

Desarrollo de un simulador del control genético de las capas en caballos: una nueva metodología interactiva para el aprendizaje de las bases de la herencia

Antonio Romero¹, Francisco José Vázquez¹, Javier Gómez-Arrue², Inmaculada Martín³, Isaías Zarazaga³, Pilar Zaragoza³, Rosario Osta³, Clementina Rodellar³

1.- Dpto. de Patología Animal. Hospital Veterinario (HV-UZ). 2.- Instituto Aragonés de Ciencias de la Salud (I+CS). 3. Dpto. de Anatomía, Embriología y Genética Animal, UZ.
contacto: aromerol@unizar.es

CONTEXTO ACADEMICO: asignatura de Genética de 2º curso del nuevo grado en Veterinaria (a impartir en 2011-2012)

OBJETIVO:

Desarrollo de un simulador informático para el aprendizaje de la herencia mendeliana utilizando el color de la capa de los caballos:

- permite el estudio de diversas formas de herencia: dominancia completa, herencia intermedia, series alélicas, epistasias, codominancia, letalidad...
- se trata de una especie sumamente atractiva, llamativa para la mayoría de los alumnos, y con una gran variedad de distintos colores de pelajes.
- sitúa al alumno en un entorno real en el que muchos caballos tienen mayor o menor valor en función de su capa
- favorece que el alumno participe activamente en el proceso de aprendizaje

RESULTADOS ALCANZADOS:

- Desarrollo de 6 Temas de Ayuda: Bases cromosómicas de la herencia, Herencia mendeliana, Ampliación de la herencia mendeliana, Herramientas estadísticas básicas, Nomenclatura de las capas de los caballos, Herencia de las capas de los caballos.
- Desarrollo de una extensa Base de Datos en la que se relacionan imágenes de las diferentes capas de caballos con sus genotipos y viceversa. Esta correspondencia es la que permitirá que la aplicación genere respuestas de correspondencia entre fenotipo y genotipo.
- Desarrollo de 3 Ejercicios interactivos de simulación de complejidad creciente:
 - Identificación de capas
 - Dominancia completa: gen Grey (tordo): posibles cruzamientos y genotipo/fenotipo de la descendencia
 - Simulación de cruzamientos para comprender la epistasia simple recesiva: genes *Extensión* y *Agouti*.

METODOLOGÍA:

Simulador en Web dinámico, implementado con sistemas de programación basados en software libre.

Diseñado para poder ser utilizado en sistemas de aprendizaje autónomo: temas de ayuda, corrección instantánea de las respuestas, ejercicios de complejidad creciente.

Entorno atractivo para el alumno, con abundante material gráfico, que varía de forma aleatoria en los diferentes ejercicios o sesiones de usos del simulador



CONCLUSION: El desarrollo de esta herramienta de simulación en web permitirá utilizar una metodología docente innovadora en el aprendizaje de la genética en la que el alumno adquirirá conocimientos de manera activa en un entorno atractivo y participativo.



Universidad
Zaragoza

1542