

BRICKS | TEMA

LA BIOINFORMATICA

Un approccio didattico multidisciplinare nella scuola secondaria superiore

a cura di:

Stefano Gianfreda e Monica Fabbiano



Trasversalità, Ricerca, Competenze scientifiche e digitali

Introduzione

In ambito scientifico, considerando la differente complessità delle discipline in relazione ai diversi indirizzi di studi, l'approccio laboratoriale riveste un ruolo fondamentale nella trasmissione dei saperi e, soprattutto, nello sviluppo delle competenze. L'ampliamento del ventaglio di proposte didattiche è un lavoro che il docente costantemente mette in atto, sia prendendo spunto dalle esigenze dei discenti che confrontandosi coi colleghi. Naturalmente, la formazione continua è alla base dell'implementazione del bagaglio culturale di ciascun insegnante: la biologia è una disciplina in costante sviluppo, sospinta dalle nuove tecnologie e dalla moltitudine di risultati scientifici giornalmente raggiunti. Proprio per questo, ben si presta ad una progettualità multidisciplinare che metta lo studente nelle condizioni di utilizzare sinergicamente diverse conoscenze stimolando capacità metacognitive di *problem solving*. Tutto ciò si inserisce nel quadro di attività, metodologie e contenuti volti a sviluppare le competenze STEM, digitali e di innovazione, secondo un approccio di piena interdisciplinarietà, così come richiesto nella scuola di oggi. Inoltre, lo studio della biologia integrata con l'utilizzo di strumenti informatici consente al docente di avviare e potenziare quel percorso di *media education* che è di fondamentale importanza per la formazione dello studente quale cittadino attivo e consapevole delle proprie scelte. La proposta di un potenziamento attuato attraverso un percorso laboratoriale di bioinformatica è a tutti gli effetti una sperimentazione didattica che cerca di conciliare programmi disciplinari e strumenti digitali con le competenze trasversali degli alunni.

Progettazione e realizzazione dell'attività didattica

L'attività didattica rientra nella programmazione disciplinare progettata per una classe quinta della scuola secondaria di secondo grado "Del Prete-Falcone" di Sava (TA), Settore Tecnologico, Indirizzo "Chimica, materiali e biotecnologie Articolazione Biotecnologie sanitarie", come attività laboratoriale della materia Biologia, Microbiologia e Tecnologie di controllo sanitario. Poiché nell'ultimo anno di studi la trattazione della disciplina summenzionata prevede, come da linee guida ministeriali, un corposo approfondimento delle biotecnologie e delle tecniche di ingegneria genetica, considerando la difficoltà di improntare esperienze pratiche idonee con la strumentazione in possesso della scuola, si è ritenuto opportuno introdurre alla classe basilari concetti di bioinformatica.

La bioinformatica non è materia a sé stante nelle scuole superiori, ma può essere un utile strumento per approfondire argomenti teorici, oltre a preparare gli studenti all'utilizzo di banche dati e piattaforme online che saranno parte integrante dei programmi universitari nel prosieguo degli studi scientifici. Da questo punto di vista si prefigura, quindi, come un'opportunità di orientamento attivo per la scelta consapevole dell'indirizzo universitario. Inoltre, la bioinformatica si presta bene allo studio di argomenti complessi, come la genetica, la filogenesi, la biologia molecolare; parallelamente, si ha la possibilità di approfondire argomenti interdisciplinari, come le biomolecole (oggetto di studi del programma di Chimica e biochimica del quinto anno) e l'inglese scientifico (per l'utilizzo delle piattaforme oltre che per la ricerca bibliografica). L'alfabetizzazione digitale rientra, poi, nelle competenze chiave previste alla fine di ogni percorso di studi.

