



Universidad de Jaén

Centro de Estudios de Postgrado

Trabajo Fin de Máster

LOS ÁCIDOS NUCLEICOS Y SUS ENZIMAS ASOCIADAS: PROYECCIÓN DIDÁCTICA

Alumno/a: Ruiz Fernández, María Eugenia

Tutor/a: Prof. D. Vicente Navarro Molina

Departamento de Biología y Geología (I.E.S. Virgen del Carmen)

FEBRERO, 2022

ÍNDICE

1. Resumen y palabras clave	3
2. Introducción y objetivos	4
3. Fundamentación epistemológica	5
3.1. Antecedentes históricos.....	5
3.2. Los ácidos nucleicos	10
3.2.2. Nucleótidos con otras funciones.....	14
3.2.3. El ácido desoxirribonucleico y su estructura	17
3.2.4. Propiedades fisicoquímicas de los ácidos nucleicos	22
3.2.5. Localización y distintas organizaciones del ADN	23
3.2.6. El ácido ribonucleico: ARN.....	23
3.3. La base molecular de la herencia: replicación del ADN	26
3.3.1. El proceso de replicación en organismos procariotas	27
3.4. El flujo de la información genética: transcripción y traducción.	30
3.5. Un gen, una proteína: la traducción del ARN	33
3.6. Enzimas asociadas a los ácidos nucleicos.	37
3.7. Aplicaciones de la Biología Molecular y sus enzimas en la actualidad	38
4. Enfoque didáctico	39
4.1. Análisis psico-pedagógico del alumnado	40
4.2. Análisis de la metodología docente	41
5. Proyección didáctica.....	44
5.1. Introducción	44
5.2. Legislación vigente en esta unidad didáctica	45
5.3. Contextualización.....	46
5.4. Objetivos	47
5.4.1. Objetivos generales de la etapa de Bachillerato	47
5.4.2. Objetivos de la materia de Biología	49
5.4.3. Objetivos específicos de la Unidad Didáctica	50
5.5. Contenidos	51
5.5.1. Contenidos de la materia.....	51
5.5.2. Contenidos transversales.....	52
5.5.3. Elementos interdisciplinarios.....	53

5.5.4.	Integración con planes y proyectos	53
5.6.	Competencias clave	54
5.8.	Evaluación	57
5.8.1.	Sistemas de evaluación.....	57
5.8.2.	Criterios de evaluación y estándares de aprendizaje aplicables a la UD..	58
5.8.3.	Instrumentos de evaluación.....	60
5.8.4.	Criterios de calificación: ponderación de los criterios.....	61
5.9.	Sesiones y temporalización	62
5.10.	Atención a la diversidad	76
6.	Evaluación del proceso de enseñanza-aprendizaje	77
7.	Conclusiones	77
8.	Bibliografía.....	78
ANEXOS		84

1. Resumen y palabras clave

Las últimas décadas han supuesto una revolución en la medicina, principalmente debido los avances en los campos de la biología molecular, donde se han desarrollado diversas técnicas de manipulación del ADN. Por tanto, es de interés para la sociedad formar ciudadanos y profesionales bien informados y con un pensamiento crítico fundamentado en este ámbito.

Así pues, el presente Trabajo de Fin de Máster pretende desarrollar de la mejor manera la enseñanza de la unidad didáctica “Ácidos nucleicos y sus enzimas asociadas”, de la asignatura de Biología, impartida en 2º de Bachillerato en modalidad científica. En ella, se despliegan contenidos relacionados con las biomoléculas responsables de la herencia, así como los procesos que recorren durante flujo de la información genética. Se buscará que los estudiantes reconozcan su importancia en las técnicas más actuales mediante estrategias que logren un aprendizaje significativo y cooperativo, basadas en las características psicopedagógicas y sociales del alumnado.

Palabras clave: ADN, aprendizaje cooperativo, biología molecular, enzimas, biotecnología.

ABSTRACT

During the last decades, a revolution in medicine has happened. This is mainly caused by the huge progress made every day in the field of molecular biology, where different DNA manipulation techniques have been developed. Therefore, the formation of citizens and professionals is important to society, who should have a mature critical thinking ability about these terms.

Hence, this Master's thesis aims to develop the didactic unit “Nucleic acids and their related enzymes”, from the contents of the subject Biology, targeted to the last-year scientific students in secondary school. Pupils will work with information related to those biomolecules responsible of the heritage, so as the processes that occur during the genetic information flow. They are aimed to realize their importance and learn about their actual uses, by the employment of teaching strategies focused on a significant and cooperative learning. These will be based on the psycho-pedagogical and social qualities of the students.

Key words: DNA, cooperative learning, molecular biology, enzymes, biotechnology.

2. Introducción y objetivos

En la actualidad, es cada vez más frecuente la aparición de noticias relacionadas con la ingeniería genética y la biotecnología en los medios de comunicación. La clonación, el surgimiento de enfermedades con base genética, el desarrollo de nuevas terapias para su tratamiento y la creación de organismos modificados genéticamente en la industria, son temas que se encuentran a la orden del día y que, además, constituyen el origen de diversos debates y dilemas éticos de la sociedad, por lo que requieren un conocimiento básico de su fundamento científico (Íñiguez y Puigcerver, 2013).

Existen numerosos casos en los que es de utilidad tener nociones de Biología Molecular, así como de la estructura y comportamiento de los ácidos nucleicos, como el ADN. Sin ir más lejos, el reciente descubrimiento de los distintos modelos de vacuna contra el virus SARS-CoV-2, responsable de la pandemia COVID-19, se basa en procesos biomoleculares de este tipo, como la replicación o la transcripción (Galileo Universidad, 2020). Por otro lado, la reproducción asistida y la prevención de enfermedades congénitas, como algunos cánceres o la esclerosis múltiple, también tienen su base en la genética molecular. Además, la creciente comercialización de verduras u hortalizas transgénicas ha levantado una importante polémica social sobre la seguridad y naturaleza de las mismas entre la población occidental. Asimismo, la clonación animal y la modificación genética de embriones humanos con el fin de su mejora es hoy un asunto controvertido. Por ello, es de vital importancia la formación de una sociedad que sea consciente de la relevancia de estas cuestiones tan actuales. Sociedad que debe comprender su fundamento y sus implicaciones, con el fin de ser capaz de establecer una opinión crítica y fundamentada acerca de ellos (Íñiguez y Puigcerver, 2013). Por todo ello, estos conocimientos son fundamentales para los estudiantes de 2º de Bachillerato de la modalidad científica, a sabiendas de que contribuirá a su futura formación profesional e integral.

Bajo este pretexto, en el presente Trabajo de Fin de Máster se pretende desarrollar una estrategia de enseñanza de los contenidos relacionados con la unidad didáctica propuesta, titulada “Ácidos nucleicos y sus enzimas asociadas”. Así, teniendo en cuenta las capacidades psicológicas y pedagógicas del alumnado al que va dirigida, y las metodologías más efectivas para su perfil, se elaborará una estrategia didáctica que consiga que el alumnado adquiera las competencias y contenidos esperados según la legislación vigente.

Por ende, los principales objetivos que se establecen con este TFM se exponen a continuación:

- Elaborar una propuesta didáctica efectiva para un óptimo proceso de enseñanza-aprendizaje de los contenidos y capacidades de la unidad didáctica tratada.

- Utilizar las estrategias más adecuadas, teniendo en cuenta las capacidades e ideas previas del alumnado, para lograr un aprendizaje significativo y transversal de los contenidos de la unidad tratada.
- Fomentar el conocimiento de la estructura molecular y del funcionamiento de los distintos procesos de la biología actual, con el fin de formar ciudadanos con capacidad crítica de los temas científicos actuales.

3. Fundamentación epistemológica

3.1. Antecedentes históricos

El concepto de tecnología biológica es muy reciente en la sociedad, ya que los primeros conocimientos sobre la bioquímica aparecieron durante la segunda mitad del siglo XX y, sobre todo, en las últimas tres décadas del mismo, desarrollando un amplio abanico de posibilidades para la medicina y la sociedad moderna.

El inicio de la concepción de la genética comenzó con una de las primeras revoluciones en la historia de la biología: la aparición de las teorías evolucionistas de Darwin y Wallace, alrededor de 1860. Sin embargo, la idea de que las especies cambian con el tiempo surgió mucho antes, por primera vez en el año 520 a. C., y fue propuesta por Anaximandro de Mileto. Después, John Ray propuso la primera definición de especie en 1686, al clasificar las plantas según su descendencia común (Morata, 2008).

Siglos después, en 1859, Darwin propuso en su libro *El Origen de las Especies* la teoría de que la mayor supervivencia de los individuos favorecidos dependía de la selección natural, que a su vez hacía que éstos transmitieran más frecuentemente sus características a la descendencia. Así, defendió la idea de que todos los seres vivos tienen un origen común y que las variaciones de la diversidad actual son fruto de las modificaciones graduales de cada especie durante millones de años (Figura 1). A su vez, categorizó a la especie humana como una más de entre los millones de existentes (Osorio Lupiáñez, 2019).

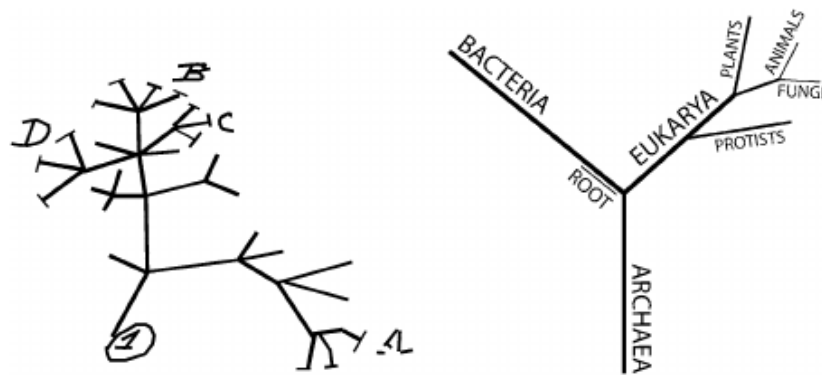


Figura 1. Izquierda: Reproducción del árbol filogenético elaborado por Charles Darwin en *Primer Cuaderno de Transmutación de Especies*. Derecha: Esquema de las relaciones filogenéticas entre los principales reinos de organismos, derivados unos de otros, tal y como propuso Darwin (Bertaux et al., 2007).

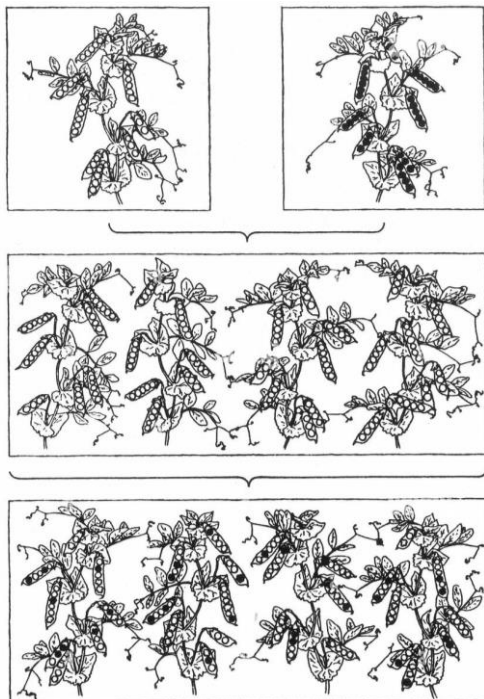


Figura 2. Esquema de los experimentos de cruces de distintas variedades de plantas de guisante realizadas por Mendel, en el que se ilustra su primera y segunda ley (Sadurní, 2020).

No obstante, a pesar de presentar numerosas pruebas que apoyaban su teoría, Darwin no fue capaz de encontrar un mecanismo por el cual ocurriera este fenómeno y que, además, fuera común a especies aparentemente muy alejadas. Son estas cuestiones las que originan la genética, encargada de estudiar la transmisión y modificación de la información biológica. Las siguientes aportaciones con respecto a este tema llegaron de parte de Gregor Mendel, quien estableció las leyes básicas de herencia mucho antes de que se estableciera el concepto de “gen”. Realizó experimentos con guisantes, cruzando alternamente plantas de distintas características, demostrando que su forma y color se transmitían de forma fiel, coherente e independiente (Figura 2) (BBC, 2021).

Posteriormente, en 1869, el ADN fue aislado por primera vez, de parte de Johan Miescher, que encontró en el interior de los glóbulos blancos, una sustancia aislada rica en fosfatos, sin azufre y resistente a las proteasas, con propiedades distintas a las de lípidos o proteínas. A esta molécula la llamó *nucleína*, debido a su localización en el interior de las células. Su descubrimiento cambió para siempre la concepción de la genética (Barchilón, 2020).

A partir de entonces, entre 1885 y 1901 comenzó a precisarse la composición química del ADN: en ese tiempo, Albrecht Kossel, realizando experimentos de hidrólisis, consiguió separar la nucleína de las proteínas del núcleo; detectando posteriormente la presencia de hidratos de carbono y de bases nitrogenadas en la molécula. A éstas, las denominó “adenina”, “citosina”, “guanina” y “timina”, y se clasifican en bases púricas (adenina y guanina) y bases pirimidínicas (citosina y timina). Este descubrimiento lo llevó a obtener el Premio Nobel de Medicina en 1910 (Ávila-Medrano y Ávila-Medrano, 2020). Fue en 1889 cuando Richard Altmann redefinió el nombre de esta molécula, denominándola “ácido nucleico”.

En 1911, el bioquímico estadounidense Theodore Levene demostró que estos hidratos de carbono eran pentosas, detectando la ribosa y la desoxirribosa. Así diferenció entre dos tipos de ácidos nucleicos: el ácido desoxirribonucleico (ADN) y el ácido ribonucleico (ARN). Ya en 1934, Levene fue capaz de obtener moléculas más sencillas, los nucleótidos, a partir del ADN, y vio que estaban formadas por una pentosa, una base nitrogenada y una molécula de ácido fosfórico (Figura 3) (INTEF, 2013).

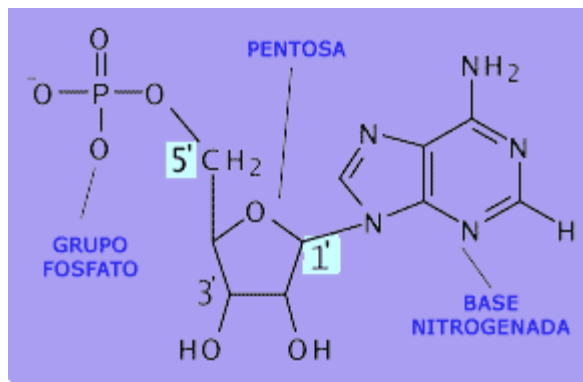


Figura 3. Estructura de un nucleótido de ARN, como halló Levene (Junta de Andalucía, 2010).

En los años posteriores, tuvieron lugar más descubrimientos, gracias a investigadores como Griffith, Avery, Hershey y Chase. Entre ellos, concluyeron que el ADN era la molécula responsable de la transmisión genética, y que era común a todas las especies. Por otro lado, en torno a 1940, Beadle y Tatum determinaron, mediante el estudio de hongos filamentosos como *Penicillium*, que los genes dirigían la formación de enzimas, y que cada polipéptido estaba determinado por un gen concreto. Esta fue la base del dogma central de la biología molecular.

Tiempo después, en 1953, tuvo lugar uno de los descubrimientos más revolucionarios de la historia de la ciencia: James Watson y Francis Crick, utilizando los análisis de difracción de rayos X que realizó Rosalind Franklin, determinaron la estructura del ADN, que conformaba una doble hélice. Este hallazgo, junto con la determinación de la relación cuantitativa entre las bases nitrogenadas por parte de Chargaff, supuso un

antes y un después en la investigación biológica, permitiendo que el resto de descubrimientos consiguientes ocurrieran de forma muy acelerada (INTEF, 2013).

El ingeniero químico Linus Pauling ya había propuesto que la estructura del ADN podía ser helicoidal, mantenida mediante puentes de hidrógeno, tal y como ocurre en el caso de las proteínas. Entonces, los patrones de difracción del ADN que obtuvieron Franklin y Wilkins dilucidaron que el ADN se componía por dos cadenas de nucleótidos, que se hallaban enrolladas formando una hélice y que contenían repeticiones en su estructura: cada 0,34 nm y cada 3,4 nm (Figura 4).

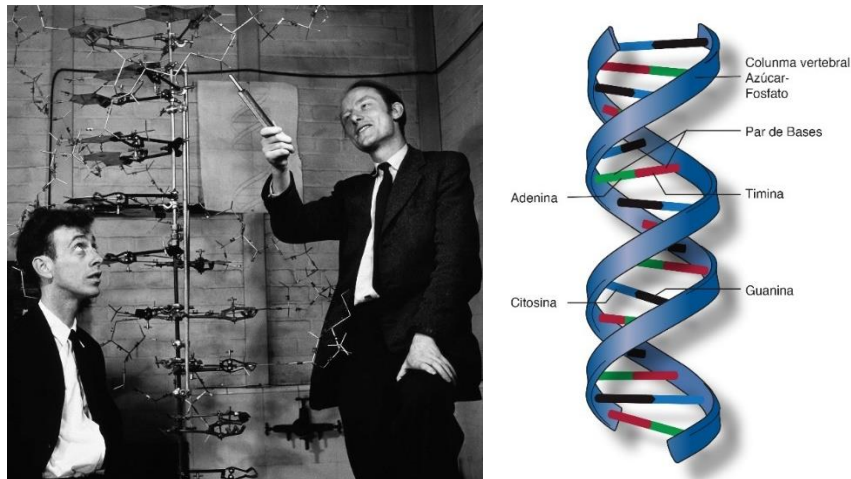


Figura 4. Izquierda: Watson y Crick junto con la maqueta descriptiva de la estructura de doble hélice de ADN (El País, 2003). Derecha: Esquema de la estructura de la doble hélice de la cadena de ADN y la identificación y disposición de sus componentes: azúcar, bases nitrogenadas, ácido fosfórico (Kim, 2015).

A su vez, en 1950, Chargaff demostró que la composición de bases difiere entre organismos pero que la cantidad de bases púricas es la misma que de bases pirimidínicas en todos ellos. Además, la cantidad relativa de adeninas iguala a la de timinas; y la de citosinas, a la de guaninas.

Integrando todos los datos, Watson y Crick elaboraron su propuesta de estructura de ADN: el modelo de doble hélice. Éste enunciaba lo siguiente:

- El ADN es una doble hélice de 2 nm de diámetro que está formada por dos cadenas sencillas de nucleótidos enrolladas sobre sí mismas, manteniendo este enrollamiento a lo largo de toda la molécula, sobre un eje imaginario. Las bases nitrogenadas se orientan hacia dentro, paralelamente entre sí, y de forma perpendicular a la verticalidad de la molécula.
- Se trata de un enrollamiento de tipo dextrógiro y plectonómico. De esta forma, las cadenas deben deshacer el enrollamiento para separarse y, además, la orientación del mismo ocurre hacia la derecha. Cada 0,34 nm aparece una pareja

de nucleótidos unida en ambas cadenas sencillas. Además, cada 10,5 pares de nucleótidos, se conforma una vuelta completa de la hélice.

