

# LA BIOINFORMÁTICA Y LA FORMACIÓN DE ESTUDIANTES DEL ÁREA DE LA SALUD

BIOINFORMATICS AND THE TRAINING OF HEALTH SCIENCES STUDENTS

Iván Guzmán León  
María Yadira Rosas Bravo  
Lilia Mercedes Alarcón Pérez  
Enrique González Vergara

ISSN 2448-5829

Año 11, No. 31, 2025, pp. 136 - 150

RD-ICUAP

<https://orcid.org/0009-0004-4244-335X>  
<https://orcid.org/0000-0001-8808-3178>  
<https://orcid.org/0000-0001-6101-6231>  
<https://orcid.org/0000-0002-9883-4921>

Año 11, 31 Recibido:  
10/10/2024 Aprobado:  
2/12/2024 Publicado:  
20/01/2025

Doctorado en Investigación e Innovación Educativa BUAP  
Vicerrectoría de Investigación y Estudios de Posgrado BUAP  
Centro de Química, ICUAP  
ivan.guzman@correo.buap.mx; yadira.rosasbravo@correo.buap.mx  
diie.ffyl@correo.buap.mx; enrique.gonzalez@correo.buap.mx

## Resumen

La bioinformática es un campo que comenzó con la investigación de macromoléculas como proteínas y ácidos nucleicos. Utiliza técnicas computacionales, matemáticas y estadísticas para analizar, interpretar y generar datos biológicos, con aplicaciones en biología, genómica y biotecnología. La BI ha sido una herramienta vital en el desarrollo de varias disciplinas, incluidas la genómica, la nutrigenómica, la transcriptómica, la metabolómica y la epigenómica. Los programas de medicina deberían formar profesionales de la salud capaces de interactuar con las ciencias ómicas para una mejor visualización, entendimiento, diagnóstico y tratamiento de las enfermedades, por lo que su presencia en los planes de estudio universitarios, está ampliamente justificada. Varias bases de datos en ciencias de la salud, como PDB, NCBI y PubMed, se utilizan para estudios de enfermedades genéticas, entre otras. Junto con la inteligencia artificial, la minería de datos y el aprendizaje automático, se están produciendo resultados más confiables, mejorando la calidad del producto y permitiendo la adquisición de conocimientos para resolver problemas biomédicos. Al permitir comprender y aprovechar el vasto volumen de datos biológicos generados en la medicina moderna, la bioinformática es una herramienta fundamental para los estudiantes del área de la salud.

Palabras clave: Bioinformática; Formación de estudiantes; Ciencias médicas; Estudiantes universitarios; Área de la salud.

## Abstract

Bioinformatics is a field that began with the research and understanding of macromolecules such as proteins and nucleic acids. It uses computational, mathematical, and statistical techniques to analyze, interpret, and generate biological data, with applications in biology, genomics, and biotechnology. BI has been vital in developing several disciplines, including genomics, nutrigenomics, transcriptomics, metabolomics, and epigenomics. Medical programs should train health professionals capable of interacting with omic sciences to visualize, understand, diagnose, and treat diseases, so its presence in university curricula is widely justified. Numerous databases in health sciences, such as PDB, NCBI, and PubMed, are used for studies of genetic diseases, among others. In conjunction with artificial intelligence, data mining, and machine learning, reliable results are produced, improving product quality and allowing the preparation needed to solve biomedical problems. By enabling students to understand and exploit the vast volume of biological data generated in modern medicine, bioinformatics is a fundamental tool for healthcare students.

Keywords: Bioinformatics, Student formation, Medical sciences; College students; Health sciences

## Introducción

Los sistemas de cómputo en bancos y supermercados, los videojuegos, las Smart TV, los teléfonos móviles y los relojes inteligentes son algunos ejemplos de cómo la tecnología computacional está presente en nuestra vida cotidiana, en actividades que van desde la recreación, hasta las laborales. Está tan presente que podemos afirmar que, queramos o no, la tecnología afecta nuestra cotidianidad. La educación no se queda atrás, sobre todo después de la pandemia. Grandes y pequeños interactúan a través de plataformas y herramientas para construir y adquirir conocimiento.