Naturalmente, tale attività può essere facilmente proposta anche in altri indirizzi di studi con le opportune modifiche: può essere da supporto per i percorsi liceali (nel Liceo scientifico opzione Scienze applicate è previsto l'insegnamento di informatica per tutti e cinque anni; nel Percorso nazionale "Biologia con curvatura biomedica" il potenziamento delle aree biologica e medica è attuato tramite attività laboratoriali orientate per problemi), rientrare nello studio della biologia nel secondo anno di tutti

i percorsi tecnici e professionali, essere un approfondimento sui concetti di *machine learning* e *data mining* negli istituti tecnici indirizzo informatica.

Minimo comune denominatore dell'attività, indipendentemente dall'indirizzo e dalla classe in cui viene proposta, è l'acquisizione del metodo sperimentale scientifico attraverso risorse digitali: l'alunno è partecipe del proprio processo educativo poiché portato a indagare problemi reali mettendo in campo le conoscenze acquisite facendo uso nuovi strumenti informatici. Tramite approcci didattici come il *problem solving* o il *project based learning*, il docente guida la classe a ricercare soluzioni a problemi di natura biologica attraverso canali non canonici.

La proposta progettuale è seguita alla trattazione degli argomenti attinenti la genetica (dal codice genetico all'organizzazione strutturale del genoma fino ad arrivare all'espressione genica). Prima di presentare alla classe le piattaforme digitali di supporto all'attività, nel laboratorio di informatica gli studenti sono stati invitati a collegarsi ai link di seguito indicati per esercitarsi a fare delle ricerche di articoli scientifici su tematiche a propria scelta e poi su una proposta dai docenti:

- <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?otool=iitcnrbrallib>: servizio di ricerca gratuito di letteratura biomedica sviluppato e a cura del National Center for Biotechnology Information NCBI (fig. 1);
- <https://scholar.google.com>: motore di ricerca accessibile liberamente che tramite parole chiave specifiche consente di individuare testi della letteratura accademica (fig. 1).

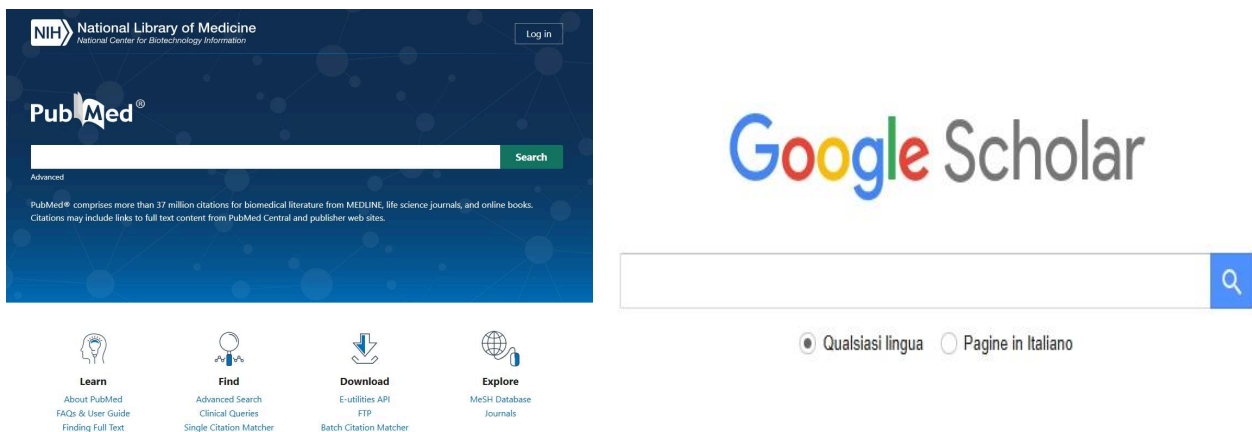


Figura 1 - Le homepage di PubMed (sinistra) e Google Scholar (destra)