- Las dos cadenas sencillas son complementarias. Es decir, las bases nitrogenadas siempre se emparejan de la misma forma: adenina con timina; citosina con guanina. Ambas cadenas, además, son antiparalelas. Esto significa que el extremo de una se sitúa junto al extremo opuesto de la otra, es decir, se orientan de forma inversa.
- Efectivamente, como Pauling predijo, la doble cadena se encuentra estabilizada por puentes de hidrógeno, que se forman entre los pares complementarios de bases nitrogenadas (Alcamí *et al*, 2016).

Entre uno de los grandes éxitos posteriores está el desciframiento del código genético, gracias al trabajo de Severo Ochoa, Nirenberg y Brenner, que dilucidaron el mecanismo de traducción. Demostraron que cada aminoácido está codificado por una secuencia de tres nucleótidos, con sus tres respectivas bases nitrogenadas, denominado triplete, lo que deriva en la síntesis de una proteína completa y específica a partir de una secuencia de ADN determinada (Morata, 2008).

Descubrir el proceso de síntesis y transmisión de la información genética también supuso un desafío interesante para la ciencia. Siendo así, el profesor Arthur Kornberg, a partir de 1956, comenzó a dilucidar este fenómeno: la replicación del ADN. Con ayuda de Ochoa, descubrió una enzima en la bacteria *Escherichia coli*, a la que llamó ADN polimerasa, que le sirvió para sintetizar por primera vez ADN en un tubo de ensayo. También descubrió la helicasa, enzima capaz de separar las dos hebras de la hélice de ADN para que sirvan como plantillas para la polimerasa (Salas, 2007).

Junto a estos, deben tenerse en cuenta otros hallazgos muy importantes, como los del Meselson y Stahl en 1957 (Figura 5), que demostraron, mediante el marcaje de distintas cadenas de ADN con isótopos de nitrógeno, que la replicación ocurría de forma semiconservativa. Es decir, cuando, a partir de una doble cadena de ADN, se crea otra, cada una de las nuevas moléculas conserva una cadena sencilla del ADN anterior, y otra de nueva síntesis. La japonesa Okazaki, por su parte, descubrió en el año 1968 que la enzima ADN polimerasa necesitaba una pieza corta de ADN, complementaria a la plantilla, para ser capaz de comenzar la síntesis del mismo. Kornberg, a principios de los 70, detectó que la naturaleza de estos fragmentos era ARN, que eran sintetizados por una enzima llamada primasa. Vio, además, que luego eran sustituidos por la misma secuencia, esta vez de ADN, gracias a otra enzima: la ADN polimerasa I, quedando así dilucidado el proceso de replicación (Lents, 2010).

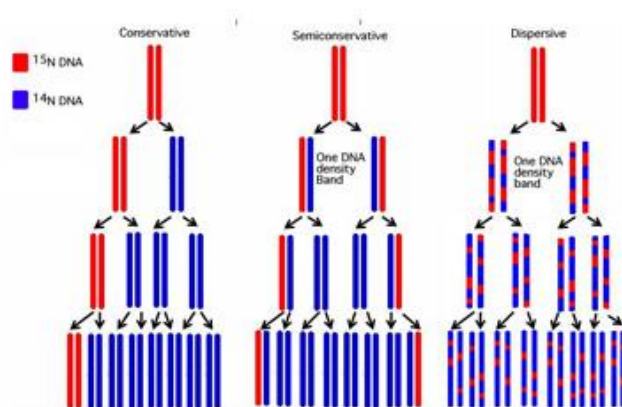


Figura 5. Experimentos de Meselson y Stahl: marcaje de distintas moléculas de ADN con isótopos de nitrógeno, demostrando la naturaleza semiconservativa de la replicación (Lents, 2010).

Desde entonces, los nuevos descubrimientos se sucedieron velozmente: el descubrimiento del ARN mensajero (ARNm), como onda portadora de la información genética, el ARN de transferencia, como eslabón físico entre el ARNm y la proteína, y la existencia de un ARN ribosomal (ARNr), crucial para la síntesis de proteínas. De igual forma, el ADN recombinante y la regulación de la expresión génica no tardaron mucho en aparecer.

Por tanto, a partir de 1975 se inicia la Nueva Genética, basada en la manipulación de ácidos nucleicos: se descubren los intrones, la secuenciación del ADN, y se desarrollan técnicas de copia masiva del ADN, como la PCR y otros análisis secuenciales, como los RAPDs, RFLPs, microsatélites, etc. Surge, a partir de 1990, la manipulación genética como herramienta de utilidad para el ser humano, desarrollándose la clonación, la terapia génica, la transgénesis de alimentos y el Proyecto Genoma Humano (1995), teniendo este último como objetivo descifrar la secuencia íntegra de ADN del ser humano, y que se consiguió completar en 2003 (INTEF, 2013).

3.2. Los ácidos nucleicos

La Genética es la rama de la biología que estudia la transmisión de los caracteres entre generaciones. Por ello, se centra en el estudio de genes, que son los fragmentos de ácidos nucleicos (en concreto, de ADN), que portan la información para un carácter concreto. Dentro de esta rama, la Genética Molecular, es la encargada, concretamente, de estudiar los procesos moleculares que ocurren cuando se transmite y expresa esta información genética.

Para la correcta comprensión de la Genética, será crucial conocer la naturaleza y estructura de las moléculas responsables de ella: los ácidos nucleicos (Farfán, 2015)

Los ácidos nucleicos son macromoléculas poliméricas encargadas de almacenar, transmitir y expresar la información genética de los seres vivos. Están formadas por carbono, nitrógeno y fósforo.

Se encuentran en todos los seres vivos bajo dos formas:

- Ácido desoxirribonucleico (ADN): es el depósito que almacena la información genética y controla su transmisión a la descendencia.
- Ácido ribonucleico (ARN): encargado de la síntesis de proteínas a partir de la información hereditaria contenida.

Como se ha expuesto, cada gen (fragmento de ADN), se encarga de una característica específica del organismo. En particular, cada gen deriva en la síntesis de una proteína, siendo esta la base de la expresión génica. En este proceso de transporte de información, desde la síntesis del ADN hasta la elaboración proteica a partir del mismo, participan numerosas proteínas especializadas denominadas enzimas, que han sido caracterizadas en los últimos años y han servido de gran utilidad para el avance de las técnicas actuales de la biología molecular (Gómez-Aguado *et al.*, 2015).

3.2.1. Estructura y composición de los ácidos nucleicos

Tanto el ARN como el ADN son polímeros de unidades monoméricas sencillas, llamadas nucleótidos. Los nucleótidos son biomoléculas presentes en todas las células y en los virus, que conforman las unidades estructurales que se repiten en los ácidos nucleicos y que intervienen en el mecanismo de transmisión de la información genética. Además de esta función estructural, son cruciales para el organismo por realizar otras tareas, ya que actúan de mensajeros químicos, regulan reacciones enzimáticas, o transportan energía.

Los nucleótidos, a su vez, se encuentran formados por la unión de una molécula de azúcar, de cinco átomos de carbono, denominada pentosa, y una base nitrogenada (conformando así una subunidad del mismo, llamada nucleósido). A este nucleósido se le une una molécula de ácido fosfórico, en forma de anión fosfato (PO_3^-) (Alcamí *et al.*, 2016; Gómez-Aguado *et al.*, 2015).

- Bases nitrogenadas.

Son compuestos heterocíclicos planos, formados por carbono y nitrógeno, que presentan diversos sustituyentes (Figura 6). Son cinco tipos las que conforman los ácidos nucleicos: adenina (A), timina (T), citosina (C), guanina (G) y uracilo (U). A su vez, se agrupan en dos tipos:

- Las derivadas de la purina, denominadas púricas, y que las componen la adenina y la guanina.
- Las derivadas de la pirimidina, llamadas bases pirimidínicas, y que incluyen la timina, la citosina y el uracilo (Gómez-Aguado *et al.*, 2015).

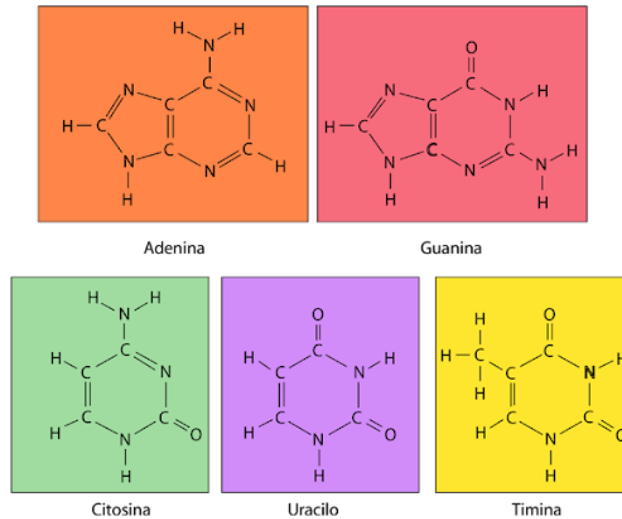


Figura 6. Estructura de las bases nitrogenadas (Olmo y Nave, 2017).

Entre estas bases, la timina es exclusiva del ADN, mientras que el uracilo se encuentra únicamente en el ARN.

- Pentosas.

Son glúcidos (monosacáridos) cíclicos de cinco átomos de carbono, y pueden ser dos los que aparecen en los ácidos nucleicos: la ribosa (β -D-ribofuranosa), que es la que forma los nucleótidos del ARN; y la desoxirribosa (β -D-2-desoxirribofuranosa), que conforma los nucleótidos de ADN, y que sólo difiere de la anterior en que ha perdido el grupo hidroxilo de su carbono 2' (Figura 7).

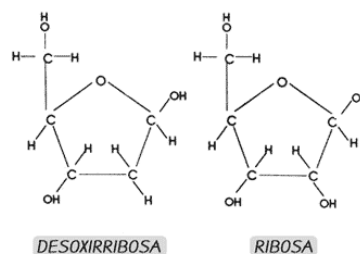


Figura 7. Estructura de las pentosas que forman los ácidos nucleicos: desoxirribosa y ribosa (Junta de Andalucía 2010)

Como se ha comentado, la unión de estas dos últimas moléculas conforma un nucleósido, que se unen a través de un enlace denominado N-glucosídico. Se da entre

el carbono 1' de la pentosa y un nitrógeno de la base nitrogenada, liberando una molécula de agua. Existe, además, una nomenclatura para nombrarlos, que consiste en decir el nombre de la base nitrogenada que lo forma, seguido de la terminación *-osina*, si estamos ante una base púrica; o *-idina*, si estamos ante una base pirimidínica (Alcamí *et al.*, 2016).

- Ácido fosfórico

Es el más sencillo de los componentes del nucleótido, y se une al nucleósido. Se encuentra en forma de ion fosfato (PO_4^{3-}), y presenta estructura tetraédrica: el átomo de fósforo se encuentra en el centro, los oxígenos forman los extremos de la figura. Es el responsable de que los ácidos nucleicos tengan carga negativa (Junta de Andalucía, 2010). La unión ocurre a través de un enlace éster, entre el grupo hidroxilo del carbono 5' de la pentosa y el ácido fosfórico, liberándose una molécula de agua. Así se conforma el nucleótido (Figura 8), cuya nomenclatura es sencilla: se elimina la última letra del nombre del nucleósido y se indica el lugar por el que se ha unido la pentosa, así como el número de moléculas de fosfato unidas.

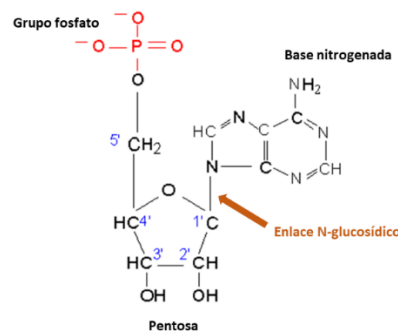


Figura 8. Estructura del nucleótido adenosín-5'-monofosfato. Imagen de (Soliman, 2002) modificada.

Los nucleótidos se unen entre ellos mediante un enlace denominado fosfodiéster, que se da entre el carbono 5 de un nucleótido y el carbono 3 del siguiente. La unión de muchos de ellos a través de estos enlaces forma los ácidos nucleicos poliméricos. El extremo con el carbono 5 que queda libre en la parte superior de la cadena se denomina extremo 5', y contiene un grupo fosfato; el otro extremo, denominado 3', contiene una pentosa sin unir, con su grupo OH libre. No obstante, existen cadenas más cortas, con un menor número de monómeros, denominadas oligonucleótidos (Alcamí *et al.*, 2016; Torralba *et al.*, 2009).

3.2.2. Nucleótidos con otras funciones

Además de ser los monómeros de los ácidos nucleicos, los nucleótidos pueden tener otras funciones no estructurales, que son cruciales para el funcionamiento de los distintos organismos. Se encuentran libres en las células o formando oligonucleótidos, y desarrollan importantes roles celulares, algunos de los cuales se exponen a continuación.

- Transportan energía.

Algunos nucleótidos actúan como moléculas capaces de acumular y donar energía, por lo que tendrán un importante papel en las reacciones metabólicas de los seres vivos. Este rol suele estar desempeñado por nucleótidos con más de un grupo fosfato. La molécula más utilizada por los organismos para ello es el adenosín trifosfato (ATP), que se encuentra en ese estado (conteniendo 3 grupos fosfato) cuando hay energía disponible. Cuando esta energía se requiere por la célula, se libera un grupo fosfato, obteniéndose energía con requerimiento de una molécula de agua, y la molécula adquiere la forma de ADP (adenosín difosfato), con dos grupos fosfato en este caso (Figura 9). Esto ocurre porque el enlace entre fosfatos almacena gran cantidad de energía, por lo que su rotura la libera, pudiendo ser utilizada en reacciones bioquímicas (Torralba *et al.*, 2009).

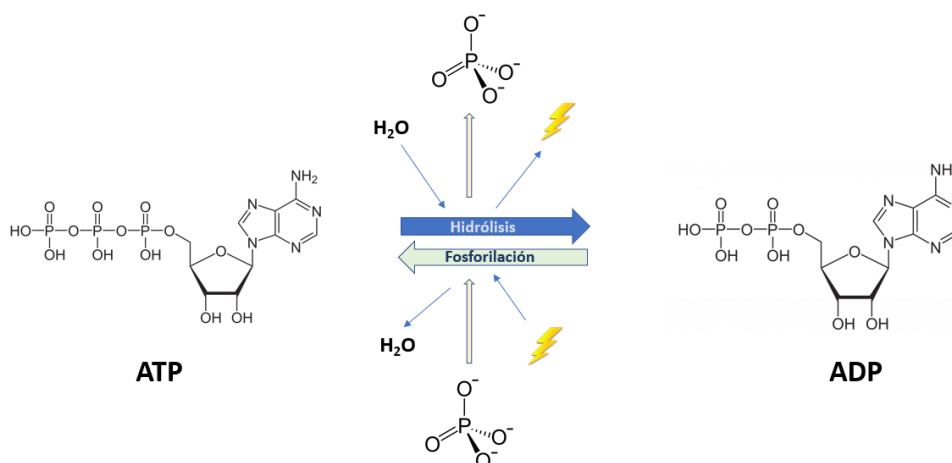


Figura 9. Reacciones de interconversión entre las moléculas de ATP y ADP para la liberación y almacenamiento de energía.

- Actúan de mensajeros químicos

Las células deben responder a señales procedentes del exterior, como pueden ser las enviadas a través de hormonas, neurotransmisores, compuestos químicos variados, etc. Por ello, son capaces de recibir estas señales en primera estancia en su membrana, que

activa el desplazamiento en el interior celular de lo que se conoce como segundo mensajero, y cuya función es retransmitir la información procedente del exterior a los lugares de interés en el interior de la célula. Uno de los más comunes es un nucleótido de adenina, denomina adenosín-3',5'-monofosfato cíclico (AMPc), e induce cambios químicos en el interior celular como respuesta a estímulos externos. Entre los más comunes, suele aparecer la transformación química reversible de otras proteínas transmisoras de información, como la proteína quinasa A (PKA), que cede y adquiere, según la situación, grupos de tipo fosfato a otras proteínas. Dependiendo de cuáles sean estas y de la actividad que tengan, desencadenarán numerosas reacciones, como puede ser la activación o inactivación de genes. Estas rutas de señalización son cruciales en el desarrollo de numerosos cánceres, así como en una abundante parte de los procesos fisiológicos celulares.

El AMPc se forma en las células a partir de ATP, gracias a la acción de una enzima localizada en la membrana plasmática, llamada adenilato ciclasa. Cuando ciertas hormonas alcanzan la membrana, concretamente, se unen a determinados receptores, esta enzima se activa, catalizando la síntesis de AMPc (Alcamí *et al.*, 2016). La Figura 10 expone un esquema de la activación de la enzima adenilato ciclasa con la consecuente síntesis de AMPc.

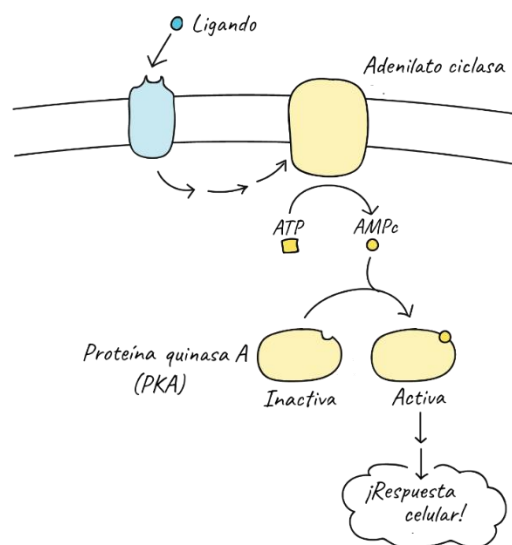


Figura 10. Ruta de activación de la enzima adenilato ciclasa, síntesis de AMPc y transmisión de señales a nivel intracelular (Khan Academy, 2017).

- Tienen función coenzimática

Para que ocurran muchas de las reacciones químicas que tienen lugar en los seres vivos, se requiere la participación de unas moléculas llamadas coenzimas, que regulan y permiten el correcto desarrollo de la función de las enzimas responsables de estas

reacciones. Estas coenzimas tienen naturaleza orgánica, pero dentro de ella, es muy variada. No obstante, entre los más importantes se encuentran nucleótidos y oligonucleótidos, como los que se presentan a continuación:

- FMN (flavín mononucleótido) y FAD (flavín adenín mononucleótido). Son nucleótidos de flavina, otra base nitrogenada que no forma parte de los ácidos nucleicos; y de ribitol, un derivado de la ribosa, que se corresponde con la pentosa integrante del nucleótido. El nucleósido formado por la flavina y el ribitol forman la famosa y necesaria vitamina B2 (o riboflavina).

Cuando la riboflavina se une a fosfato, se forma el FMN; cuando éste se une a otro nucleótido de adenina, se forma el conocido como FAD. Ambos actúan donando y tomando electrones en reacciones de oxidación-reducción del organismo, principalmente como coenzimas de proteínas de tipo deshidrogenasa.