El nivel superior no es la excepción. La tecnología educativa ha permeado todas las áreas del conocimiento. En el área de la salud, está tan presente que ha detonado interfaces interactivas en donde la relación con el estudiante permite visualizar y analizar datos que antes solo estaban en la imaginación.

Dentro de las diferentes aplicaciones que tiene la tecnología computacional en el área de la salud humana, podemos encontrar a la bioinformática (BI), la cual permite el análisis computacional y molecular de todos los niveles de organización biológica. En este artículo, se hará énfasis en la aplicación que tiene la BI en el área de biología celular y molecular y las herramientas para el estudio de las biomoléculas que componen a los seres vivos.

Con el apoyo de estas herramientas, se ha permitido la secuenciación del genoma humano y la creación de las ciencias ómicas en bioquímica y biología molecular, con programas computacionales valiosos para la investigación y la práctica médica. La bioinformática es fundamental para los estudiantes de medicina y áreas afines, ya que permite comprender y aprovechar el vasto volumen de datos biológicos generados en la medicina moderna. Razón por lo cual, ninguna institución educativa de nivel técnico superior o superior pueden ignorar los avances recientes de la bioinformática.

## Los antecedentes de la bioinformática en las ciencias médicas y biológicas

La bioinformática (BI) inicia a partir de las investigaciones realizadas a macromoléculas como las proteínas y los ácidos nucleicos (Gauthier et. al., 2019; Hagen, 2000). Las proteínas fueron lo primero en secuenciarse en el laboratorio, mediante el método de Edman, continuando con el ácido desoxirribonucleico (ADN).

Margaret Dayhoff, quien es considerada como la madre de la bioinformática, utilizó sus conocimientos en computación para aplicarlos a la biología, bioquímica y medicina, llevando a cabo estudios a las secuencias de proteínas para analizar el cambio evolutivo a nivel molecular, por lo que elaboró programas de cómputo para dicho fin. Los resultados experimentales de ella y de varios grupos de investigación formaron parte de su obra conocida como el Atlas of Protein Sequence and Structure (Strasser, 2010).

Adicionalmente, produjo matrices de sustitución conocidas como Dayhoff o PAM para el alineamiento de secuencias mediante el uso de códigos de una letra de los aminoácidos para facilitar el procesamiento de la información. Por lo tanto, el Atlas se considera la primera base de datos de secuencias, siendo almacenado en tarjetas perforadas que empleaban las computadoras para su análisis (Hagen, 2000; Portillo-Bobadilla et. al., 2022). Con la llegada del internet y el paso de los datos a cintas magnéticas, la información viajó por todo el mundo a través de la red.

La BI se define como el uso de técnicas computacionales, matemáticas y estadísticas para el análisis, interpretación y generación de datos biológicos. Tiene aplicaciones en biología, bioquímica, genética y biotecnología.

También, se ha empleado para comprender las funciones de los genes, analizar la dinámica de microorganismos e integrar métodos computacionales con resultados experimentales. Se ha aplicado en varios campos, como la producción de alimentos, la genética y la remediación ambiental.

Ejemplos incluyen la anotación y selección de genes, estrategias de control de plagas, la comprensión del metabolismo humano y la biorremediación. La BI también se ha utilizado en la creación de bases de datos como el Protein Data Bank (PDB), GenBank, FASTA y BLAST, que ayudan a comprender la dinámica celular y la visualización molecular en 3D (Alcalde, 2014; Franco et. al., 2008; Sánchez-Lara 2022).