E' stato proposto di ricercare informazioni sulla β -galattosidasi del batterio *Escherichia coli*. Tale enzima è ben conosciuto dagli alunni, poiché oggetto di studio nel corso del triennio, dalla trattazione degli operoni batterici e la regolazione a livello trascrizionale dell'espressione genica, all'uso nei terreni differenziali e alle tecniche di ingegneria genetica. La ricerca, inizialmente libera, è stata poi mirata con l'uso di termini suggeriti dal docente (' *β -galactosidase application/structure/function/sequence*'): è importante incoraggiare nel gruppo classe l'apprendimento cooperativo e il *peer tutoring*, ad esempio affiancando alunni con maggiore padronanza della lingua inglese a compagni meno avvezzi alla comprensione dei testi in lingua straniera. Prima di procedere oltre, si è aperta una discussione guidata sulle eventuali nuove informazioni acquisite in rete sull'enzima, mettendo a confronto le conoscenze pregresse con quanto appena appreso.

Dopo questo lavoro preparatorio di ricerca bibliografica, è stata offerta una panoramica delle piattaforme più utilizzate e completo in uso ai laboratori di tutto il mondo:

- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>: il più grande archivio di dati di sequenza al mondo, contiene dati relativi a DNA, mRNA, proteine, genomi, pubblicazioni, strumenti per data mining, ecc.; da esso si accede a PubMed (vedi sopra);
- <http://www.ebi.ac.uk>: il corrispettivo europeo di NCBI;
- <https://www.ddbj.nig.ac.jp>: il corrispettivo giapponese di NCBI e di EBI (fig. 2).



Figura 2 – I loghi dei database bioinformatici proposti alla classe.

Questi enormi database sono continuamente aggiornati, facilitano una gestione uniforme dei dati e sono implementati con un'ampia varietà di *tool* bioinformatici.

Data la complessità di utilizzo dei siti sopramenzionati, si è proceduto ad illustrare solo alcune delle possibilità offerte da NCBI, in relazione ai bisogni formativi della classe e in un'ottica di potenziamento delle conoscenze già in possesso.

Tutti gli alunni hanno operato individualmente dalla propria postazione informatica, seguendo l'iter illustrato dai docenti sulla SmartTV. Una volta acceduto al sito NCBI, è stata avviata una ricerca specifica sul gene codificante la β -galattosidasi di *Escherichia coli*: il gene lacZ (figura 3).

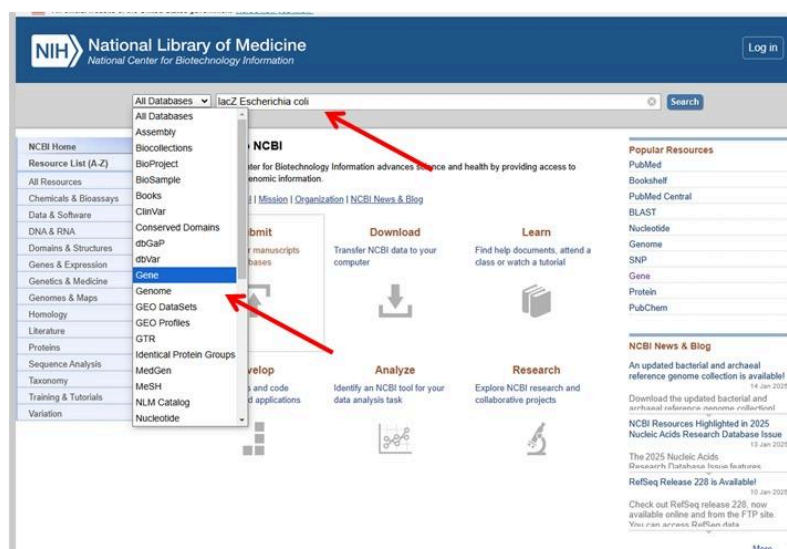


Figura 3 – Ricerca su NCBI.

Il programma restituisce tutta una serie di risultati, nel caso in studio, facilmente interpretabili poiché derivanti da una ricerca mirata (figura 4a): vengono riportati dati relativi alla localizzazione genomica

(figura 4b), i riferimenti bibliografici accessibili su PubMed, le vie metaboliche interessate, la sequenza nucleotidica e proteica (figura 4c).