- Dinucleótidos tipo NAD. Se trata de la unión mediante enlace fosfodiéster de un nucleótido de adenina y otro de nicotinamida, otra base nitrogenada. Esta base forma la vitamina B3 (o niacina). El NAD, nicotinamida adenina dinucleótido y el NADP (nicotinamida adenina dinucleótido fosfato), son ampliamente conocidos por su papel coenzimático en las reacciones del metabolismo más básicas e importantes de los seres vivos, como la respiración celular. Como las anteriores, también actúan como oxidantes y reductoras, según requiera la reacción, y participan principalmente en reacciones de deshidrogenación con las enzimas correspondientes.
- Coenzima A. Interviene en numerosas reacciones metabólicas, como en la oxidación de ácidos grasos. Se trata de un nucleótido derivado del ADP, que en numerosas ocasiones se une a un grupo acetilo, formando el famoso acetil-coA. Entre otras reacciones, éste interviene en la descarboxilación oxidativa del ácido pirúvico, uno de los primeros pasos en las reacciones de obtención de energía de casi todos los organismos: ocurre en la respiración aeróbica celular, en las rutas de fermentación, etc. (Alcamí *et al*, 2016; Torralba *et al.*, 2009).

En la Figura 11, se muestra la estructura química de algunos ejemplos de los coenzimas de origen nucleotídico recién explicados.

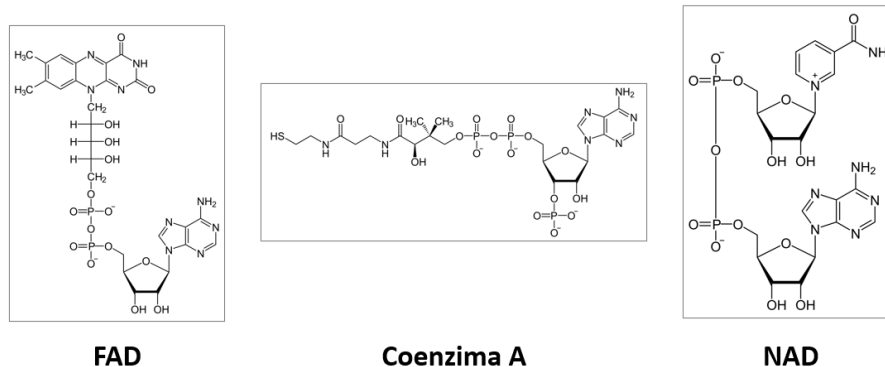


Figura 11. Algunos de los coenzimas nucleotídicos más importantes.

3.2.3. El ácido desoxirribonucleico y su estructura

Como se ha visto, el ADN es un enorme polímero lineal formado por nucleótidos de desoxirribosa, que se encarga de almacenar la información genética, transmitirla a la descendencia y de liderar el proceso de síntesis de proteínas. Su estructura se puede describir en niveles de complejidad creciente: estructura primaria, secundaria y terciaria, y será desarrollada a continuación:

- Estructura primaria

Está determinada por la secuencia de nucleótidos que componen un polímero sencillo de ADN. Lo que diferirá entre distintas cadenas de ADN será, por tanto, el orden de bases nitrogenadas que compongan esos nucleótidos, ya que el resto de componentes de los mismos es igual para cualquier tipo de ADN. También variarán entre cadenas su longitud y la composición relativa de bases nitrogenadas. No obstante, a pesar de las diferentes proporciones que pueden encontrarse en una u otra cadena, la cantidad de adenina siempre será igual a la de timina en una doble cadena de ADN; y la de citosina, igual a la de guanina, según marcan las Reglas de Chargaff.

Además, el orden o secuencia de estos nucleótidos, será de vital importancia para conocer las proteínas que se sintetizarán a raíz de ese fragmento de ADN: cada código de bases nitrogenadas se traducirá en la expresión de proteínas distintas, que determinarán las características y la fisiología de cada organismo específico (Gómez-Aguado *et al.*, 2015).

- Estructura secundaria

Tal y como indica la famosa propuesta de Watson y Crick en 1953, esta secuencia de nucleótidos primaria se organiza espacialmente en forma de doble hélice, unida a otra cadena sencilla de polinucleótidos.

¿Cómo se mantienen unidas? Lo explica el principio de complementariedad: cuando ciertos nucleótidos se disponen enfrentados, cada uno procedente de una cadena sencilla, se mantienen unidos a través de enlaces de hidrógeno entre los grupos polares de las bases nitrogenadas. No obstante, esto no ocurre de forma aleatoria, si no que se da entre aquellas bases nitrogenadas que son complementarias (es decir, afines en cuanto a tamaño y estructura).

De las bases nitrogenadas que conforman el ADN, la timina tiene capacidad de enlace con la adenina (siempre se encuentran emparejadas), mediante dos puentes de hidrógeno entre ellas. Por otro lado, la guanina se enlaza con la citosina a través de tres puentes de hidrógeno entre ellas (Figura 12). Esta es la fundamentación de las leyes de Chargaff, mencionadas anteriormente.

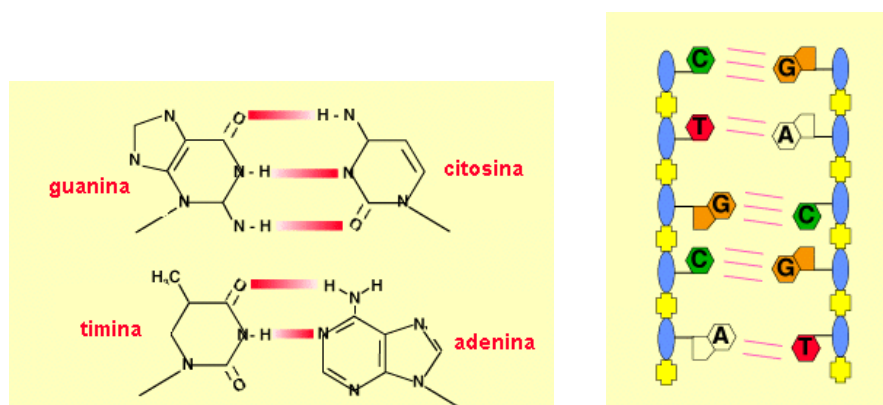


Figura 12. Enlaces de hidrógeno entre las bases nitrogenadas de las dos cadenas que forman la doble hélice: se establecen 3 enlaces entre guanina y citosina y 2 enlaces entre adenina y timina (*Junta de Andalucía, 2010*)

Por otro lado, como ya se ha avanzado previamente, los estudios de Franklin y Wilkins de difracción de rayos X del ADN dilucidaron que esta molécula posee una estructura helicoidal periódica, que permitió a Watson y Crick elaborar su modelo, basado en los siguientes puntos:

- El ADN está formado por dos cadenas de polinucleótidos que se encuentran unidas a lo largo de todas ellas.
- Como se ha indicado, esta unión se da gracias al principio de complementariedad. Es decir, a los enlaces de hidrógeno entre bases

nitrogenadas determinadas: A=T y G≡C, cada una de una de las cadenas sencillas que componen la hélice.

- Ambas cadenas se disponen de forma antiparalela: el extremo 5' de una de ellas se localiza al lado del extremo 3' de la cadena complementaria.
- Se disponen de forma helicoidal, ósea, formando una espiral en torno a un eje central ficticio.
- La disposición de la hélice se organiza de la siguiente manera: los grupos pentosa y fosfato se orientan hacia el exterior de la misma, mientras que las bases nitrogenadas están orientadas hacia el interior, permitiendo la unión entre ellas. Además, se encuentran enfrentadas paralelamente y de forma perpendicular al eje vertical de la doble cadena.
- Para separar las cadenas, será en todo caso necesario desenrollarlas. Esto quiere decir que el enrollamiento es plectonémico. Por otra parte, el enrollamiento se orienta hacia la derecha, en el sentido de las agujas del reloj: es dextrógiro.
- En cuanto a la periodicidad del enrollamiento, se ha determinado que cada 3,4 nm se completa una vuelta; y que la unión entre dos bases nitrogenadas complementarias se da cada 0,34 nm, existiendo, por ende, 10 parejas de nucleótidos en cada una. El grosor de la hélice es de 2 nm.

Dada la asimetría de los emparejamientos entre ambas cadenas, se van formando surcos de distinto tamaño (mayor y menor), que se repiten alternativamente. Serán las zonas de acceso a las bases nitrogenadas desde el exterior. Estos surcos, y la estructura secundaria del ADN se ven representados en el esquema de la Figura 13.

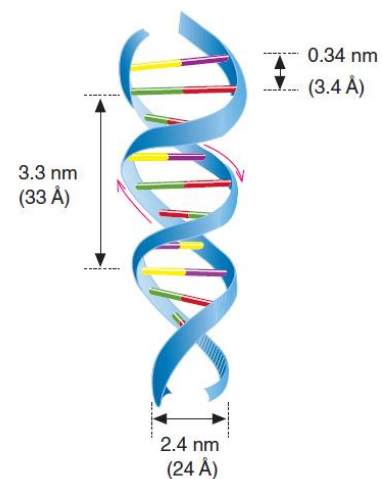


Figura 13. Estructura de la doble hélice del ADN. (McKee y McKee,2014).

Sin embargo, esta estructura secundaria de hélice de dos cadenas de ADN puede verse modificada si se alteran ciertas condiciones del medio en el que se encuentra. Cuando se eleva considerablemente el pH (creando un medio básico o alcalino), se aumenta la temperatura o se lleva el ADN a medios con concentraciones de sales muy elevadas, ambas cadenas pueden separarse, a través de un proceso denominado desnaturalización. En él, se da la rotura de los enlaces de hidrógeno entre las bases nitrogenadas que mantienen unidas ambas cadenas.

Si los cambios ocurridos en el medio no han sido drásticos en exceso, el proceso de desnaturalización puede ser reversible, y el ADN puede recuperar su estructura normal, denominada nativa. El proceso por el que el ADN torna a su estructura de doble hélice se denomina renaturalización, y ocurre cuando las condiciones ambientales vuelven a unos niveles adecuados para el mantenimiento de la misma.

Si, tras la desnaturalización, se introducen cadenas de ADN procedentes de otros organismos o células y, posteriormente, se induce la renaturalización, puede darse un fenómeno conocido como hibridación. En él, fragmentos de ADN de distinta procedencia se unen, por complementariedad de bases (aunque sea parcial), formando una doble cadena híbrida, integrada por cadenas de diferentes organismos. Este proceso es la base de numerosas técnicas moleculares actuales, como el marcaje de ADN para su detección, y es de gran utilidad en la actualidad. Por ejemplo, se emplea en estudios para conocer qué genes se expresan, detectar mutaciones, identificar secuencias extrañas y, por tanto, la presencia de bacterias o virus. A día de hoy, es frecuente en la elaboración de huellas genéticas y la detección de contaminantes en alimentos (Gómez-Aguado *et al.*, 2015; Torralba *et al.*, 2009).

- Estructuras secundarias alternativas

La estructura anteriormente descrita, propuesta por Watson y Crick, se conoce como estructura B del ADN, ya que, más tarde, se ha visto que puede sufrir variaciones y disponerse de otras maneras. Esta forma B es la más interesante por ser la más común y la disposición que adquiere el ácido nucleico al encontrarse en disolución, o bien interaccionando con otras proteínas nucleares.

Las principales estructuras alternativas encontradas son las llamadas estructuras A y Z del ADN (Figura 14). La primera se ha detectado principalmente en medios en los que la abundancia relativa de agua es más escasa, dando lugar a una hélice acortada y de mayor grosor, con 11 pares de nucleótidos en cada vuelta y una anchura de 2,3 nm. No obstante, esto sólo se ha detectado en condiciones experimentales, no en medios naturales *in vivo*.

La otra estructura existente, Z, también es difícil de encontrar de forma natural en células, aunque se ha detectado en pequeños fragmentos de ADN de algunos procariotas y eucariotas, induciendo a pensar que puede tener algún papel en la regulación de la expresión génica. En este caso, la orientación del enrollamiento ocurre hacia la izquierda: es levógira; además de más estrecha y alargada. En ella, aparecen 12 parejas nucleotídicas por cada vuelta completa, que se da cada 3,8 nm (Alcamí *et al.*, 2016).

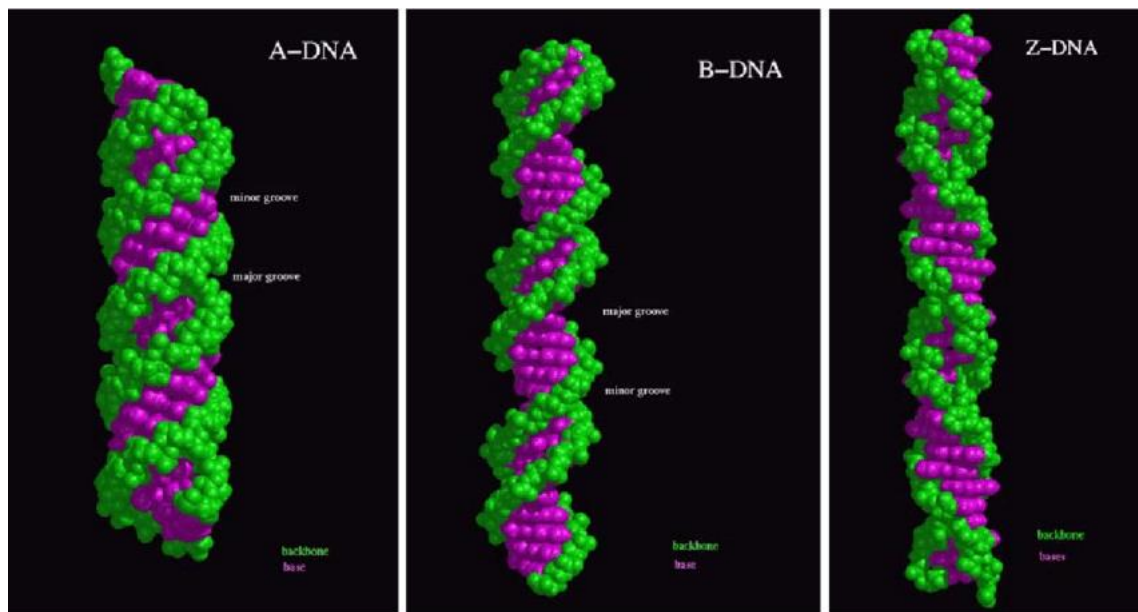


Figura 14. Esquemas de las estructuras secundarias alternativas del ADN (Linko, 2011).

- Estructura terciaria

Describe el modo en el que la estructura secundaria se pliega sobre sí misma. Así, puede adaptarse al diminuto espacio del que dispone en el interior de las células, a la vez que permite que esté regulada la expresión de sus genes. Al ser más complejas y grandes las moléculas de ADN, en las células eucariotas estas estructuras son mucho más compactas, ya que es mayor la cantidad de ADN que debe acoplarse a un espacio reducido. El resultado será la disposición del ADN en cromosomas y cromatina, según se encuentre en fase de división o latente, respectivamente (Torralba *et al.*, 2009).

En el núcleo de células eucariotas, la estructura terciaria adquiere una gran importancia. Las moléculas de ADN que allí se albergan tienen una elevada longitud, por lo que deben compactarse, con ayuda de unas proteínas estructurales denominadas histonas, formando lo que se conoce como cromatina. Aparecen en ella otras proteínas con otro tipo de funciones: reguladoras de la actividad genética o con actividad enzimática.

En la cromatina, la hélice de ADN se enrolla sobre 8 histonas, siguiendo una disposición cilíndrica, y da lugar a una estructura conocida como nucleosoma, en la que se disponen unas 146 parejas de bases nitrogenadas. Las fibras de ADN formadas se bobinan a su vez sobre sí mismas formando un solenoide, y conformando la estructura de la cromatina cuando la célula se encuentra en reposo. No obstante, cuando empieza la división, la cromatina se compacta aún más, dando lugar a los cromosomas (Figura 15) (Gómez-Aguado *et al.*, 2015).

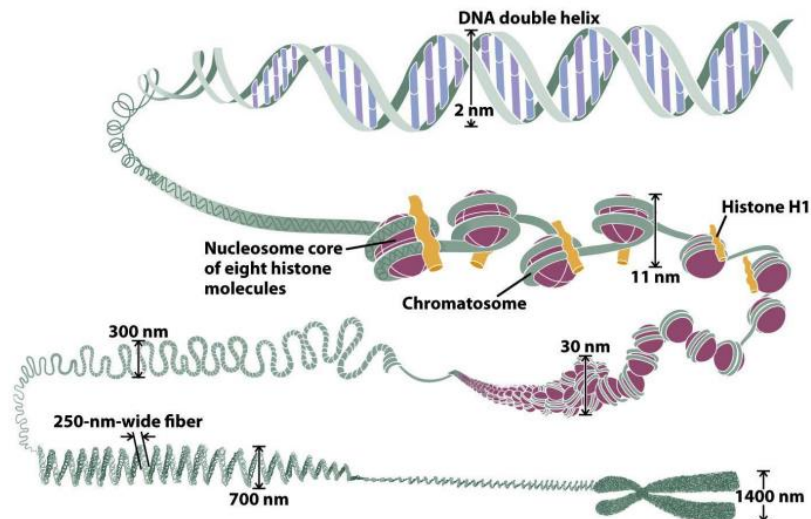


Figura 15. Niveles crecientes de organización del ADN. De arriba abajo: doble hélice (estructura secundaria), que se pliega en octámeros de ADN con histonas, dando lugar al nucleosoma; posteriormente, se pliega sobre sí mismo dando lugar al solenoide. Por último, en la división celular, esto se compacta aún más, generando cromosomas (Nelson y Cox, 2018).

3.2.4. Propiedades fisicoquímicas de los ácidos nucleicos

Los ácidos nucleicos, ADN y ARN, presentan unas características a nivel físico y químico que es importante conocer a la hora de trabajar con ellos en el laboratorio y de comprender su comportamiento en los distintos medios de trabajo y en los organismos.

Destaca, por ejemplo, la propiedad ácida de estas moléculas cuando se hallan en disoluciones de H_2O , ya que los aniones que contienen son derivados del ácido fosfórico, aportando acidez al medio y reduciendo el pH de los medios acuosos en los que se encuentran.

Por otro lado, son moléculas muy viscosas, cuya densidad es directamente proporcional a la cantidad de nucleótidos de guanina y citosina que contengan, que aparecen siguiendo una proporción característica en cada organismo. Además, presentan su máximo de absorción de la radiación ultravioleta-visible a 260 nm. Ambas características facilitan su identificación y cuantificación en el laboratorio mediante técnicas de análisis espectrofotométrico de ultravioleta-visible, ampliamente utilizadas en este ámbito (Farfán, 2015).

3.2.5. Localización y distintas organizaciones del ADN

Las características, disposición y localización del ADN podrán diferir entre organismos de distinta naturaleza.

Por ejemplo, los virus suelen contener una única molécula de ADN. Ésta, según el tipo de virus, puede ser de tipo circular y lineal; además de ser bicatenaria (como el resto de organismos, formando la doble hélice) o monocatenaria, si contiene una sola hebra de poli-desoxirribonucleótidos. En muchas ocasiones, los virus presentan su ADN recubierto por una estructura a base de proteínas llamada cápside, donde es transportado y queda protegido del exterior.

En los organismos procariotas, como las bacterias, el ADN se presenta de dos formas: como la unidad de material genético principal de la célula, conformando el cromosoma bacteriano; y como moléculas complementarias de información genética, denominadas plásmidos. El cromosoma bacteriano se trata de una sola molécula de ADN bicatenaria localizada en el citoplasma, ya que estos organismos no presentan núcleo. Sus extremos se encuentran unidos, adquiriendo forma de anillo. Al microscopio electrónico, se puede apreciar una estructura conocida como nucleoide.

