

# EDUCA FARMA 2.0

White papers sobre innovación aplicada  
en el área de las Ciencias Bio-Sanitarias

Jonás Samuel Pérez-Blanco  
Antonio Muro-Álvarez  
Juan Cruz-Benito

---

---

---

# EducaFarma 2.0

## White papers sobre innovación aplicada en el área de las Ciencias Bio-Sanitarias

---

Salamanca, España - Junio 2014

Editores:

Jonás Samuel Pérez-Blanco  
Antonio Muro Álvarez  
Juan Cruz-Benito



---

Publicado en España por

## Decanato de la Facultad de Farmacia

Universidad de Salamanca

Campus M. Unamuno, 37007 Salamanca

Tf.: 34 923 294520

Fax: 34 923 294515

<http://campus.usal.es/~farmacia>

Financiado por

## Vicerrectorado de Política Académica

Universidad de Salamanca

Proyecto (ID2013/272)

Diseñado por

## Felicidad G.Sánchez

GRupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL)

Universidad de Salamanca

Paseo de Canalejas 169, 370087 Salamanca

Tf.: 34 923 294400 ext. 3433

Email: [felicidadgsanchez@usal.es](mailto:felicidadgsanchez@usal.es)

ISBN: 978-84-617-0745-4

Depósito Legal: S 282 2014

Salamanca (España), 2014



Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento – NoComercial - SinObraDerivada 4.0 Internacional.

---

Editores de este volumen

**Jonás Samuel Pérez-Blanco**

Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica  
Universidad de Salamanca  
Campus M. Unamuno, 37007 Salamanca  
Tf.: 34 923 294520  
Email: [jsperez@usal.es](mailto:jsperez@usal.es)

**Antonio Muro-Álvarez**

Decano de la Facultad de Farmacia  
Universidad de Salamanca  
Campus M. Unamuno, 37007 Salamanca  
Tf.: 34 923 294520  
Email: [ama@usal.es](mailto:ama@usal.es)

**Juan Cruz-Benito**

Grupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL)  
Instituto Universitario de Ciencias de la Educación (IUCE)  
Departamento de Informática y Automática  
Universidad de Salamanca  
Paseo de Canalejas 169, 370087 Salamanca  
Tf.: 34 923 294400 ext. 3433  
Email: [juancb@usal.es](mailto:juancb@usal.es)



---

## Comité Responsable del Programa EducaFarma 2.0

Jonás Samuel Pérez Blanco (jsperez@usal.es) - Coordinador  
Dpto. de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Universidad de Salamanca

Antonio Muro Álvarez (ama@usal.es)  
Dpto. Biología Animal, Ecología, Parasitología, Edafología y Química Agrícola,  
Universidad de Salamanca

Ana Martín Suárez (amasu@usal.es)  
Dpto. de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Universidad de Salamanca

Francisco González López (fglopez@usal.es)  
Dpto. de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Universidad de Salamanca

Hinojal Zazo Gómez (hinojal@usal.es)  
Dpto. de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Universidad de Salamanca

Juan Cruz Benito (juancb@usal.es)  
GRupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL). Universidad de Salamanca

Raúl Rivas González (raulrg@usal.es)  
Departamento de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca

Esther Menéndez Gutiérrez (esthermenendez@usal.es)  
Departamento de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca

Rodrigo Morchón García (rmorgar@usal.es)  
Área de Parasitología, Facultad de Biología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca & IBSAL

José Manuel Fernández Ábalos (abalos@usal.es)  
Área de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca

Elena Valles Martín (elenitavm@usal.es)  
Departamento de Química Farmacéutica, Universidad de Salamanca

Antonio Juan Sánchez Martín (anto@usal.es)  
Departamento de Informática y Automática. Universidad de Salamanca

---

## Profesores Participantes

Raúl Rivas González (raulrg@usal.es)  
Departamento de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca

Esther Menéndez Gutiérrez (esthermenendez@usal.es)  
Departamento de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca

Rodrigo Morchón García (rmorgar@usal.es)  
Área de Parasitología, Facultad de Biología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca & IBSAL

José Manuel Fernández Ábalos (abalos@usal.es)  
Área de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca

Ana Isabel Morales Martín (amorales@usal.es)  
Departamento de Fisiología y Farmacología. Universidad de Salamanca

Juan Cruz Benito (juancb@usal.es)  
GRupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL). Universidad de Salamanca

Felicidad García Sánchez (felicidadgsanchez@usal.es)  
GRupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL). Universidad de Salamanca

Antonio Juan Sánchez Martín (anto@usal.es)  
Departamento de Informática y Automática. Universidad de Salamanca

Soraya Paniagua Moro  
Facultad de Educación. Universidad de Salamanca

Ana Martín Suárez (amasu@usal.es)  
Dpto. de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Universidad de Salamanca

Elena Valles Martín (elenitavm@usal.es)  
Departamento de Química Farmacéutica, Universidad de Salamanca



---

# Índice

<i>Prólogo</i>	
Antonio Muro Álvarez .....	IX
<i>Agradecimientos</i>	
Jonás Samuel Pérez-Blanco .....	XI
<i>Introducción al uso de herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias de ADN.</i>	
Esther Menéndez Gutiérrez, Raúl Rivas González .....	1
<i>La red social LinkedIn como herramienta para búsqueda de empleo</i>	
Rodrigo Morchón García, José Manuel Fernández Ábalos .....	9
<i>Google Drive como herramienta para TFG, TFM y en investigación</i>	
Rodrigo Morchón García, José Manuel Fernández Ábalos .....	15
<i>Manejo de smartphone/tablet aplicado a docencia e investigación. Apps educativas en el aula</i>	
Rodrigo Morchón García, José Manuel Fernández Ábalos .....	19
<i>Nociones básicas para el análisis bioinformático de proteínas</i>	
Esther Menéndez Gutiérrez, Raúl Rivas González .....	27
<i>Difusión y visibilidad de publicaciones científicas en Internet: ¿Qué puede hacer el autor para promocionar su investigación?</i>	
Juan Cruz-Benito .....	35
<i>Edición de Imágenes para Publicaciones Científicas</i>	
Felicidad G.Sánchez .....	43
<i>White paper: Introducción a los recursos TIC en la Enseñanza</i>	
Antonio Juan Sánchez Martín, Soraya Paniagua Moro .....	45
<i>Habilidades para la Atención Farmacéutica I.- Taller sobre comunicación con el paciente</i>	
Ana Martín Suárez, Elena Valles Martín .....	59
<i>Conclusiones</i>	
Jonás Samuel Pérez-Blanco .....	63



---

## Prólogo

EducaFarma es un programa de cursos en nuevas tecnologías, de carácter meramente práctico, que surgió como propuesta del equipo decanal de la Facultad de Farmacia a finales del curso 2011-12. Se organiza desde dicho decanato, principalmente por el coordinador de nuevas tecnologías de la Facultad de Farmacia, Jonás Samuel Pérez Blanco, al cual le felicito y le doy las gracias por el esfuerzo y el trabajo que día a día desarrolla con el único objetivo de que este novedoso programa se lleve a cabo con éxito.

Estos cursos están enfocados a alumnos y docentes de Farmacia y/o de la rama biosanitaria, aunque están abiertos a toda la comunidad universitaria ya que entendemos que también pueden ser de interés para otras áreas de conocimiento. En el curso académico 2013-14 se ha puesto en marcha la segunda edición, denominada EducaFarma 2.0. Se han ofertado de forma gratuita una totalidad de diez cursos. Seis de ellos están relacionados con la aplicación de nuevas tecnologías en la docencia, investigación o proyección farmacéutica. Estos son la red social LinkedIn como herramienta para la búsqueda de empleo; doodle, google drive y hangouts como herramienta para trabajos de fin de grado (TFG), trabajos de fin de máster (TFM) y de utilidad en la investigación; manejo de smartphone/tablets aplicado a la docencia e investigación; difusión y visibilidad de publicaciones científicas en internet; edición de imágenes para publicaciones científicas; introducción a los recursos en Tecnologías de la Información y Comunicación (TIC) para enseñanza. Dos de ellos están diseñados para aprender herramientas bioinformáticas aplicables al análisis de secuencias de ADN y proteínas. Por último, la reciente creación del aula de atención farmacéutica de la Facultad de Farmacia (AUSAF) ha ofrecido, por primera vez, dos cursos dentro de este programa, uno de ellos pretende enseñar el manejo de diferentes aspectos farmacéuticos sobre el consumo de alcohol como, por ejemplo la determinación de la tasa de alcoholemia. El otro se basa en un taller sobre habilidades en la comunicación con el paciente.

En esta segunda edición han participado 10 profesores y 165 estudiantes. El 65% de los asistentes pertenecen a estudiantes de niveles de grado y postgrado, siendo el 77% mujeres. Además El 80% cursan o han cursado estudios de licenciatura o grado en Farmacia. Datos en los que sustenta el éxito de esta iniciativa y animan a los organizadores a seguir trabajando en ampliar y mejorar la oferta existente.

El libro que se presenta tiene como finalidad recoger el contenido resumido de los diferentes cursos con el objetivo de que sirva como material didáctico útil tanto para los que han asistido a los mismos como para los que no han tenido la oportunidad de hacerlo. Además estos cursos pretenden, por un lado, complementar la formación en el aprendizaje reglado que se ofrece en los estudios de grado y posgrado, y por otro, servir de plataforma de formación continua a profesores y profesionales sanitarios.

Antonio Muro Álvarez  
Decano Facultad de Farmacia  
Universidad de Salamanca



---

## Agradecimientos

Escribir un libro es una tarea tan excitante como agotadora. Así como diseñar, organizar y llevar a cabo un programa de cursos es todavía más agotador. Hemos dedicado multitud de horas en seleccionar la mejor manera de transmitir la información y habilidades de mayor utilidad para la comunidad universitaria con los recursos que tenemos a nuestra disposición. El esfuerzo no asegura el éxito, pero minimiza las opciones de fracaso y del esfuerzo de muchos docentes resultaron este conjunto de cursos que han tenido una gran acogida y satisfacción, gracias a todos y cada uno de los integrantes que han hecho posible la culminación del proyecto Educafarma 2.0.

Por ello quería agradecer al personal de secretaria de la facultad y del decanato por estar siempre pendiente de los certificados, además de Hino por estar siempre pendiente de las fechas y ayudarme en múltiples quehaceres.

Al personal de conserjería tan espléndido que tenemos que siempre están pendientes de todo lo que acontece en la Facultad y que sin ellos sería mucho más difícil llevar a cabo este tipo de iniciativas.

A los técnicos de las aulas de informática porque en todos los cursos que hemos impartido no ha habido ni un solo problema técnico y siempre han estado a nuestra disposición.

Al Vicerrectorado de Política Académica por confiar en este proyecto y aportar la financiación muy útil para la difusión de los cursos y los resultados de los mismos (ID2013/272).

A todo el equipo decanal de la Facultad y en especial al señor decano por impulsar iniciativas de esta índole que enriquecen la oferta docente de la Facultad y también estrecha los lazos entre profesorado y alumnado.

Mis agradecimientos también para la Dra. Ana Isabel Morales por su extraordinario curso sobre alcohol que tan buena acogida y valoración recibió.

A todos los docentes que se han implicado en este programa de cursos de manera totalmente desinteresada y con el único objetivo de difundir el conocimiento con el entusiasmo y las ganas de un verdadero MAESTRO.

A los responsables de la edición de este libro, Juan y Felicidad, que han hecho un gran trabajo y han estado a nuestra disposición en todo momento.

En definitiva, a todo aquel que se ha encontrado con la palabra Educafarma de una u otra manera en este curso académico y ha hecho que fuera un poco más grande que el pasado y esperamos que un poco menos que el que viene.

*"Si el alumno no supera al maestro, no es bueno el alumno ni es bueno el maestro"*

J. Samuel Pérez-Blanco  
Prof. Ayudante Dpto. Farmacia y Tecnología Farmacéutica  
Coordinador Nuevas Tecnologías, Decanato de Farmacia  
Coordinador Programa de Cursos EDUCAFARMA 2.0.



---

# Introducción al uso de herramientas bioinformáticas para el análisis de secuencias de ADN

**Esther Menéndez Gutiérrez, Raúl Rivas González**

{esthermenendez, raulrg}@usal.es

Departamento de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: educación bioinformática, software gratuito, ADN, BioEdit, secuenciación, NCBI.

## Resumen

Con el fin de introducir a los alumnos y/o profesionales universitarios en el campo de la bioinformática, hemos propuesto un curso formativo de iniciación en el uso y manejo básico, de una forma sencilla y aplicada, de herramientas bioinformáticas gratuitas y disponibles on-line. Este curso rápido y dinámico se basa en el empleo de las bases de datos y en la edición y manipulación de secuencias nucleotídicas obtenidas directamente del secuenciador para compararlas con las secuencias disponibles depositadas en las bases de datos. Además, introducimos el uso de alineamientos múltiples de secuencias para el ensamblaje de secuencias y para el diseño de primers a partir de bases conservadas

## Introducción

El crecimiento de la industria de la biotecnología en los últimos años no tiene precedentes, así como los avances en modelado molecular, la caracterización de enfermedades, el descubrimiento farmacéutico, el cuidado de la salud clínica, la medicina forense y la agricultura. Estos avances impactan de forma fundamental en temas económicos y sociales en todo el mundo. No siempre ha sido así, ya que hace años las actividades de investigación y descubrimiento en las ciencias de la vida estaban limitadas normalmente a un solo gen o proteína. Sin embargo, el desarrollo de sistemas computacionales y de información (integrado con la biotecnología) ha facilitado un cambio hacia un cribado de alto rendimiento (miles de muestras por día) y hacia sistemas de detección de alto contenido (miles de puntos de datos por muestra). Este cambio ha

---

sido debido principalmente al desarrollo de la bioinformática, que ha sido el factor clave sobre el que se ha apoyado el sistema para desarrollarse y expandirse.

Podemos definir la Bioinformática como la aplicación de tecnología informática para la gestión y el análisis de datos biológicos. Por otra parte, El Instituto Nacional de Salud (NIH) de Estados Unidos utiliza una definición más completa y define a la bioinformática como la investigación, el desarrollo o aplicación de herramientas computacionales y enfoques informáticos para ampliar el uso de datos médicos, de salud o de comportamiento biológico, incluidas las competencias de adquirir, almacenar, organizar, archivar, analizar o visualizar estos datos (Instituto Nacional de la Salud, 2000). Por lo tanto, no podemos obviar que la bioinformática se ha convertido en una disciplina excepcional, ya que permite a los científicos descifrar y gestionar las enormes cantidades de datos que se generan a diario o que ya están disponibles. En este sentido, Allen (1) informó de que el objetivo final de las investigaciones biológicas, es el desarrollo del conocimiento que permitirá enfoques predictivos a todas las ciencias de la vida. Así, las técnicas de adquisición de datos y la gestión y análisis bioinformáticos son claves, ya que proporcionan una lente a través de la cual visualizar un conjunto de datos a gran escala.

Desde nuestro punto de vista, el objetivo de la bioinformática es presentar una representación completa de un organismo, para lo cual es necesario un avance computacional que prediga sistemas de gran complejidad, tales como los procesos de interacción celular de todo el organismo. Según Degraeve et al. (3), una combinación fortuita de factores hacen que la bioinformática tenga un especial interés para los investigadores en todo el mundo, ya que ha facilitado el desarrollo de numerosos enfoques en múltiples áreas de investigación, que incluyen la detección de enfermedades, control y diagnóstico, descubrimiento y desarrollo de fármacos, mapeo genético, epidemiología o modelado de imágenes biomédicas y de los ecosistemas entre otros.

En consecuencia, existe una necesidad obvia de suministrar a los estudiantes de bio-ciencias de ciertas habilidades bioinformáticas genéricas que les permitan adquirir unas competencias básicas. Por esta razón, en el mes de febrero de 2014 organizamos un curso de introducción al uso de herramientas sencillas para el análisis de secuencias de ADN ya que, el acercamiento contemporáneo a la resolución de problemas biológicos incluye el manejo de métodos y programas para el análisis de un largo número de genes y proteínas simultáneamente. El incremento exponencial de genomas completos secuenciados, ha revalorizado el alcance de la bioinformática y por ello, pretendemos proveer a los alumnos del Grado en Farmacia así como a cualquier otra persona que lo requiera, de métodos conceptuales y prácticos para el análisis rápido y eficaz de secuencias obtenidas de una entidad biológica tan importante como es el ADN.



---

El objetivo principal que pretendemos conseguir es dotar a los alumnos de conocimientos en conceptos básicos de bioinformática, los cuales les permitan manejar las distintas herramientas bioinformáticas que están a su disposición, tanto online como en software informático. Además, perseguimos que al término de este curso los alumnos sean capaces de realizar búsquedas en bases de datos, imprescindibles en el desarrollo de cualquier investigación científica.

## Contenidos y Metodología

Para alcanzar los objetivos planteados, el desarrollo del curso se ha distribuido en una serie de bloques temáticos, comenzando por las nociones básicas en bioinformática y terminando con el uso avanzado de algunas aplicaciones y programas propuestos de acceso libre y gratuito. Los bloques temáticos se detallan a continuación: Bloque 1. Introducción a la bioinformática; Bloque 2. Formatos de secuencias nucleotídicas. Edición de secuencias; Bloque 3. Bases de datos. Comparación de secuencias; Bloque 4. Alineamiento múltiple de secuencias nucleotídicas; Bloque 5. Diseño de cebadores/oligos/primers sobre una secuencia conocida o sobre una secuencia consenso.

Dentro de estos bloques temáticos, el alumno tiene la oportunidad de realizar una serie de ejercicios prácticos propuestos específicamente para cada apartado, siguiendo una lógica similar a la de los análisis bioinformáticos llevados a cabo a nivel profesional, aunque siempre adaptados a las necesidades del alumno. Dentro de cada bloque temático se desarrollan una serie de contenidos específicos.

En el primer bloque temático mostramos una visión sencilla y resumida de cómo surgió la bioinformática respondiendo a las necesidades de la ciencia actual, además de una serie de conceptos biológicos, como el dogma de la biología molecular o el fundamento de la secuenciación automática, creando el contexto donde se van a englobar los análisis bioinformáticos posteriores.

La bioinformática se aplica actualmente en casi todos los campos científicos. Hoy en día, gracias a ella se pueden procesar las ingentes cantidades de datos generados por las técnicas de secuenciación, tanto secuenciación automática como pirosecuenciación. Los datos obtenidos en secuenciación están depositados y disponibles en las bases de datos que son públicas y accesibles. Durante el curso mostramos como ha aumentado dicha información depositada en las principales bases de datos a nivel mundial y cómo ha aumentado también el número de usuarios de dichas bases. Por ejemplo, el NCBI tiene actualmente una media de 2,5 millones de usuarios al día. Este aumento ha ido en consonancia con el aumento exponencial del número de secuencias depositadas en GeneBank en las últimas dos décadas.

---

Los datos generados y depositados en estas bases de datos corresponden a secuencias de nucleótidos y de aminoácidos, según sean ADN o proteínas. Este curso se ha dedicado por completo al manejo y edición de secuencias nucleotídicas, que será abordado en el siguiente bloque.