En la actualidad, también se le relaciona con el estudio de la minería de datos de ácidos nucleicos, proteínas, lípidos, azúcares y metabolitos mediante diferentes aproximaciones. A partir de la secuencia de nucleótidos, es posible predecir la composición de aminoácidos de una proteína. Este proceso ayuda a inferir tanto la arquitectura molecular como la función de una proteína, basándose en el conocimiento de un gen (Martínez-Barreneche, 2007; Pellegrini et. al., 1999). Este análisis ha llevado a nuevas teorías y descubrimientos en áreas como la investigación biomédica, la agricultura, la biorremediación, la medicina y la industria farmacéutica.

## La genómica y la proteómica: el proyecto del genoma humano (PGH)

El Proyecto del Genoma Humano (PGH), fundado en 1990, fue un estudio en colaboración con científicos en diferentes países para determinar la secuencia de pares nitrogenados en el material genético de las células (Cañas y Buschiazzo 2000).

Actualmente, el genoma humano consta de 23,000 genes, de los cuales 8,000 corresponden a genes asociados a enfer-

midades (Santillan-Garzón et. al., 2015; Valdespino-Gómez et. al., 2013).

Estos descubrimientos se han utilizado para varios proyectos, tales como la identificación de genes y su función en los genomas humanos. Por ejemplo, en la identificación genética de soldados muertos en combate, la comercialización de tomates transgénicos, la secuenciación completa de cromosomas humanos, el estudio de cromosomas en el ámbito de la microbiología, y el análisis de las enfermedades a nivel genético, entre otras muchas aplicaciones. Podemos ver que con la obtención del genoma humano, se revolucionó la biología, la genética y la medicina (Casero, 2001).

En 2003, la secuencia del genoma humano condujo a la creación de la medicina molecular y a la aparición de la genómica comparada; disciplina crucial en áreas como la biología y la medicina. Estos estudios pioneros nos llevan ahora a una era postgenómica, que tiene como objetivo estudiar todos los procesos moleculares que afectan a los organismos vivos, en particular aquellos que involucran genes y proteínas.

La bioinformática ha sido una herramienta vital en el desarrollo de disciplinas como la genómica, la nutrigenómica, la transcriptómica, la metabolómica y la epigenómica, lo que permite una mejor comprensión de cómo se lleva a cabo la regulación génica y la producción de información vital para el entendimiento de los procesos biológicos (Vela y Gutiérrez, 2017).



Imagen 1: representación de la interacción de un profesional de la salud con las ciencias ómicas para una mejor visualización, entendimiento, diagnóstico y tratamiento. [https://www.fda.gov/files/ImpactStory\\_Schizophrenia\\_1600x900\\_201110.png](https://www.fda.gov/files/ImpactStory_Schizophrenia_1600x900_201110.png)

## La medicina molecular y la bioinformática

La bioinformática (BI) ha influido significativamente en el desarrollo de otras ciencias como la biología y la medicina, contribuyendo a la creación de nuevas disciplinas como las ciencias ómicas. Dicho sea de paso, la BI ha evolucionado para adaptarse a las nuevas necesidades en el campo clínico de las enfermedades, incluidos los estudios genéticos, el desarrollo de fármacos y el análisis de secuencias.

También ha contribuido a la comprensión de las enfermedades infecciosas, la identificación de mutaciones relacionadas con la presencia de tumores y el estudio de las enfermedades raras. Adicionalmente, ha permitido el desarrollo de tratamientos terapéuticos predictivos basados en características genéticas individuales. Como resultado, surgió una nueva ciencia llamada medicina molecular, basada en los avances científicos en genética, genómica y postgenómica. Su objetivo es desarrollar nuevos métodos diagnósticos y terapéuticos basados en las causas moleculares de las enfermedades y los rasgos genéticos de los pacientes (Andalia y Arencibia, 2004).

La BI es esencial para el avance de la medicina molecular y la biotecnología, que son dos áreas de innovación tecnológica que tienen como objetivo mejorar la investigación molecular y postgenómica. La combinación de medicina molecular y genómica consolidará la medicina molecular como un medio vital para el bienestar social en el futuro.