Por otro lado, los plásmidos están compuestos por un menor número de nucleótidos que el cromosoma, y su duplicación ocurre de forma independiente al cromosoma principal. Se caracterizan por contener genes de resistencia a antibióticos y determinantes de virulencia bacteriana.

En eucariotas, la mayor parte del ADN se encuentra concentrada en el núcleo celular, y presenta estructura bicatenaria superenrollada y asociada a proteínas, formando la cromatina y los cromosomas. Además del ADN nuclear, aparecen cadenas dobles de ADN circular en el interior de mitocondrias y cloroplastos, cuya duplicación, al igual que pasaba con los plásmidos bacterianos, es independiente al ADN principal de la célula. En este caso, suele presentar los genes responsables de la síntesis de ARN ribosómico y transferente, así como de enzimas del metabolismo energético, que tiene lugar en estos orgánulos (Gómez-Aguado *et al.*, 2015).

3.2.6. El ácido ribonucleico: ARN

El ARN es un polímero de nucleótidos formados por un grupo fosfato, una pentosa (en este caso, la ribosa) y una base nitrogenada: adenina, uracilo, citosina o guanina, siendo el uracilo la base complementaria a la adenina en este caso.

Estas moléculas, en células eucariotas, se localizan tanto en el núcleo como en el citoplasma, llevando a cabo diversas funciones de transmisión de información. Además, suelen ser más cortas que las moléculas de ADN y presentarse en forma monocatenaria. En algunos virus, puede ser su unidad de transmisión genética, sustituyendo al ADN.

La función principal de esta molécula es mediar la síntesis de proteínas concretas según indiquen los genes contenidos en el ADN del organismo. En ello, intervienen varias clases de ARN: el ARN mensajero, el ARN de transferencia y el ARN ribosómico. Además, existen otros tipos de ARN de menor tamaño, que cumplen diversos roles celulares: regulan la expresión de los genes, como el ARN de silenciamiento (*ARNsi*), que inhibe la expresión de los mismos; el micro-ARN (*miARN*), también regulador de la expresión de genes del ADN, y que ha mostrado participar en el desarrollo de diversos cánceres; el ARN heterogéneo nuclear (*ARNhn*), precursor del ARN mensajero; el ARN pequeño nuclear (*ARNsn*), que se asocia con proteínas para la maduración del ARN mensajero; o el ARN citoplasmático pequeño (*ARNsc*), que participa en el envío de proteínas a sus destinos finales. Se exponen a continuación en detalle los principales tipos de ARN:

- ARN mensajero (ARNm)

Son cadenas de ribonucleótidos que contienen la misma secuencia que un fragmento de la cadena de ADN del organismo. En eucariotas, se crean en el núcleo y salen al citoplasma, hasta el ribosoma, donde transmiten el mensaje genético contenido en los genes nucleares. Cuando el ribosoma interpreta su mensaje, media la síntesis de una proteína completa.

La vida de estas moléculas es de corta duración y su longitud también suele ser escasa. Así, se evita que la producción proteica ocurra de forma indefinida en el tiempo (Torralba *et al.*, 2009).

- ARN ribosómico (ARNr)

Compone la estructura de los ribosomas y es el más abundante en las células, conformando un 80-85% del contenido total de ARN celular. Integra muchos subtipos de ARN, que difieren en su coeficiente de sedimentación. Este valor define la velocidad a la que una partícula sedimenta cuando se somete a un proceso de centrifugación, y está íntimamente relacionado con el tamaño y forma de la molécula. Así, en los organismos procariotas podemos encontrar ARNr con coeficientes 5S, 16S y 23S; mientras que en eucariotas existen ARNr 5S, 5,8S, 18S y 28S. Alberga moléculas de elevada longitud y de cadena sencilla en su mayoría, aunque pueden encontrarse bases

emparejadas en algunas zonas de la cadena, formando estructuras diversas, como horquillas y bucles (Figura 16) (Nelson y Cox, 2018).

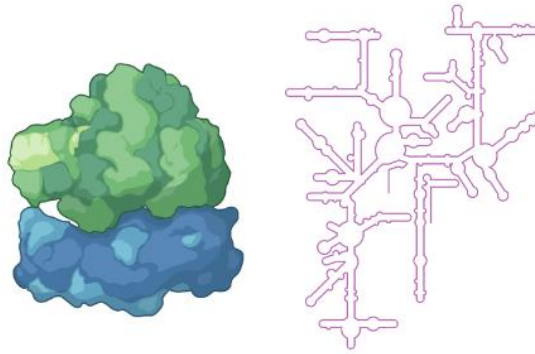


Figura 16. ARN ribosómico. A la izquierda, se ve cómo compone las dos subunidades del ribosoma (junto con algunas proteínas). A la derecha, se observan sus regiones de complementariedad de bases, en las que forma estructuras de bucle y horquilla de forma irregular.

- ARN transferente (ARNt)

Son cadenas cortas de ARN con una estructura en forma de hoja de trébol: presenta cuatro horquillas y tres bucles. Cada uno de ellos tiene una función específica. Representa alrededor de un 10% del ARN celular.

Tienen un papel crucial en la síntesis de proteínas: transportan los aminoácidos hasta el complejo que forman el ribosoma y el ARNm, realizando la correspondencia necesaria para colocar cada aminoácido en la posición que debe ocupar en la proteína. Así, cada molécula de ARNt será específica para un aminoácido, ya que tendrá una secuencia de tres bases nitrogenadas complementaria a la que porta el ARNm, es decir, a la correspondiente a un aminoácido concreto. Esta secuencia de tres nucleótidos del ARNt se denomina anticodón, y es complementaria al codón del ARNm.

Los tres lazos característicos de su estructura son componentes funcionales de la molécula, ya que cada uno ejerce una labor importante en el desarrollo de la función (Figura 17). El lazo D se sitúa en un lateral y sirve de lugar de unión de las enzimas aminotransferasas, que unen el aminoácido al extremo de la proteína en síntesis. Otro lazo, el T, sirve de anclaje al ribosoma, y se encuentra al otro lateral. Finalmente, el lazo inferior, denominado lazo anticodón, es el responsable de la correspondencia aminoácido-secuencia. Existe un pequeño lazo lateral, conocido como lazo variable, cuyos tamaño y composición difieren mucho entre distintas moléculas de ARNt, pudiendo contener entre 2 y 5 nucleótidos o hasta 20 de ellos.

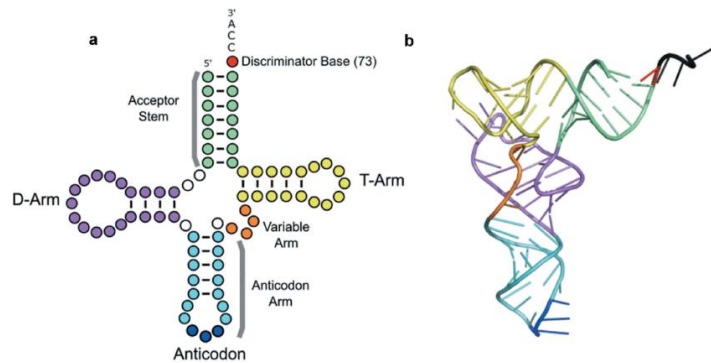


Figura 17. Estructura de una molécula de ARN de transferencia (Berg *et al.*, 2019).

3.3. La base molecular de la herencia: replicación del ADN

Como se ha visto, el ADN es la molécula que se encarga de transmitir la información genética de un individuo a su descendencia. Por ello, una célula madre, para que la información se transfiera fielmente, debe realizar copias exactas de su material genético antes de su división celular. Esto ocurre en todas las células, a través de un proceso denominado replicación del ADN, y tiene lugar durante la fase S del ciclo celular, previa a la división de la célula. Las células hijas, por tanto, tendrán una secuencia nucleotídica idéntica a la de la molécula de ADN del inicio.

Este proceso de duplicación del ADN presenta dos propiedades principales:

- Es semiconservativo. Tras muchos experimentos realizados en la segunda mitad del siglo XX, se ha determinado que, de las dos cadenas que componen una hélice de ADN de las células hijas, una de ellas es de nueva síntesis y la otra procede del ADN de la célula madre (Figura 18).
- Es bidireccional y simultánea. La replicación de ambas cadenas sencillas que componen una doble hélice ocurre al mismo tiempo, pero cada una se copiará y sintetizará su cadena de nueva síntesis en un sentido, opuesto al de su cadena complementaria (Gómez-Aguado *et al.*, 2015; Torralba *et al.*, 2009).

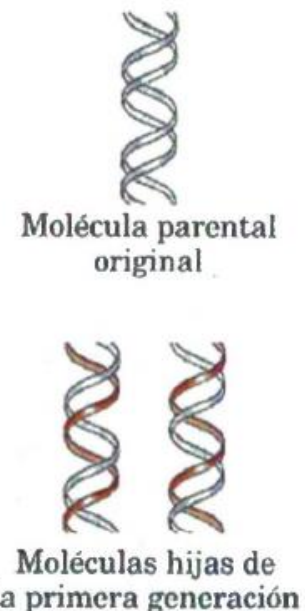


Figura 18. Esquema del modelo de replicación semiconservativa del ADN (Nelson y Cox, 2018).

3.3.1. El proceso de replicación en organismos procariotas

El mecanismo por el cual se copia el ADN es muy similar en todos los organismos. Por ello, se estudiará el proceso de replicación en procariotas para comprender la base de funcionamiento del mismo. Se toma de referencia para ello el proceso de replicación estudiado en *E. coli*. El fenómeno se divide en tres etapas secuenciales: iniciación, elongación y terminación.

- Fase de iniciación de la replicación.

En esta fase, la doble cadena comienza a desenrollarse. Esto no se inicia en cualquier lugar, sino en puntos específicos de la cadena, denominados orígenes de replicación, que se caracterizan por su riqueza en bases de adenina y timina. El origen de replicación es detectado por unas proteínas determinadas, llamadas ADN A, que se enlazan a él, abriendo la doble cadena y formando una burbuja, que facilita la llegada y la unión de más enzimas que continuarán el proceso.

De esta forma, puede tener lugar la llegada de la siguiente proteína participante: la enzima helicasa. Su función es romper los puentes de hidrógeno existentes entre las bases nitrogenadas de las dos cadenas sencillas de la hélice, de modo que va abriendo la cadena y separando las hebras sencillas progresivamente. No obstante, este desenrollamiento crea ciertas tensiones en las cadenas y en las zonas cercanas a la acción de la helicasa, por lo que entran en juego nuevas enzimas: la topoisomerasa y la girasa, que relajan estas tensiones generadas alrededor de la horquilla de replicación, evitando que se vuelvan a enrollar las cadenas.

Por otro lado, aparecen otras proteínas importantes, las SSB, que estabilizan las cadenas separadas, ayudando también a que vuelvan a unirse, y dejando los nucleótidos libres para que comience la síntesis de las nuevas cadenas.

Esto ocurre, como se ha expuesto, de forma simultánea en ambas hebras sencillas de una doble hélice. El esquema del proceso se puede observar en la Figura 19.

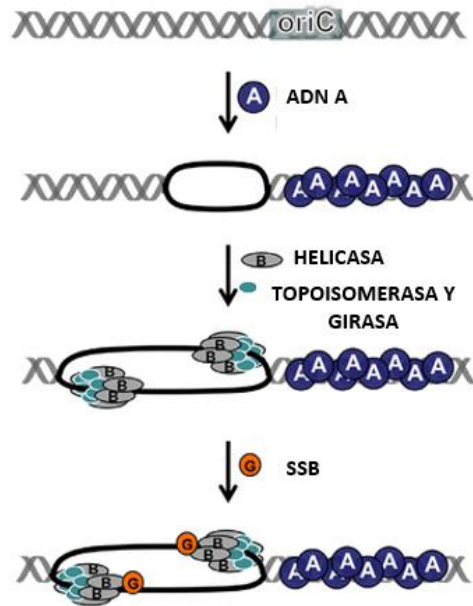


Figura 19. Fase de iniciación de la replicación en eucariotas. Imagen modificada extraída de (Tan y Tomkins, 2015).

- Fase de elongación de la replicación.

En esta etapa, se realiza la síntesis propiamente dicha de las dos nuevas cadenas, cada una complementaria a una de las hebras sencillas de la doble hélice inicial.

Una vez se ha formado la burbuja de replicación (región en la que se encuentran ambas hebras separadas), continuarán trabajando las distintas enzimas necesarias para la creación de nuevo ADN. La más importante es la ADN polimerasa III, que se encarga de unir entre sí los nucleótidos para dar lugar a las cadenas de ADN.

Sin embargo, la ADN polimerasa III es incapaz de reconocer por sí misma los lugares en los que iniciar la replicación y en los que unirse a la hebra modelo del ADN. Sólo lo consigue detectando unos fragmentos cortos de ARN, que deben encontrarse unidos a ella, y que se llaman cebadores. Estos fragmentos tienen un grupo OH, es decir, un extremo 3' libre, al que pueden unirse nuevos nucleótidos de ADN. Por ello, antes de comenzar la síntesis de ADN, entra en juego una nueva enzima: la ARN primasa, que sintetiza estos cebadores en los lugares donde debe unirse la ADN polimerasa III, a los que dará una secuencia complementaria a la hebra de ADN a la que se encuentran unidos.

Una vez hecho esto, la ADN polimerasa III detecta los cebadores y se une a la cadena, comenzando la síntesis de la nueva hebra de ADN. Recorre la hebra molde y selecciona los nucleótidos de desoxirribosa complementarios a la cadena que está leyendo, y los une a ella. Los nucleótidos que toma tendrán tres grupos fosfato, como el ATP o similares, de modo que, a la vez que crean la estructura del ácido nucleico, aportan la energía necesaria para que pueda realizarse el proceso.

Sin embargo, como se ha mencionado, esta síntesis ocurre de forma bidireccional, lo que supone un problema en este proceso, ya que la ADN polimerasa III trabaja en 5'-3', es decir, desde un extremo fosfato a un extremo hidroxilo de la cadena. Por ello, la cadena complementaria a sólo una de las hebras podrá crearse de forma continua sin problemas y a partir de un único fragmento de cebador. Ésta será la hebra conductora.

Por otra parte, la otra cadena inicial, que se dispone de forma antiparalela a su complementaria, no podrá leerse de un golpe, ya que presenta una orientación opuesta. Para ello, la primasa sintetizará numerosos ARN cebadores a lo largo de esta hebra, llamada hebra retardada. Tras esto, la ADN polimerasa III será capaz de sintetizar esta nueva cadena creando pequeños fragmentos, que irá produciendo en sentido 5'-3', y que posteriormente se unirán entre ellos. Estos trozos de ADN recién sintetizados se denominan fragmentos de Okazaki, en honor a la investigadora japonesa que los descubrió.

Para finalizar esta fase, será necesaria la actividad de otra nueva enzima: la ADN polimerasa I, cuya función es eliminar los fragmentos de ARN que constituyen los cebadores y sustituirlos por los nucleótidos de ADN que les corresponden. Por último, la ADN ligasa, una nueva enzima, se encarga de unir todos los fragmentos de Okazaki, completando la producción de la hebra retardada. A su vez, las ADN polimerasas realizan otra función: ejercen actividad exonucleasa, que consiste en detectar posibles errores cometidos a la hora de adicionar los nucleótidos complementarios, y sustituye los que están mal colocados por los correctos. La Figura 20 representa el proceso de elongación en ambas cadenas (arriba, la hebra continua; abajo, la retardada). La estructura representada, formada por las cuatro cadenas, se conoce como horquilla de replicación, y presenta esa característica forma de Y.

- Fase de terminación de la replicación.

Todo lo anterior va ocurriendo hasta que la maquinaria de replicación se encuentra con una secuencia específica de terminación. A ella, se une otra proteína específica que bloquea el avance de la helicasa y hace que se disocie del ADN el resto de maquinaria de replicación. La ausencia de helicasa, topoisomerasas y girasas hará que las nuevas cadenas se enrollen con las que le han servido de molde. Por tanto, el resultado será dos dobles hélices compuestas por una hebra de nueva síntesis y otra procedente del ADN de la célula madre (Alcamí *et al.*, 2016; Gómez-Aguado, 2015; Torralba *et al.*, 2009).

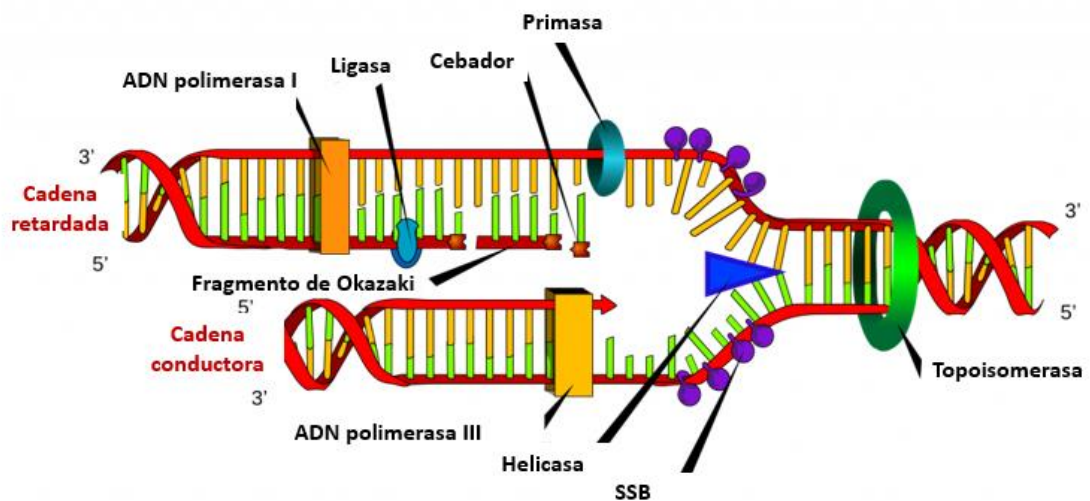


Figura 20. Esquema del proceso de la fase de elongación del ADN. Imagen extraída de (Dovey, 2021) y modificada.

- La replicación en organismos eucariotas

En organismos de origen eucariótico, el proceso de replicación ocurre de forma similar a su desarrollo en procariotas. No obstante, existen ciertas diferencias entre ambos procesos, dada la mayor complejidad de los organismos eucariotas.

Por ejemplo, las moléculas de ADN eucariótico presentan una longitud mayor que las de origen procariótico. Por ello, en lugar de uno, existen varios orígenes de replicación en una misma molécula. Además, los fragmentos de Okazaki son más cortos (alrededor de diez veces más pequeños) y, por tanto, la velocidad a la que ocurre el proceso también se ve reducida.

En eucariotas, por otro lado, para que tenga lugar la replicación, es necesaria la intervención de cinco tipos de enzimas ADN polimerasa: α , β , γ , δ y ϵ . Cada una de ellas tiene una función específica en la síntesis y reparación del ADN. Concretamente, la ADN polimerasa γ es responsable de la duplicación del ADN mitocondrial. A la vez que ocurre la replicación del ADN, por otra parte, se van sintetizando nuevas proteínas histonas.