En el bloque número dos se presentan al alumno las formas en las que podemos representar las secuencias nucleotídicas, que son sucesiones de letras representando la estructura primaria de una molécula real o hipotética de ADN. Estas secuencias se pueden representar en varios formatos como son texto plano, en formato GeneBank, formato EMBL... y en formato FASTA (Figura 1), que es el formato que va a ser utilizado a lo largo de este curso por ser uno de los más habituales.

```
>gi|30578071|emb|AJ561043.1| Rhizobium leguminosarum bv. trifolii celc2 gene for cellulase  
C2
```

```
ATGAGGCGGTGGCGCGCGCTTCTGCTGGCGGCCTCTGTCGCGGTTGCACCGGGCCTGCCGGCTACCGCGCAGCAGGCGATGATTAATGCCGA  
CGCCTGGTCGGCCTACAAGGCGAAGTTTCTCGATCCGAGCGGCGCATCGTTGACAACGGCAACGGCAACATCAGCCACAGCGAAGGCAGG  
GCTACGGCCTGCTGCTCGCCTATCTCTCGGCAAGCCCCGCGGATTTTCGAGCAGATCTGGTATTTTACCCGCACCGAGCTGCTGCTGCGCGAC  
GACGGCCTGGCGGTTTGGAAATGGGATCCGAACGTCAAGCCGCACGTGGCCGACACCAACAATGCCACCGACGGCGACATGCTGATCGCCTA  
TGCTTTGGCGCTTGGCGGCACGGCATGGAAACGTGAAGATTATATCTCGCTGCCTCCCGCATGGCGCAGGCGCTGCTTGCCGAAACCGTCG  
GCAGCTCGCAGGGCCGACCTTGCTGATGCCGGGAACCGAAGGGTTTACCGGCAGCGACCCGCGACGATGGTCCGGTCGTCAACCCGTCCTAC  
TGGATTTATGAGGCGATCCCGGTGATGGCAGCGCTCGCGCCGTCGGATGCTTGAAAAAACTGTCGGACGATGGCGTGGAAGTGTGAAGAC  
GATGCAGTTCGGCCCGCAAGCTTCTGCGCAATGGGTGAGCCTGCACGACAAGCCGCGCCGCGCAGAGGGGTTGACGCCGAATTCGGCT  
ACAACGCCATCCGCATCCCGCTATATCTCGCCCGCGGCGGCATCACCATAAGGCACTGCTCGTCCGCTGCAAAAGGGGATGTCGCAAGAC  
GGCGTTCGCCACGATCGATCTGACCACCGCGCGCGAAGACCGTGTGTCGGACCCCGGTTATCGAATTGTTAACGATGTTGTCGGCCTG  
TGTTGTCGATGGGACCGAGTTCGCGGCTGCAAGTTTGCCTGCGCTCTATTATCCGTCCACCCTTCAACTGCTGGGGCTGGCCT  
ATATCGGGGAGAAGCATCCGGAGTGTCTGTGA
```

*Figura 1. Secuencia nucleotídica en formato FASTA (Fuente: NCBI).*

Dentro de este bloque también mostramos a los alumnos los diferentes softwares y/o aplicaciones que necesitan para editar las secuencias que habrán de ser obtenidas mediante secuenciación. Existen muchos programas bioinformáticos de edición de secuencias que están disponibles *on line* y gratuitamente para su utilización por cualquier tipo de usuario, algunos ejemplos son *Chromas* (Technelysium Pty Ltd), *4Peaks* (Nucleobytes Inc.) y *BioEdit* (5). Este último software gratuito es con el que se propone trabajar a los alumnos de este curso. Además, se propone el uso de otros tipos de software, más completos pero de pago como son los paquetes *DNAstar* y *Geneious*.

Con el programa *BioEdit* se abren las secuencias recibidas, que deben estar en formato FASTA. El programa permite abrir los cromatogramas correspondientes a cada secuencia para su edición y corrección de posibles errores cometidos en la lectura. Como apoyo, se introduce el concepto de cromatograma y las distintas posibilidades que se pueden encontrar, siempre apoyados con ejemplos prácticos reales. Los alumnos realizan un análisis visual de los cromatogramas que sirve para descubrir fácilmente algunos de los problemas comunes que pueden tener las secuencias. Aprenden a diferenciar cuando un cromatograma es de buena calidad (muestra picos únicos y separados y tiene poco

---

ruido de fondo) de cromatogramas que tienen una serie de irregularidades y con ello los posibles problemas en la secuencia que ha originado este tipo de cromatogramas, como por ejemplo una mala calidad del ADN secuenciado o la presencia de contaminantes.

En el tercer bloque temático, con las secuencias editadas obtenidas en la práctica anterior se procede a enfrentarlas a algunas de las bases de datos disponibles. Estas bases de datos son las siguientes: DNA Database of Japan (DDBJ) (<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>), del Instituto Nacional de Genética de Japón; EMBL Nucleotide Sequence Database (<http://www.ebi.ac.uk/>) del European Bioinformatics Institute (EBI) y GenBank (<http://www.ncbi.nih.gov/>) del National Center for Biotechnology Information (NCBI). Además, existen muchas otras bases de datos propias de instituciones, algunas de ellas específicas para proteínas, para organismos, etc. De entre estas últimas, EzBioCloud para organismos procariontes, TAIR para *Arabidopsis* y SGD para *Saccharomyces cerevisiae*, son algunas de las más utilizadas.

En este curso, vamos a centrarnos en GeneBank, que es la colección anotada de secuencias del NCBI, que a su vez contiene otras bases de datos como PubMed, Gene, EST, SNP, Structure y su recurso “estrella”, BLAST (2).

También en este bloque, se introduce a los alumnos del curso práctico a BLAST (Basic Local Alingment Search Tool), que es la herramienta más importante, fiable y flexible en estudios bioinformáticos que nos permite seleccionar una secuencia (query) y realizar alineamientos de pares de secuencias con todas las secuencias de la base de datos entera (target). En este punto los alumnos están capacitados para enfrentar la secuencia editada por ellos mismos y, con los parámetros adecuados poder también por ellos mismos, interpretar los datos ya que, la aplicación nos devuelve los alineamientos más relacionados con la secuencia dada.

Con el conocimiento obtenido hasta este punto, los alumnos pueden trabajar con secuencias nucleotídicas de una manera autónoma. Aún así los autores de este curso/trabajo creemos necesario ofrecer al alumno otras herramientas para proseguir con los análisis bioinformáticos. Por ello, en los bloques cuarto y quinto utilizamos una serie de programas online con el fin de llegar un paso más allá en las posibilidades que nos brinda la bioinformática ya que, en condiciones de trabajo real los investigadores disponen de multitud de secuencias con las que trabajar a la misma vez y que persiguen finalidades diferentes como por ejemplo, ensamblaje de genes y genomas o el diseño de primers a partir de secuencias conservadas.

En este bloque los alumnos realizan alineamientos múltiples y diseño de primers en un supuesto práctico. Al inicio de este bloque, se ponen en conocimiento de los participantes una serie de herramientas online adecuadas para la realización de los

alineamientos múltiples de secuencias, además de proporcionarles la opción de realizarlos mediante el software BioEdit. El supuesto práctico se realiza utilizando la herramienta MUSCLE (4) (Figura 2), disponible online entre los recursos que nos ofrece el Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL).

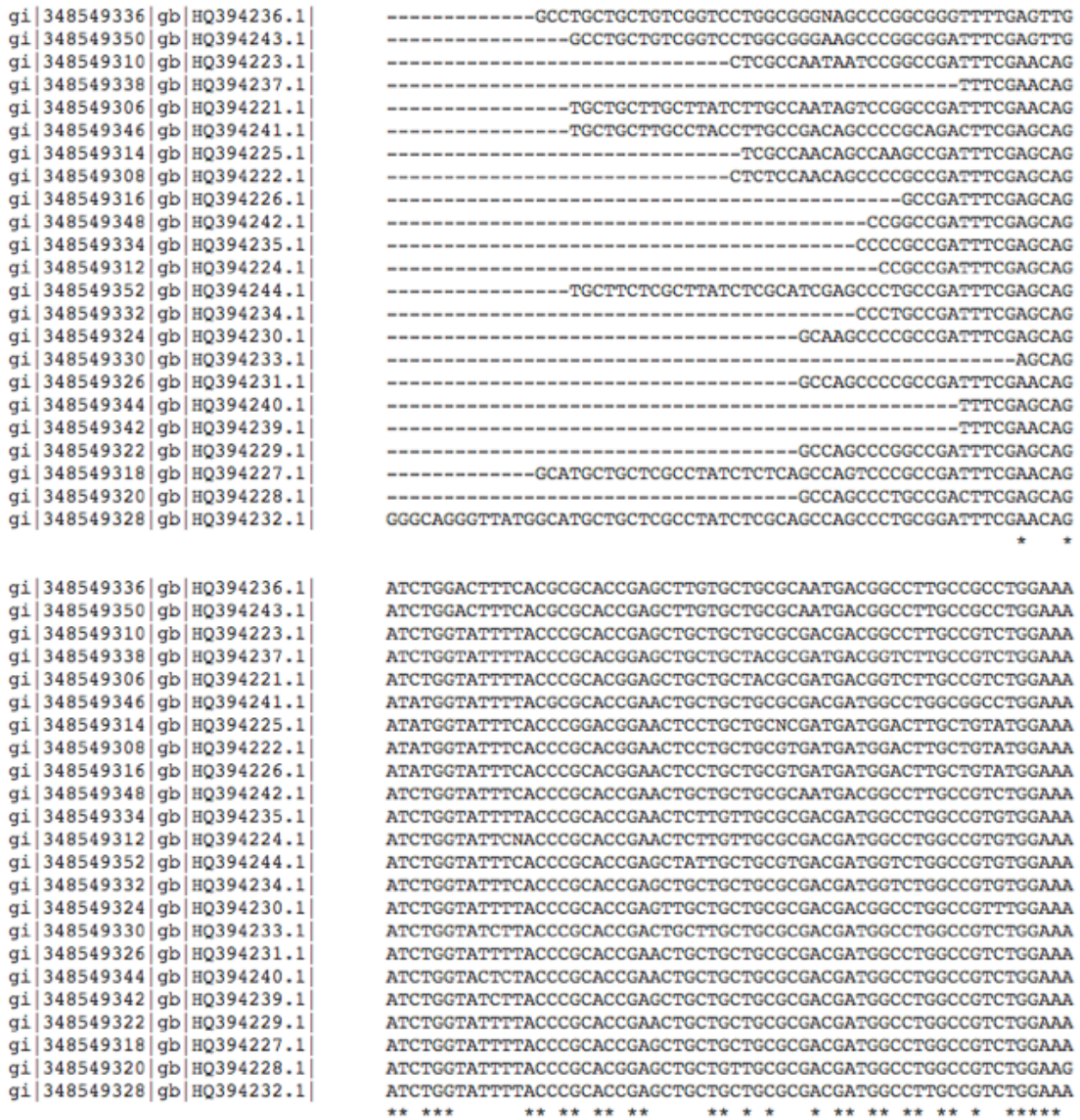


Figura 2. Alineamiento múltiple de secuencias con la aplicación online MUSCLE ([www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/](http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/))

Además, si el alumno decide comparar con otro programa, pudo utilizar el programa BioEdit para realizar los alineamientos múltiples, la herramienta que viene incluida en el programa es ClustalW, formato en el que la aplicación MUSCLE también va a ofrecer los datos resultantes. Los alumnos realizan ejemplos prácticos de ensamblaje de secuencias del gen ribosómico 16S, marcador taxonómico en bacterias, muy sencillo de



---

realizar y entender. También realizaron alineamientos múltiples de secuencias para ver regiones conservadas de genes pertenecientes, por ejemplo, a especies de un mismo género, familia o incluso de un *Phyllum*, lo que es muy útil cuando queremos crear primers universales que es el último apartado que vamos a introducir en este curso.

Para un buen diseño de cebadores, iniciadores de la reacción que lleva a cabo la polimerasa en la PCR, se deben tener en consideración distintos aspectos que ponemos en conocimiento de los alumnos como son, la longitud de esos cebadores (entre 18 y 24 bases), un alto contenido en G+C y temperaturas de anillamiento cercanas entre los pares de cebadores, además de evitar regiones con potencialidad para formar estructuras secundarias internas.

Por último, ponemos a disposición del alumno diversos programas de diseño de cebadores como son *Primer3* (6, 7) y algunos otros que las distintas marcas de biología molecular ponen a disposición de los usuarios.

## Resultados

El presente curso de bioinformática básica ha tenido como objetivo principal iniciar en el manejo de secuencias de ADN a alumnos y profesionales de diferentes áreas científicas, en especial, a los pertenecientes a la Facultad de Farmacia, que carezcan de conocimientos previos en bioinformática. Además, el curso se engloba dentro del Proyecto de Innovación Docente EducaFarma 2.0 en el que se pretende ofrecer cursos/talleres o seminarios prácticos impartidos por profesores del centro con los propios recursos del centro.

Para tener conocimiento de la percepción de los alumnos que reciben este curso práctico así como de información adicional que nos permita mejorar la impartición de este tipo de cursos, se realizó una encuesta de satisfacción en la que se preguntó a los alumnos sobre su formación, nivel de satisfacción en distintos aspectos como son la calidad de los ponentes y la satisfacción general con el curso, entre otros.

En este sentido, este curso/taller, dirigido sobre todo a los profesionales y alumnos de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca, tuvo participación también de personas pertenecientes a otras Facultades, como la Facultad de Ciencias Agrarias y Ambientales o la Facultad de Biología. De entre los alumnos un 71% son estudiantes de Grado, un 14% estudiantes de posgrado y un 2% de otra procedencia. Además, han asistido mayoritariamente mujeres, un 71% frente a un 29% de hombres. La difusión ha funcionado a la perfección, sobre todo por la web de la Facultad de Farmacia y Eventum (28%), aunque parece ser que el boca a boca ha sido la manera de difusión más efectiva (36%).

---

En cuanto a la calidad del curso y de los ponentes, y utilizando una escala del 1 al 5, siendo 1 muy malo y 5 excelente, el 100% de los alumnos evaluaron el curso como muy bueno y/o excelente. Cabe destacar que un 57% de los alumnos consideran que las herramientas de las que se ofrece el conocimiento en este curso son excelentes y de mucha utilidad. Además un 64% cree que la organización del curso ha sido muy buena y un 21% excelente.

En general la satisfacción global con el curso ha sido muy buena (en una escala del 1 al 10, el 100% de los alumnos están entre 8 y 10 puntos), aunque la duración del curso es lo que origina mayor discordancia entre el alumnado, incluso un 7% esta en desacuerdo, opinando que se debería dividir el curso en varias sesiones y aumentar los contenidos, incluyendo otros tipos de análisis e incluso ahondando en los contenidos que ya se ofrecen.

## Conclusión

Como conclusión general, el curso/taller propuesto ha sido un éxito de acogida ya que se cubrieron todas las plazas disponibles en un corto periodo de tiempo e incluso se formó una pequeña lista de espera de interesados. Además, aunque se puedan realizar muchas mejoras de cara a un futuro o próximas ediciones del curso, la satisfacción tanto del alumnado como de los ponentes ha sido excelente por lo que existe una relación directa entre los objetivos perseguidos y la evaluación obtenida por lo que consideramos que el modelo utilizado es claramente positivo y apto para utilizarse en futuras ediciones.

## Referencias

1. Allen, G.K. Bioinformatics: new technology models for research, education, and services. Educause Centre for Applied Research Bulletin. 2005; 8, 1–9.
2. Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. Basic local alignment search tool. J Mol Biol. 1990; 215(3):403-10.
3. Degrave, W., Leite, L., Huynh, C.H. FIOCRUZ distance-learning website ([www.dbbm.fiocruz.br/helpdesk/](http://www.dbbm.fiocruz.br/helpdesk/)). Oswaldo Cruz Foundation, Oswaldo Cruz Institute, 2001. Dept. of Biochemistry and Molecular Biology, Río de Janeiro, Brazil.
4. Edgar RC. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Research 2004; 32 (5): 1792-1797.
5. Hall, T.A. BIOEDIT: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series, 1999; 41: 95-98.
6. Koressaar T and Remm M. Enhancements and modifications of primer design program Primer3. Bioinformatics 2007; 23(10):1289-91.
7. National Institute of Health, 2000. NIH Working Definition of Bioinformatics and Computational Biology <<http://www.bisti.nih.gov/CompuBioDef.pdf>>.
8. Untergrasser A, Cutcutache I, Koressaar T, Ye J, Faircloth BC, Remm M, Rozen SG. Primer3 - new capabilities and interfaces. Nucleic Acids Research 2012; 40(15):e115.

---

# La red social LinkedIn como herramienta para búsqueda de empleo

Rodrigo Morchón García<sup>1</sup>, José Manuel Fernández Ábalos<sup>2</sup>  
{rmorgar, abalos}@usal.es

<sup>1</sup>Área de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca & IBSAL

<sup>2</sup>Área de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: LinkedIn, empleo, perfil, contactos, empresas.

LinkedIn es la mayor red profesional del mundo con más de 300 millones de usuarios y la más utilizada para la búsqueda de empleo (Figura 1). Es un sitio web que posibilita, entre otras cosas, la búsqueda de empleo, la interacción entre usuarios de empresas y/o universidades y entre las propias entidades, la creación de grupos de trabajo y búsqueda de soluciones. En definitiva, es una red efectiva que permite la conexión profesional entre usuarios, todo ello orientado al negocio y darse a conocer (Figura 2).

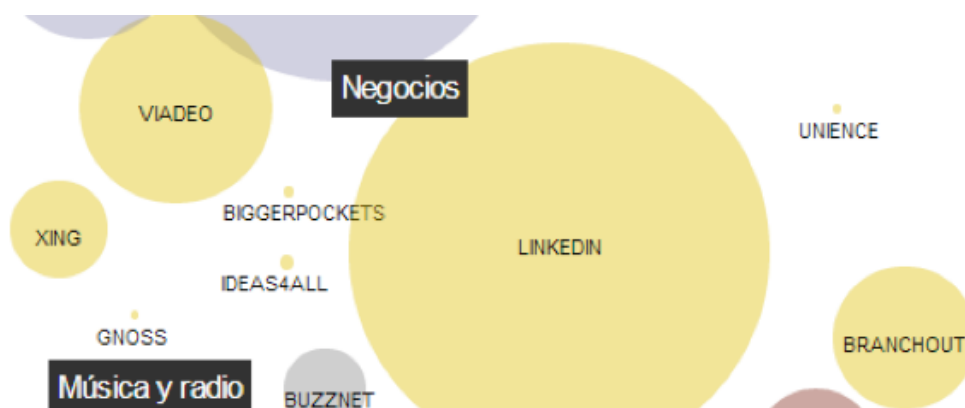


Figura 1. LinkedIn como la red más empleada. \* Imagen tomada de iRedes

LinkedIn da la posibilidad de crear una identidad profesional de tal manera que se puede mantener el contacto con compañeros de clase y de trabajo, facilita la búsqueda de oportunidades profesionales, negocios, nuevas empresas y permite la obtención de noticias, búsqueda de nuevas ideas e información necesaria para destacar en tu empresa.