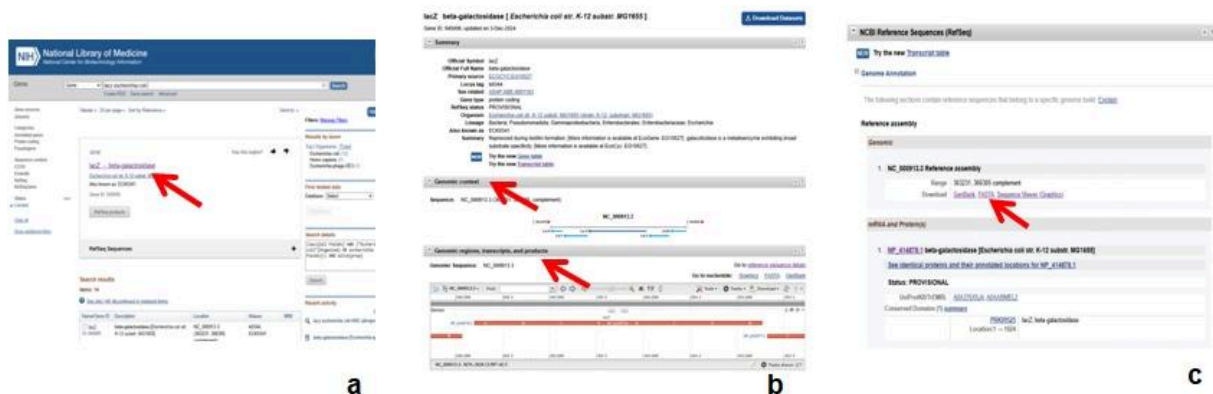


Figura 4 – Risultati della ricerca su NCBI.

Una volta esplorate le varie sezioni relative alle diverse informazioni presenti nella banca, gli studenti sono stati sollecitati a visionare la pagina con i dati FASTA (figura 4c). Il formato FASTA è basato su testo per rappresentare sequenze nucleotidiche o aminoacidiche, utilizzando codici a lettera singola. Una sequenza in formato FASTA inizia con una descrizione a riga singola, seguita da righe di dati di sequenza. La riga di descrizione è preceduta dal simbolo > (maggiore di) (figura 5).