Por último, en los cromosomas eucarióticos, finaliza la replicación cuando la maquinaria alcanza un extremo del cromosoma denominado telómero, rico en nucleótidos que contienen guanina. Cuando el ARN cebador de esa región es suprimido, la ADN polimerasa es incapaz de rellenar ese hueco y, por ende, con el paso de las generaciones celulares, se va acortando la cadena de ADN. Si llegan a perderse regiones que contienen genes importantes con este acortamiento, puede desencadenarse la muerte de las células afectadas. Siendo así, las células eucariotas contienen una enzima más, la llamada telomerasa, que se encarga de evitar este acortamiento y de mantener constante la longitud cromosómica de las especies (Alcamí *et al.*, 2016).

3.4. El flujo de la información genética: transcripción y traducción.

La utilidad de toda la información contenida en el ADN de las células no es otra que ser expresada, es decir, deben sintetizarse en la célula determinadas proteínas siguiendo las instrucciones que indican los genes. Así, nace el dogma central de la biología molecular (Figura 21), que explica cómo fluye la información genética, desde que está almacenada hasta que se expresa, en el interior de una célula de cualquier tipo. Lo hace la siguiente manera: a partir de ADN se sintetizan moléculas complementarias de ARN, mediante un proceso llamado transcripción. La función del ARN será transportar la información contenida en los genes a otros lugares de la célula. En concreto, a los ribosomas, donde se interpretará la información transportada por el ARN y se sintetizará, según las indicaciones de la misma, una proteína. Este último proceso se conoce como traducción.



Figura 21. Esquema de los procesos que componen el dogma central de la biología molecular (Olmo y Nave, 2017).

3.4.1. Transcripción del ADN a ARN

En este proceso, se realiza una copia del mensaje genético, almacenado en forma de ADN, en una molécula de ARN, que puede ser aprovechada para sintetizar proteínas. Al igual que en la replicación, este proceso puede dividirse en tres fases homónimas a las de la replicación: iniciación, elongación y terminación.

La transcripción comienza en una región del ADN denominada promotor, que tiene una secuencia específica. La cualidad de esta secuencia es que es reconocida la enzima encargada de la síntesis del ARN e induce su reclutamiento: es la ARN polimerasa. En la transcripción del ADN en organismos eucariotas, serán necesarias unas proteínas denominadas factores de transcripción, que se unirán al promotor, facilitando su reconocimiento por parte de la enzima. La ARN polimerasa, entonces, hará que las cadenas del ADN se abran, uniéndose, en este caso, solo a una de ellas, y creando un área en el que las cadenas estarán separadas, llamada burbuja de transcripción.

Tras ello, se da por iniciada la fase de elongación. La ARN polimerasa trabaja de forma análoga a la ADN polimerasa: se encargará de seleccionar nucleótidos, en este caso de ribosa, complementarios a la cadena de ADN que está recorriendo. De igual forma, la recorrerá en sentido 3'-5', e irá añadiendo nucleótidos y sintetizando el polímero de ARN en sentido 5'-3'.

Por último, la terminación de la transcripción consistirá en el reconocimiento, por parte de la ARN polimerasa de unas secuencias específicas de bases en el ADN, que producen la terminación de la transcripción. Esta secuencia se llama señal de terminación y, cuando es recorrida por la ARN polimerasa, ésta se disocia del ADN y del ARN recién transcrito. Por ende, se cierra la burbuja de replicación y el ADN recobra su estructura helicoidal.

- La transcripción en eucariotas.

Al igual que en el caso de la traducción, el proceso de transcripción en organismos de tipo eucariota es más complejo que en procariotas, a pesar de que, en esencia, ocurren de la misma manera.

Entre las diferencias, cabe mencionar la localización del proceso: en el citoplasma, de forma simultánea a la traducción, en el caso de bacterias; en el interior del núcleo en el caso de eucariotas. Otra disimilitud entre ambos tipos de organismos recae en la existencia de 3 tipos de ARN polimerasas en organismos eucarióticos: I, II y III, que se encargan, respectivamente, de la síntesis del ARNm, ARNr y ARNt.

Además, en la etapa de elongación de la cadena de ARN, se crea en su extremo 5' lo que se conoce como *caperuza*, una molécula de 7-metilguanosina-trifosfato. Servirá de protección contra la degradación y actuará como marcador que, reconocido por las enzimas adecuadas de la maquinaria de traducción, procederán al inicio de la misma.

Por otro lado, en procariotas, la señal de terminación se corresponde con una secuencia palindrómica rica en nucleótidos de guanina y citosina (además de varias timinas), que se emparejan entre ellas, formando un bucle en el extremo final del ARN sintetizado. Esto no es así en organismos eucariotas, que se sintetizan moléculas de ARN de elevada longitud, dada la mayor complejidad y largueza de la molécula en estos seres. Por ello, existen a lo largo de la cadena algunas secuencias denominadas señales de poliadenilación, con una secuencia definida: AAUAA. Al ser recorrida por la maquinaria de transcripción, se corta la molécula de ARN y la ARN polimerasa sigue sintetizando un nuevo fragmento.

Por último, al final de la transcripción, en eucariotas tiene lugar la adición de una cola de poli A, constituida por múltiples nucleótidos de adenina, en el extremo 3' del ARN sintetizado, que participa en la maduración del *ARNhn* y en su translocación al citoplasma (McKee y McKee, 2014).

- Procesos de maduración del ARN.

En células procariotas, la traducción ocurre de forma simultánea a la transcripción en muchos casos, por lo que el ARNm sintetizado no requiere ningún proceso de maduración. No obstante, para obtener los fragmentos necesarios de ARNr y ARNt, el ARN transcrito deberá sufrir ciertos cortes por la acción de enzimas específicas.

En células eucariotas, una vez finalizada la transcripción, tendremos una molécula de ARN conocida como ARN heterogéneo nuclear (*ARNhn*), el precursor del ARNm. El *ARNhn* se transformará en ARNm maduro tras una serie de alteraciones.

Cada gen codificado en el ADN combina dos tipos de secuencias en su extensión: los intrones, que no contienen información correspondiente con aminoácidos; y los exones, que contienen información para la colocación de determinados aminoácidos en la síntesis de proteínas. Por ello, en el proceso de maduración, se llevará a cabo un mecanismo de corte y empalme, en el que se eliminarán estos intrones, dejando únicamente los exones debidamente unidos entre ellos (Figura 22).

Para ello, será necesaria la acción de determinadas proteínas, como las *RNPpn*, que, junto con otras, forman un gran complejo capaz de llevar a cabo este proceso. Así, se eliminan los intrones por un mecanismo de complementariedad, hasta que una ARN ligasa une los exones restantes. Tras la maduración, en *ARNhn* ha pasado a ser ARNm maduro (McKee y McKee, 2014).

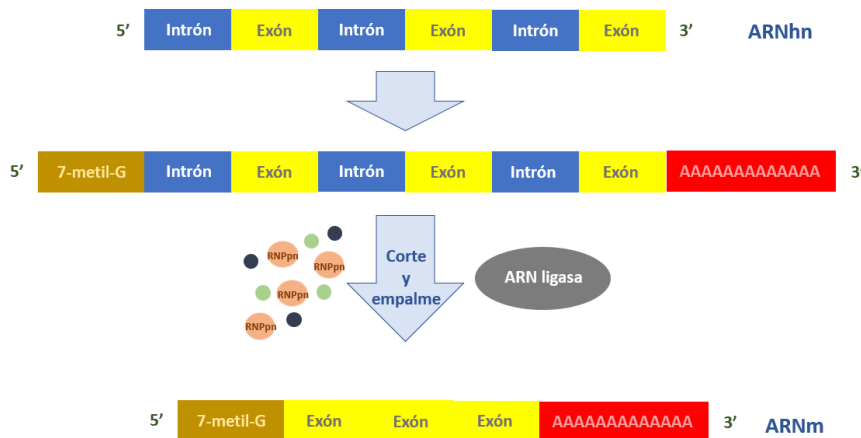


Figura 22. Esquema de los procesos de modificación y maduración del ARNhn en eucariotas hasta que deriva en ARNm.

3.5. Un gen, una proteína: la traducción del ARN

Una vez se ha copiado la información contenida en los genes para la síntesis de proteínas, formando el ARNm, llega la hora de pasar a la siguiente fase del ciclo de expresión de la información: la interpretación, por parte de los ribosomas, de este mensaje y la consecuente adición secuencial de aminoácidos para elaborar una proteína. Para que esto ocurra, los organismos utilizan el código genético.

El código genético alberga el conjunto de relaciones entre la secuencia de nucleótidos del ARNm, más concretamente, la sucesión de bases nitrogenadas que estos contienen, y los aminoácidos con los que se corresponden. Al existir menos variedad de bases nitrogenadas que de aminoácidos, se necesita una secuencia de tres nucleótidos para que equivalga a un aminoácido. Esta secuencia se llama codón.

Así, en la síntesis de proteínas, cada vez que la maquinaria detecte un codón de tres bases propio de un aminoácido específico, se colocará ese aminoácido en la cadena peptídica en síntesis. De esta forma, el orden en el que se dispongan las bases en el ADN determinará el orden en el que lo hagan los aminoácidos en la proteína.

El “idioma” que representa el código genético es universal, es decir, las correspondencias son las mismas en todas las especies y tipos celulares, incluyendo virus. Esto permite que cualquier organismo pueda sintetizar proteínas de otras especies si se le introduce el material genético adecuado, creando una herramienta muy útil para el ámbito biotecnológico.

Además de los codones correspondientes a los aminoácidos, existen codones determinados que indican la iniciación de la traducción, el codón AUG, correspondiente al aminoácido metionina; y otros que, al ser detectados por la maquinaria de traducción, inducen el final de la misma y la liberación de la proteína sintetizada. Estos son UAA, UAG y UGA, y no se corresponden con ningún aminoácido.

Por último, existen varios codones diferentes que pueden dar lugar a la colocación de un mismo aminoácido (Tabla 1). Por ejemplo, tanto UGC como UGU darán lugar al posicionamiento de una cisteína. Para hacer referencia a esta propiedad del código genético, se dice que es degenerado.

Tabla 1. Código genético. Cuadro de correspondencia de los codones de ARNm y los aminoácidos correspondientes (Esberg, 2021).

UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA } Stop UAG }	UGU } Cys UGC } UGA } Stop UGG } Trp
CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }
AUU } AUC } Ile AUA } AUG } Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }
GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }

- El proceso de traducción del ARNm

El proceso de traducción tiene lugar en los ribosomas, cuya estructura está diseñada para su principal función: la síntesis de proteínas. Constan de dos subunidades, una mayor, a la que se unirá el ARNm procedente de la transcripción; y otra menor, al que se unirán dos moléculas de ARNt: una de ellas, unida a la proteína que se está sintetizando, se unirá al sitio P; la otra será la que transporta el nuevo aminoácido que va a unirse a la proteína, y se unirá al sitio A. Una vez descargado el ARNt, tras ofrecer su aminoácido a la cadena peptídica en crecimiento, pasa el sitio E, que es el sitio de salida (Figura 23).

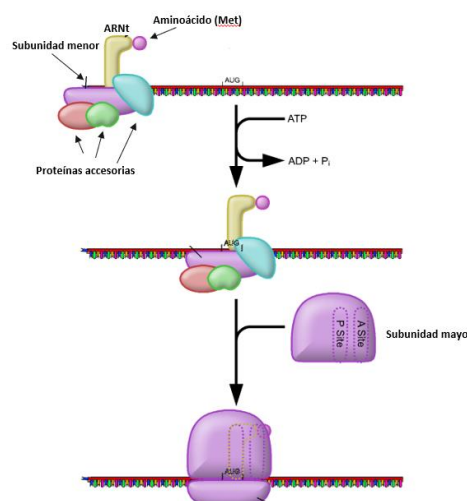


Figura 24. Esquema de la fase de iniciación de la traducción (Warren, 2021). Imagen modificada.

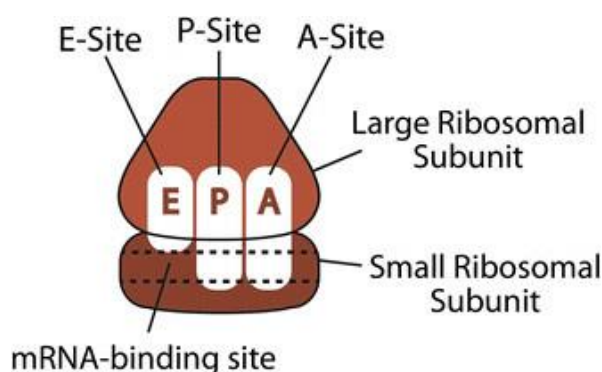


Figura 23. Esquema de la estructura del ribosoma (Cevallos *et al.*, 2017).

Los ARNt llegan al ribosoma cargados con su aminoácido correspondiente gracias a la acción previa de una enzima, denominada aminoacil-ARNt-sintetasa. La proteína coloca el aminoácido correspondiente en la molécula de ARNt que contiene el anticodón complementario al codón del ARNm que codifica para ese aminoácido. Una vez se han preparado estas moléculas, comienza el proceso de traducción, que consta de tres fases: iniciación, elongación y terminación.

- Iniciación de la traducción. El ARNm se incorpora a la subunidad menor del ribosoma, enlazándose a través del codón de iniciación AUG. Al mismo tiempo, una molécula de ARNt cargado con una metionina, cuyo anticodón contiene la secuencia UAC, se une al sitio P de la subunidad mayor del ribosoma. Cuando esto ocurre, se ensamblan las subunidades mayor y menor del ribosoma, que requieren energía (la hidrólisis de una molécula de ATP) para ello. El codón y el

anticodón establecen puentes de hidrógeno entre sus bases nitrogenadas. Todos estos componentes forman lo que se conoce como complejo de iniciación (Figura 24).

- Elongación de la traducción. Tras la formación de este complejo, un nuevo ARNt cargado con el siguiente aminoácido se dispone en el sitio A de la subunidad mayor del ribosoma. Se coloca el segundo aminoácido detrás de la metionina inicial, y la enzima peptidil transferasa establece un enlace peptídico entre ambos aminoácidos. El primer ARNt, colocado en el sitio P, se desenlaza del ribosoma, mientras que el ARNt localizado en el sitio A pasa a portar un dipéptido, constituido por el primer y segundo aminoácido de la cadena. Tras ello, el ribosoma se desplaza en sentido 5'-3', de modo que el ARNt se coloca ahora en el sitio P, dejando el lugar A libre para una nueva molécula de ARNt cargada. Este desplazamiento ribosomal se denomina translocación, y ocurre sucesivamente, a medida que se van adicionando aminoácidos a la cadena (Figura 25).
- Terminación. Cuando llega al sitio A del ribosoma un codón de terminación de la traducción, no existen moléculas de ARNt con un anticodón complementario a ellas, por lo que el sitio A se mantiene vacío. Esto desencadena que la enzima peptidil transferasa disocie el ARNt del sitio P de la cadena peptídica, y la posterior dispersión de todo el complejo, quedando terminada la proteína, y libre en el citoplasma (Figura 25) (Gómez-Aguado, 2015; McKee y McKee, 2014).

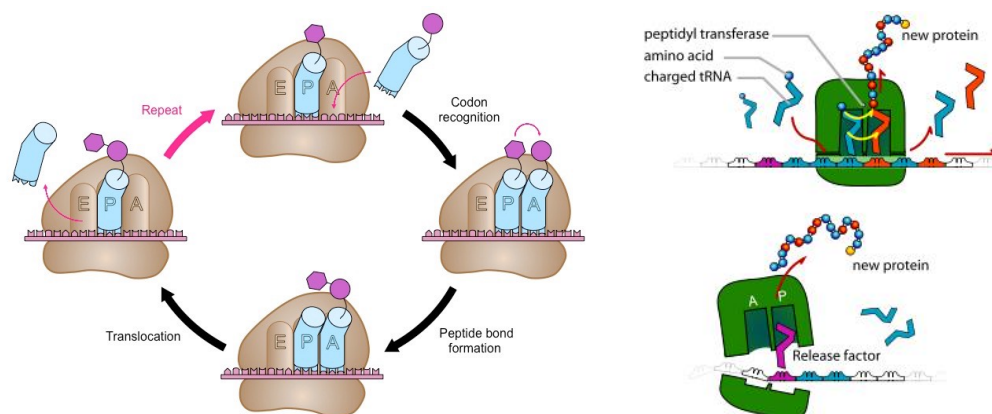


Figura 25. Esquemas de las fases de elongación de la cadena polipeptídica (izquierda) y terminación (derecha) de la traducción, cuando el codón de parada aparece en el sitio P del ribosoma (Warren, 2021).

3.6. Enzimas asociadas a los ácidos nucleicos.

Todos los procesos recién tratados requieren la presencia y actividad de numerosas enzimas especializadas, muchas de las cuales ya se han presentado en los epígrafes precedentes, y cuya función y funcionamiento ha sido expuesto. Estas enzimas, junto con otras, pueden ser aisladas de organismos o bien sintetizadas de forma artificial, de modo que puedan utilizarse en técnicas de biología molecular, biotecnología e ingeniería genética cuando se quieran reproducir algunos de los procesos expuestos en los apartados. Estas enzimas son de vital importancia para la síntesis de hormonas a nivel industrial, como la insulina artificial; o para técnicas de análisis genético, como la realización de pruebas PCR, que consiste en la realización de un enorme número de ciclos de replicación a partir de un fragmento de ADN, con el fin de secuenciarlo, analizarlo o facilitar su manipulación o modificación.

Además de las ya vistas, otras de las enzimas más interesantes en el laboratorio de biología molecular son las nucleasas. Se trata de enzimas con capacidad de hidrólisis de enlaces fosfodiéster, de forma que fragmentan y degradan los aminoácidos. Existen distintos tipos, según corten en extremos de las cadenas (exonucleasas) o en puntos del interior (endonucleasas); hagan cortes específicos o aleatorios; o sean específicas para el ADN o el ARN.

Dentro de las nucleasas, adquieren especial importancia las llamadas endonucleasas de restricción. Son endonucleasas, capaces de realizar cortes bicatenarios cuando reconocen ciertas secuencias, denominadas dianas de restricción. Al reconocer secuencias específicas, pueden ser de gran utilidad cuando se trabaja con secuencias de ADN conocidas. Permiten, así, introducir fragmentos de ADN exógeno en una cadena, permitiendo la adición de nuevos genes de interés a una secuencia, lo que se corresponde con procesos de clonación (Figura 26). Además, pueden utilizarse en técnicas de identificación de individuos, analizando el patrón de fragmentos obtenidos tras tratar una muestra de ADN con estas enzimas. El número y el tamaño de los fragmentos obtenidos tras el corte de estas enzimas será característico de un individuo o especie.

Algunas de las más utilizadas, se denominan *EcoRI*, *HindIII*, *BamHI*, *TaqI*, *PvuII*, etc. Su nombre procede del organismo del que fueron aisladas inicialmente, así como la cepa y el puesto cronológico en el que esa enzima ha sido descubierta en ese organismo. Por ejemplo, *EcoRI* fue la primera enzima (I) descubierta en la cepa RY13 (R) de la bacteria *E. coli* (Eco).