### La BI y el cáncer

La BI tiene un papel relevante en el estudio del cáncer, ya que se pueden analizar y comprender datos biológicos de gran complejidad con una exactitud sin precedentes. Mediante los conocimientos de la biología, la informática y la estadística se interpreta la información genómica y proteómica que se emplea

con fines diagnósticos, preventivos y para el tratamiento personalizado del cáncer.

La secuenciación de próxima generación (NGS) permite llevar a cabo estudio de mutaciones somáticas para la identificación de variantes genéticas específicas vinculadas con varios tipos de cáncer, como los que se refieren al de mama, pulmón y próstata (Kamps et. al., 2017).

La bioinformática médica ha sido empleada en la investigación de enfermedades oncológicas, y ha sido utilizada en la propuesta de biomarcadores, sustancias en el organismo que sirven como indicadores de algún proceso biológico normal o anormal, estado de enfermedad o respuesta que puede darse por la administración de medicamentos como medida terapéutica. Claros ejemplos son los biomarcadores para el diagnóstico de cáncer de mama hereditario, BRCA1 y BRCA2; con el uso de estas herramientas se puede predecir el carácter patogénico o benigno de la variante genética.

Por lo expuesto anteriormente, el uso de bases de datos genéticas, clínicas y moleculares es esencial para el diagnóstico y clínico del cáncer hereditario, ya que se puede establecer el efecto patogénico o neutro de una variante genética identificada de carácter dudoso.

Es de considerar que los programas que más se utilizan en la BI permiten estudiar las modificaciones estructurales o funcionales que tendrían como efecto en la proteína en cuestión; otros, pueden predecir si la variante identificada tendría repercusión en los procesos relacionados con los mecanismos de transcripción del gen (Sociedad Española de Oncología [SEOM], s.f.).

### Medicina personalizada y farmacogenómica

La medicina personalizada es un enfoque revolucionario para la atención médica, que enfoca en obtener tratamientos y estrategias de prevención personaliza-

das. Esto se centra en tres puntos: 1) el empleo de biomarcadores y la prevención de enfermedades mediante el trabajo y elección de soluciones basadas en evidencia; 2) el uso de tecnologías ómicas y bioinformática combinada con el big data; 3) sus aplicaciones en diagnósticos, tratamientos hereditarios, selección de medicamentos, prevención de enfermedades y terapia génica. Ortíz y Tabak (2012) explican que la farmacogenómica investiga cómo la variabilidad genética de los individuos tiene como efecto diversas respuestas en la eficacia de un fármaco.

Como consecuencia de factores como la capacidad metabólica que varía en función de la presencia de distintos polimorfismos para los genes que codifican para proteínas, particularmente, de las enzimas que llevan a cabo esta capacidad mencionada.

La farmacogenómica y la BI se han asociado en beneficio del desarrollo de la medicina personalizada. Como ejemplo, la BI identifica polimorfismos genéticos que influyen en la eficacia o toxicidad de los medicamentos; las bases de datos como PharmGKB y dbSNP se utilizan para este objetivo, ya que contienen información genética de relevancia farmacológica y clínica (Mayo clínic Bioinformatics Tools, NIH Library, 2024).

Un caso similar de aplicación de las herramientas bioinformáticas es el gen CYP2C19, que participa en el metabolismo de múltiples fármacos como los relacionados con enfermedades cardiovasculares (Vélez et. al., 2018). Los algoritmos de aprendizaje automático también han revolucionado la capacidad de predecir interacciones gen-fármaco y el diseño de medicamentos dirigidos.

Adicionalmente, herramientas como AutoDock y los programas de modelado molecular analizan las interacciones entre moléculas y proteínas específicas, promoviendo el desarrollo de terapias innovadoras, particularmente para patologías complejas como el cáncer, en el que los procesos genéticos como las mutaciones determinan la eficacia de las terapias dirigidas (Thorn, 2013).



