puede cumplir una labor de complemento a la explicación en el aula o al trabajo propio de los alumnos, así como una tarea de estudio previo y preparación para la visita al laboratorio de prácticas. Tampoco es desdeñable la posibilidad de estudiar virtualmente aquello que los medios materiales no permiten,

ya sea por falta de instrumentación o presupuesto, o por cuestiones de bioseguridad. En un horizonte ideal, las simulaciones pueden plantearse como un soporte para que los estudiantes realicen ejercicios o actividades que les ayuden en una buena asimilación de lo que las técnicas son capaces, de los principios fisicoquímicos de su acción y de su utilidad práctica. En el caso más sofisticado, el simulador se llega a convertir en un verdadero laboratorio virtual donde se pueden diseñar y desarrollar experimentos, obteniendo unos resultados realistas y acordes a lo realizado. Aparte de soslayar las limitaciones materiales,

el entorno virtual permite que el alumno repita el experimento las veces que sea necesario, ensaye diversas condiciones y aprenda asimismo nociones de diseño experimental, la planificación de un experimento de laboratorio.

Finalmente, la ampliación más reciente en Biomodel ha venido como consecuencia de mi retirada en años recientes de asignaturas de biología molecular (más exactamente, de identidad de la información genética, su transmisión y expresión) para dedicarme a dar clase de bioquímica general. En cuestiones estructurales ya estaba todo disponible, pero al plantearme la enseñanza del metabolismo han surgido ideas nuevas para materiales de apoyo, en particular aquellos que sean interactivos y asimismo recursos donde intento aplicar una reflexión en la línea de resumir, uniformizar tratamiento y presentación, y analizar comparadamente⁵. En consecuencia, ha aparecido una nueva sección en la sede web con todo lo que he ido construyendo en estos últimos tres cursos a la par que impartía las clases. No he querido duplicar lo que ya está en

los libros, sino abordar algunos puntos con un enfoque diferente. Casi todos los contenidos se orquestan en torno a un esquema central de las rutas metabólicas, para transmitir una idea de conexión entre éstas y de integración.

UNA EXPERIENCIA DE COMPARTIR

Sé que a mucha gente aún le cuesta concebir las ideas del trabajo compartido y del resultado “regalado”. Imagino que es un cambio sociocultural que aún no ha terminado

de llegar. Todos somos muy celosos del fruto de nuestro esfuerzo, y no pocas veces me han preguntado aquello de “¿cómo puedo proteger esto que he hecho para que no me lo copien?”. La respuesta, con una sonrisa, es obvia: no lo publiques en internet. La continuación es ¿por qué te preocupa tanto? La otra gran pregunta ha sido en ocasiones: “Esto está muy bien, ¿no has pensado en cobrar por ello?” Mi respuesta, no siempre formulada pero siempre latente, es ¿acaso estarías dispuesto a pagar por ello? y ¿cuántos más lo harían? La más razonable es: yo no hice todo esto de cero, sin ayuda de nadie; aunque es de mi autoría, me he apoyado en cosas de otros; sería cuestionable mi derecho a reclamarlo como propio en un sentido comercial. Y además, no me interesa hacerlo: disfruto ofreciéndolo y más cuando alguien se molesta en decirme que le ha sido de utilidad (lo cual no ocurre muy a menudo, y menos aún desde este lado del océano). ¿Por qué debería marginar a aquellos docentes y estudiantes cuya situación les impidiera pagarlo? Disfruto haciéndolo, creo que se me da bien, disfruto cuando a alguien le sirve de ayuda y, al fin y al cabo, se ha convertido en una parte principal de mi tarea como profesor de una universidad pública, cuya función es... (completad vosotros la frase).

El tema de autoría, derechos, propiedad intelectual, licencias abiertas... da para largo y no siempre cuenta con una visión de consenso en el mundo académico. En esta revista ya he publicado anteriormente diversas pinceladas al respecto, así que no me repetiré. Solo quiero mandar un mensaje, aprovechando este artículo de recapitulación, sobre lo que ha supuesto el desarrollo de Biomodel en mi percepción de estas cuestiones. Desde que concebí la idea de poner mis materiales en internet, han estado disponibles para cualquiera que tuviera la conexión, sin coste y sin limitaciones de acceso. Bueno, no solo eso, pues los 10 años que estuvimos publicando *BioROM* los materiales estuvieron incluso al alcance de quienes no tenían conexión a la red.