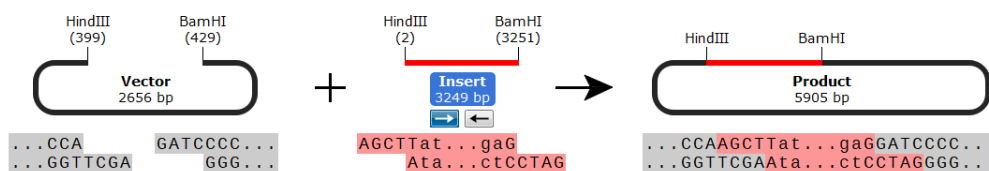


Figura 26. Esquema de un proceso de clonación mediado por enzimas de restricción. Un fragmento de ADN ha sido cortado con las enzimas *HindIII* y *BamHI*, que han realizado el corte en sus dianas específicas. Introduciendo genes exógenos cortados con las mismas enzimas que contienen, por tanto, extremos complementarios a los anteriores, podemos obtener una nueva secuencia de ADN híbrido, a la que se le ha introducido el gen de interés (SnapGene®, 2021).

Destaca, por otro lado, la utilidad de otros tipos de enzimas en el laboratorio, como las retrotranscriptasas, capaces de sintetizar ADN a partir de ARN, que permite estudiar las secuencias y estructuras de las moléculas de ARN, realizando novedosas técnicas como la RT-PCR, de la que se hablará a continuación. Entre otras enzimas, será crucial la disponibilidad en el laboratorio de muchas de las enzimas tratadas en el epígrafe: ADN polimerasas, ligasas o topoisomerasas, cuyas propiedades ya se han expuesto, junto a muchas otras. Se seleccionarán las variantes de las mismas más adecuadas, dependiendo de técnica y el organismo con el que se vaya a trabajar (Gómez-Aguado, 2015).

3.7. Aplicaciones de la Biología Molecular y sus enzimas en la actualidad

El hallazgo de estos avances ha supuesto una revolución en el mundo de la medicina, abriendo un amplio abanico de posibilidades. En las últimas décadas, se han desarrollado diversas técnicas de enorme utilidad, fundamentadas en el conocimiento de las bases de la biología molecular.

Una de las más destacadas es la PCR (reacción en cadena de la polimerasa), que sirve para hacer numerosas copias de un fragmento de ADN, facilitando su identificación y secuenciación. Esto permite, además de realizar estudios genéticos, realizar diagnósticos para caracterizar la presencia de diversos microorganismos, como ocurre diariamente en la detección del Sars-cov-2. Además, se han desarrollado novedosas variantes del método, como la PCR para fragmentos grandes, la PCR a tiempo real (en la que se identifican los amplicones a medida que ocurre la amplificación); o la RT-PCR (PCR con transcripción inversa), que permite, por ejemplo, detectar virus de ARN o conocer perfiles de expresión génica (Gómez-Aguado, 2015).

Estos conocimientos permiten el desarrollo de estrategias ulteriores, como la clonación, que consiste en la introducción de genes determinados, procedentes de otros

organismos, en el genoma de un organismo completo. Esto permitiría, por ejemplo, la sustitución de genes responsables de enfermedades congénitas por otros, inocuos. Además, es la base de la creación de los organismos transgénicos, que facilitan día a día la productividad en la agricultura de una forma sostenible con el Medio Ambiente.

De igual forma, la secuenciación permite la detección de mutaciones y la identificación de secuencias responsables de muchas de las anomalías existentes en la población. Las técnicas de hibridación y la adición de sondas al material genético, permiten su caracterización y la detección de secuencias específicas. Permiten, a su vez, la elaboración de huellas genéticas, propias de cada individuo, facilitando el trabajo en estudios de paternidad y en casos de criminalística en el campo de la medicina forense.

Asimismo, conocer el fundamento molecular de las células permite comprender la base del surgimiento y desarrollo de una de las enfermedades más importantes en nuestros días: el cáncer. Por ejemplo, la aparición de errores no corregidos en el proceso de replicación del ADN en zonas de alta susceptibilidad puede derivar en la reorganización de los cromosomas. Así pueden activarse genes que inducen a la proliferación descontrolada de las células y, por ende, al desarrollo de tumores. Por otra parte, los distintos tipos de moléculas de ARN tratados han mostrado tener un papel en el desarrollo de esta enfermedad. Entre ellos, la alteración en el comportamiento de los *miARN*, cuyo papel es regulador, puede derivar en la activación de oncogenes (genes que provocan cáncer), causando respuestas celulares de proliferación o de resistencia a la muerte celular. Por su parte, la inactivación de los *siARN* puede desinhibir los llamados genes supresores de tumores, desencadenando una respuesta tumoral en el organismo (Jang *et al.*, 2018; Peng y Croce, 2016).

4. Enfoque didáctico

La enseñanza de los contenidos correspondientes a la unidad didáctica de “Ácidos nucleicos y enzimas asociadas”, será crucial para el desarrollo y la preparación del alumnado para su futuro profesional o pedagógico en el ámbito científico. Conocer la estructura de las moléculas y el funcionamiento de los procesos que se llevan a cabo en el interior celular para que tenga lugar el flujo y la transmisión de la información genética, es de vital importancia para crear la base conceptual de muchas de las tareas que debe realizar un profesional en el ámbito la salud. Además, estos contenidos serán los cimientos sobre los que los jóvenes adquirirán un mayor nivel profundidad en el tema cuando comiencen diversos grados universitarios del campo de las ciencias experimentales o de la salud.

Además, el alumnado de la etapa de Bachillerato debe desarrollar ciertas capacidades de razonamiento, por lo que se espera que adquiera un espíritu crítico acerca de temas actuales de interés, como son los avances en la Biología Molecular. Por ello, les será muy útil conocer el fundamento de estas investigaciones para elaborar una opinión consolidada sobre ello. Por otra parte, estos estudiantes presentan ya habilidades suficientes para comprender procesos moleculares más complejos y, a su vez, les resultarán de interés, dada la rama de conocimientos hacia la que han enfocado sus estudios. A estos alumnos les parecerá fascinante conocer en profundidad los aspectos más abstractos del funcionamiento de nuestro organismo.

4.1. Análisis psico-pedagógico del alumnado

Con el fin de llevar a cabo un proceso de enseñanza de los contenidos de la forma más óptima, teniendo en cuenta el alumnado al que se dirige, es de interés realizar un análisis previo de las capacidades cognitivas del mismo. A su vez, hay que indagar en el modo de procesamiento de la información de su cerebro, que transformará la información recibida durante la unidad didáctica en un aprendizaje significativo, interiorizado y aplicable a diversas situaciones.

Según las conclusiones del ilustre psicólogo suizo Jean Piaget, existen diferencias cualitativas en el modo de pensamiento entre distintas edades. A medida que un niño va creciendo, va experimentando diferentes etapas en su desarrollo cognitivo y cambiando así la forma en la que procesa la información que recibe. Estos estadios son, secuencialmente: el estadio sensorio-motor, el pre-operacional, el de realización de operaciones concretas y el de realización de operaciones formales. Éste último comienza a desarrollarse al inicio de la adolescencia, y se va desplegando a lo largo de ella (UNIR, 2020c). Los alumnos del grupo al que van dirigidos los contenidos tratados, aunque se encuentran en etapas heterogéneas, se concentran mayoritariamente en las fases avanzadas de esta etapa, lo que los caracteriza por:

- Ser capaces de realizar operaciones abstractas, realizar conjeturas, suponer situaciones imaginarias y razonar de manera lógica sobre ellas.
- Llevar a cabo la metacognición acerca del propio pensamiento y ejecutar razonamientos hipotético-deductivos, en los que se sucede la formulación de hipótesis, la puesta a prueba de las mismas mediante la integración de distintas y la elaboración de conclusiones para alcanzar una solución.
- Desarrollar capacidades críticas, a nivel social y laboral, así como desplegar el lenguaje verbal como vehículo de pensamiento y la capacidad de realizar contrastaciones causa-efecto (Piaget, 1981).

En cuanto a la situación afectivo-social, los estudiantes más jóvenes de este grupo se caracterizan por hallarse en la adolescencia tardía. Por tanto, empiezan a ser más autónomos y dinámicos en sus círculos sociales: la amistad se vive de forma más independiente, y se profundiza en la intimidad y en la confianza. Aumenta la seguridad, el sentido de la responsabilidad y la sensación de identidad con uno mismo (Martínez, 2013). No obstante, muchos presentan un alto grado de dependencia del uso de redes sociales y dispositivos electrónicos como medio de comunicación principal, lo que les dificulta las habilidades sociales de forma presencial y directa, como la expresión oral, la escucha activa o la asertividad (Echeburúa y de Corral, 2010). Los grupos de edades más avanzadas tienen sus características sociales, de identidad y cognitivas más asentadas y un alto sentido de la responsabilidad y motivación.

4.2. Análisis de la metodología docente

El objetivo del análisis psico-pedagógico del alumnado no es otro que adaptar de la mejor manera las estrategias de enseñanza a sus capacidades e intereses. Por tanto, deben tenerse en cuenta las características de los estudiantes a la hora de seleccionar la metodología docente idónea. Esta decisión es importante para mantener al alumnado atento y motivado en el aprendizaje, a la vez que se consigue una profunda y correcta comprensión de los contenidos y conceptos tratados en la unidad, de modo que les sean de utilidad en el futuro y que, además les permita desarrollar sus competencias clave.

Además, para lograr estos objetivos, será vital conocer los conceptos de los que parte el alumnado. Es necesario analizar sus ideas previas sobre el tema para poder hacer hincapié en aquellas percepciones que sean erróneas. Estas ideas previas son construcciones que los sujetos elaboran para dar respuesta a su necesidad de interpretar fenómenos o conceptos científicos, y son construcciones personales muy resistentes al cambio (Bello, 2004). De hecho, Ausubel, Novak y Hanesian (1983) consideraron que el factor más importante que influye en el aprendizaje es lo que el alumno ya sabe.

Así, a partir de estas concepciones, podrá desarrollarse un sistema de aprendizaje constructivista, basado en una construcción activa de nuevo conocimiento a partir de “lo que ya se sabe”. Es decir, debe existir un conocimiento anterior que sirva de soporte al nuevo contenido. Ciertos autores establecen que la única manera de adquirir significativamente nuevas percepciones es relacionarlas con las primeras, cambiando las ideas previas por aquellas aceptadas científicamente. Este proceso se conoce como cambio conceptual, y es uno de los objetos de cualquier proceso de enseñanza (Fernández Hernández *et al.*, 2006).

Entre las principales ideas previas equivocadas más comunes en los jóvenes con respecto a la Biología Molecular, se encuentra la creencia de que ciertos seres vivos inanimados o microscópicos, como las bacterias o las frutas, no contienen ADN. También es frecuente creer que las técnicas de modificación genética, como la creación de organismos transgénicos para la alimentación o la terapia génica, son potencialmente peligrosos para la salud y la sociedad. De igual modo, muchos creen que la clonación consiste en crear copias exactas de una persona o animal (Estébanez Alonso, 2014).

Para lograr este deseado cambio conceptual de las ideas anteriores, a lo largo de la historia, se han llevado a cabo numerosos métodos de enseñanza de distintas materias, mostrando diversos resultados en la formación del alumnado. Aunque existan estudios sobre el mejor efecto de unos frente a otros en los estudiantes, no existe una metodología didáctica única o ideal para llevar a cabo. Cómo se ha expuesto, estas estrategias deben acomodarse a los requerimientos del estudiante, siendo esta contextualización docente uno de los factores más importantes en la educación. Asimismo, tienen que combinarse entre ellas, de forma que se expresen los beneficios y resultados de cada una para lograr llevar a cabo un proceso enseñanza-aprendizaje de alta calidad.

A continuación, se exponen algunas de las metodologías didácticas más frecuentemente usadas en la docencia en los últimos años (Luisel y Rodríguez, 2014):

- Clases teóricas. Esta tradicional metodología, también conocida como “lección” o “clase magistral”, se basa en la exposición verbal del profesor de los contenidos sobre la materia objeto de estudio hacia los alumnos. Permite el uso de recursos didácticos auxiliares, como presentaciones, vídeos, imágenes, esquemas, etc. No se recomienda que sea el único medio de enseñanza, pero sí puede ser necesario para introducir al alumnado en los complejos conceptos de la Biología Molecular, y que puedan interiorizarlos a partir de esta primera aproximación.
- Seminarios y talleres. Se trata de una metodología interactiva y crítica, basada en el diálogo y la discusión. Se organizan grupos reducidos y es participativa, interpersonal y activa, y trata de construir conocimiento a partir de lecturas, ensayos, diálogos o juegos. En el ámbito de la UD, puede ser interesante para aumentar la motivación del estudiante con respecto al tema.
- Clases prácticas. En ellas, se aplican los conocimientos adquiridos a situaciones, normalmente relacionadas con la materia. Se adquieren así habilidades básicas y procedimentales, a la vez que se entrena la capacidad de resolver problemas concretos en un primer contacto con la realidad. Concretamente para el campo de la biología, su puesta en práctica será crucial para aumentar la motivación y conseguir una formación óptima de los estudiantes, que pueden ejecutar su futura labor profesional.

- Estudio y trabajo en grupo. Método interactivo en el que los alumnos aprenden los unos de los otros. Por ello, presenta muchos beneficios en la formación del alumnado; entre ellos, la adquisición de competencias sociales, como la comunicativa o un aumento del rendimiento. Será de gran utilidad para interiorizar las bases conceptuales en el ámbito científico en el que se encuentra esta materia.
- Ejercicios y problemas. En este caso, el alumno debe desarrollar soluciones concretas mediante el uso de rutinas, fórmulas y otros procedimientos. Suele complementar a las clases teóricas, fomentando la interpretación de los resultados obtenidos. Mejora el trabajo autónomo del estudiante y su cooperación con el equipo, a la vez que permite el manejo y puesta a prueba de los conceptos científicos adquiridos en las sesiones de biología molecular.
- Aprendizaje basado en problemas. Buena alternativa de aprendizaje, en la que se presenta un problema y se identifican las necesidades. Así, se indaga en la naturaleza de los fenómenos diarios y, a la vez, se entrena la práctica profesional. Se ponen en práctica conocimientos previos, y se consigue la adquisición de competencias complejas, como resolver problemas, desarrollar la empatía y colaboración, tomar de decisiones e innovar. En biología molecular, permite dar una utilidad a los conceptos teóricos adquiridos en el mundo real (UNIR, 2020b).
- Aprendizaje cooperativo. Se basa en la organización de la clase en pequeños grupos mixtos y heterogéneos, de forma que trabajen coordinadamente entre ellos para resolver tareas y profundizar en el propio aprendizaje. Así, los objetivos de los participantes solo se pueden alcanzar si los demás del grupo alcanzan los suyos. Los estudiantes serán responsables de su instrucción y de la de sus compañeros. Se ha mostrado la mejora en los resultados académicos en las materias científicas mediante el uso de esta técnica, que muestran más interés y esfuerzo en comprender las complejidades de los procesos biológicos. De este modo, se fomenta la consecución de metas grupales, la actitud de implicación y la iniciativa (Rue, 1994).
- Aprendizaje basado en proyectos. Consiste en el diseño de una serie de tareas, en la resolución de preguntas o retos propuestos a través de la puesta en marcha de un proceso de indagación. Así, se trabajan la implicación y la cooperación del alumnado en el proyecto que, además, debe presentar los procedimientos llevados a cabo y los resultados y conclusiones obtenidas al resto de compañeros. De gran interés en este ámbito, dado que los estudiantes de ciencias podrán verse involucrados en numerosos proyectos de investigación en su futuro profesional y formativo, en los que se trabajará siguiendo esta dinámica (Trujillo Sáez, 2012).

- Aula invertida. También es conocida como *flipped classroom*, por su nombre original en inglés. Se basa en dar la vuelta a la clase tradicional magistral, de modo que los alumnos preparen los contenidos a tratar en la sesión antes de que el profesor los exponga. En el campo de la ciencia presenta gran utilidad, dado que las labores científicas requieren muchas tareas de investigación bibliográfica (UNIR, 2020a).

Para el estudio de los ácidos nucleicos y otras enzimas, una propuesta didáctica aconsejable podría consistir en el uso de clases teóricas, que permitan que el alumno obtenga una idea inicial clara de los complicados contenidos de esta UD. Estas se pueden combinar con clases prácticas, de modo que el estudiante saque partido a lo aprendido, se motive, y adquiera habilidades técnicas de utilidad en su posible futuro profesional o en etapas educativas posteriores. Se realizarán ejercicios y problemas para fomentar el manejo, la aplicación y comprensión de los conceptos aprendidos. A su vez, se incluirán metodologías de aprendizaje cooperativo, entre las que aparecerá la técnica del aula invertida, contribuyendo a alcanzar una interiorización íntegra y significativa de los contenidos de la unidad. El modo en el que se aplicarán estas estrategias se concretará en la unidad didáctica que se expondrá en el siguiente apartado.

5. Proyección didáctica

5.1. Introducción

En esta unidad didáctica se promoverá que el alumnado adquiera un aprendizaje óptimo de los contenidos sobre ácidos nucleicos y sus enzimas asociadas del bloque 1 “La base molecular y fisicoquímica de la vida”, y el bloque 3, “Genética y evolución”, de la materia de Biología, impartida en el segundo curso de Bachillerato, en la modalidad de Ciencias de Salud y Medio Ambiente.

Esta asignatura constituye una de las principales materias de la modalidad de Ciencias, por lo que será de vital importancia la correcta obtención de los conocimientos que incluye, para que los estudiantes construyan una base sólida en la que sustentar los contenidos y habilidades a adquirir no solo en el resto de materias, sino también en su futuro universitario, en los ciclos asociados o con el fin de que puedan ejercer de la mejor manera sus tareas en el ámbito profesional.

La principal meta de las estrategias de enseñanza utilizadas es la consecución de los objetivos y el trabajo de los contenidos que abarca la materia, de forma que se fomente la capacidad resolutoria del alumnado, su creatividad, su espíritu de mejora y su habilidad

para creación de relaciones fluidas y coordinadas. Para ello, se impulsarán en esta unidad didáctica el trabajo autónomo, las dotes investigadoras y las tareas cooperativas de manera simultánea.

A su vez, las metodologías seleccionadas en la presente unidad están basadas en los principios de igualdad, inclusión y universalidad, de modo que la enseñanza pueda adaptarse a las necesidades específicas de cada alumno, al mismo tiempo que a sus intereses personales. Así pues, se garantizará la correcta adquisición de las competencias y estándares de aprendizaje esperados para superar esta materia.

5.2. Legislación vigente en esta unidad didáctica

El desarrollo de la siguiente unidad didáctica tiene como referencia los documentos que integran la legislación vigente.

A nivel nacional:

- Ley Orgánica 2/2006, de 3 de mayo, de Educación. *BOE número 106, 4 de mayo de 2006.*
- Ley Orgánica 8/2013, de 9 de diciembre, para la mejora de la calidad educativa. *BOE número 295, 10 de diciembre de 2013.*
- Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre, por el que se establece el currículo básico de la Educación Secundaria Obligatoria y del Bachillerato. *BOE número 3, 3 de enero de 2015.*
- Corrección de errores del Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre, e por el que se establece el currículo básico en la Educación Secundaria Obligatoria y del Bachillerato. *BOE número 37, 13 de febrero de 2017.*
- Orden ECD/65/2015, de 21 de enero, por la que se describen las relaciones entre las competencias, contenidos y criterios de evaluación de la educación primaria, la educación secundaria obligatoria y el bachillerato.