Imagen 2. Ilustración de lo que parecería “manipular” las moléculas para un mejor entendimiento de la enfermedad o, como en este caso se intenta representar, del tratamiento médico. <https://i.vuzopedia.ru/storage/app/uploads/public/62a1d8f3e/62a1d8f3e5c90335787237.jpg>

## Base de datos y programas bioinformáticos de interés en medicina PubMed

Es un software crucial para la información de salud y genética, desarrollado por el Centro Nacional de Información Biomédica y la Biblioteca Nacional de Medicina (NLM, National Library of Medicine). Sirve como base de datos y motor de búsqueda, permitiendo la revisión de los datos de Medline y artículos que no forman parte de ella. PubMed colabora con editores de varias revistas biomédicas y tiene una amplia red de colaboración con alrededor de 70 países y 4800 revistas estadounidenses.

También tiene un punto de acceso separado, PubMed Central, que es un repositorio digital de textos completos en ciencias biomédicas. El software se utiliza en varios campos, incluyendo la práctica clínica, la investigación y la gestión. Ayuda en el uso eficiente de los recursos humanos y materiales en las instituciones de salud, asegurando una atención al paciente eficiente y efectiva (Trueba-Gómez y Estrada-Lorenzo, 2010). NCBI Por sus siglas, Centro Nacional para la Información Biotecnológica (National Center for Biotechnology Information, en inglés), es un repositorio que forma parte de la NLM.

Creado en 1988 para la generación de sistemas de información referente a la biología molecular y contiene a la base de datos de GenBank, fuente de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas

que colabora con el Banco de Datos de ADN de Japón (DDB); DNA Data Bank of Japan) y la base de datos de secuencias de nucleótidos del Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL-EBI; The European Bioinformatics Institute).

Asimismo, posee diversos sistemas de recuperación de información y recursos computacionales para el análisis de sistemas biológicos como el Blast y otras bases de datos como PubMed y OMIM, productos de las contribuciones de la comunidad científica (Guzmán-López et. al., 2023).

PDB. Protein Database Bank. La base de datos que se integra de estructuras tridimensionales de proteínas y ácidos nucleicos. El empleo de técnicas como la cristalografía de rayos x y la resonancia magnética nuclear (RMN) fueron los medios para producir los modelos computacionales de dichas macromoléculas en un inicio. Creado por el Laboratorio Nacional de Brookhaven en la dirección de Edgar Meyer (Meyer, 1997), el PDB consistía en un archivo de siete estructuras, y después, cada año aumentaba el número de entradas al banco de datos.

Como consecuencia de los nuevos procedimientos de cristalografía y RMN, el almacenamiento de datos fue aumentando junto con las aportaciones de varios grupos de investigación en las estructuras moleculares (Rudiño-Piñera, et. al., 2022; Sánchez-Lara 2022).

En la actualidad, se adicionan otras técnicas experimentales y computacionales a las ya mencionadas para la elucidación de estructuras de proteínas tridimensionales: la microscopía crioelectrónica (crio-EM); el modelado por homología; la predicción computacional avanzada con AlphaFold y la combinación de todas las anteriores (métodos múltiples).

Este recurso es fundamental para el análisis de la estructura y función de macromoléculas biológicas, impactando en áreas como la biomedicina, el diseño de fármacos y la ingeniería de proteínas (Berman, et. al., 2000). Para el 2024, el PDB tenía 248,044 estructuras depositadas (<https://www.wwpdb.org/stats/>

deposition).



Imagen 3, interface del Protein Data Bank <https://www.rcsb.org/>

Blast. Es una herramienta bioinformática del tipo de búsqueda de alineamiento local básico (en inglés Basic Local Alignment Search Tool), que forma parte del NCBI y de PubMed (Hernández Flores y Valdez-Mijares, 2018). Se utiliza como un programa de alineamiento de secuencias de proteínas y ácidos nucleicos. Dentro de sus variantes está él: 1) Blastn, realiza una comparación de una secuencia nucleotídica con una base de datos de nucleótidos; 2) Blastx, para la selección de una secuencia de nucleótidos, se traduce y consulta en una base de datos de proteínas en un solo paso; 3) Blastp, realiza una comparación de una secuencia de proteínas con una base de datos de proteínas; 4) tblastn, compara una secuencia proteica con una base de datos de nucleótidos; 5) tblastx, compara las traducciones de una secuencia de consulta de nucleótidos contra las traducciones de una base de datos de secuencias de nucleótidos (Pertsemlidis A. y Fondon J. 2001).