Los usuarios pueden crear una lista de contactos con los mismos intereses con toda la información útil que muestren e interactuar con ellos si así lo desean. Además tienen la posibilidad de invitar a cualquier persona (ya sea un usuario del sitio o no) a estar en esa lista. Pueden también conocer la opinión de expertos a través de grupos de trabajo, información sobre un tema determinado, información sobre a quién o sobre la empresa a la que le vamos a comprar o vender nuestro producto, etc.

LinkedIn

Dirección de correo electrónico  Contraseña  ¿Has olvidado tu contraseña? [Inicia sesión](#)

## Destaca en tu campo profesional.

**Comienza, es gratis.**  
Tardarás menos de 2 minutos en abrir una cuenta.

Nombre  Apellidos

Dirección de correo electrónico

Contraseña (6 o más caracteres)

Al hacer clic en Únete ahora en LinkedIn, aceptas sus Condiciones de uso, su Política de privacidad y su Política sobre las cookies.

**Únete ahora**

Encuentra compañeros de trabajo: Nombre  Apellidos

Usuarios de LinkedIn en España: abcdefghijklmnopqrstuvwxyz más

*Figura 2. Inicio en LinkedIn*

También nos permite buscar contactos y saber quién los conoce y por tanto, conocer la forma más eficaz de entrar contacto con esa persona.

Toda persona que crea un perfil en la red LinkedIn genera un curriculum que puede ser actualizado día a día y que puede ser visualizado siempre y cuando se tengo el consentimiento del que lo genera. Todo ello es posible manteniendo siempre la privacidad si el usuario quiere y lo permite.

El objetivo del curso “La red social LinkedIn como herramienta para búsqueda de empleo” fue dar a conocer la herramienta LinkedIn a los estudiantes de la Facultad de Farmacia, así como a su personal docente e investigador y al personal de administración y servicios.



---

Dicho curso se programó en una sesión de 2 horas en la que se trató de registrarse y unirse a esta red profesional, generar un perfil de trabajo, explicar el tablón de anuncios de nuestro perfil (Inicio), generar una libreta de contactos y cómo buscar empleo.

En primer lugar se procedió a registrarse en LinkedIn siendo los pasos de su web. Para ello fue necesario rellenar los campos obligatorios que tenían un asterisco como los datos de contacto (nombre, apellidos, correo electrónico y empresa, cargo y sector si trabajase en la actualidad), e introducir la información profesional (empresa y cargo laboral si se tiene empleo). Después se procedió a buscar contactos con las herramientas disponibles en la red social, generar un clave de acceso, y en último lugar, se eligió la modalidad gratuita. Hay también una modalidad de pago. Las diferencias con la gratuita es que, además de crear un perfil, unirse a grupo, buscar y solicitar empleos, saber quién ha visto nuestro perfil y ver los perfiles de otro, es posible enviar mensaje a personas con las que no estás conectado, organizar perfiles, generar filtro de búsqueda, añadir notas en cualquier perfil, entre otros.

Después se procedió explicar en qué consiste el panel de inicio. El menú principal de navegación tiene diferentes pestañas que son inicio (nuestro tablón de anuncios e información de otros usuarios), perfil (nuestros datos anteriormente generados), red (nuestra lista de contactos que hemos generado o la que iremos actualizando), empleos (empresas), intereses (empresas y grupos). En el resto de la página podemos encontrar un buzón (mensajes privados), notificaciones, buscador avanzado, actualizaciones de la red (actualizaciones de tus contactos), sugerencias de personas que pueda conocer y visitas al perfil (Figura 3).

Nuestro perfil debe ser optimizado para que los motores de búsqueda de LinkedIn puedan encontrar los datos necesarios para que otros se interesen por nuestro *curriculum*, actividades, comentarios, etc. Hay que dedicarle tiempo. Para actualizarlo hay una pestaña dentro de la misma que se llama Editar perfil. En éste podemos modificar nuestra trayectoria profesional y académica (experiencia, publicaciones, patentes, actitudes y validaciones, proyectos, idiomas, reconocimientos y premios, cursos, certificaciones, datos académicos e información adicional) (Figura 4).

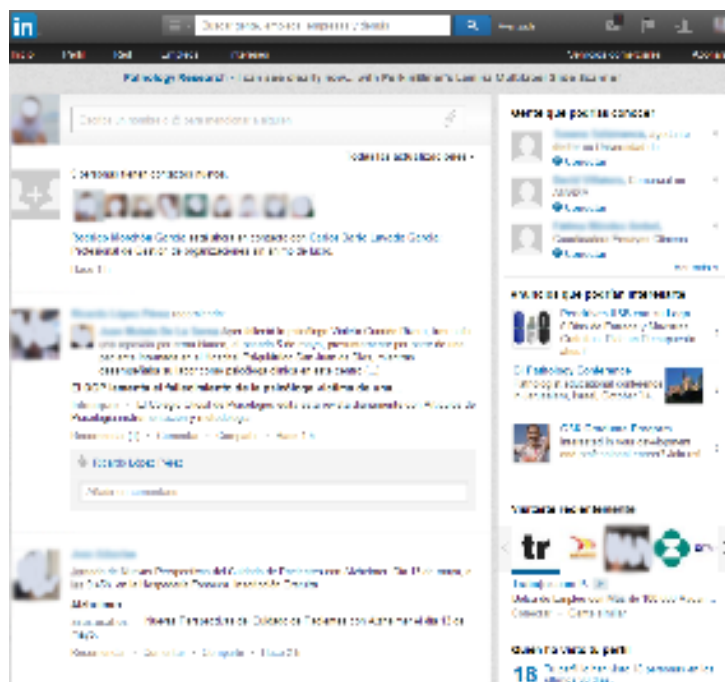


Figura 3. Tablón de anuncios (inicio) en LinkedIn

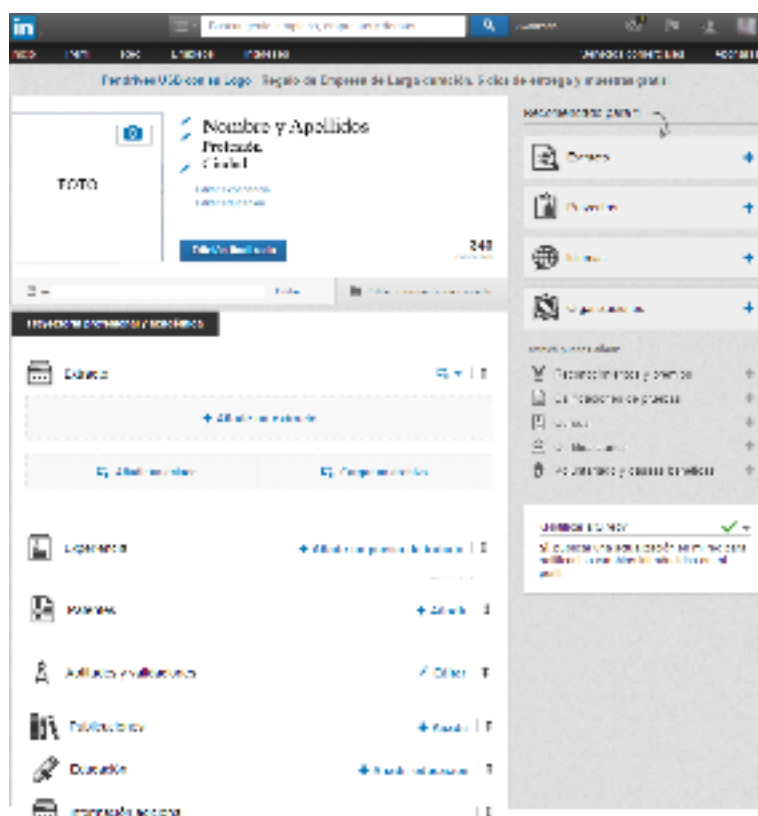


Figura 4. Edición del perfil de LinkedIn

Podemos seguir añadiendo y buscando contactos en la pestaña Red y en la subpestaña Contactos y Búsqueda de contactos de tal forma que podemos importarlos de otras agendas si antes no lo hicimos, organizarlos, y añadir más. Se generan conexiones directas, las conexiones de cada una de estas conexiones (conexiones secundarias, terciarias, etc.) facilitando la interacción entre usuarios. También es posible seguir a empresas y o a universidades, además de a personas o estudiantes, grupos de trabajo, en la pestaña Intereses del menú principal.

Para la búsqueda de empleo es necesario ir a la pestaña de Empleos e ir al buscador y poner cargo, palabras clave, nombre de las empresas que queremos, etc. Además tenemos una sección de empleos que nos podrían interesar según nuestro perfil, otra para poder guardar nuestro historial de búsquedas, empleos solicitados y tu estado, descubrir empleos de nuestra red, consejos para tener una actividad visible en LinkedIn, etc (Figura 5).

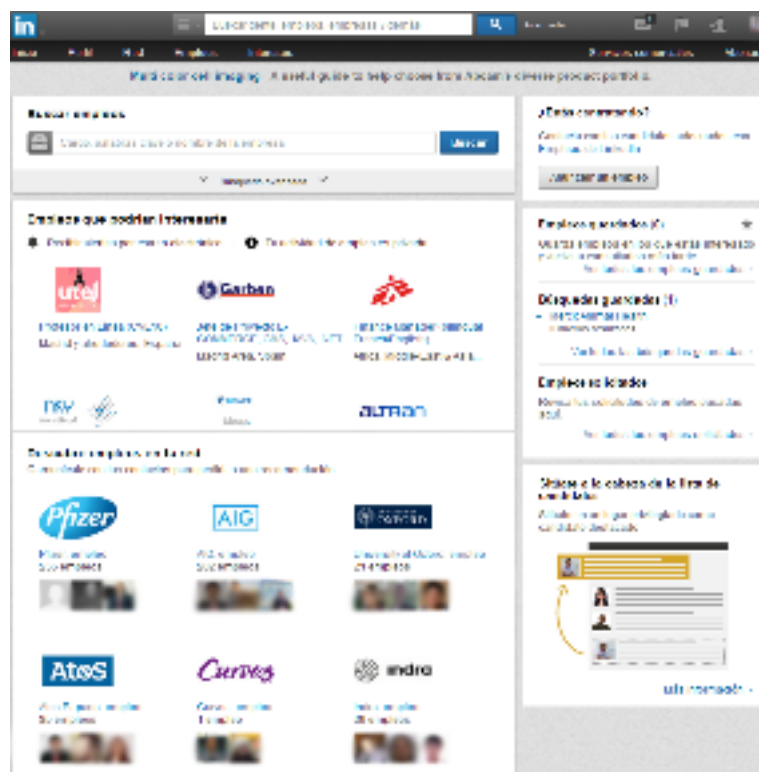


Figura 5. Búsqueda de empleos en LinkedIn

Existe una aplicación para tablets y smartphones la cual puede conseguirse de forma gratuita tanto en Apple Store y Play Store de forma gratuita y se puede emplear de la misma forma que la web (Figura 6).



Figura 6. Aplicación de LinkedIn para iPad

## Referencias

1. Juanma Roca (2011) Revolución LinkedIn, La red profesional de management 2.0. del siglo XXI. Editorial Paidós, pp: 224.
2. La Web de Luis Arimany (<http://www.luisarimany.com/en/node/13>).
3. Forbes, 2014 <http://www.forbes.com>
4. Wikipedia, 2014 <http://wikipedia.com>
5. Mercado, 2014 <http://www.mercado.com>
6. Naiara Pérez de Villarreal (2010). ¿Qué es LinkedIn? Un manual fácil y sencillo. SlideShare.

---

# Google Drive como herramienta para TFG, TFM y en investigación

Rodrigo Morchón García<sup>1</sup>, José Manuel Fernández Ábalos<sup>2</sup>  
{rmorgar, abalos}@usal.es

<sup>1</sup>Área de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca & IBSAL

<sup>2</sup>Área de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: Google Drive, TFG, TFM, USAL, colaboración

En los últimos años se ha introducido con fuerza en todos los ámbitos sociales y de comunicación el uso de la denominada “computación en la nube” (*Cloud Computing*), que podría definirse como el uso de herramientas informáticas (programas, repositorios, etc) y datos (fotos, vídeos, documentos de texto, tablas de datos, etc) alojados todos ellos en servidores remotos con respecto al usuario y conectados por Internet. Internet en su conjunto es una estructura “en la nube”, comportándose los usuarios como terminales de gestión de programas y datos. Internet surgió en el ámbito científico y académico como sistema de comunicación y compartición de recursos. Se puede decir que uno de los sistemas científicos más importantes en biomedicina como Genbank (banco de datos de secuencias genéticas, en el *National Center for Biotechnology Information*, NCBI) fue pionero en la computación en la nube, antes incluso de acuñarse ese término. La cantidad de recursos actualmente en la nube es impresionante y el usuario individual puede gestionar la mayor parte de su vida digital de manera remota.

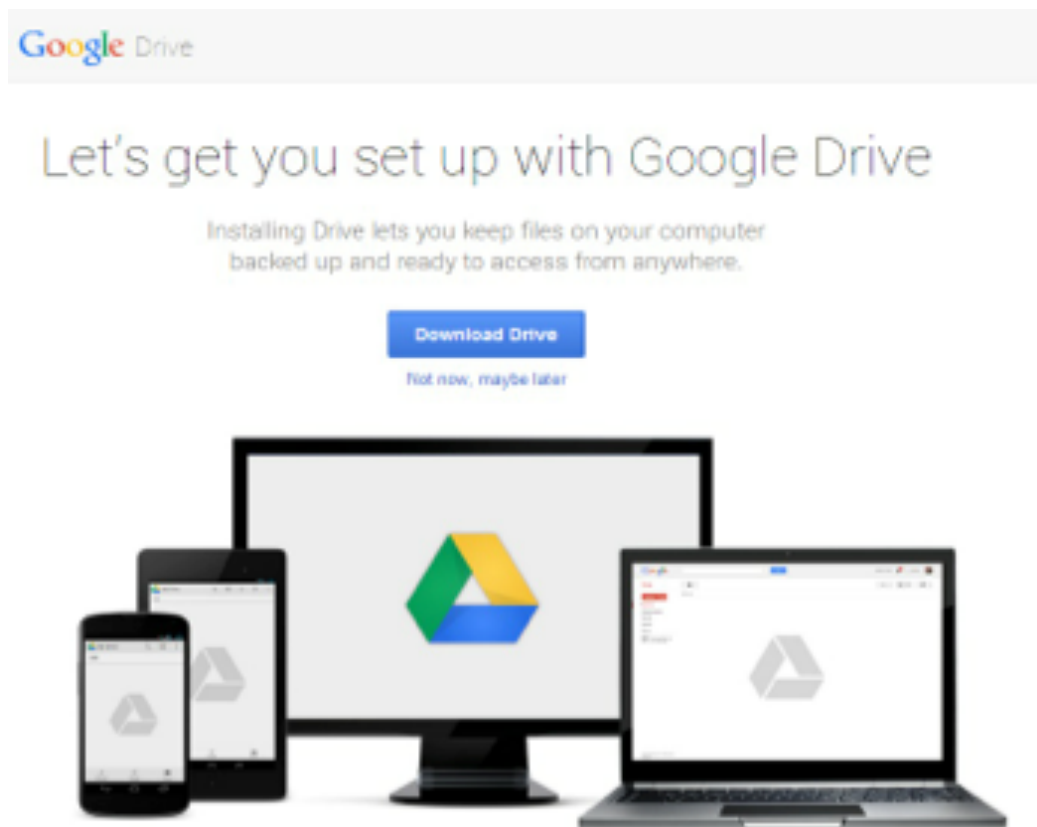
Diversas compañías proporcionan un conjunto de recursos de software y hardware que funcionan de forma óptima e integrada, forman un “ecosistema”. Estos ecosistemas, más o menos interactivos y permeables entre si, proporcionan un ambiente adecuado para el uso de la nube. Por ejemplo, existen varios paquetes ofimáticos básicos que operan en ecosistemas de este tipo: iCloud/iWork de Apple, Google Drive/Docs de Google, OneDrive/Office 365 de Microsoft. Estos sistemas incluyen almacenamiento de datos, gestión de documentos (email, compartición, visionado) y edición (textos, imágenes, vídeos).

Por su gratuidad y por estar dotado de muchos recursos interesantes, Google Drive de Google puede incorporarse fácilmente al estudio y al trabajo docente y de investigación en la Universidad. En particular la creación y edición de textos, presentaciones, tablas de datos, encuestas, mensajería... tienen cabida en Google Drive. En EDUCAFARMA2014

---

hemos mostrado el uso de algunas de estas herramientas, pensando en su aplicación particular al desarrollo.

Cada usuario con cuenta en Gmail cuenta con 15 Gb de espacio gratuito para almacenar sus archivos, ampliables mediante pago. Es accesible desde Google Chrome, Mozilla Firefox, Internet Explorer, Safari, entre otros y dispone de aplicaciones para iOS y Android que permiten editar documentos y hojas de cálculo (Figura 1).



*Figura 1. Google Drive desde Google Chrome, Mozilla Firefox, Internet Explorer y Safari*

Para iniciar la sesión se debe o descargarse el programa en to ordenador o accede directamente al programa desde tu cuenta de Gmail. Una vez dentro del programa podemos crear un documento Word, Power point, Excel, Paint y editarlo (Figura 2). Al mismo tiempo podemos compartirlo con otros usuarios que también pueden editarlo al mismo tiempo y podemos ver los resultados. Todos esos documentos podemos visualizarlos o encontrarlos en el apartado Compartido conmigo. Podemos también trabajar sin conexión y luego, conectarnos y que se actualicen los contenidos.

Cuando accedemos a un documento podemos editarlo de la misma forma que trabajamos en nuestro ordenador sin conexión como podemos observar en la Figura 3. A

la derecha vemos la opción Compartir. Desde ahí podemos añadir a otros usuarios para que editen el documento al mismo tiempo que nosotros.

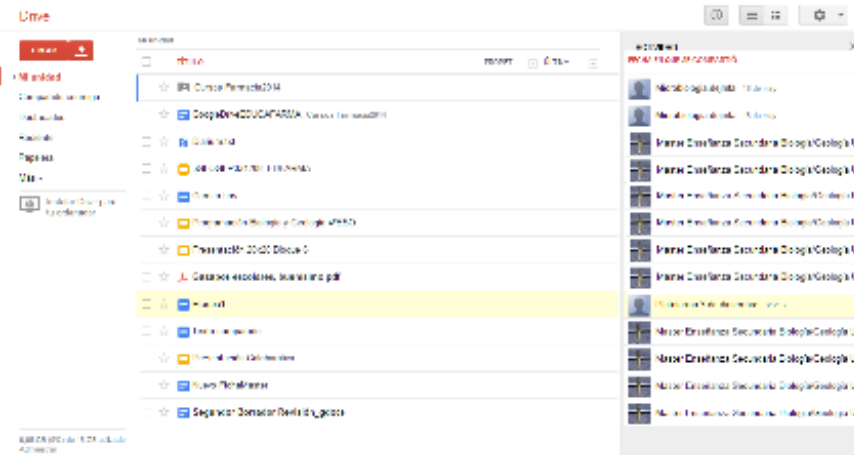


Figura 2. Presentación de Google Drive desde una cuenta de usuario

Las ediciones se guardan automáticamente. Además podemos deshacer lo modificado en el mismo momento o después de salir y volver a entrar en Google Drive e incluso, los otros usuarios que comparten el documento pueden deshacer lo que nosotros hayamos editado (Figura 3).