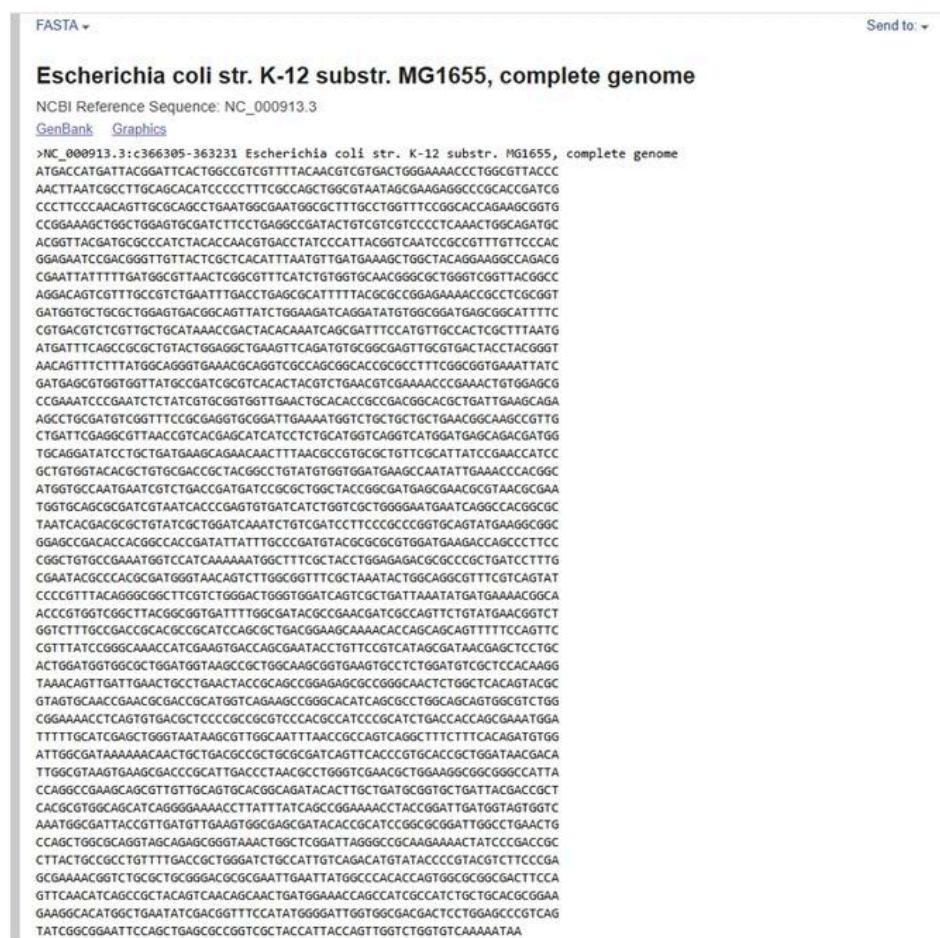


Figura 5 – Formato FASTA su NCBI.

L'utilizzo del *tool* è abbastanza intuitivo (tuttavia, esiste la possibilità di affinare la ricerca, scegliendo, ad esempio, l'organismo target o il database di riferimento). Gli studenti, senza guida del docente, hanno avviato autonomamente la ricerca BLAST (figura 7a). Successivamente, sono stati discussi insieme i risultati (figura 7b): la percentuale di omologia tra la sequenza sottomessa e quella presente in banca dati permette l'eventuale identificazione.



Infine, è stato illustrato alla classe un altro potente strumento: la visualizzazione predittiva della struttura proteica. Accedendo al primo risultato restituito da BLAST, si possono visualizzare i dati della proteina in esame, comprensivi di struttura primaria (sequenza aminoacidica) e dell'ipotetica conformazione tridimensionale (figura 8a): *AlphaFold* è un programma basato sull'intelligenza artificiale che permette di ottenere previsioni sulla struttura di proteine, per le quali non sono disponibili modelli di struttura (figura 8b).

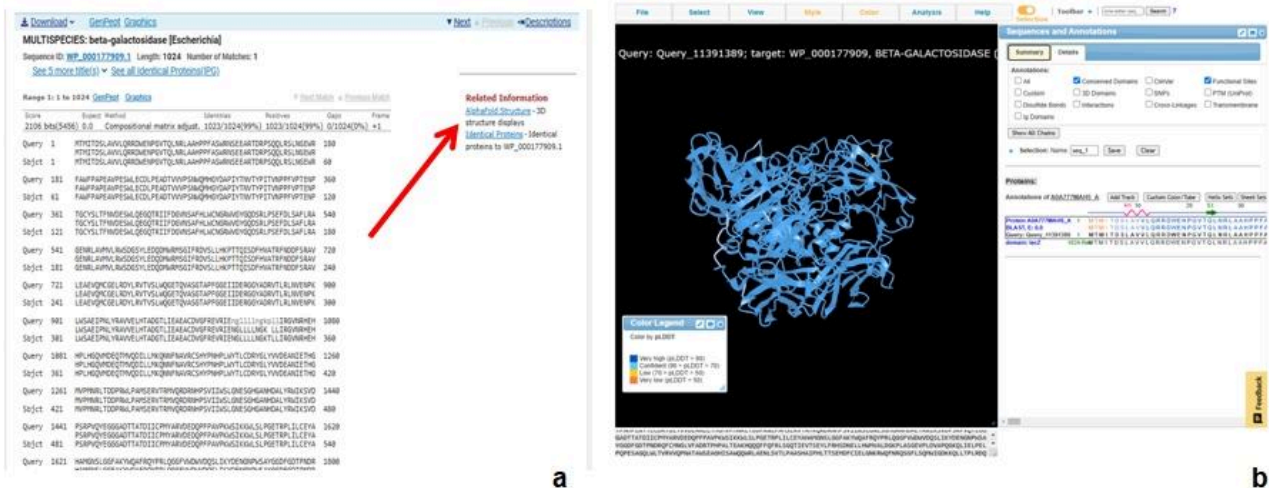


Figura 8 – Dalla sequenza aminoacidica alla conformazione proteica con *AlphaFold*.