Clustal es una serie de programas diseñados para comparar secuencias utilizando múltiples alineaciones para macromoléculas como ácidos nucleicos y proteínas, así como la generación de árboles filogenéticos para estudiar las relaciones evolutivas entre especies. Creado por Des Higgins en 1988, Clustal ha evolucionado para incluir tecnología más avanzada. El programa requiere que todas las secuencias tengan el formato GCG, FASTA, EMBL, GenBank, PIR, NBRF, Phylip o SWISS-PROT. Las variaciones de Clustal incluyen Clustal IV, ClustalW, ClustalIX, Clustal y Clustal 2 con mayor precisión y eficiencia (Larkin, et. al.,

2007; Sievers y Higgins, 2014; Thompson, et. al., 1994).

OMIM. Se trata de una base de datos de conocimientos integral referente a genes humanos y su relación con trastornos genéticos, contiene información de genes y fenotipos genéticos, específicamente enfermedades de relevancia para estudiantes, investigadores y médicos (OMIM, 2022). Sus antecedentes comienzan en 1960 como una trilogía de catálogos de fenotipos autosómicos recesivos y ligados al cromosoma X. Desde diciembre de 1995 se distribuye a todo el mundo a través del NCBI del NLM. También, su información se actualiza constantemente y su autoría y edición tiene como sede la Facultad de Medicina de la Universidad Johns Hopkins (EUA).

HGMD. (Human Gene Mutation Database). La base de datos de mutaciones genéticas recopila de manera sistemática todas las patologías genéticas que se conocen atribuidas a procesos hereditarios publicados en la literatura científica. Establecido en 1996 con la finalidad de facilitar la investigación científica de los mecanismos mutacionales en genes humanos implicados en las enfermedades hereditarias y que, en los últimos 20 años, se ha transformado en un repositorio central unificado de la variación genética (Stenson et. al., 2020).

## La convergencia entre la bioinformática, el aprendizaje automático, big data y la inteligencia artificial

La bioinformática (BI) es un campo interdisciplinario que combina biología, informática y matemáticas para analizar grandes volúmenes de datos biológicos. Se enfoca en diseñar y construir sistemas computacionales avanzados que faciliten la interpretación de la información biológica. Por su parte, la inteligencia artificial (IA), una rama de las ciencias computacionales, tiene como objetivo emular y automatizar comportamientos inteligentes mediante algoritmos y modelos matemáticos. Dentro de la IA, el

aprendizaje automático (AA, machine learning en inglés) y sus técnicas derivadas, como las redes neuronales profundas (NDR), juegan un papel fundamental en la resolución de problemas complejos. Estas herramientas permiten la identificación de patrones ocultos en datos masivos, como genomas, transcriptomas y proteomas.

La combinación de BI, IA, AA y el análisis de big data está revolucionando las ciencias médicas. Estas tecnologías posibilitan el procesamiento eficiente de grandes volúmenes de datos para abordar problemas de salud complejos, desde el diagnóstico temprano de enfermedades hasta el desarrollo de tratamientos personalizados. Por ejemplo, las NDR se han utilizado con alta precisión para predecir mutaciones genéticas asociadas con el cáncer (Alvarado-Parra y Serrano-Gamboa, 2023; Gordon, 2022; Helmy et. al., 2020).

La inteligencia de big data es crucial para detectar tendencias a gran escala y diseñar estrategias efectivas de salud pública (Martínez-Martínez, 2022). Por ejemplo, el análisis de big data fue decisivo para responder a la pandemia de COVID-19 mediante el seguimiento en tiempo real de las variantes del virus y la optimización de la producción de vacunas mediante simulaciones de IA, permitiendo el desarrollo de productos farmacéuticos con el objetivo de reducir costos y tiempo.