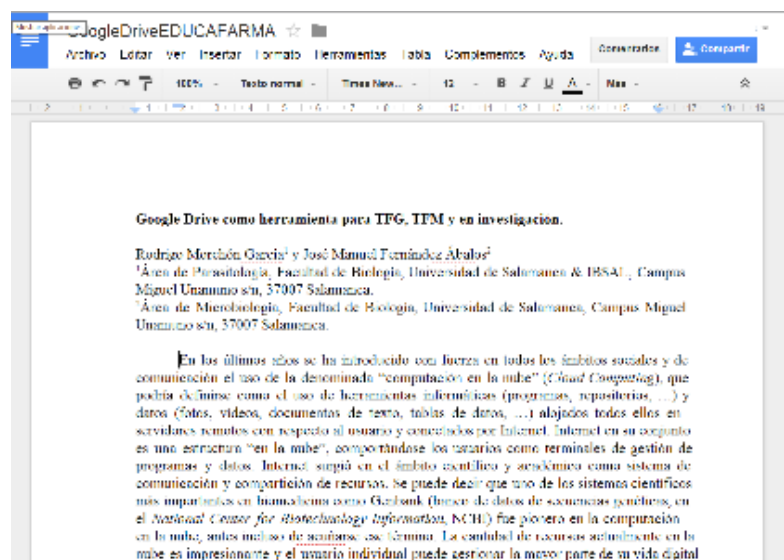


Figura 3. Edición de un documento Word

---

---



# Manejo de smartphone/tablet aplicado a docencia e investigación. Apps educativas en el aula

Rodrigo Morchón García<sup>1</sup>, José Manuel Fernández Ábalos<sup>2</sup>  
{rmorgar, abalos}@usal.es

<sup>1</sup>Área de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca & IBSAL  
<sup>2</sup>Área de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Salamanca

Palabras Clave: Smartphone/tablets, App, docencia, biología, farmacia, educación, universidad

Una aplicación (App) es un tipo de programa informático diseñado para tablets y/o teléfonos ya sean dispositivos de Apple o con sistema operativo Android que permite realizar uno o varios trabajos simultáneamente. Está elaboradas en función del sistema operativo con el que se vaya a trabajar. En la actualidad existen cerca de 2 millones de Apps en el mercado.

La forma más práctica es encontrar aplicaciones es buscarlas en tiendas de oficiales. Dos aplicaciones para poder llevar a cabo esta función son App Store y Play Store. App Store es un servicio para dispositivos iPhone, iPod Touch, iPad que permite a los usuarios buscar y descargar aplicaciones. Play Store es una plataforma de [distribución digital](#), desarrollada y operada por [Google](#), que permite navegar y descargar aplicaciones en dispositivos con sistema operativo Android (Figura 1).

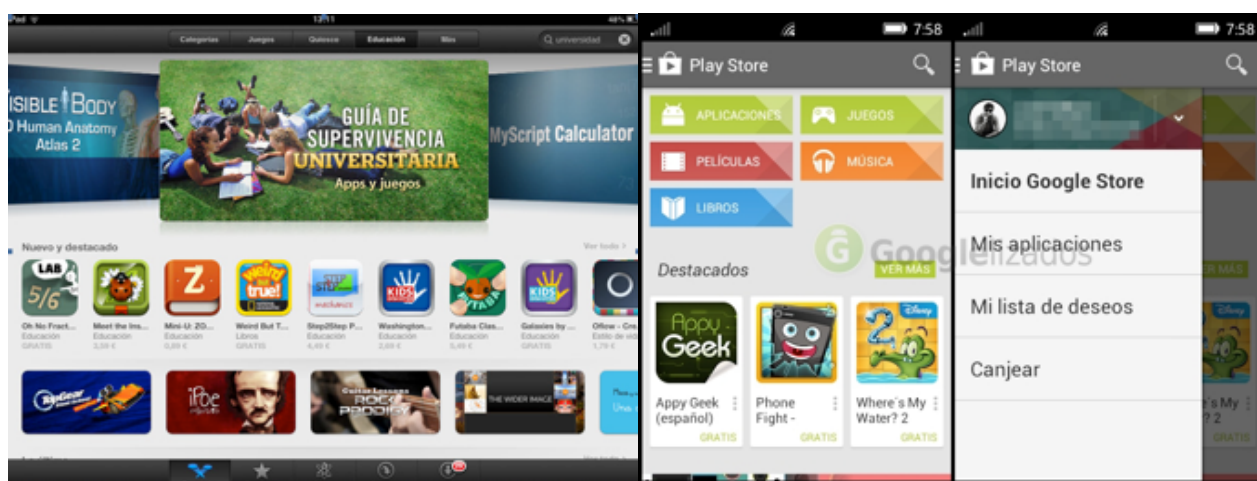


Figura 1. Visualización de App Store en un iPad y Play Store en un dispositivo con sistema Android

---

Las aplicaciones pueden estar disponibles de forma gratuita o de pago y las podemos descargar directamente a nuestro dispositivo o a través de un ordenador en el que tenga instalado iTunes, en el caso de dispositivos de Apple o a través de la web Google Play en el caso de tener un dispositivo con sistema Android. También a través de iTunes Store o Google Play se pueden descargar música, libros, revistas y películas. Además, siempre que buscamos una aplicación, podemos ver una breve descripción de la misma y, en algunos casos, con comentarios de usuarios sobre su funcionalidad,

Los objetivos del curso fueron recopilar y mostrar una serie de aplicaciones con las que podamos trabajar y motivar a los estudiantes en el aula, mostrar sus posibilidades educativas y para gestionar mejor nuestras actividades fuera de la misma.

Se muestran a continuación una serie de aplicaciones agrupadas con las que se trabajó en este curso.

## Cuadernos de notas

Estas Apps funcionan como bloc de notas digital que pueden ayudar a tomar tus notas en clase, en reuniones, capturar tus ideas, hacer bocetos y dibujar es tan claro y simple como con un bloc de notas real.



Bamboo paper



Paper 53



Penultimate

## Organizador de información

Con estas aplicaciones podemos guardar fotos, audios, webs, búsquedas, itinerarios, documentos de viaje, compartir y trabajar con otras personas, generar actividades, planificar actividades y acceder a ellas desde cualquier lado.



Evernote



Wunderlist

---

## Vídeos

Con estas Apps es posible visualizar cualquier vídeo en cualquier formato



Vídeos



AVPlayerHD



GoodPlayer



VLC

## Visualización y Edición de imágenes

Con este grupo de Aplicaciones podemos transformar tablet en un espectacular visualizador tridimensional de fotos, podemos combinar imágenes, aplicar efectos profesionales, convertirlas en minipelículas, añadir efectos especiales y música y compartir los resultados.



Cooliris



Picasa



PS Touch



Magisto



Vimeo

## Escanear

Con estas aplicaciones podemos escanear cualquier tipo de documento, generar imágenes y documentos .pdf de los mismos, enviarlos por email, imprimirlos, etc.



DocScan HD



Scanner Plot

---

## Blog

Éstas permiten a los usuarios publicar textos, imágenes, vídeos, enlaces, citas y audios fácilmente en cada uno de los respectivos tipos de blogs



Wordpress



Blogger



Tumblr

## Almacén y edición de textos, presentaciones...

Con estas Apps podemos visualizar y trabajar con cualquier tipo de documento ya sean textos, diapositivas, datos, .pdf, abrirlos en línea, compartirlos con más gente y hasta trabajar a la vez con ellos



GoodReader



Google Drive



QuickOffice



Word



Pages



Powerpoint



Keynote



Excel



Numbers



Neu Annotate

## Videoconferencias

Aplicaciones de mensajería que te permite enviar y recibir mensajes, fotos y vídeos, e incluso iniciar videollamadas con fotos, emojis e incluso con videollamadas de grupo gratis.



Skype



Hangouts

---

## Almacén de contenidos y presentaciones

Aplicaciones para poder almacenar información, textos, presentaciones, imágenes vídeos, etc.



Dropbox



Box

## Presentaciones

Aplicaciones para poder realizar y almacenar presentaciones para después embeberlas y/o compartirlas sin necesidad de tener espacios en nuestra tablet



Prezi



iSlideShare



Scribd

## Pizarras y grabaciones

Aplicaciones que funcionan como pizarra digital con las que escribir, insertar imágenes y vídeos, escribir sobre ellos, grabar nuestras explicaciones en el aula para luego poder compartirlas, recrear movimientos, etc.



RealChalk HD



SimpleMind+



ShowMe



External Camera



Stage Pro



Motion Café

---

## Buscar Apps y redes

Con Discover Apps podemos buscar aplicaciones relacionadas sin necesidad de recordarlas y con Fing averiguar qué dispositivos están conectados a su red Wi-Fi, en tan sólo unos segundos.



Discover Apps



Fing

## Bibliografía

Con estas Apps buscamos información en revistas científicas indexadas y podemos guardar esas búsquedas



Pubmed



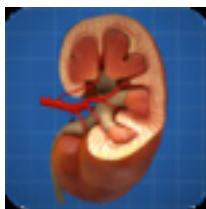
Pubmed Clip



Pubmed Library

## Biología y Farmacia

Algunas Apps educativas con las que trabajar en el aula según las necesidades docentes.



iURO Kidney



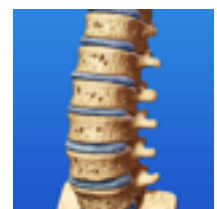
Brain Tutor



3D Brain



Living Lung



Spine Decide





Frog Dissection



Rat Dissection



Nature Tap



VCell



Parasites



Elements



Nova Elements



ChemIO



Cell Frequencies

## Redes Sociales

Aplicaciones para poder acceder directamente a tus redes sociales y poder trabajar con ellas



Facebook



Twitter



LinkedIn



Google +



Pinterest



Instagram

---

## Exploradores

Aplicaciones para poder acceder directamente a Internet



Chrome



Internet Explorer



Safari

## USAL

Aplicaciones para poder acceder directamente a información de la Universidad de Salamanca y sus bibliotecas



USAL



Biblio USAL

## Otros

Dragon Dictation es una aplicación de reconocimiento de voz muy fácil de utilizar, que te permite dictar y ver al instante el mensaje o correo electrónico que quieres enviar. MyScript Calculator realiza operaciones matemáticas de forma natural a través de su escritura. Con Puntero podemos visualizar nuestras presentaciones desde nuestro móvil y con la aplicación de Google Earth podemos visualizar todos los lugares del planeta, explorar países, descubrir cambios en lugares, etc.



Dragon Dictation



Puntero



Google Earth



MyScript Calculator



---

# Nociones básicas para el análisis bioinformático de proteínas

**Esther Menéndez Gutiérrez, Raúl Rivas González**

{esthermenendez, raulrg}@usal.es

Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: educación bioinformática, software gratuito, proteína, ExpASy, aminoácido, NCBI, EMBL

## Resumen

Actualmente existe una capacidad aguda de recopilar, compartir y analizar datos lo que ha dado lugar a un creciente aumento en el interés de la comunidad científica por la bioinformática, debido probablemente a las enormes posibilidades de aplicabilidad que ofrece esta disciplina. Introducir a los alumnos, docentes e investigadores en éste área es una necesidad. Con éste fin, hemos diseñado un curso/taller básico en el que se inicia al alumno en el análisis bioinformático de proteínas. Este curso se basa en el empleo de las bases de datos de proteínas y en la predicción de las estructuras proteicas mediante estudio de dominios proteicos y modelización de proteínas aplicándolo a sencillos ejemplos prácticos que permitan afianzar los conocimientos de los alumnos

## Introducción

La biología es una disciplina basada en el conocimiento, por lo que ahora más que nunca, apoyándose en las diversas técnicas integrales que se han desarrollado en los últimos años, produce datos a un ritmo inexorable. Por ejemplo, en junio de 2013, GenBank, que es el principal repositorio de secuencias genéticas, acumuló aproximadamente 164 millones de registros de secuencias de genes y aproximadamente 110 millones de entradas de secuencias del genoma (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics>). Además de esto, Uniprot Knowledgebase (Uniprot), que es la principal base de datos en cuanto a función y secuencia primaria de proteínas, cuenta con más de 13,5 millones de entradas desde enero de 2011 (2).

Con la acumulación de tales volúmenes de datos, el uso de los ordenadores se ha convertido en un imperativo para su curación e interpretación. Esto ha dado lugar a un nuevo campo de investigación, a saber, la bioinformática, donde la ciencia informática y la estadística son aplicadas para analizar los datos biológicos con el fin de acelerar,

---

mejorar y diversificar la investigación biológica. Así, la Bioinformática, esencialmente se puede definir como la aplicación de los recursos informáticos a los datos biológicos, independientemente de que el tipo de datos sean secuencias de ADN, secuencias de proteínas así como dominios y estructuras de proteínas.

Nunca antes los científicos han tenido la capacidad de recopilar, compartir y analizar datos como la que tienen hoy. Por tanto, las Bases de datos Biológicas (bioDBs) desempeñan un papel cada vez más importante en la era post-genoma. Con esta explosión de datos moleculares y capacidades biotecnológicas, las industrias farmacéuticas y de la salud dependen de profesionales con conocimientos de tecnología bioinformática, para aprovechar plenamente estos recursos y traducir los datos moleculares y celulares en los nuevos descubrimientos genéticos y terapéuticos, así como desarrollar nuevas biotecnologías que afecten positivamente a la salud humana. En definitiva, la bioinformática se ha establecido como una importante disciplina científica, dando lugar a un cambio de paradigma en diversas disciplinas como la medicina molecular, la genómica comparativa, la evolución molecular, las aplicaciones de los genomas microbianos, el descubrimiento de fármacos y la biotecnología en cualquiera de sus ramas. A este respecto, está ampliamente reconocido que la Bioinformática o la Biología Computacional es un campo multidisciplinar que requiere de un entrenamiento preciso para adquirir competencias básicas (1).

En este sentido, los futuros egresados han de ser entrenados en el empleo y uso de las estructuras de datos biológicos, ya que la colección de bases de datos que existen en el planeta no dejan de crecer a un ritmo exponencial, acumulando una cantidad ingente de datos sobre secuencias génicas o estructura y actividad de proteínas. Los alumnos deben ser capaces de entender e integrar los sistemas bioinformáticos con los datos biológicos aplicando los programas pertinentes que les permitan afrontar el reto que se les plantea la investigación actual.

Por esta razón, y como objetivo principal, este curso ha sido diseñado para animar a los estudiantes a desarrollar habilidades fuera de su disciplina formal, aumentando sus conocimientos en el manejo de programas para el análisis bioinformático de proteínas, provocando que la inmensa y diversa información de la que disponemos sea menos compleja y sí más comprensible y accesible. Para ello les hemos informado y adiestrado sobre las herramientas de software adecuadas que les permita lograr una

---

interoperabilidad para mejorar el acceso y uso de los datos disponibles de diversos sistemas.

## Contenidos y metodología

Para alcanzar nuestro objetivo, el desarrollo del curso se ha distribuido en una serie de bloques temáticos, comenzando por ofrecer al alumno unas nociones básicas sobre bioinformática y proteómica y terminando con la modelización y predicción de estructuras proteicas. Además, les hemos informado de aplicaciones y programas informáticos que podrán utilizar, con el fin que el alumno, al final del curso pueda trabajar con secuencias aminoacídicas con autonomía y seguridad. Los bloques temáticos se distribuyen de la siguiente manera:

- Bloque 1. Conceptos básicos sobre proteínas. Ventajas de trabajar con secuencias proteicas respecto a las nucleotídicas. Formatos de secuencias proteicas.
- Bloque 2. Bases de datos. Comparación de secuencias.
- Bloque 3. Alineamiento múltiple de secuencias proteicas.
- Bloque 4. Predicción de dominios proteicos.
- Bloque 5. Modelización y predicción de estructuras proteicas.

Dentro de estos bloques temáticos, se ofrece al alumno la posibilidad de realizar una serie de ejercicios prácticos propuestos específicamente para cada bloque, siguiendo una lógica similar a la de los análisis bioinformáticos llevados a cabo por un bioinformático, aunque siempre adaptados a las necesidades del alumno. Dentro de cada bloque temático se desarrollan una serie de contenidos específicos, que se detallan en los párrafos siguientes.

En el primer bloque se ofrece una introducción general a la bioinformática y se refrescan conceptos básicos como por ejemplo, la composición del código genético, el dogma de la biología molecular, la estructura de las proteínas y su composición aminoacídica, la definición de marcos de lectura (*ORF-open reading frame*) y dominios proteicos. Además, se introducen conceptos de biología molecular básica que apoyen la introducción de los análisis que se van a llevar a cabo.

En este bloque, el alumno podrá conocer las ventajas de trabajar con secuencias aminoacídicas frente a trabajar con secuencias nucleotídicas. En el transcurso de la explicación, se ofrecen distintas herramientas para trasladar información de una secuencia nucleotídica a una secuencia aminoacídica, empleando el código genético y siempre trabajando con secuencias de ambos tipos en formato FASTA. Para esta tarea, se presentan dos posibilidades al alumno. La primera es utilizar aplicaciones on line

---

gratuitas, como es la herramienta Translate, englobada en los recursos que nos ofrece el ExPASy, el portal de recursos bioinformáticos del Instituto Suizo de Bioinformática (SIB, [www.expasy.org](http://www.expasy.org)). Esta utilidad nos devuelve 6 marcos de lectura para una misma secuencia de ADN que se corresponden a todas las posibles proteínas que se puedan formar con una diferencia de +/- 3 nucleótidos. En este punto y según como sea la secuencia de ADN que tomamos como partida, los alumnos tendrán la capacidad de dilucidar cual es el marco de lectura con más posibilidades de ser cierto, teniendo en cuenta que todas las proteínas comienzan por una Metionina (ATG) y terminan en un codón de parada (TAA, TAG ó TGA). La segunda opción es utilizar softwares de edición de secuencias, que sirven tanto para secuencias de ADN como para secuencias proteicas, como el programa BioEdit (Hall, 1999), que es gratuito y muy sencillo de utilizar. De entre las múltiples utilidades de las que dispone, también posee una herramienta para trasladar secuencias nucleotídicas a secuencias de proteínas, ofreciendo al usuario todas las posibles opciones. Aunque en principio es similar a la herramienta Translate del ExPASy, es menos intuitivo y la experiencia con los alumnos no expertos nos hace inclinarnos hacia una apuesta por la herramienta online.

En el segundo bloque, los alumnos practican y trabajan con las secuencias proteicas obtenidas en la parte práctica del bloque anterior, enfrentando dichas secuencias contra las bases de datos disponibles. Algunos ejemplos son la Protein Data Bank in Europe (PDBe) ([www.ebi.ac.uk/pdbe](http://www.ebi.ac.uk/pdbe)), que es una base de datos de estructuras 3D de proteínas dependiente del Instituto Europeo de Bioinformática (EMBL-EBI), el GenBank (<http://www.ncbi.nih.gov/>) base de datos general dependiente del National Center for Biotechnology Information (NCBI) y UniProtKB (Universal Protein Knowledgebase: <http://www.uniprot.org/help/uniprotkb>) y Swiss-Prot especializadas en secuencias de proteínas dependientes del Instituto Suizo de Bioinformática (SIB).