Solo en un caso he aplicado alguna restricción al acceso: el año pasado hice una actualización importante de Cibertorio, el laboratorio virtual de biología molecular. Una cierta reflexión me llevó a la decisión de limitar el acceso mediante una contraseña. No es que estuviese completamente convencido, pero decidí probar. La única razón para hacerlo es disponer de más información sobre el uso de este módulo; creo que se trata de una herramienta con un fuerte potencial y cuyo uso me gustaría se extendiese, pero no anónimamente. El acceso, por supuesto, sigue siendo gratuito; sólo pido una identificación, centro de estudios, información de en qué se quiere usar; básicamente, que me llegue un aviso: soy fulano, doy clase aquí o estudio allá y me interesa usar esto para hacer tal cosa. Y yo respondo: bienvenido, aquí están tus claves, compártelas con tus alumnos o compañeros. Algo de trabajo me da, pero también una sensación de utilidad y la satisfacción de ver

la diversidad de gentes y países adonde he podido llegar con una ayuda.

Por cierto, aprovecho para declarar aquí mi agradecimiento a quienes habéis escrito o habéis enlazado y recomendado Biomodel desde vuestras bibliografías, *blogs* o páginas web. Gracias a los de ultramar, que lo usan mucho y son más explícitos al contarlo. Gracias a los profesores de secundaria, otro grupo de grandes usuarios; en general los materiales no se diseñan para vuestra situación, pero sé que en muchos casos ha resultado servir a vuestras necesidades, y me encanta que así sea.

Por otra parte, como ya he ido apuntando ha habido numerosas ocasiones en que he disfrutado de la participación de otras personas, ya sea aportando ideas, como usuarios con sus alumnos (en esas sesiones siempre surgen cosas que arreglar o mejorar), como autores originales cuya obra traduje o adapté... La experiencia de *BioROM*, en la que ahora no me extenderé, fue algo extraordinario que nos ayudó a todos. Pero no ha sido la única ocasión de confluencia. Y siempre salimos beneficiados cuando trabajamos juntos.

ANIVERSARIO

Con esta efeméride en ciernes, he preparado una comunicación para el congreso SEBBM, este artículo para la revista y un “libro de visitas” en la red donde me gustaría recoger testimonios de vuestra experiencia con estos materiales. No pretendo una colección de comentarios del tipo “me gusta”, “muy bien”, “enhorabuena” o “vaya simpleza, no merece la pena”, sino relatos de cómo lo habéis usado, qué habéis echado en falta, qué módulos os han resultado útiles, cuáles no, en qué cursos, con qué alumnos... En la pantalla inicial de la sede web podréis encontrar el enlace a dicho libro de visitas. Agradeceré vuestras aportaciones.

REFERENCIAS

- Herráez A. Novedades en la sede web Biomodel. <http://biomodel.uah.es/novedad.htm> [consultado 6/7/2018].
- Herráez A. Historial de versiones de Biomodel-1. <http://biomodel.uah.es/model1j/historia.htm> [consultado 6/7/2018].
- Martz E, 1998. (a) RasMol scripts for classroom projection. http://www.umass.edu/microbio/rasmol/scrip_mz.htm (b) Presenting RasMol-saved scripts with Chime. <http://www.umass.edu/microbio/chime/prsswc/template.htm> [consultadas 6/7/2018].
- Presentación de BioROM. <http://biomodel.uah.es/biorom/> [consultado 6/7/2018]. Sede principal de BioROM en <http://www.biorom.uma.es/>
- Herráez A, 2017. Herramientas digitales al servicio de la docencia del metabolismo. En: La enseñanza del metabolismo: retos y oportunidades (M. A. Medina Torres, F. Suárez Marín, F. J. Alonso Carrión, coords.); pp. 163-179. ISBN 978-84-697-7814-2. Biblioteca digital de la Universidad de Málaga, <http://hdl.handle.net/10630/15124> Acceso abierto (CC-by-nc-nd).