Así, gracias a big data, AlphaFold, uno de los sistemas utilizados por DeepMind, ejecuta predicciones de proteínas en el laboratorio de manera virtual a partir de una secuencia de aminoácidos. En la Figura 1, se muestra una predicción molecular de la estructura de la nucleocápside del SARS-CoV-2 que aún se encuentra desconocida, pero que, a partir de la secuencia de aminoácidos, AlphaFold es capaz de construir un posible modelo.



como el aprendizaje basado en proyectos (PBL), la búsqueda guiada en el Internet (Webquest) y los visualizadores moleculares -desde el histórico RASMOL hasta los más recientes-, desarrollados por inteligencia artificial. Esto constituye un gran reto, pero debemos empeñarnos en lograrlo.



<https://medicina.buap.mx>

## Conclusiones

La bioinformática (BI) es una tecnología que organiza, analiza y distribuye información para resolver problemas complejos en biología, utilizando datos matemáticos, estadísticos y computacionales. Está especializada en varios campos de la salud, incluyendo la medicina, la biomedicina y la práctica clínica. BI ha evolucionado de analizar estructuras moleculares de proteínas y ácidos nucleicos a utilizar visualizaciones moleculares en 3D y comparar genomas completos. También ha permitido la obtención de vacunas en poco tiempo y tiene el potencial de crear tratamientos personalizados, nuevos medicamentos y una comprensión más profunda de los factores celulares, moleculares y celulares involucrados en las enfermedades genéticas. La combinación de BI y las ciencias ómicas podría llevar a una mejor calidad de vida y a una sociedad sin enfermedades, similar a la utopía de Aldous Huxley de un mundo feliz.

## **Declaración de privacidad**

Los datos de este artículo, así como los detalles técnicos para la realización del experimento, se pueden compartir a solicitud directa con el autor de correspondencia.

Los datos personales facilitados por los autores a RD-ICUAP se usarán exclusivamente para los fines declarados por la misma, no estando disponibles para ningún otro propósito ni proporcionados a terceros.

## **Declaración de no conflicto de intereses**

Los autores declaran que no existe conflicto de interés alguno.

## **Agradecimientos**

Especial agradecimiento por la guía y apoyo en la realización de este trabajo al cuerpo académico del Doctorado en Sistemas y Ambientes Educativos de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, y en particular al Dr. Daniel Mocencahua Mora por el conocimiento compartido en el taller Escribir para Divulgar.

## Referencias

- Ahmad, S., Mohd Noor, A. S., Alwan, A. A., Gulzar, Y., Khan, W. Z., & Reegu, F. A. (2023). eLearning Acceptance and Adoption Challenges in Higher Education. *Sustainability*, 15(7), Article 7. <https://doi.org/10.3390/su15076190>
- Balamuralithara, B., & Woods, P. C. (2009). Virtual laboratories in engineering education: The simulation lab and remote lab. *Computer Applications in Engineering Education*, 17(1), Article 1. <https://doi.org/10.1002/cae.20186>
- Bjelica, M., & Simić-Pejović, M. (2018). Experiences with remote laboratory. *International Journal of Electrical Engineering & Education*, 55(1), 79–87. <https://doi.org/10.1177/0020720917750960>
- Cohen, E., & Nycz, M. (2006). Learning Objects and E-Learning: An Informing Science Perspective. *Interdisciplinary Journal of E-Learning and Learning Objects*, 2(1), 23–34.
- Cooper, M. (2005). Remote laboratories in teaching and learning – issues impinging on widespread adoption in science and engineering education. *International Journal of Online and Biomedical Engineering (ijOE)*, 1(1), Article 1. <https://doi.org/10.3991/ijoe.v1i1.298>
- Fabregas, E., Farias, G., Dormido-Canto, S., Dormido, S., & Esquembre, F. (2011). Developing a remote laboratory for engineering education. *Computers & Education*, 57(2), Article 2. <https://doi.org/10.1016/j.compedu.2011.02.015>
- Ferreira, P., Fidalgo, A., & Gericota, M. G. (2019). Pedagogical theories for e-learning engineering degrees based on remote laboratories: The e-lives approach.
- EDULEARN19 Proceedings 11th International Conference on Education and New Learning Technologies: Palma, Spain. 1-3 July, 2019, 2019,