En este curso, nos hemos centrado en GeneBank, que es la colección anotada de secuencias del NCBI, que a su vez contiene otras bases de datos como PubMed, Gene, EST, SNP, Structure y su recurso "estrella", BLAST (3). Además, como recurso preferente en análisis de proteínas vamos a utilizar UniProtKB, que es la fuente universal de proteínas, un repositorio central de datos de proteínas creado por la combinación de: UniProt Knowledgebase (UniProtKB), UniProt Reference Clusters (UniRef), y la UniProt Archive (UniParc). Esta base de datos también posee la herramienta BLAST, con un funcionamiento similar que en GeneBank. UniProt es una colaboración entre el European Bioinformatics Institute (EBI), el Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) y el Protein

---

Information Resource (PIR). Entre las tres instituciones, trabajan cerca de 150 personas en distintas tareas como la curación de las bases de datos, el desarrollo de software y el soporte técnico. Esto la ha convertido en el líder mundial en el almacenamiento de información sobre proteínas.

Ambas bases de datos son perfectamente válidas aunque el alumno ha comprobado que UniProtKB ofrece una serie de ventajas respecto al NCBI como por ejemplo, una mayor calidad de las anotaciones referidas a la función de las proteínas, un estandarizado del uso de palabras clave para describir las funciones, poseer una herramienta interactiva de búsqueda y ofrecer la posibilidad de exportar los resultados en forma de tabla, aunque como inconvenientes hay que resaltar que sólo funciona para secuencias proteicas y que su base de datos es menor que la del NCBI.

Del mismo modo, en este bloque se introduce a los alumnos del curso práctico a BLAST (Basic Local Alingment Search Tool), que es la herramienta más importante, fiable y flexible en estudios bioinformáticos y que nos permite seleccionar una secuencia (query) y realizar alineamientos de pares de secuencias con todas las secuencias de la base de datos entera (target). En este punto los alumnos están capacitados para enfrentar la secuencia editada por ellos mismos en protein-BLAST e interpretar los datos, ya que la aplicación nos devuelve los alineamientos más relacionados con la secuencia aminoacídica dada.

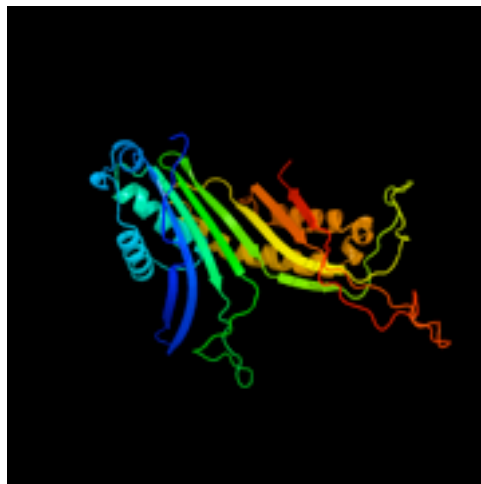
En este punto, el alumno ya es capaz de trabajar individualmente con las secuencias aminoacídicas disponibles, aunque creemos que es necesario ofrecer alguna herramienta más con la que puedan completar su formación básica. En los bloques tercero, cuarto y quinto, se introducen diversos programas para realizar análisis de dominios proteicos y conservación de dichos dominios, a la par que modelización de proteínas, es decir, predicción de sus estructuras terciarias y cuaternarias.

Para los alineamientos múltiples, se utiliza la herramienta MUSCLE (Edgar, 2004), disponible online entre los recursos que nos ofrece el Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL). Para trabajar este punto, les facilitamos un supuesto práctico en el que se les ofrece una serie de secuencias aminoacídicas correspondientes a una serie de proteínas homologas y un grupo de organismos concretos. La finalidad es que realicen un alineamiento múltiple y puedan observar el grado de conservación de las proteínas dentro del grupo de organismos seleccionados.

---

Posteriormente, se realiza con una o varias de las proteínas homologas una predicción de dominios proteicos, utilizando la herramienta InterProScan (4, 5), también disponible online entre los recursos que nos facilita el Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL). Esta aplicación nos ofrece mucha información sobre el tipo de proteína, incluyendo el artículo científico donde se publicó, si es el caso, y/o si posee péptido señal, imprescindible en algunas proteínas para su correcta localización.

Finalmente se mostró al alumno una herramienta para la predicción y modelización de estructuras proteicas denominada Phyre2 (Protein Homology/analogY Recognition Engine V 2.0) (6) que depende del Structural Bioinformatics Group, Imperial College, London. En ella, además de más información (alineamientos, dominios, etc.), se crea, a partir de alineamientos con las bases de datos disponibles, un modelo de estructura de la proteína seleccionada (Figura 1).



*Figura 1. Predicción de la estructura de la uricasa de Aspergillus flavus, realizada con la aplicación Phyre2.*

## Resultados

El presente curso de nociones básicas para el análisis bioinformático de proteínas ha tenido como objetivo principal iniciar en el manejo de secuencias proteicas a alumnos y profesionales de diferentes áreas científicas, en especial, a los pertenecientes a la Facultad de Farmacia, que carezcan de conocimientos previos en este área. Además, el curso se engloba dentro del Proyecto de Innovación Docente EducaFarma 2.0 en el que se pretende ofrecer cursos/talleres o seminarios prácticos impartidos por profesores del centro con los propios recursos del centro.

---

Para tener conocimiento de la percepción de los alumnos que reciben este curso práctico así como de información adicional que nos permita mejorar la impartición de este tipo de cursos, se realizó una encuesta de satisfacción en la que se preguntó a los alumnos sobre su formación, nivel de satisfacción en distintos aspectos como son la calidad de los ponentes y la satisfacción general con el curso, entre otros aspectos. Algunos de estos aspectos fueron evaluados mediante una escala de valoración tipo Likert del 1 al 5, siendo 1 muy malo y 5 excelente.

Los alumnos que participaron en este curso/taller, estaban mayoritariamente vinculados a la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca (un 58% de asistentes). Sin embargo, las encuestas muestran que la participación fue heterogénea ya que también hubo participantes de otras Facultades, como la Facultad de Ciencias Agrarias y Ambientales (21%), la Facultad de Biología (11%) y de la Facultad de Químicas (5%), así como una participación de profesionales adscritos a centros de Investigación (5%). De entre los alumnos, un 37% son estudiantes de Grado, un 16% estudiantes de posgrado, un 16% PDI y un 31% de otra procedencia. Además, han asistido mayoritariamente mujeres, un 74% frente a un 26% de hombres. El rango de edades de los asistentes ha sido muy variado, existiendo un marcado porcentaje de gente mayor de 40 años (21%), correspondiente sobre todo a personal técnico (técnicos de laboratorio y/o auxiliares de investigación) y trabajadores que posiblemente busquen renovar y/o ampliar sus conocimientos (31%). La difusión ha funcionado a la perfección, principalmente mediante la herramienta Eventum (47%), que ha sido la manera más eficiente de difusión, aunque parece ser que el boca a boca (37%) también ha funcionado correctamente en este sentido.

En general, el curso/taller propuesto ha tenido muy buena acogida entre los destinatarios posibles dentro de las áreas científicas prioritarias. La satisfacción global ha sido elevada ya que un 100% de los alumnos la valoran por encima de 7 puntos en una escala del 1 al 10, lo cual nos anima a repetir el curso en futuras ediciones. Además, el 100% de los asistentes puntuaron como muy bueno o excelente algunos aspectos, como son, la organización de contenidos, la calidad de los ponentes y principalmente la utilidad de las herramientas propuestas en el desarrollo de su futura actividad docente, investigadora o estudiantil.

Es necesario mencionar que un aspecto que algunos de los alumnos asistentes han valorado negativamente es la duración del curso (un 15%), ya que lo consideran demasiado corto por lo en ediciones futuras podríamos proponer una duración superior con una ampliación de conceptos, como por ejemplo, introducción a las herramientas



---

bioinformáticas para realizar filogenias, o al menos dividir el curso en distintas sesiones lo cual permita a los alumnos asimilar los contenidos de una manera más eficaz.

## Conclusión

Como conclusión general, el curso/taller propuesto ha sido un éxito de acogida ya que se cubrieron todas las plazas disponibles en un corto periodo de tiempo e incluso se formó una lista de espera de interesados. Aunque existe la posibilidad de realizar muchas mejoras de cara a un futuro o próximas ediciones del curso, el alumnado ha expresado por medio de unas sencillas encuestas su satisfacción total con el curso. Además, es destacable el interés del alumnado, que ha sido excelente, siendo muy participativos y resultando un curso muy dinámico. También podemos destacar el interés suscitado en los profesionales técnicos, que optan por realizar el curso para renovar y/o ampliar sus conocimientos lo que nos permite suponer que la formación en esta área es muy demandada.

En definitiva, podemos asegurar que existe una relación directa entre los objetivos perseguidos y la evaluación obtenida, por lo que consideramos que el modelo utilizado es claramente positivo y apto para utilizarse en futuras ediciones del programa de innovación docente donde se engloba este curso/taller, EducaFarma 2.0.

## Referencias

1. Fetrow, J.S., John, D.J. Bioinformatics and computing curriculum: a new model for interdisciplinary courses. 2006. ACM SIGCSE Bulletin 38, 185–189.
2. Magrane, M., and Consortium, U. UniProt Knowledgebase: a hub of integrated protein data. 2011. Database, 2011, bar009.
3. Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. Basic local alignment search tool. J Mol Biol. 1990; 215(3):403-10.
4. Zdobnov E.M. and Apweiler R. InterProScan - an integration platform for the signature-recognition methods in InterPro. Bioinformatics, 2001, 17(9): 847-8.
5. Goujon M, McWilliam H, Li W, Valentin F, Squizzato S, Paern J, Lopez R. A new bioinformatics analysis tools framework at EMBL-EBI. 2010. Nucleic acids research 2010 Jul, 38 Suppl: W695-9.
6. Kelley LA and Sternberg MJE. Protein structure prediction on the web: a case study using the Phyre Server. 2009. Nature Protocols 4, 363 – 371.



---

# Difusión y visibilidad de publicaciones científicas en Internet: ¿Qué puede hacer el autor para promocionar su investigación?

**Juan Cruz-Benito**

juancb@usal.es

GRupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL), Instituto Universitario de Ciencias de la Educación (IUCE), Departamento de Informática y Automática, Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: Acceso Abierto, Auto-archivo, Repositorio Institucional, ResearchGate, Academia.edu

Keywords: Open Access, Self-archiving, Institutional Repository, ResearchGate, Academia.edu

## Resumen

Este artículo supone un resumen de los contenidos del curso *Difusión y visibilidad de publicaciones científicas en Internet*, impartido por el autor el día 3 de abril del 2014 dentro del programa de cursos EducaFarma 2.0 de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca. En este curso se ha intentado dar a conocer diversos entornos tecnológicos y estrategias de comunicación que ayudan a los autores de trabajos científicos a ponerlos a disposición de sus colegas de otros países o incluso del público en general. Estas acciones se caracterizan por poder ser llevadas a cabo por los propios investigadores, y valiéndose de herramientas que permiten una amplia difusión a un coste ínfimo o inexistente en muchas ocasiones.

## Introducción

¿Qué le reporta al investigador la publicación de sus trabajos científicos en Internet? Esta es una de las grandes preguntas que se hacen muchos científicos en la actualidad ¿Por qué cambiar la tendencia habitual de publicación bajo editorial hacia los servicios web y recursos online?

Las respuestas pueden ser múltiples, desde aquellas que se basan en el ámbito económico y lucro de las editoriales, hasta aquellas basadas en la propiedad del contenido de la investigación o la simple difusión amplificada de los trabajos científicos. En este

---

curso, estas últimas razones son las que han fundamentado el planteamiento; se concibe la publicación de contenido científico en Internet como un factor clave para la relevancia y difusión de las publicaciones y trabajos científicos, y como factor muy importante para determinar la marca personal del investigador como impulsor y profesional de la Ciencia.

Sirva como ejemplo de esta amplificación de la difusión, los datos aportados por Steve Lawrence (1) en el estudio *Free online availability substantially increases a paper's impact*. En este estudio (figura 1), el autor muestra como la publicación de artículos en Internet de forma gratuita, incrementa en un factor de 2,6 el número de citas de media que este artículo puede recibir. En términos generales, cada artículo publicado de forma gratuita *offline* (no incluido en Internet), recibe de media 2,74 citaciones por parte de otros artículos; sin embargo, la media de citas se incrementa sustancialmente cuando un artículo se publica de forma gratuita *online* (en Internet), llegando a una media de citas de 7,03 en cada uno de esos artículos.

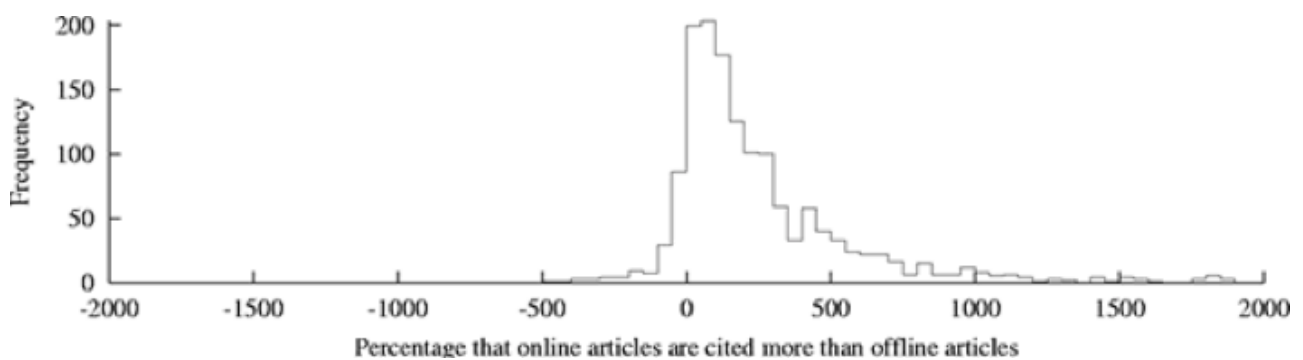


Figura 1. Porcentaje acerca de cómo los artículos online son citados más que los offline

Esto muestra claramente cómo la publicación de forma gratuita en Internet de artículos y trabajos de investigación puede ampliar la difusión (y posiblemente la relevancia) de los mismos. Este es el *leitmotiv* del curso basado en el material que se presenta a continuación, cómo usar los recursos que nos ofrece Internet, y qué estrategias pueden adoptar los investigadores para aprovecharlos en su propio beneficio.

Relacionado estrechamente con estas conclusiones del estudio de Lawrence, es posible encontrar los conceptos relacionados con la marca personal. En el caso de un investigador, su marca personal puede ser un factor fundamental en su carrera, ya que en la competición por recursos económicos, puestos en equipos de investigación o participación en estudios de relevancia, los méritos del investigador tanto a título individual como de los equipos que haya integrado, suelen ser uno de los principales factores que influyen en la asignación y consecución de los mismos. En estos conceptos del mérito y la *meritocracia*, es posible observar dos vertientes absolutamente relacionadas,

---

el mérito como tal, y la comunicación del mérito para que pueda ser conocido, y reconocido, pudiendo conseguir a través del reconocimiento que este mérito pueda amplificarse por medio de sí mismo.

La marca personal, construida a través de la comunicación de habilidades, capacidades y méritos e hitos conseguidos por el investigador, permite a este ampliar sus horizontes en el mundo científico, ya que le hace establecer relaciones nuevas o más profundas con los científicos o público en general al que lleguen sus méritos (publicaciones, trabajos de investigación, reportes, etc.). Al fin y al cabo, el trabajo de un investigador y los resultados que este es capaz de generar son su mejor carta de presentación, y ponerlo a disposición del público, a través de Internet o cualquier otro medio, es como tener un *curriculum vitae* o un *compendio de valía* siempre disponible para ser visto.

En las siguientes secciones se desglosarán unos breves conceptos acerca de qué es el Open Access y el Copyright (sección 2) y sus consecuencias para los investigadores, el funcionamiento de los Repositorios Institucionales con el ejemplo de cómo funciona uno de ellos (sección 3), en las siguientes secciones (4 y 5) se tratará el tema de las redes sociales y su relación con la investigación, tanto en aquellas destinadas *per se* al uso por parte de investigadores y a ser contenedores de documentos y datos relacionados con la investigación, como en aquellas no destinadas a este ámbito exclusivamente y que también pueden ser usadas para ello. Por último se expone una serie de conclusiones sobre el contenido de este texto (sección 6).

## Open Access & Copyright

Muchos autores desconocen sus derechos frente al contenido que generan, y qué opciones tienen sobre él. En este sentido, el autor es responsable de saber qué derechos de explotación cede a una editorial o a la entidad que publica su trabajo, y si en algún caso cede algún tipo de derecho intelectual sobre el contenido. De no ser así, el científico que genera el conocimiento es dueño del contenido que genera, y en muchos casos está autorizado a proporcionar a otros investigadores de forma individual copias privadas, *preprints* o borradores sin el formato final de la publicación. En el caso de que el autor quiera almacenar sus copias en algún servidor y hacerlo público en Internet, hay un derecho que cada vez más editoriales aceptan, es el derecho de auto-archivo. Este derecho garantiza al autor poder alojar en repositorios digitales copias de sus publicaciones y contenido científico, siempre y cuando el autor respete las normas de la editorial, ya que si no lo hace, puede tener consecuencias legales. Estas normas pueden incluir aspectos acerca del momento en que el autor podrá auto-archivar sus artículos (tantos meses o años

---

después de la publicación por parte de la editorial), posibilidad de archivarlo en repositorios institucionales, imposibilidad de cobrar por el acceso a la publicación (sólo puede sacar rendimiento económico la editorial), etc. En relación con este derecho de auto-archivo y la posibilidad de exponer públicamente los trabajos científicos en Internet, encontramos las iniciativas relacionadas con el Acceso Abierto:

*“Por acceso abierto a la literatura científica se entiende su libre disponibilidad en Internet, permitiendo a cualquier usuario su lectura, descarga, copia, impresión, distribución o cualquier otro uso legal de la misma, sin ninguna barrera financiera, técnica o de cualquier tipo. La única restricción sobre la distribución y reproducción sería dar a los autores control sobre la integridad de su trabajo y el derecho a ser citado y reconocido su trabajo adecuadamente.” (2)*

En la actualidad se entienden dos caminos principales para que los autores lleguen al Acceso Abierto (figura 2), y estos dos caminos son las *Green Roads* y las *Gold Roads*.

- Green Roads*: Se caracterizan porque es la propia editorial la que permite al autor poner su trabajo en Acceso Abierto, bajo la concesión de un permiso de publicación cumpliendo o no algún tipo de restricción (temporal, de formato, etc).

*Gold Roads*: Son aquellas vías por las cuales el autor paga una cantidad estipulada a la editorial para que esta le permita poner su trabajo científico bajo Acceso Abierto. De esta forma la editorial se asegura de sacar rédito económico a la publicación aunque vaya a encontrarse bajo Acceso Abierto. Esta vía es la menos adecuada según el punto de vista del Acceso Abierto, aunque el resultado pueda llegar a ser el mismo.