A nivel autonómico:

- Ley 17/2007, de 10 de diciembre, de Educación de Andalucía. *BOJA nº 252, 26 de diciembre de 2007.*
- Decreto 110/2016. De 14 de junio, por el que se establece la ordenación y el currículo de Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía. *BOJA nº 122, 28 de junio de 2016.*
- Decreto 183/2020, de 10 de noviembre, por el que se modifica el Decreto 110/2016, de 14 de junio, por el que se establece la ordenación y el currículo de Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía, y el Decreto 301/2009,

de 14 de julio, por el que se regula el calendario y la jornada escolar de los centros docentes, a excepción de los universitarios.

- Orden del 15 de enero de 2021, por la que se desarrolla el currículo correspondiente a la etapa de bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía, se regulan determinados aspectos de la atención a la diversidad y se establece la ordenación de la evaluación del proceso de aprendizaje del alumnado. *BOJA nº 7, 18 de enero de 2021.*

5.3. Contextualización

La asignatura se imparte en un I.E.S. de la comunidad autónoma de Andalucía, situado en un barrio céntrico, cercano a un hospital, de la ciudad de Jaén, con 112.757 habitantes. El I.E.S. San Juan Bosco cuenta con 384 alumnos de la ESO, y una línea para cada especialidad de Bachillerato (Humanidades, Ciencias Naturales y Ciencias Sociales). Por otro lado, presenta cuatro opciones de Ciclos de Formación Profesional de Grado Medio, otras cuatro de Grado Superior, y una línea de Formación Profesional Básica, sumando un total de 1.228 alumnos en el centro. Por tanto, el claustro está formado por 93 profesores y profesoras. El centro está dotado de numerosas aulas polivalentes, dotadas de pizarra digital o proyectores, y cuatro aulas con ordenadores habilitados para que lo use el alumnado. Todo el centro dispone de conexión wifi a internet. A su vez, cuenta con laboratorios capacitados para la biología molecular, microbiología, hematología y bioquímica, de los que podrá hacerse uso para las sesiones prácticas de esta asignatura. En ellos, se pueden encontrar pipetas automáticas y pipeteros, cabinas de seguridad y de flujo laminar y distintos tipos de centrífugas. También presentan equipos PCR y de electroforesis en gel, así como estufas y frigoríficos para el correcto tratamiento y almacenado de muestras. Existen, por otra parte, microscopios con sistema de cámara digital y conexión a PC, junto a duchas y lavajos de seguridad. Además, en el centro dispone de un amplio gimnasio, una biblioteca y una sala de usos múltiples.

La Unidad Didáctica se impartirá a una clase de 30 alumnos, entre los que se encuentran 19 mujeres y 11 hombres, predominando los de edades comprendidas entre 17 y 18 años. Hay 4 casos de estudiantes un año mayores que el resto: 2 de ellos se encuentran repitiendo el curso y otros 2 repitieron cursos anteriores. Se cuenta también con una alumna de 21 años, que decidió retomar los estudios tras unos años de receso (Figura 27).

La mayoría son de clase social media, siendo un grupo muy heterogéneo en cuanto a capacidades e intereses. La mayor parte está motivada y entregada en obtener los resultados académicos más altos posibles, con el objeto de poder acceder a sus grados

universitarios deseados, entre los que predominan Medicina, Enfermería y Fisioterapia. Otros, por su parte, buscan acceder a un ciclo de formación profesional grado superior relacionado con el área de sanidad. Se cuenta con un alumno con necesidades específicas educativas (ANEE), del que se hablará más adelante. En general, los alumnos están bastante motivados con el aprendizaje, y especialmente de esta materia.

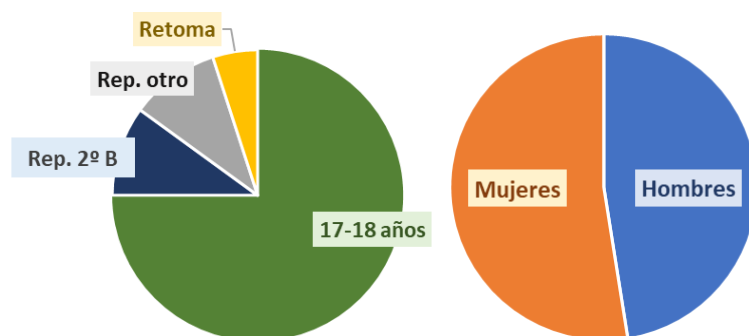


Figura 27. Distribución del alumnado del aula según: edades y curso de repetición (izquierda) y sexo (derecha). Rep. 2ºB: repetidores de 2º de Bachillerato; Rep. otro: repetidores de cursos anteriores; Retoma: retoma los estudios tras tiempo de receso.

5.4. Objetivos

Los objetivos de aprendizaje comunican lo que el curso, asignatura o unidad educacional espera que el estudiante haya aprendido y sea capaz de demostrar al final de un periodo de aprendizaje. Estos se encuentran concretados en tres niveles de especificidad: objetivos generales de etapa, objetivos de materia y objetivos específicos de unidad.

5.4.1. Objetivos generales de la etapa de Bachillerato

Los objetivos generales de etapa son aquellos logros transversales que se esperan del alumnado al finalizar la etapa educativa en la que se encuentra que, en este caso, es la de Bachillerato. Así, en el artículo 25 del Real Decreto 1105/2014, se establece que esta etapa contribuirá a desarrollar en los alumnos las capacidades que le permitan:

- a) Ejercer la ciudadanía democrática, desde una perspectiva global, y adquirir una conciencia cívica responsable, inspirada por los valores de la Constitución Española, así como por los derechos humanos, que fomente la corresponsabilidad en la construcción de una sociedad justa y equitativa.

- b) Consolidar una madurez personal y social que les permita actuar de forma responsable y autónoma y desarrollar su espíritu crítico. Prever y resolver pacíficamente los conflictos personales, familiares y sociales.
- c) Fomentar la igualdad efectiva de derechos y oportunidades entre hombres y mujeres, analizar y valorar críticamente las desigualdades y discriminaciones existentes, y en particular la violencia contra la mujer e impulsar la igualdad real y la no discriminación de las personas por cualquier condición o circunstancia personal o social, con atención especial a las personas con discapacidad.
- d) Afianzar los hábitos de lectura, estudio y disciplina, como condiciones necesarias para el eficaz aprovechamiento del aprendizaje, y como medio de desarrollo personal.
- e) Dominar, tanto en su expresión oral como escrita, la lengua castellana y, en su caso, la lengua cooficial de su Comunidad Autónoma.
- f) Expresarse con fluidez y corrección en una o más lenguas extranjeras.
- g) Utilizar con solvencia y responsabilidad las tecnologías de la información y la comunicación.
- h) Conocer y valorar críticamente las realidades del mundo contemporáneo, sus antecedentes históricos y los principales factores de su evolución. Participar de forma solidaria en el desarrollo y mejora de su entorno social.
- i) Acceder a los conocimientos científicos y tecnológicos fundamentales y dominar las habilidades básicas propias de la modalidad elegida.
- j) Comprender los elementos y procedimientos fundamentales de la investigación y de los métodos científicos. Conocer y valorar de forma crítica la contribución de la ciencia y la tecnología en el cambio de las condiciones de vida, así como afianzar la sensibilidad y el respeto hacia el medio ambiente.
- k) Afianzar el espíritu emprendedor con actitudes de creatividad, flexibilidad, iniciativa, trabajo en equipo, confianza en uno mismo y sentido crítico.
- l) Desarrollar la sensibilidad artística y literaria, así como el criterio estético, como fuentes de formación y enriquecimiento cultural.
- m) Utilizar la educación física y el deporte para favorecer el desarrollo personal y social.
- n) Afianzar actitudes de respeto y prevención en el ámbito de la seguridad vial.

Paralelamente, el Decreto 110/2016, de 14 de junio, añade los siguientes objetivos a conseguir en la etapa de Bachillerato en Andalucía:

- ñ) Profundizar en el conocimiento y el aprecio de las peculiaridades de la modalidad lingüística andaluza en todas sus variedades.
- o) Profundizar en el conocimiento y el aprecio de los elementos específicos de la historia y la cultura andaluza, así como su medio físico y natural y otros hechos diferenciadores de nuestra Comunidad para que sea valorada y respetada como patrimonio propio y en el marco de la cultura española y universal.

5.4.2. Objetivos de la materia de Biología

Los objetivos de materia son aquellos que se encuentran relacionados con el contenido de cada asignatura y las aptitudes relacionadas con ella. Para la materia de Biología, establecen en la Orden del 15 de enero de 2021 de la Junta de Andalucía, y se exponen a continuación:

1. Fomentar la igualdad efectiva de derechos y oportunidades entre hombres y mujeres y analizar y valorar críticamente las desigualdades y discriminaciones existentes a lo largo de la historia de la Biología.
2. Afianzar los hábitos de lectura, estudio y disciplina, proponiendo al alumnado la lectura de textos o artículos científicos sencillos que complementen la información obtenida en el aula y le pongan en contacto con ese "currículo abierto" voluntario tan importante para avanzar en el conocimiento científico personal.
3. Dominar, tanto en su expresión oral como escrita, la lengua castellana, valorando cada exposición o ejercicio que realice el alumno o la alumna.
4. Expresarse con fluidez y corrección en una o más lenguas extranjeras, cada vez que un término científico lo requiera, tanto de forma hablada como en los ejercicios escritos.
5. Utilizar con solvencia y responsabilidad las tecnologías de la información y la comunicación, necesarias, no solo para la búsqueda en Internet de la información que necesitemos, sino para la elaboración de las presentaciones, trabajos y exposiciones propuestos en la asignatura.
6. Acceder a los conocimientos científicos y tecnológicos fundamentales y dominar las habilidades básicas propias de la Biología, inherentes al propio desarrollo de la materia.

7. Comprender los elementos y procedimientos fundamentales de la investigación y de los métodos científicos.
8. Conocer y valorar de forma crítica la contribución de la ciencia y la tecnología en el cambio de las condiciones de vida, así como afianzar la sensibilidad y el respeto hacia el medio ambiente, también incluido en el proceso de enseñanza-aprendizaje de la propia asignatura.
9. Afianzar el espíritu emprendedor con actitudes de creatividad, flexibilidad, iniciativa, trabajo en equipo, confianza en uno mismo y sentido crítico, cada vez que el alumno o alumna participe en un trabajo con exposición y debate en clase.
10. Profundizar en el conocimiento y el aprecio de los elementos específicos de la cultura andaluza, para que sea valorada y respetada como patrimonio propio y en el marco de la cultura española y universal, haciendo especial hincapié en las biografías de los científicos y científicas andaluces relacionados, especialmente, con la Biología, Medicina o Veterinaria.

5.4.3. Objetivos específicos de la Unidad Didáctica

En este caso, estamos ante unos objetivos que se ajustan a los contenidos tratados en la unidad didáctica y cuyo establecimiento es responsabilidad del profesor. Este, tras disponerlos, deberá relacionarlos con los objetivos generales de etapa y de materia, a fin de crear una armonía en el proceso de enseñanza de forma integrada. Por tanto, los objetivos específicos de la unidad “Ácidos nucleicos y sus enzimas asociadas” son los siguientes:

- I) Conocer la estructura del nucleótido, sus funciones y su composición química.
- II) Comprender la estructura de la molécula de ADN en sus distintos niveles, así como los lugares en los que se encuentra en cada organismo.
- III) Establecer las diferencias entre el ADN y el ARN, conociendo las características del mismo, sus tipos y funciones.
- IV) Describir el proceso de replicación del ADN, su importancia biológica y las biomoléculas implicadas en este.
- V) Conocer el funcionamiento del flujo de la información genética y la expresión génica, explicando los mecanismos y detalles existentes en cada fase y su relevancia.

VI) Entender la importancia y las aplicaciones del manejo de estos procesos en la actualidad, además de su utilidad y de la aplicabilidad de ciertas enzimas en las técnicas biológicas de hoy en día.

Los objetivos a alcanzar en esta unidad, procedentes de los tres niveles de concreción, se relacionan en la Tabla 2:

Tabla 2. Cuadro de relación entre los objetivos específicos de la unidad, los objetivos de etapa y los objetivos de la materia de Biología.

Objetivos específicos	Objetivos de etapa	Objetivos de materia
I	i, k, f	6, 7, 9
II	g, h, i	5, 6, 8
III	d, e, g, i	2, 3, 5, 6
IV	d, e, i	2, 3, 6, 9
V	b, d, e, g, i, k	2, 3, 5, 6, 9
VI	b, g, h, j, k, o	5, 8, 9

5.5. Contenidos

5.5.1. Contenidos de la materia

Las leyes que regulan los contenidos tratados en esta materia y, en consecuencia, en la presente unidad didáctica, son el Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre a nivel estatal; y la Orden del 15 de enero de 2021, a nivel de Andalucía.

En esta última, la asignatura de Biología aparece organizada en 5 bloques de contenidos. De ellos, la presente unidad didáctica “Ácidos nucleicos y sus enzimas asociadas” abarca los siguientes:

- Bloque 1: La base molecular y fisicoquímica de la vida.
Dentro de este bloque, se tratará parte del contenido llamado “Las moléculas orgánicas: glúcidos, lípidos, péptidos y ácidos nucleicos”.
- Bloque 3: Genética y evolución.
Será el bloque tratado en mayor proporción en esta UD, ya que se trabajarán los siguientes contenidos:
 - La genética molecular o química de la herencia.
 - Identificación del ADN como portador de la información genética.
Concepto de gen.

- Replicación del ADN. Etapas de la replicación. Diferencias entre el proceso replicativo entre eucariotas y procariotas.
- El ARN. Tipos y funciones.
- La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas. El código genético en la información genética.
- La ingeniería genética. Principales líneas actuales de investigación. Organismos modificados genéticamente.

Aparte de los contenidos curriculares, se incluye en esta unidad didáctica la utilidad y funcionamiento de enzimas de interés en las técnicas moleculares actuales, como las enzimas de restricción. De estas, el alumnado aprenderá también su nomenclatura.

5.5.2. Contenidos transversales

La educación postobligatoria en nuestro país no solo busca la preparación del alumnado para niveles posteriores educativos y su formación con respecto a las materias trabajadas, si no que tiene como objeto su capacitación integral, de forma que se encuentren preparados para integrarse en la sociedad. De este modo, en esta materia se incluirán diversos aspectos transversales, que engloban contenidos y habilidades a adquirir de forma complementaria por varias disciplinas.

Los artículos 39 y 40 de la LEA 17/2007 establecen que las diferentes enseñanzas del currículo integrarán, de forma transversal, aspectos como el respeto a los derechos y libertades humanos, educación en valores, utilización de las nuevas tecnologías, etc. Por ende, en esta materia y, concretamente, en esta unidad didáctica, se trabajarán transversalmente algunas de ellas:

- Se formará para la utilización de las nuevas tecnologías de la información y la comunicación, ya que algunas de las actividades e investigaciones requerirán el uso de herramientas TIC y de internet como elemento de búsqueda, selección y análisis de la información.
- Se fortalecerá el respeto a los derechos humanos y la concienciación de igualdad. Las tareas a realizar de forma cooperativa fomentarán el diálogo y la tolerancia entre personas de distinto sexo, condición o raza.
- Se promoverá la cultura emprendedora, mediante el trabajo de las destrezas de análisis, planificación, toma de decisiones y resolución de problemas. Las distintas actividades de esta unidad didáctica facilitarán el desarrollo de habilidades de comunicación y liderazgo, así como la mejora del espíritu crítico del alumnado.

5.5.3. Elementos interdisciplinarios

Las unidades didácticas ofrecen la posibilidad de crear relaciones interdisciplinarias con otras materias o campos de saber. Esto será de vital relevancia para que el estudiante adquiera una visión del aprendizaje como un todo, aplicable a las distintas situaciones de la vida cotidiana.

En esta proyección didáctica se trabajará en concordancia con la asignatura de Química, que también cursan los estudiantes de esta modalidad de bachillerato, ya que es una materia troncal de esta opción. Para comprender los conceptos de biología molecular, los alumnos deberán estar al día con los contenidos de “Enlace químico”, “Enlace covalente”, “Enlaces presentes en las sustancias de interés biológico” y “Naturaleza de las fuerzas intermoleculares”, pertenecientes al segundo bloque de contenidos de la materia. Con respecto al bloque 3, deberán conocer el contenido de “Concepto de pH. Importancia del pH a nivel biológico”, y relacionarlo con las propiedades fisicoquímicas de los ácidos nucleicos tratados en la unidad. Estos contenidos también se recogen en la Orden del 15 de enero de 2021.

Otra disciplina a trabajar a lo largo de las sesiones programadas será la relacionada con la de informática, ya que se fomentará el uso de ordenadores y de numerosas actividades que requieren el manejo adecuado de las TIC.

5.5.4. Integración con planes y proyectos

El centro educativo está comprometido con la puesta en marcha de diversos Planes y Programas propuestos por la Consejería de Educación y Deporte de la Junta de Andalucía. Entre los que engloba el Centro en cuestión, se encuentra el Plan de Igualdad de Género en Educación, que será trabajado en esta unidad didáctica en muchas de las tareas cooperativas. Se fomentará que la realización de actividades por parejas se lleve a cabo por pares de diferente género, y que los grupos de trabajo cooperativo sean mixtos. Además, al explicar la estructura secundaria del ADN se resaltarán el hecho de que, en su descubrimiento por Watson y Crick, no se valoró el trabajo de Rosalind Franklin por su condición de mujer, para que los estudiantes aprecien la importancia de la igualdad.

Otro lo constituye el Plan INNICIA, que trata de fomentar la iniciativa, creatividad y emprendimiento entre los jóvenes estudiantes. Estas habilidades se trabajarán en los trabajos cooperativos y de investigación programados en la unidad didáctica, en los que el alumnado desarrollará sus capacidades organización de equipos y de toma de decisiones.

5.6. Competencias clave

El artículo 4.2. del Decreto 110/2016, de 14 de junio, establece que, en la Comunidad Autónoma de Andalucía, el eje estratégico del proceso de enseñanza-aprendizaje debe recaer en el desarrollo de las capacidades del alumnado y en la integración de las competencias clave en cada materia. Estas se definen como las capacidades que las personas requieren para desarrollarse personalmente y ser capaces de ejercer su papel de ciudadanos correctamente, integrándose laboral y activamente en la sociedad.

Por ello, cada actividad programada en esta unidad didáctica fomentará la adquisición de las competencias clave, de modo a que la materia de Biología contribuya a la formación integral de los más jóvenes. Las competencias clave son siete, y aparecen relacionadas en la Tabla 3 con las metodologías de la UD que contribuirán a su desarrollo:

Tabla 3. Relación de las principales metodologías utilizadas para el trabajo de las competencias clave en esta Unidad Didáctica.