Haque, E., Ahmed, F., Das, S., & Salim, K. M. (2015). Implementation of remote laboratory for engineering education in the field of Power electronics and Telecommunications. 2015 International Conference on Advances in Electrical Engineering (ICAEE), 213-216. <https://doi.org/10.1109/ICAEE.2015.7506834>

Hernandez, R. M. (2017). Impact of ICT on Education: Challenges and Perspectives. *Journal of Educational Psychology - Propósitos y Representaciones*, 5(1), 337-347.

INEGI. (2021). Encuesta para la Medición del Impacto COVID-19 en la Educación

(ECOVID-ED) 2020. <https://www.inegi.org.mx/investigacion/ecovid/2020/>

Muttappallymyalil, J., Mendis, S., John, L. J., Shanthakumari, N., Sreedharan, J., &

Shaikh, R. B. (2016). Evolution of technology in teaching: Blackboard and beyond in Medical Education. *Nepal Journal of Epidemiology*, 6(3), 588-594. <https://doi.org/10.3126/nje.v6i3.15870>

Pastor, R., Tobarra, L., Robles-Gómez, A., Cano, J., Hammad, B., Al-Zoubi, A.,

Hernández, R., & Castro, M. (2020). Renewable energy remote online laboratories in Jordan universities: Tools for training students in Jordan. *Renewable Energy*, 149, 749-759. <https://doi.org/10.1016/j.renene.2019.12.100>

Roda-Segarra, J. (2021). Virtual Laboratories During the COVID-19 Pandemic: A Systematic Review. 2021 XI International Conference on Virtual Campus (JICV), 1-4. <https://doi.org/10.1109/JICV53222.2021.9600344>

Santamaría-Sandoval, J. R., Chanto-Sánchez, E., & Soto-Calderón, M. (2022). Aplicación de laboratorios virtuales en la carrera de Ingeniería en Telecomunicaciones,

Siemens, G. (2005). Connectivism: A Learning Theory for the Digital Age. *International Journal of Instructional Technology and Distance Learning*, 2. [http://www.itdl.org/Journal/Jan\\_05/article01.htm](http://www.itdl.org/Journal/Jan_05/article01.htm)

Soria, M., Fernandez, R., Gómez, M., Paz, H., Pozzo, M., DOBBOLETTA, E., Fidalgo, A., Alves, G., Sancristobal, E., Loro, F., Castro, M., & Diaz, G. (2017, septiembre 15). Perspectivas de los Laboratorios Remotos en la Educación Media y Superior de Santiago del Estero.

Stroeve, O. A., Zviagintceva, Y., Tokmakova, E., Petrukina, E., & Polyakova, O. (2019). Application of remote technologies in education. *International Journal of Educational Management*, 33(3), 503–510. <https://doi.org/10.1108/IJEM-08-2018-0251>

Thorsteinsson, S. E., Geirsdottir, G., Andersen, K., Thorbergsson, H., & Gudmundsson, K. S. (2018). Trial with a Remote Laboratory in Telecommunications Engineering. *2018 IEEE International Professional Communication Conference (ProComm)*, 74–79. <https://doi.org/10.1109/ProComm.2018.00026>

Van den Beemt, A., Groothuijsen, S., Ozkan, L., & Hendrix, W. (2023). Remote labs in higher engineering education: Engaging students with active learning pedagogy. *Journal of Computing in Higher Education*, 35(2), 320–340. <https://doi.org/10.1007/s12528-022-09331-4>