*Figura 2. Logotipo que representa las iniciativas relacionadas con el Acceso Abierto*

El Acceso Abierto y el auto-archivo por parte de los autores de sus publicaciones principalmente en Repositorios Institucionales, permite a estos aparecer directamente en las bases de datos que indexen dichos repositorios, pudiendo ampliar así la visibilidad

---

de su investigación en diversos buscadores y rankings de Internet, pudiéndole favorecer esto en número de citas, relevancia, etc. como se comentó anteriormente.

En las siguientes secciones se describirá de forma somera diversas opciones que pueden considerar los autores para auto-publicar sus documentos, y que ventajas y desventajas presentan cada una de ellas.

## **Repositorios Institucionales**

Los Repositorios Institucionales son colecciones de documentos digitales proporcionados por instituciones educativas, gobiernos, grupos de investigación, etc. Pretenden actuar como compendio de conocimiento de sus integrantes, de modo que estos puedan archivar el conocimiento que generan y sus resultados para que pueda ser consultado en ellos. Suelen integrarse en otras bases de datos y buscadores de Internet, así como con otros repositorios (el repositorio de una Universidad puede integrar los repositorios de sus grupos de investigación integrantes, etc).

Como ejemplo es posible citar el repositorio de la Universidad de Salamanca, conocido como GREDOS. Este repositorio se encuentra en proceso de integrar todo el conocimiento actual y pasado de dicha Universidad, además de ofrecer servicios como métricas acerca de las publicaciones, conexión con Google Scholar, gestión de colecciones de documentos (en función de los departamentos que lo generan por ejemplo), etc.

Los Repositorios Institucionales, bajo el punto de vista del autor, son una de las mejores formas de auto-archivo para los autores, ya que revierte los beneficios en dos direcciones: una en la citada anteriormente de ampliación de visibilidad y posible relevancia del autor, y en la otra dirección de la institución que mantiene el repositorio. Cada vez más, en los rankings entre Universidades y Centros de Investigación, se tiene en cuenta la producción científica y su relevancia de los investigadores adscritos. Si todos los investigadores de la Universidad volcasen su producción científica (y su relevancia de esta forma) en su repositorio, la Universidad se vería reforzada en su relevancia y reconocida en su actividad de generación de conocimiento.

## **Redes Sociales para Investigadores: ResearchGate y Academia.edu**

Las redes sociales para investigadores son también un buen medio de difusión de la investigación y el conocimiento que generan los investigadores. En estas redes sociales, el motor es el conocimiento que generan los autores, y las relaciones y comentarios que se realizan entre ellos. Entre estas redes sociales es posible destacar dos de las más grandes

---

que existen: ResearchGate y Academia.edu. Estas redes sociales son bastante similares en cuanto a las posibilidades que ofrecen, destacando en ellas la posibilidad de subir artículos, conjuntos de datos, archivos complementarios a la investigación, etc. También permiten la discusión entre investigadores, y la consulta de forma abierta a la comunidad de cualquier ámbito relacionado con la investigación, así como recomendar a otros investigadores o validar aptitudes que estos posean. Una de las principales diferencias, es que ResearchGate calcula el índice de impacto del investigador en la red social, teniendo en cuenta sus publicaciones y las distintas interacciones que haya podido tener con otros usuarios. Por la otra parte, Academia.edu destaca en la sección de estadísticas sobre el perfil del investigador, ya que incorpora algunas medidas sobre la descarga o visualización de artículos y perfiles de usuarios más avanzadas que las de ResearchGate.

En el caso de las redes sociales destinadas a investigadores, los beneficios para el investigador se derivan de la conexión con otros investigadores, y la compartición del contenido entre los seguidores de un autor, de forma que se puedan buscar nuevas relaciones y contenidos, e incluso forjar nuevas alianzas de conocimiento entre científicos anteriormente desconocidos entre sí.

## Otras Redes Sociales y recursos basados en Internet

Otras redes sociales y recursos basados en Internet pueden servir a los investigadores para difundir su investigación, proyectos, iniciativas, incluso como método alternativo de búsqueda de financiación y contacto con entidades que puedan sufragar o proporcionar recursos necesarios para la investigación. Dentro de estas redes pueden destacar algunas de propósito general como Facebook o Twitter, o algunas de ámbito específico como LinkedIn (empleo) y Slideshare (presentaciones).

Estas redes sociales no están orientadas a los investigadores, por lo cual el ámbito de la investigación puede ser comunicado al público en general, de modo que aunque pueda haber menos público potencialmente interesado en los resultados o propuestas de investigación, el público potencial al que puede llegar la comunicación científica en realidad será mayor.

## Conclusiones

Internet con sus recursos constituye un universo de comunicación distinto totalmente al tradicional, cosa que muchas industrias aún no han aprendido a manejar de forma efectiva. En el caso de la Ciencia y la comunicación científica, este ámbito de comunicación es ampliamente usado para la difusión y compartición de conocimiento. A

---

pesar de ello, son multitud de autores los que no aprovechan de forma correcta y completa los recursos que Internet puede brindar.

El conocimiento de las herramientas y servicios que Internet proporciona, y cómo gestionar los derechos y oportunidades que estos ofrecen, puede resultar capital para difundir los trabajos científicos y posiblemente hacerlos más relevantes.

Dentro de estas herramientas, dentro del curso impartido en el programa EducaFarma 2.0 de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca, se ha hecho especial hincapié en aquellas que están destinadas al almacenaje y difusión de conocimiento, como los Repositorios Institucionales, o las redes sociales destinadas a investigadores. Estos recursos pueden ayudar al investigador a comunicar su trabajo y conseguir índices de impacto y relevancia mucho mayores a un coste ínfimo. Por ello es necesario que dentro de la *educación en la Ciencia* que reciben los investigadores, sean incluidos aspectos como estos, ya que la Ciencia no sólo debe desarrollarse, sino que del mismo modo debe cuidarse su comunicación y difusión para que la Sociedad la conozca y pueda aprovecharse de la misma.

## Referencias

1. Lawrence S. Free online availability substantially increases a paper's impact. *Nature*. 2001;411(6837):521
2. Open Society Institute (OSI). Budapest Open Access Initiative. [www.budapestopenaccessinitiative.org](http://www.budapestopenaccessinitiative.org)

---

---



---

# Edición de Imágenes para Publicaciones Científicas

**Felicidad G.Sánchez**

felicidadgsanchez@usal.es

GRupo de Investigación en InterAcción y eLearning (GRIAL), Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: Imágenes, ilustración, retoque fotográfico, formato imagen, resolución, encuadre, derechos de uso, GIMP

## Resumen

A la hora de atender el apartado dedicado a las imágenes de las publicaciones científicas a las que presentamos nuestro trabajo, hay que tener en cuenta que puede ser una de las formas más atractivas para hacer nuestro trabajo más llamativo e interesante, a la par que fácilmente comprensible y necesario.

Que hoy en día la imagen aparece en todos los medios de comunicación y forma parte de nuestro día a día es un indicador de la importancia que ha tomado con el paso del tiempo. Gracias a esto se ha convertido en un lenguaje.

Las imágenes son representaciones reales o imaginarias de un objeto, de un proceso o de la realidad. Estas representaciones se desarrollan con diferentes técnicas: dibujo, fotografía, diseño gráfico, pintura o video.

Existen varias formas para la presentación de una imagen, las imágenes fijas aparecen en formato JPG ó JPEG (estándar de compresión de imagen) TIFF (formato informático de archivo para imágenes) EPS (formato de archivo gráfico) PDF (formato de almacenamiento de documentos digitales independiente de plataformas de software o hardware)

La resolución de las imágenes depende de su forma de captación. La resolución indica la cantidad de información contenida en píxeles, el detalle.

Los acrónimos PPI y PPP sirven para nombrar la cantidad de píxeles y puntos que hay en una pulgada.

PPI (Pixels Per Inch o Píxeles por pulgada. La cantidad de píxeles que hay en una pulgada, es la resolución de la imagen digital)

DPI ( Dots Per Inch o Puntos Por Pulgada. La cantidad de píxeles que entran en una pulgada, es la resolución de la imagen impresa)

---

Las imágenes se encuadran dentro de la propia imagen y dentro del documento en el que se adscriben.

Para ordenarlas serviría tener en cuenta leyes compositivas como las que plantea la Gestalt.

Para atender a estas publicaciones debemos tener en cuenta lo que las diferentes revistas nos requieren. Hay que revisar el tipo de formato que solicitan [EPS, PDF, TIFF o JPG, o si lo permiten, archivos de Microsoft Office (Word, PowerPoint o Excel)], también se revisan las dimensiones físicas para que coincidan.

Si la revista no lo solicita, las ilustraciones deben presentarse en archivos separados y enumerarse de acuerdo con su secuencia en el texto.

Si fuera necesario se debe especificar el factor de ampliación de la imagen.

Podemos obtener las imágenes de nuestro banco de imágenes o de la red.

Al utilizar imágenes propias no debemos preocuparnos, pero al utilizar las de otros debemos tener en cuenta que tipo de licencia o derecho de uso tiene. Para evitar problemas desagradables en un futuro, y también reconocer el trabajo gráfico de quien haya creado las mismas.

Para adaptar nuestras imágenes al documento y a las características que nos pide la presentación para la que estamos trabajando, necesitamos algún programa de edición. En el caso del curso decidimos utilizar el programa de software libre GIMP, este se descarga de la web [www.gimp.org/](http://www.gimp.org/) .

---

# White paper: Introducción a los recursos TIC en la Enseñanza

**Antonio Juan Sánchez Martín<sup>1</sup>, Soraya Paniagua Moro<sup>2</sup>**  
anto@usal.es

<sup>1</sup>Departamento de Informática y Automática. Universidad de Salamanca

<sup>2</sup>Máster en Profesor de Educación Secundaria Obligatoria y Bachillerato, Formación Profesional y Enseñanzas de Idiomas. Facultad de Educación. Universidad de Salamanca

---

## Resumen

A lo largo del siguiente artículo se analizarán tanto servicios de almacenamiento en la nube como aplicaciones gratuitas que pueden encontrarse en la red y que pueden resultar de utilidad para investigadores y profesores universitarios a la hora de preparar sus docencias o presentar resultados de sus pesquisas.

La mayoría de estos recursos son ofrecidos por grandes compañías del sector de la creación de software que ofertan versiones especiales para docentes, investigadores y estudiantes universitarios y que dan soporte tanto funcional como temporal a sus aplicaciones, por lo cual presentan un alto grado de estabilidad.

En muchos casos las aplicaciones no están pensadas no para el almacenamiento físico de la información sino para la compartición de esta dentro de la nube, por lo cual no todas ellas dispondrán de una funcionalidad para copia respaldo en un dispositivo y será estrictamente necesario el uso de internet para su manejo.

El artículo recoge lo visto durante las jornadas para docentes e investigadores EducaFarma 2014, organizadas en el marco de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca.

## Introducción

Algunas de las principales compañías de software apuestan por ofrecer distintos servicios gratuitos de almacenamiento en la nube, de manera que toda la información se aloja directamente en internet, bien a modo de copia de seguridad bien a modo de almacenamiento temporal.

Las ventajas son numerosas, entre ellas cabe destacar el ahorro en hardware y software al utilizar los recursos de los servidores, la capacidad de acceder desde cualquier

---

lugar o dispositivo, la facilidad de compartir la información o la despreocupación por perderla.

Los inconvenientes son, puesto que en todos los casos se trata de un servicio gratuito que ofrece una empresa privada, la limitación de espacio, la incierta privacidad, la inaccesibilidad a los archivos si no se tiene internet y copia local sincronizada y el hecho de estar sujetos a variabilidades en el contrato de uso que se adquiere con las distintas compañías.

Son muchos los servicios de Cloud Computing: MediaFire, Box, Ubuntu One, ownCloud, Wuala, iCloud, SpiderOak, iDrive, etc. Todos con ventajas y desventajas. Se ha procedido a analizar cuatro de los más utilizados (Dropbox, Google Drive, WeTransfer, OneDrive y Mega) que por su expansión e integración con los sistemas operativos y software más utilizados pueden ser sumamente útiles en entornos educativos.

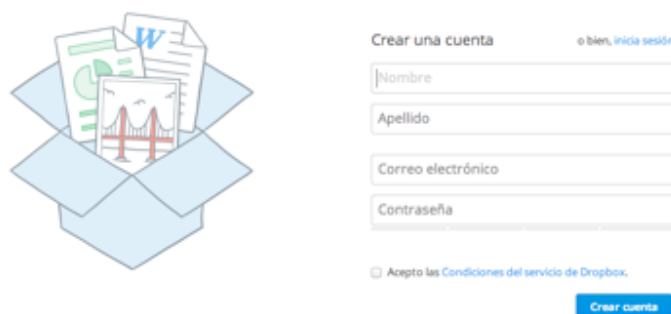
Por otro lado, se analizarán también algunas aplicaciones gratuitas disponibles en la red que funcionan directamente en el navegador y que pueden integrarse con otro tipo de recursos ampliamente extendidos en el mundo educativo como son las plataformas Moodle.

## Servicios de almacenamiento en la nube

### Funcionamiento general de las plataformas de almacenamiento en la nube

En este apartado se describirá de forma general las características de los sistemas de almacenamiento en la nube, pues todos ellos funcionan de forma similar.

Lo primero que necesitan es un registro, algunos servicios como Google Drive o OneDrive funcionan directamente con las cuentas de Google y Microsoft que se usan para otros servicios como el correo.



*Figura 1. Creación de una cuenta*

Una vez dentro de las aplicaciones online, la apariencia de los entornos es similar en todos los casos. Dispondremos de una zona con un alto parecido a una carpeta del sistema en la parte izquierda y en la parte derecha un menú de opciones.

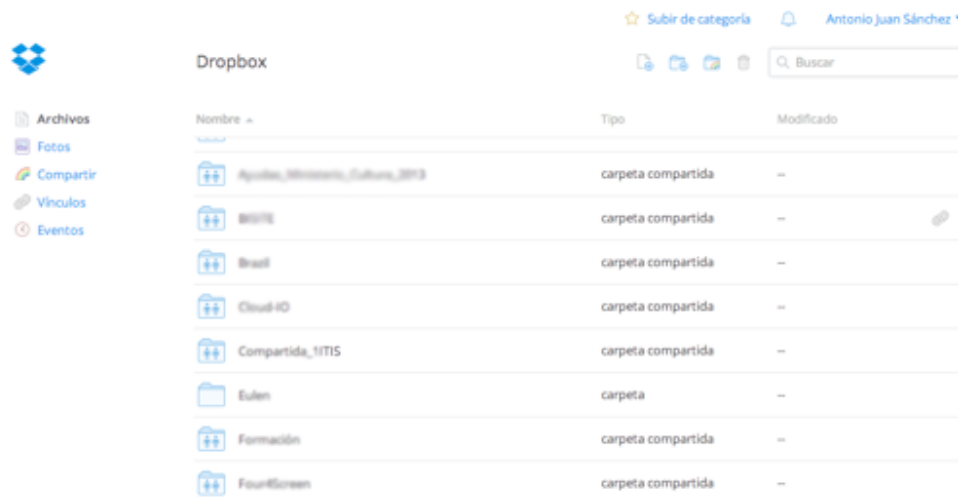


Figura 2. Pantalla central de Dropbox

Por lo general podremos subir archivos y carpetas arrastrándolas a la ventana del navegador o haciendo click en el botón de subida correspondiente en cada aplicación.

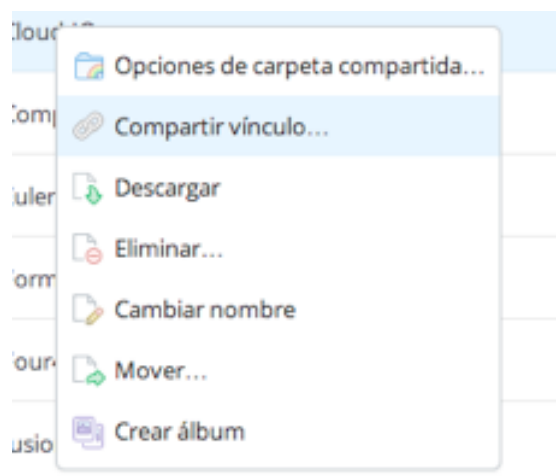


Figura 3. Opciones de archivos

Haciendo click con el botón se podrá descargar el archivo para su edición o estará disponible la opción de compartirlo. Por lo general se pueden compartir archivos y carpetas.

Existen fundamentalmente dos tipos de opciones de compartición:

- Compartición total, con permisos de edición y borrado para los usuarios a los que compartimos el archivos.
- Compartición del enlace. Este tipo de compartición únicamente da acceso a descargar el archivo a una máquina local. El archivo descargado podrá modificarse en la máquina local, pero el original quedará intacto.



Figura 4. Opciones de compartición

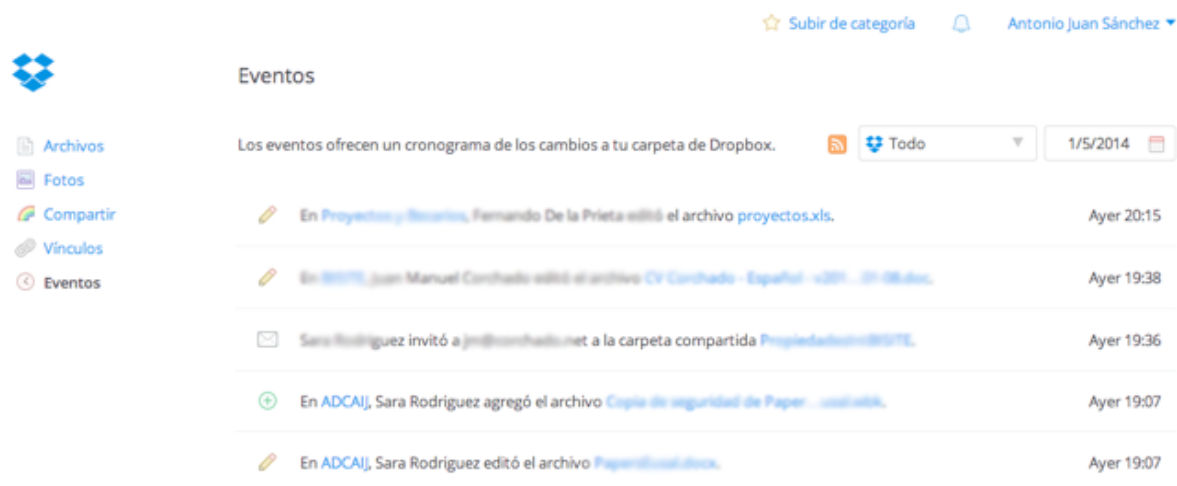


Figura 5. Vista de los eventos/historial

La mayoría de plataformas también tienen un sistema para ver el historial de modificaciones tanto de archivos propios como compartidos y una “papelera de reciclaje” para recuperar archivos perdidos.