In alternativa, è possibile utilizzare altri siti per lo studio della conformazione proteica:

- <https://www.uniprot.org>: il più grande database bioinformatico per le sequenze proteiche di tutti gli organismi viventi e dei virus; contiene informazioni dettagliate su struttura, funzioni, *pathway* metabolici, varianti genetiche, eventuali implicazioni patologiche, isoforme;
- <https://www.rcsb.org>: archivio di informazioni sulle strutture 3D di proteine e acidi nucleici ottenuti soprattutto grazie alla cristallografia ai raggi X o alla spettroscopia NMR.

Conclusioni

La didattica laboratoriale è parte integrante nella costruzione del bagaglio di competenze degli alunni, poiché veicola conoscenze contemporaneamente allo sviluppo di capacità operative e di risoluzione di problemi. Soprattutto in campo biologico, considerata la rapida evoluzione delle tecniche di biologia molecolare, è difficile progettare una didattica che, facendo a meno di una parte delle esperienze laboratoriali (troppo costose e complesse, tali da richiedere strumentazioni non a disposizione delle scuole), possa essere di qualità, restando così, ancorata a mere conoscenze teoriche. Facendo leva sulla innata propensione delle nuove generazioni all'utilizzo di *device*, si può pensare di introdurre nelle progettazioni disciplinari scientifiche, degli approfondimenti sulla bioinformatica, sfruttandone la trasversalità e la facilità di applicazione sia per la presenza in tutte le scuole di laboratori digitali, che per la possibilità di utilizzarla anche con un semplice *smartphone* o *tablet*.

L'attività descritta, è stata ben accolta dal gruppo classe e ha motivato gli studenti nella ricerca di altre sequenze nucleotidiche e proteiche e nella prova di altri *tool* presenti sulla piattaforma. Il consolidamento di concetti precedentemente acquisiti e il potenziamento della capacità di *problem solving* e di lavoro

cooperativo (figura 9) hanno permesso ai docenti di ottimizzare la programmazione disciplinare, confrontandosi con i colleghi.



Figura 9 – Il gruppo classe durante l'attività laboratoriale.

Di particolare rilievo, si è dimostrata la valenza orientativa dell'attività, poiché da *input* a domande e curiosità sui percorsi di studio universitari scientifici, oltre ad essere stata un importante spunto di riflessione sull'uso consapevole dei media e sulle possibilità offerte dagli stessi.



Stefano Gianfreda

st.gianfreda@gmail.com

Docente di ruolo presso l'I.I.S.S. "Del Prete-Falcone" di Sava (TA), dove insegna Microbiologia, è laureato in Scienze biotecnologiche agroindustriali presso l'Università del Salento, abilitato nella classe di concorso A050 e specializzato nelle attività di sostegno agli alunni con disabilità. Impegnato nella ricerca laboratoriale per l'allestimento di attività esperienziali innovative, ha insegnato Laboratorio di didattica ambientale presso l'Università del Salento e condotto studi sui licheni nella provincia di Taranto.



Monica Fabbiano

monica.fabbiano@delpretefalcone.edu.it

Laureata in Biologia presso l'Università degli studi di Perugia. Abilitata alla professione di biologa presso la medesima Università. Docente di ruolo attualmente in servizio presso l'I.I.S.S. "Del Prete-Falcone" di Sava (TA), dove insegna Laboratorio di Biologia, Microbiologia e Tecniche di controllo sanitario in compresenza con il docente Stefano Gianfreda, con il quale collabora nella ricerca di metodologie didattiche più rispondenti alle nuove esigenze degli studenti.