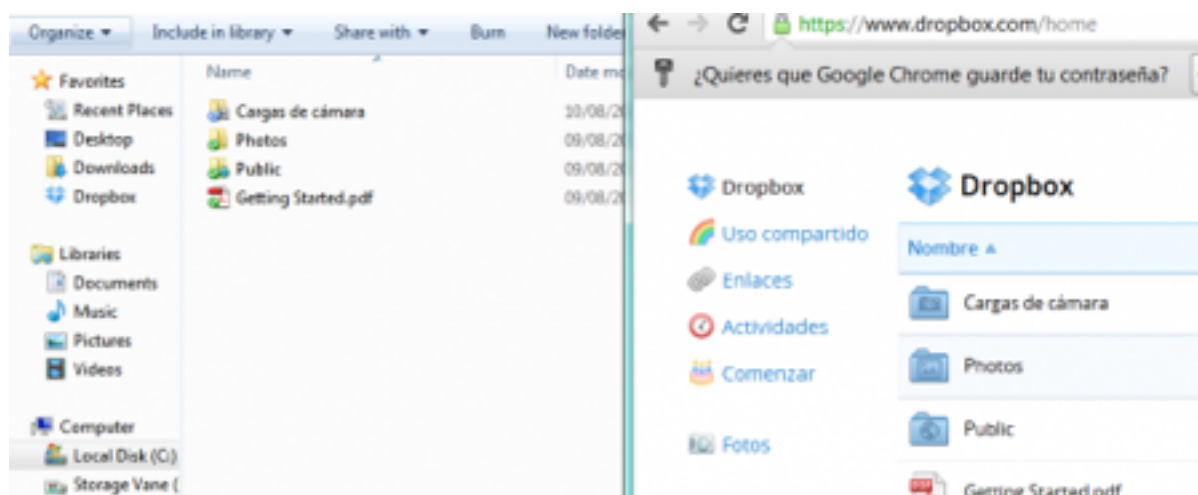
---

## Dropbox

Dropbox es un servicio de almacenamiento de archivos multiplataforma en la nube, desarrollado por Dropbox, Inc. El software permite respaldar y sincronizar fácilmente los archivos en la nube al enlazar las computadoras -incluso usb- del cliente a través de una única carpeta, cuyo contenido puede ser consultado desde el enlace de descarga directa, accedido desde la página o compartido con otros usuarios de la misma.

Las cuentas gratuitas tienen el historial de archivos limitado a 30 días, en los cuales, gracias a la tecnología Delta Encoding, se pueden recuperar archivos borrados, o bien las versiones anteriores a las modificaciones, y gracias al sistema de almacenamiento S3 de Amazon y SoftLayer Technologies como infraestructura de apoyo, se pueden cargar archivos de hasta 300MB desde la página web. La capacidad inicial de estas cuentas es de 2GB ampliables hasta 18GB (por ejemplo, 500MB cada vez que otra persona se ha hecho usuario a través de una invitación propia). Para usuarios que estén vinculados con la universidad, Dropbox oferta de forma gratuita un sustancial incremento inicial de espacio de almacenamiento, siempre que el registro de haga con un correo electrónico del dominio de la página web de dicha institución universitaria.

Existen aplicaciones para dispositivos móviles con sistemas operativos Windows, Linux, Android, Windows Phone, Blackberry e iOS (Apple), en versiones gratuitas y de pago.



*Figura 6. Aplicación de escritorio y online de Dropbox*

## Google Drive

Google Drive es un servicio de almacenamiento y sincronización de archivos desarrollado por Google Inc., empresa multinacional estadounidense especializada en

productos y servicios relacionados con Internet, software, dispositivos electrónicos y otras tecnologías.

Tanto la interfaz como la forma de funcionamiento son muy similares a las de Dropbox, si bien Google Drive provee actualmente muchas más funcionalidades.

Cada usuario cuenta con 15GB de espacio gratuito (unificado con el espacio de Gmail) para almacenar sus archivos, ampliables mediante pago. Existen versiones de escritorio disponible para computadoras y portátiles Windows, Linux, Mac, Android, iPhone e iPad, y se permite editar documentos (de hasta 500KB más 2MB con imágenes incrustadas) y hojas de cálculo (de hasta 10.000 filas, 256 columnas, 100.000 celdas y 40 hojas). Un documento es editable con la autorización de su editor, siendo necesario tener una cuenta en Google para poderlo descargar, pero se pueden mover y eliminar documentos sin estar conectado a internet, acceder a versiones anteriores del documento o recuperar archivos eliminados.

Se integra con las herramientas de oficina de Google Docs, tanto en su versión de escritorio como en su versión on-line de forma automática.

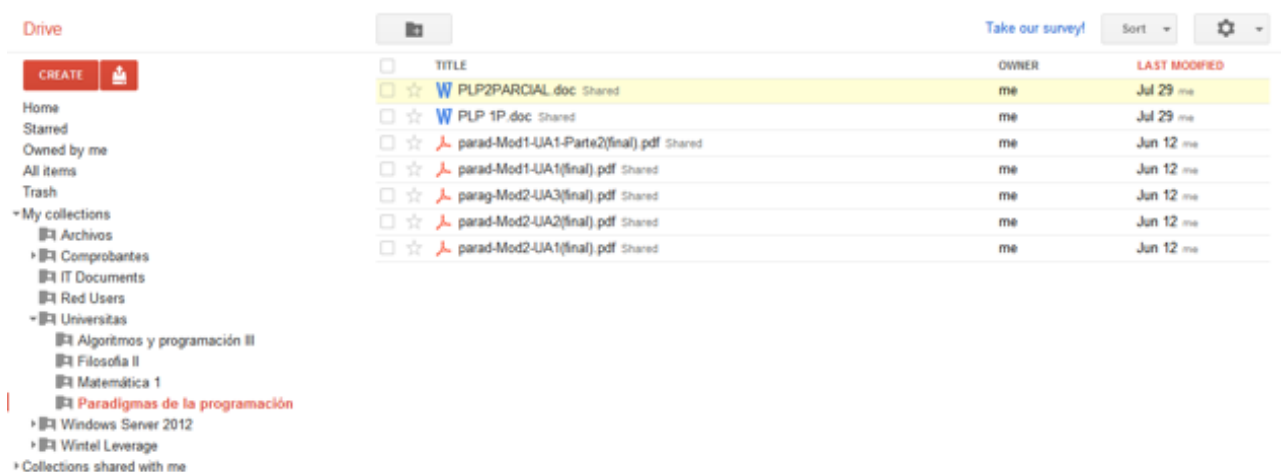


Figura 7. Plataforma Google Drive

## OneDrive

OneDrive / SkyDrive es un servicio de almacenamiento de archivos en línea que Microsoft oferta de forma gratuita a los usuarios de sus recursos online. Requiere por tanto tener estar registrado en alguno de los servicios que esta compañía oferta.

El servicio ofrece 7 GB de almacenamiento archivos de hasta 2 GB cada uno. Pueden subirse hasta 5 archivos por vez, o más si se tiene la herramienta Activex instalada en el Explorador de Windows. Es accesible por su página web desde ordenadores y dispone de



aplicaciones para iOS y Android que permiten editar documentos y hojas de cálculo, así como de un conjunto de APIs para desarrolladores.

Todos los software de oficina de Microsoft tienen un paquete especial de funcionalidades para integrarse con OneDrive, que permite editar de forma colaborativa los documentos.

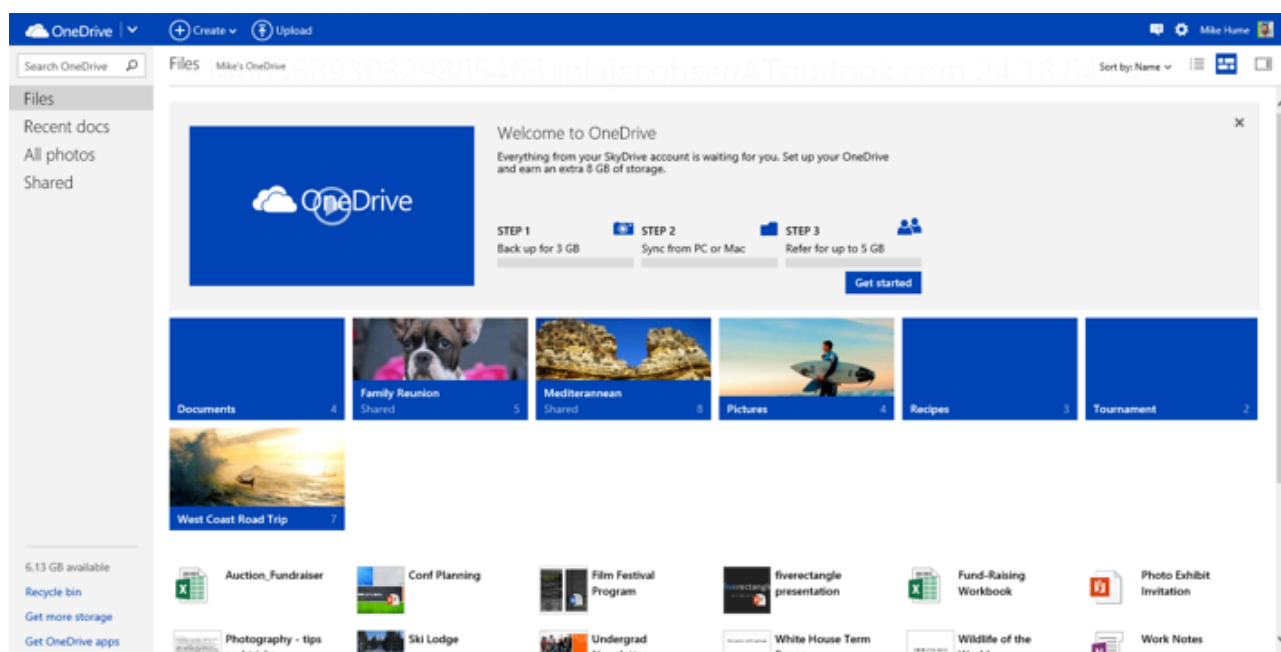


Figura 8. Plataforma OneDrive

## WeTransfer

WeTransfer es una plataforma online neerlandesa de almacenamiento y envío de archivos de gran tamaño a través de Internet. WeTransfer BV es la empresa que facilita este servicio.

En la cuenta gratuita, un archivo, ya sea documento, foto, vídeo, música o presentación, de hasta 2GB, puede ser almacenado durante una semana y ser compartido e incluso protegido con clave- con hasta 20 destinatarios.

WeTransfer ofrece un servicio distinto a el resto de plataformas examinadas, está orientado al envío de un único archivo de gran tamaño de forma ágil. No necesita registro, únicamente el email del emisor y el del destinatario del envío.

## Mega

El sitio web MEGA también ofrece un servicio de almacenamiento de archivos en la nube. Éste fue creado por Kim Dotcom, con sede en Nueva Zelanda e inaugurado en

enero de 2013 en sustitución por el anterior servicio Megaupload cerrado por el FBI un año antes.

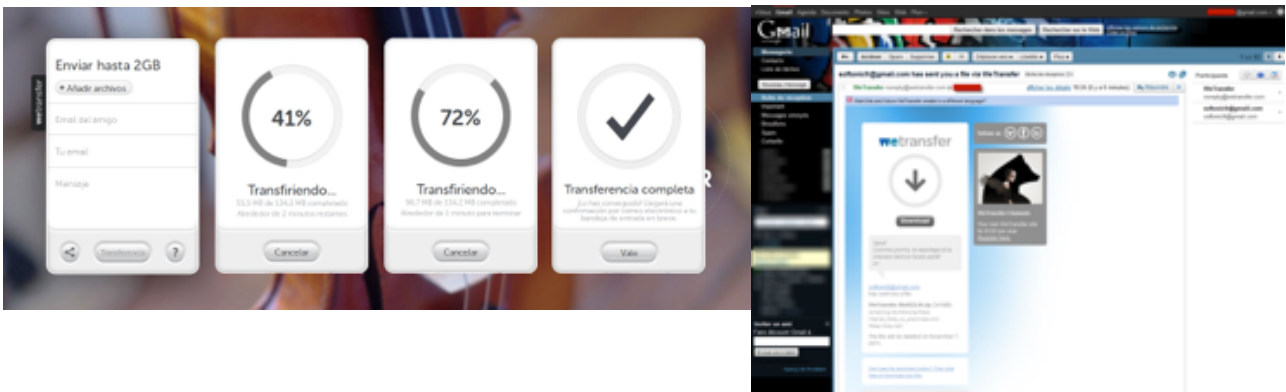


Figura 9. Plataforma WeTransfer

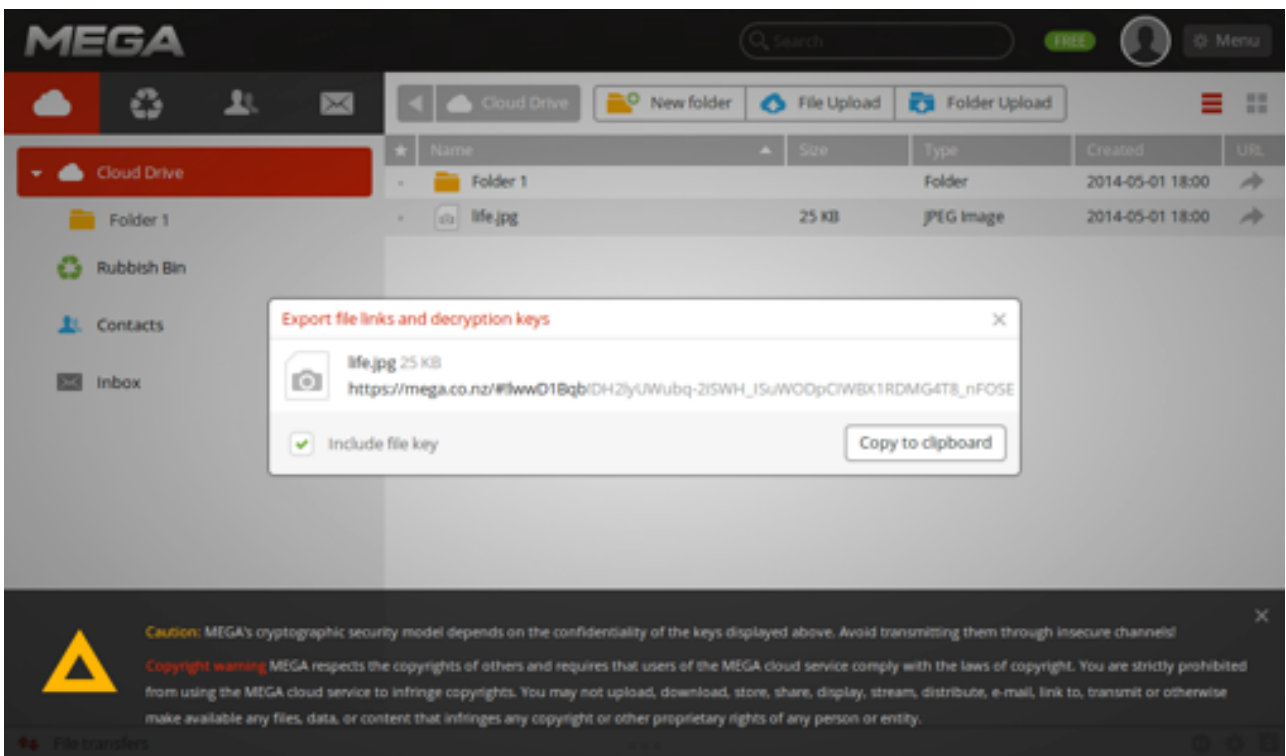


Figura 10. Plataforma Mega

La cuenta gratuita ofrece 50 GB de espacio de almacenamiento con un ancho de banda limitado a 10 GB al mes, sin tiempo de espera en la descarga de los archivos. Además, incluye entre otras cosas, servicios de ofimática, calendario y mensajería instantánea.

Mega tiene un cifrado de datos con el algoritmo AES que lo hace más seguro que los otros sitios web frente al ataque de los hackers y de cara a la protección de la privacidad.

## Comparativa de recursos

Todos los servicios anteriormente mencionados ofrecen almacenamiento gratuito en la nube. En los siguientes cuadros comparativos se pueden ver las pequeñas diferencias entre ellos:

Servicio	Velocidad	Tiempo
Mega	** *****	2:34s Carga 3:56s Descarga
Google Drive	***** *****	3:39s Carga 3.28s Descarga
SkyDrive	*** *****	3:08s Carga 4:36s Descarga
Dropbox	***** ****	4:32s Carga 3:33s Descarga
SugarSync	***** *****	10:27s Carga 11:02s Descarga

*Tabla 1. Comparativa de velocidad. Datos extraídos de la revista (1). Tiempos medidos con movimientos de archivos de 300;B sobre la interfaz web de los servicios. Se incluye SugarSync, un servicio de almacenamiento de pago.*

	Dropbox	Google Drive	WeTransfer	OneDrive	Mega
Almacenamiento en la nube	2-18 GB	15 GB	2 GB	7 GB	50 GB
Capacidad máxima/archivo	-	-	2 GB	2 GB	-
Sincronización de directorios múltiples	No	No	No	Sí	No
Streaming multimedia	Sí	No	No	Sí	No
Edición de archivos Office online	No	Sí	Sí	Sí	No

*Tabla 2: Comparativa de servicios ofrecidos por las distintas plataformas*

---

## Software gratuito online aplicado a la enseñanza

En la red podemos diferenciar dos tipos de recursos gratuitos que pueden utilizarse para la docencia / investigación:

- Aquellos de carácter general, que permiten la subida de documentos a la nube con los que realizar contenidos multimedia o generar el contenido multimedia en sí mismo.
- y aquellos que están directamente orientados a la enseñanza.

### Recursos de carácter general

Dentro de los recursos de almacenamiento de contenido multimedia podemos encontrar los siguientes:

- **YouTube.** Se usa para almacenar vídeo. Para utilizarlo se necesita cuenta de Google (es válida la misma que en Google Drive), y permite tener control del contenido con Copyright, que su vez es revisado también por Google
- **Magisto.** Permite editar vídeo, de igual forma que si se utilizara un software comercial como Adobe Premiere o Final Cut, pero obviamente con muchas menos posibilidades. Para utilizarlo es necesario cuenta de Google.
- **SlideShare.** Permite subir presentaciones en Power Point o PDF a la internet y las convierte a formato JPG (crea una imagen por cada diapositiva o página), de esta forma el contenido de la presentación puede ser visible directamente sobre cualquier navegador, puesto que el formato PowerPoint no es soportado de forma nativa por ninguno y para ver los archivos PDF es necesario tener instalado un plugin (algunos navegadores lo comienzan ya integrarlo de serie). Requiere crease una cuenta, pero puede accederse a través de la cuenta de Facebook y LinkedIn.

Podemos encontrarlos que el registro en algunos de los recurso puede evitarse si se utiliza para ellos las conexiones con las cuentas Facebook y Google.

### Recursos de carácter específico para educación

**Prezi** es un software para realizar presentaciones multimedia. Se aleja un poco de las presentaciones tradicionales que se realizan por ejemplo con PowerPoint, cambiando el concepto de presentación por el de itinerario entre recursos.

Prezi permite integrar contenido gráfico (imágenes JPG, PNG), importar PDF e incrustar vídeos desde Youtube, también provee de cuentas especiales para personal

universitario en las que se pueden crear un número ilimitado de presentaciones (en la cuenta gratuita el número está limitado).

Las presentaciones creadas por Prezi se pueden descargar y visualizar de forma off-line (sin conexión a internet). La edición en las cuentas gratuitas ha de hacerse directamente sobre la web si no se tiene una cuenta de pago.



Figura 11. Prezi. Edición on-line

**Spicynodes** es una aplicación para crear diagramas. Se puede acceder con cuenta de Google. El concepto de SpicyNodes es el de generar diagramas navegables en forma de grafo para representar grandes cantidades de datos relacionados.

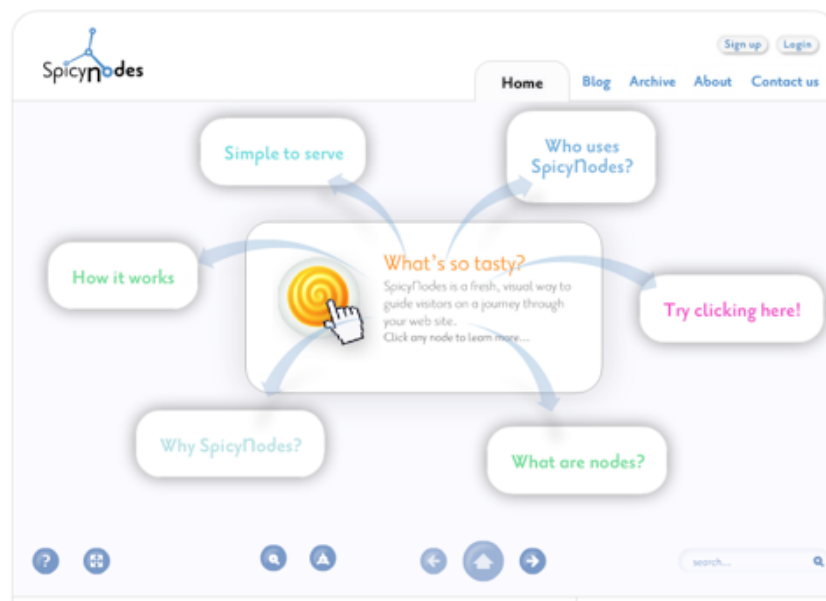


Figura 12. Representación de conceptos en Spicynodes

El modo de mostrar diagramas de Spicynodes es el siguiente: la atención se centra en un nodo central, o que se encuentra unido por nodos relacionados que orbitan a su alrededor. Cada nodo hijo puede estar vinculado a otros nodos secundarios. A medida que el usuario navega de nodo en nodo, una ruta de acceso raíz traza el camino de vuelta al nodo inicial. Cuando el usuario navega, los nodos aparecen y desaparecen, y el diseño reorganiza para adaptarse.

## Integración de los recursos on-line con Moodle

Todos los recursos comentados anteriormente tienen la posibilidad de ser insertados y compartidos en páginas web. Moodle, la plataforma educativa más expandida dentro del sistema universitario, contiene herramientas para hacer de forma sencilla esta integración. El proceso es el siguiente:

**Primer paso:** Copiar el código HTML de la página web del recurso. Este código HTML se suele suministrar en cajas de texto bajo el epígrafe de Incrustar / Compartir / Share / Embed.



Figura 13. Consiguiendo el código HTML. Página de Spicynodes y Youtube

**Segundo paso:** Crear un nuevo contenido/recurso en Moodle de alguno de estos tipos:

- Etiqueta HTML
- Página HTML

**Tercer paso:** Pegar el código HTML suministrado por el recurso.

Dependiendo del tipo de editor que tenga instalado Moodle para la edición de los textos, será necesario buscar el botón preciso para editar el código HTML.

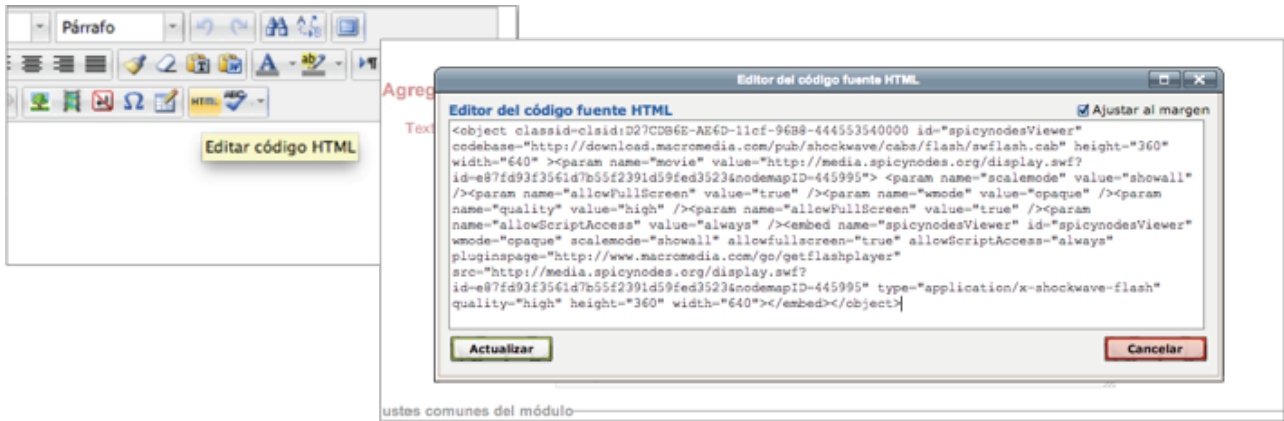


Figura 14. Insertando el recurso en Moodle

## Bibliografía

1. KRAWCZYK, KONRAD. What's the Fastest Cloud Storage Service?. LAPTOP Magazine. <http://mashable.com/>. Marzo, 2013

## Recursos online

- Dropbox. <https://www.dropbox.com>
- Google Drive. <https://drive.google.com>
- Magisto. <http://www.magisto.com/>
- Mega. <https://mega.co.nz>
- OneDrive. <https://onedrive.live.com>
- Prezi. <http://prezi.com/>
- Slideshare. <http://www.slideshare.net/>
- Spicynodes. <http://www.spicynodes.org/>
- Youtube. <https://www.youtube.com>
- WeTransfer. <https://www.wetransfer.com>

---

---



---

# Habilidades para la Atención Farmacéutica I.- Taller sobre comunicación con el paciente

Ana Martín Suárez<sup>1</sup>, Elena Valles Martín<sup>2</sup>

{amasu, elenitavm}@usal.es

<sup>1</sup> Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Universidad de Salamanca

<sup>2</sup> Departamento de Química Farmacéutica, Universidad de Salamanca

---

Palabras Clave: Atención Farmacéutica, comunicación

## Resumen

En la labor asistencial del farmacéutico, como en cualquier profesión sanitaria, se establece una relación con el paciente, un proceso de comunicación. Esta comunicación constituye una valiosísima herramienta para alcanzar los objetivos planteados en los servicios de Atención Farmacéutica: que el paciente conozca el proceso de uso de los medicamentos, que esté dispuesto a asumirlo y protegerlo frente a la posible aparición de resultados negativos asociados a la medicación. La carencia de habilidades comunicativas está considerada una de las principales barreras que encuentra el farmacéutico para desarrollar la Atención Farmacéutica.

Cuando en el proceso de dispensación se explica algo tan sencillo como la forma de tomar el medicamento o la duración del tratamiento, no solo se está dando información, es necesario provocar cambios en los conocimientos, actitudes, habilidades y comportamientos del paciente, para que lleve correctamente a cabo lo que se le está proponiendo.

El primer beneficiado de las habilidades de comunicación es el profesional, ya que le permite trabajar más cómodamente y ser más eficaz al menor coste emocional posible.

La forma de comunicarse no es un rasgo del carácter o de personalidad, ni algo heredado. Es una conducta aprendida desde el nacimiento a partir de los múltiples elementos socializadores, que se puede seguir aprendiendo en la edad adulta. Como todas las habilidades necesita un entrenamiento para desarrollarse. Un entrenamiento con objetivos definidos y una práctica concreta, estructurada y continuada.

La comunicación debe ser considerada una dimensión de competencia clínica profesional y debe orientarse hacia el logro de cambios en el conocimiento y en el

comportamiento del paciente. Existe evidencia científica de que una óptima relación farmacéutico-paciente favorece la correcta utilización de medicamentos, aumenta la adherencia al tratamiento y disminuye el riesgo de aparición de resultados negativos de la medicación. Además, aumenta la satisfacción del usuario, considerada actualmente un parámetro de calidad de los servicios asistenciales.

En este curso se pretende abordar las principales habilidades que debe desarrollar un farmacéutico para establecer una relación, que abandonando el estilo paternalista tradicional, se enmarque en un modelo cooperativo “centrado en el paciente”. Según M<sup>a</sup> José Faus Dáder, este modelo el farmacéutico ve al paciente como un individuo autónomo, con su propio sistema de valores y creencias y capaz de tomar decisiones. Partiendo de la base de sus conocimientos, adquiere con él un compromiso de colaboración mutua para guiarlo en el uso correcto de los medicamentos, dejando al paciente un papel protagonista en el diseño de la estrategia que ambos van a seguir para alcanzar los objetivos planteados.

Debido a la gran complejidad de la comunicación humana, en muchas ocasiones existe un gran abismo entre lo que se quiere decir y lo que finalmente el paciente retiene (tabla 1). Se considera una comunicación eficaz, cuando el mensaje pensado inicialmente por el emisor coincide con el mensaje interpretado por el receptor. Pero en la Atención Farmacéutica se pretende ir más lejos: no solo que se comprenda el mensaje, sino que se ponga en práctica.

Emisor ->	Lo que se quiere decir	
	Lo que se sabe decir	
	Lo que se dice	
	Lo que se oye	
	Lo que se escucha	
	Lo que se atiende	
	Lo que se acepta	
	Lo que se retiene	
	Lo que se pone en práctica	-> Receptor

*Tabla 1. Degradación de la comunicación*

Según la escuela de comunicación de Palo Alto, el 80% de un mensaje se transmite mediante la expresión de nuestro cuerpo y nuestra voz, y menos del 10% se transmite

---

mediante el mensaje lingüístico. Por ello es de crucial importancia controlar el lenguaje no emitido y también interpretar las señales no verbales que parten del paciente.

El mensaje verbal debe ser breve, con ideas claras y ordenadas, utilizando terminología adecuada al oyente y a ser posible apoyado en elementos visuales como demostraciones, o información gráfica. El mensaje no verbal incluye entre otros elementos la posición de cuerpo y movimientos (mirada, expresión de la cara, movimientos de cabeza, sonrisa, postura, gestos con las manos); el espacio interpersonal; el paralenguaje (volumen, tono, fluidez, claridad, velocidad, duración); el posible contacto físico (dependerá de cultura, relación...) y la apariencia personal.

Entre las cualidades de un buen comunicador se encuentra la claridad y concreción, la cordialidad y accesibilidad, la empatía, la asertividad y la baja reactividad. En este curso nos centraremos en la importancia de conseguir un estilo de comunicación asertivo y desarrollar la escucha empática.

Para que se desarrolle una buena comunicación con el paciente, hay que escucharle, sentir sus emociones, respetar su punto de vista y entender la relación que tiene con sus problemas de salud y medicamentos. Para esto es necesaria una escucha empática, es decir no sólo saber escuchar, sino que además hay que ponerse en el lugar del paciente, para asegurarnos que nos quiere decir. La empatía es el conjunto de capacidades que nos permiten reconocer y entender las emociones de los demás, sus motivaciones y las razones que explican su comportamiento.

Comunicarse asertivamente, es expresar claramente lo que se piensa, siente o necesita, teniendo en cuenta los derechos, sentimientos y valores de los interlocutores. Dar a conocer y hacer valer las opiniones propias, derechos, sentimientos y necesidades, respetando las de los demás.

## REFERENCIAS

1. Bimbela Pedrola JL. Cuidando al profesional de la salud. Habilidades emocionales y de comunicación" (8ª ed.). Escuela Andaluza de Salud Pública: Granada, 2007.
2. Cibanal Juan L y cols. Técnicas de comunicación y relación en ciencias de la salud (2ª ed.). Elsevier España SA, Barcelona, 2010.
3. MJ Faus Dader y cols. Dispensación de medicamentos. Ergón SA, Madrid, 2009.
4. Güell M. ¿Por qué he dicho blanco si quería decir negro?: Técnicas asertivas para el profesorado y formadores. (2ª ed.). Grao, Barcelona, 2006.

---

---

---

# Conclusiones

**Jonás Samuel Pérez-Blanco**

**jsperez@usal.es**

Dpto. Farmacia y Tecnología Farmacéutica  
Coordinador Nuevas Tecnologías, Decanato de Farmacia  
Coordinador Programa de Cursos EDUCAFARMA 2.0  
Universidad de Salamanca

---

Educafarma 2.0 se define como un programa de formación continuada de profesores y alumnos de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca con los recursos propios ¿Y que entendemos por recursos propios? todo aquel potencial que como institución de educación superior disponemos y en multitud de ocasiones tenemos infravalorados como pueden ser los recursos técnicos, personales y de espacio. Los cursos son totalmente gratuitos, de carácter primordialmente práctico y cuyas herramientas mostradas son de tipo *freeware* que garantiza el acceso gratuito a las mismas.

Educafarma 2.0. es un programa de cursos mayoritariamente sobre herramientas informáticas de interés para el entorno de la Facultad de Farmacia. En la mayoría de los cursos los alumnos tenían una formación biosanitaria aunque no fuera un requisito para acceder a ellos. Se han utilizado recursos de la Facultad como las aulas de informática y los docentes de la misma. Así mismo, plataformas online (Eventum, <http://eventum.usal.es>), redes sociales (Facebook y Twitter), web y email institucional han sido los canales de difusión elegidos. Se han inscrito un total de 165 alumnos en los 10 cursos que componían el programa EDUCAFARMA 2.0. y la asistencia fue del 82%. En el programa de este año hemos optado por una línea continuista a partir de la edición del curso 12/13. En este sentido, hemos utilizado los resultados de las encuestas de satisfacción y opiniones del alumnado del curso pasado para seleccionar los cursos más demandados y mejor valorados para volver a impartirlos en la presente edición. Las sugerencias de los alumnos del curso previo así como los conocimientos y disponibilidad de los docentes que se ofertaron voluntarios para impartir algún curso fueron las bases a seguir para seleccionar el resto de cursos a ofertar en la presente edición.

Cuatro son los cursos que han tenido una segunda edición este año: La red social LinkedIn como herramienta para búsqueda de empleo; Google Drive en docencia e

---

investigación; Manejo de iPhone/tablets, aplicado a docencia e investigación e Introducción a los recursos TIC para enseñanza.

Dos grandes temas específicos han entrado con fuerza este año en EDUCAFARMA, las herramientas informáticas en el análisis del ADN y la atención farmacéutica gracias al Aula de Atención Farmacéutica Universidad de Salamanca (AUSAF) de la facultad que ha comenzado a estar en funcionamiento con estos cursos.

Las herramientas informáticas de secuenciación de ADN y para el análisis de proteínas de la mano de los profesores Raúl Rivas y Esther Menéndez obtuvieron un lleno completo en sus dos cursos propuestos y por lo que tuvimos que dar la opción a que los interesados se apuntaran en la lista de espera por si a última hora quedaba alguna plaza vacante. Estos dos cursos fueron de los más largos en cuanto a duración y de los mejor valorados. Además, los alumnos sugirieron ampliar la duración de los cursos debido al interés y la utilidad de las herramientas mostradas, lo que nos augura una gran acogida en cursos venideros.

En la AUSAF se impartieron dos talleres dentro del programa EDUCAFARMA 2.0. El primero fue a cargo de la Dr. Ana Isabel Morales que impartió el curso titulado "Consumo de alcohol I: ¿Cuánto alcohol consumimos cuando decimos que bebemos “lo normal”?". Determinación de la Tasa de Alcoholemia" enfocado a alumnos de ciencias puras y biosanitarias y que tuvo una gran acogida e interés por parte del alumnado. El segundo curso fue impartido por la Dr. Ana Martín Suárez y Dña. Elena Valles Martín que impartieron el curso titulado "Habilidades para la Atención Farmacéutica: Taller sobre comunicación con el paciente" enfocado a alumnos de primero y segundo curso del Grado en Farmacia, pero que englobó finalmente desde alumnos de primero hasta farmacéuticos de oficina de Farmacia. Además, las plazas del curso (25) se agotaron un mes antes de la realización del mismo y los alumnos salieron muy satisfechos de las actividades en grupo y el dinamismo de los ejercicios realizados en el mismo.

Para completar la oferta de cursos, se pidió la colaboración de Dña. Felicidad García Sánchez y D. Juan Cruz-Benito para impartir los cursos de "Edición de imágenes para publicaciones científicas" y "Difusión y visibilidad de publicaciones científicas en Internet", respectivamente. Es inevitable encontrarse con mayores o menores obstáculos a la hora de enviar las figuras para su publicación por parte de las revistas de prestigio. Por esto, pedimos la colaboración de Felicidad, que nos instruyó acerca de la edición de

---

fotografías para su adecuación a los requisitos de las editoriales científicas más habituales. Por otro lado, Juan nos mostró las posibilidades del repositorio de la Universidad de Salamanca (*Gredos*), así como las redes sociales para investigadores más conocidas y que tan en auge están en la actualidad (*ResearchGate* y *Academia.edu*).

Sobre las encuestas de satisfacción podemos decir que fueron cumplimentadas por el 79% de los asistentes. El 65% eran estudiantes de grado/postgrado (80% de farmacia), con una edad media de 29 años (18-57) y el 77% fueron mujeres.

Las vías mayoritarias por las que los alumnos conocieron los cursos fueron *Eventum* (28%), el boca a boca (25%) y los carteles expuestos en los centros (18%). El resto de los alumnos se enteraron por las redes sociales o el email institucional.

En cuanto a la opinión de los alumnos sobre el grado de satisfacción global con los cursos fue de 8,5 sobre 10, siendo los cursos de LinkedIn y manejo de smartphones los mejor calificados con valoraciones sobresalientes. Así mismo, los alumnos sugirieron adaptar mejor la extensión de algunos cursos y la impartición de nuevas herramientas docentes innovadoras.

En cuanto a la difusión de los resultados podemos decir que el programa será presentado en el V Congreso Internacional de Educación Superior en Ciencias Farmacéuticas (EDUSFARM) que se celebrará del 25 al 28 de junio en Sevilla con una comunicación tipo póster titulada "Educafarma 2.0: programa de formación continuada de profesores y alumnos de la Facultad de Farmacia de Salamanca con recursos propios". Además, el programa completo ha sido recogido en el presente libro de resúmenes que será alojado en el repositorio de la Universidad de Salamanca e indexado en Google Scholar.

Podemos concluir que se ha desarrollado con éxito el programa EDUCAFARMA 2.0. a lo largo del curso académico 2013/2014 en el que se han impartido un total de 10 cursos con una asistencia por encima del 80% lo que refleja el interés del alumnado por los mismos. La valoración global ha sido muy positiva, hecho que sin lugar a dudas anima a continuar con el proyecto en futuras ediciones siempre y cuando que reciba el respaldo necesario y la colaboración de todos los profesionales que forman parte del mismo.

---

---





Decanato de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Salamanca

ISBN 978-84-617-0745-4  
Depósito Legal: S 282 2014



VNIVERSIDAD  
D SALAMANCA

CAMPUS OF INTERNATIONAL EXCELLENCE