Competencias clave	Metodología asociada
a) Comunicación lingüística (CL).	Las actividades consistentes en la resolución de preguntas, tanto prácticas como teóricas, requerirán que el alumno desarrolle la respuesta con claridad de forma escrita. En los debates de clase, actividades conjuntas y en las distintas exposiciones, el alumnado aprenderá a comunicarse oralmente con fluidez y soltura.
b) Competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología (CMCT).	Se trabajará en las actividades prácticas a realizar en esta unidad didáctica en el laboratorio, en el que el alumnado deberá seguir los protocolos y conocer las normas de seguridad del laboratorio. Además, se realizarán problemas y casos prácticos que fomentarán el razonamiento científico por parte de los estudiantes.
c) Competencia digital (CD).	Esta competencia se fomentará en numerosas de las actividades programadas en la UD, como un

	trabajo de investigación y de búsqueda de información a través de las TIC y de diversa bibliografía.
d) Aprender a aprender (CAA).	Se pondrá en práctica en las tareas propuestas que el alumno debe llevar a cabo de manera autónoma, de modo que aprenderá a gestionar su tiempo y proceso de aprendizaje. Valorará su aprendizaje mediante la evaluación de sus propias ideas previas una vez ha adquirido los nuevos conocimientos.
e) Competencias sociales y cívicas (CSC).	La competencia se desarrollará en las abundantes actividades grupales que se llevarán a cabo en esta unidad: trabajo de investigación y búsqueda, talleres prácticos, pequeñas y breves actividades colectivas, etc., en las que se sigue una metodología cooperativa.
f) Sentido de iniciativa y espíritu emprendedor (SIEP).	De nuevo, en las actividades cooperativas, cada estudiante tendrá su propia labor y deberá ejercer un papel organizador en numerosas ocasiones. Deberán resolver conflictos y problemas planteados, favoreciendo su creatividad y capacidad crítica.
g) Conciencia y expresiones culturales (CEC).	-

5.7. Metodología

Se entiende por metodología los aspectos referentes al cómo y cuándo enseñar. Posibilitan la autonomía pedagógica a los centros y profesores, siempre que trabajen dentro del marco de legislación vigente.

El Decreto 110/2016, de 14 de junio, establece que el proceso de enseñanza-aprendizaje competencial en la etapa de Bachillerato debe caracterizarse por su dinamismo y su carácter integral, donde el profesorado toma el papel de orientador. Debe ajustarse a las capacidades del alumnado, creando entornos de confianza, estimulando la superación individual, el interés y la reflexión de los alumnos implicados.

Por ello, en esta UD se partirá desde las ideas previas detectadas en el alumnado y se trabajará de modo que adquieran progresivamente los conocimientos objeto de la unidad, logrando así una interiorización y un aprendizaje significativo de estos. Además, la metodología seleccionada se adaptará lo máximo posible a las necesidades y capacidades individuales de cada alumno, para que todos ellos logren desarrollar, a su propio ritmo, las competencias clave.

La idea es que el alumnado lleve a cabo técnicas de aprendizaje activas, realizando actividades y tareas de diversa índole, tanto de forma autónoma como colectiva. Por otra parte, algunas de ellas incluirán el uso de las herramientas TIC, cuyo manejo es de vital importancia para la formación de los ciudadanos y profesionales de la sociedad, tal y como establece el Plan de Actuación Digital de Andalucía.

Por ende, las metodologías didácticas que se llevarán a cabo en esta UD incluyen las siguientes:

- Clase magistral: se expondrán los contenidos de forma clara y cooperativa con los estudiantes, de forma que se logre su óptima comprensión, para poder trabajar con ellos más adelante. Se fomentará a participación activa del estudiante en ella, se utilizarán recursos visuales para mantener su atención y realizarán preguntas frecuentes para ir poniendo a prueba la comprensión de la materia.
- Realización de ejercicios y problemas: permitirán poner en práctica los conceptos captados y ayudar a su afianzamiento. Se llevarán a cabo tanto de forma individual como comunitaria y se aprovecharán como descanso de las lecciones teóricas y al final de las sesiones, para iniciar al alumno en el manejo de la información recién recibida.
- Clases prácticas: motivarán al alumnado, fomentando la aplicación de sus conocimientos y el desarrollo de habilidades procedimentales enlazadas a su perfil profesional. Se realizarán en el laboratorio de biología molecular del centro, y el alumno deberá interpretar y seguir un protocolo concreto, además de interpretar los resultados.
- Trabajo cooperativo: se pondrá en práctica tanto en grupos informales de trabajo, para la realización de pequeñas tareas, como en grupos más grandes y formales, que llevarán a cabo trabajos más profundos de investigación. Favorecerá las relaciones sociales entre iguales y mejorará muchas de las competencias a adquirir en la asignatura, fomentando el aprendizaje significativo del contenido.

- Aula invertida: se realizará en la sesión 5. Ayudará a fomentar el trabajo autónomo del alumnado, su comprensión lectora y el desarrollo de técnicas de búsqueda de información. Además, permitirá la mejora de la expresión oral y otras habilidades comunicativas, a la vez que se trabajará de forma cooperativa.

El planteamiento exacto de estas técnicas didácticas se concretará en el desarrollo y temporalización de la Unidad Didáctica.

5.8. Evaluación

Con el fin de verificar que los estudiantes han superado los objetivos de la unidad y han adquirido correctamente los conocimientos que integra, se debe realizar una evaluación de su aprendizaje. Asimismo, tal y como indican las directrices de la LOE 2/2006, se evaluarán los procesos de enseñanza y la propia práctica docente.

El artículo 16.1 del Decreto 110/2016, de 14 de junio, dispone que la evaluación del proceso de aprendizaje del alumnado será continua, formativa y diferenciada según las distintas materias. Esta ley establece que la evaluación se convierte, en sí misma, en un proceso educativo que considera al alumnado como centro y protagonista de su propia evolución y que su referente más completo lo conforman los criterios de evaluación. Por ende, en este epígrafe se desarrollan y relacionan los sistemas e instrumentos de evaluación con los distintos criterios que ejercen un papel en esta unidad. También se especificarán los criterios de calificación y los mecanismos seleccionados para la evaluación de la actividad docente.

5.8.1. Sistemas de evaluación

Para comenzar, en la primera sesión de esta Unidad Didáctica, se realizará una evaluación inicial que permitirá conocer las concepciones previas que el alumnado tiene acerca de la Biología Molecular y la naturaleza de los ácidos nucleicos. Se hará mediante un cuestionario online, de la plataforma *Google forms* (<https://forms.gle/C7Yy4DLBvCLSFeFp9>), en el que cada alumno contestará a preguntas básicas sobre temas que serán tratados en estas sesiones.

Tras ello, a lo largo del desarrollo de la UD, se irá evaluando de forma continua la evolución del alumnado. Para ello, se observarán su comportamiento y sus destrezas a la hora de desempeñar las diversas actividades y, además, algunas de ellas se evaluarán y calificarán posteriormente a su realización.

Por último, en la última sesión de la UD, los estudiantes deberán cumplimentar una prueba de evaluación final de modalidad escrita, que servirá para analizar el nivel de consecución de los objetivos y contenidos de la materia. La prueba constará de preguntas teóricas y otras actividades que requieren la puesta en práctica de los conocimientos del temario.

5.8.2. Criterios de evaluación y estándares de aprendizaje aplicables a la UD

Los estándares de aprendizaje hacen referencia a lo que el alumnado debe saber, comprender y saber hacer en cada materia. Por su parte, los criterios de evaluación expresan el tipo y el grado de aprendizaje que se espera que los alumnos y alumnas hayan alcanzado con respecto a estos estándares en cada una de las asignaturas cursadas. Tanto los estándares de aprendizaje como sus criterios de evaluación asociados se recogen en la Orden del 15 de enero de 2021, por la que se desarrolla el currículo correspondiente a la etapa de Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía.

A continuación, se relacionan los criterios de evaluación involucrados en esta Unidad Didáctica, extraídos de la legislación autonómica vigente:

- Bloque 1: La base molecular y fisicoquímica de la vida
 - CE.1.4. Identificar los tipos de monómeros que forman las macromoléculas biológicas y los enlaces que les unen.
 - CE.1.5. Determinar la composición química y describir la función, localización y ejemplos de las principales biomoléculas orgánicas.

- Bloque 3: Genética y evolución.
 - CE.3.1. Analizar el papel del ADN como portador de la información genética.
 - CE.3.2. Distinguir las etapas de la replicación diferenciando los enzimas implicados en ella.
 - CE.3.3. Establecer la relación del ADN con la síntesis de proteínas.
 - CE.3.4. Determinar las características y funciones de los ARN.
 - CE.3.5. Elaborar e interpretar esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.
 - CE.3.8. Desarrollar los avances más recientes en el ámbito de la ingeniería genética, así como sus aplicaciones.

Estos criterios, en la Orden referenciada, se encuentran relacionados con los siguientes estándares de aprendizaje:

- Bloque 1: La base molecular y fisicoquímica de la vida.
 - EA.1.4.1: Identifica los monómeros y distingue los enlaces químicos que permiten la síntesis de las macromoléculas: enlaces O-glucosídico, enlace éster, enlace peptídico, O-nucleósido.
 - EA.1.5.1: Describe la composición y función de las principales biomoléculas orgánicas.
- Bloque 3: Genética y evolución.
 - EA.3.1.1: Describe la estructura y composición química del ADN, reconociendo su importancia biológica como molécula responsable del almacenamiento, conservación y transmisión de la información genética.
 - EA.3.2.1: Diferencia las etapas de la replicación e identifica los enzimas implicados en ella.
 - EA.3.3.1: Establece la relación del ADN con el proceso de la síntesis de proteínas.
 - EA.3.4.1: Diferencia los tipos de ARN, así como la función de cada uno de ellos en los procesos de transcripción y traducción.
 - EA.3.4.2: Reconoce las características fundamentales del código genético aplicando dicho conocimiento a la resolución de problemas de genética molecular.
 - EA.3.5.1: Interpreta y explica esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.
 - EA.3.5.2: Resuelve ejercicios prácticos de replicación, transcripción y traducción, y de aplicación del código genético.
 - EA.3.5.3: Identifica, distingue y diferencia los enzimas principales relacionados con los procesos de transcripción y traducción.
 - EA.3.8.1: Resume y realiza investigaciones sobre las técnicas desarrolladas en los procesos de manipulación genética para la obtención de organismos transgénicos.

Por último, la Tabla 4 relaciona los contenidos albergados en estas sesiones con los criterios de evaluación aplicables a ellos y, a su vez, con sus correspondientes estándares de aprendizaje:

Tabla 4. Relación entre contenidos tratados, criterios de evaluación y estándares de aprendizaje.

Contenidos	Criterios de evaluación	Estándares de aprendizaje
Las moléculas orgánicas: glúcidos, lípidos, péptidos y ácidos nucleicos.	CE.1.4, CE.1.5	EA.1.4.1, EA.1.5.1
La genética molecular o química de la herencia.	CE.3.1	EA.3.1.1.
Identificación del ADN como portador de la información genética. Concepto de gen.	CE.3.1	EA.3.1.1.
Replicación del ADN. Etapas de la replicación. Diferencias entre el proceso replicativo entre eucariotas y procariotas.	CE.3.2	EA.3.2.1, EA.3.5.1, EA.3.5.2
El ARN. Tipos y funciones	CE.3.4	EA.3.4.1
La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas. El código genético en la información genética.	CE.3.3, CE.3.4, CE.3.5	EA 3.3.1, EA.3.4.1, EA.3.4.2, EA.3.5.1, EA.3.5.2, EA.3.5.3
La ingeniería genética. Principales líneas actuales de investigación. Organismos modificados genéticamente.	CE.3.8	EA.3.8.1

5.8.3. Instrumentos de evaluación

Se entiende instrumento de evaluación como aquella herramienta pedagógica utilizada para detectar el grado de adquisición de los objetivos, competencias y criterios de evaluación por parte de los alumnos. En esta UD, parte de la evaluación de los estudiantes se llevará a cabo mediante la *observación directa* de las reacciones y aptitudes del alumnado ante algunas de las actividades propuestas, como la exposición de los contenidos en la sesión de aula invertida (sesión 5). Además de esto, se solicitará la *entrega de actividades evaluables* a realizar en las sesiones. Estas consistirán en el desarrollo escrito de un caso práctico y en dar respuesta, también por escrito, a actividades teórico-prácticas del tema. Se desarrollarán en las hojas de las actividades y en folios adicionales, si fuera necesario, y se entregarán al profesor al final de las sesiones en las que están programadas. Asimismo, cumplimentarán de una *prueba escrita* al final de la unidad. Todas estas actividades serán evaluadas con ayuda de una *rúbrica de evaluación* (Anexo I). Por último, se utilizará una *diana de evaluación* a rellenar por los estudiantes, en la que valorarán el trabajo de sus compañeros y su nivel de consecución de cada uno de los criterios evaluados.

5.8.4. Criterios de calificación: ponderación de los criterios

Para que la evaluación de cada estudiante se realice de la mejor forma, y con un enfoque objetivo y concordante con el currículo vigente, deberán valorarse y ponderarse los criterios de evaluación, que a su vez se encuentran asociados a unos estándares de aprendizaje esperados. Esta ponderación es realizada por los departamentos responsables de cada asignatura. La ponderación de cada criterio involucrado en esta unidad didáctica para la calificación de la misma será de la siguiente forma (Tabla 5):

Tabla 5. Ponderación de los criterios de evaluación albergados en la unidad didáctica. Relación con las actividades en los que se evalúan y con los instrumentos de evaluación utilizados en cada una de ellas.

CRITERIOS DE EVALUACIÓN	PONDERACIÓN PARA LA CALIFICACIÓN	ACTIVIDADES EN LOS QUE SE EVALÚAN	INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN ASOCIADOS
CE.1.4	12,5%	Actividad de repaso de la estructura del ADN (sesión 3)	Rúbrica de evaluación, análisis del trabajo
		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.1.5	12,5%	Actividad de repaso de la estructura del ADN (sesión 3)	Rúbrica de evaluación, análisis del trabajo
		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.3.1	12,5%	Actividad de repaso de la estructura del ADN (sesión 3)	Rúbrica de evaluación, análisis del trabajo
		Actividad individual “El flujo de la información genética” (sesión 7)	Rúbrica, análisis del trabajo
		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.3.2	12,5%	Actividad individual “El flujo de la información genética” (sesión 7)	Rúbrica, análisis del trabajo

		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.3.3	12,5%	Exposiciones de la actividad de aula invertida (sesión 5)	Observación directa, análisis del trabajo, rúbrica
		Actividad individual “El flujo de la información genética” (sesión 7)	Rúbrica, análisis del trabajo
		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.3.4	12,5%	Exposiciones de la actividad de aula invertida (sesión 5)	Observación directa, análisis del trabajo, rúbrica
		Actividad individual “El flujo de la información genética” (sesión 7)	Rúbrica, análisis del trabajo
		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.3.5	12,5%	Exposiciones de la actividad de aula invertida (sesión 5)	Observación directa, análisis del trabajo, rúbrica
		Actividades cooperativas de repaso y profundización (sesión 8)	Observación directa, rúbrica, diana
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica
CE.3.8	12,5%	Actividades grupales sobre endonucleasas (sesión 6)	Análisis del trabajo, rúbrica
		Prueba escrita (sesión 9)	Análisis de la prueba, rúbrica

5.9. Sesiones y temporalización

La presente unidad didáctica se desarrollará a lo largo de 9 sesiones de 1 hora que, en realidad, serán de 55 minutos, ya que se estima que los alumnos tardarán 5 minutos en

realizar el cambio de clase y preparar el material. Teniendo en cuenta que la materia cuenta con 4 horas semanales, repartidas en 4 sesiones de 1 hora, la UD abarcará algo más de 2 semanas. A continuación, se expone el planteamiento y organización de las 9 sesiones correspondientes. En cuanto a los criterios de evaluación (C.E.), se indica cuándo se va a evaluar cada criterio correspondiente (Tablas 6-14):

Tabla 6. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 1. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 1				
Contenidos: Las moléculas orgánicas: glúcidos, lípidos, péptidos y ácidos nucleicos. La genética molecular o química de la herencia. Identificación del ADN como portador de la información genética.				
Objetivos específicos: I, II		Competencias clave: b, d		
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Cuestionario de ideas previas	Esta primera sesión se llevará a cabo en el laboratorio de Biología Molecular del centro. En primer lugar, los alumnos rellenarán un formulario en la plataforma <i>Google forms</i> sobre concepciones básicas de cómo funciona la herencia genética y la expresión génica.	5	-	Pizarra digital, ordenadores, formulario https://forms.gle/C7Yy4DLBvCLSFeFp9 .
Clase magistral	Se introducirá el tema y el concepto y función de los ácidos nucleicos. Se expondrá en la pizarra digital su estructura primaria, su composición química y sus propiedades fisicoquímicas.	20	-	Pizarra digital, ordenador.
Ejercicio	En grupos de cuatro, los alumnos hacen un puzle con recortes en el que organizan	5	-	Recortes del puzle (Anexo II).

	la estructura de un nucleótido, escribiendo entre ellos el nombre de cada componente, enlaces y estructuras que forman.			
Práctica de laboratorio	En el laboratorio de biología molecular, se llevará a cabo una extracción del ADN de tomate en parejas.	20	-	Protocolo de la práctica y material de laboratorio y reactivos (Anexo III).
Discusión de resultados	Debate y comentario colectivo de los resultados obtenidos y de su interpretación.	5	-	-

Tabla 7. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 2. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 2				
Contenidos: Las moléculas orgánicas: glúcidos, lípidos, péptidos y ácidos nucleicos. La genética molecular o química de la herencia. Identificación del ADN como portador de la información genética.				
Objetivos específicos: II		Competencias clave: b, c, d		
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Pregunta inicial	Se lanza en clase la siguiente pregunta: “Los virus no están formados por células y, muchos, sólo son una cadena de ADN. ¿Habéis pensado alguna vez por qué si los sometemos a muy alta temperatura, como cuando hervimos algo, se esterilizan los virus?”. Los alumnos	5	-	Tarjetas.

	escribirán en una tarjeta lo que se les ocurra.			
Clase magistral	Se procede a la explicación de los contenidos relacionados con la estructura secundaria del ADN, así como los conceptos de desnaturalización y renaturalización. Se tratarán, por último, los tipos de ADN, sus características y localización en los distintos organismos.	30	-	Pizarra digital, ordenador.
Debate	Una vez se han expuesto los contenidos, los alumnos leerán uno a uno en voz alta lo que han escrito en la tarjeta de la primera actividad. Razonarán si es correcto y buscarán alternativas, debatiendo todos juntos las posibles respuestas y errores cometidos en clase. Se verá una breve animación para completar la comprensión del fenómeno.	10	-	Tarjetas, pizarra digital, ordenador, animación (https://www.youtube.com/watch?v=Oug14opomvU).
Juego online	En parejas mixtas, los alumnos entrarán en contacto con los conocimientos recién adquiridos, realizando un juego online sobre emparejamiento de bases nitrogenadas.	10	-	Pizarra digital, ordenadores, plataforma del juego (https://dnalc.cs.hi.edu/view/15888-Base-pairing-interactive-interactive-2D-animation.html)

Tabla 8. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 3. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 3				
Contenidos: Replicación del ADN. Etapas de la replicación. Diferencias entre el proceso replicativo entre eucariotas y procariotas.				
Objetivos específicos: II, IV		Competencias clave: a, d, e		
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Actividad de repaso acerca de la estructura del ADN	Individualmente, los alumnos realizarán una actividad de repaso de los contenidos de la sesión anterior, con el objeto de afianzarlos y recordarlos y entender mejor los conceptos a tratar en esta. Se repartirá una hoja con la actividad a cada uno, que consiste en corregir un texto que explica las características de la estructura secundaria del ADN. Se corregirá de forma conjunta.	15	CE.1.4, CE.1.5, CE.3.1.	Hoja con la actividad (Anexo IV).
Visualización de un vídeo didáctico	Se proyectará un vídeo explicativo del proceso de replicación, que facilitará, mediante el recurso visual, la comprensión de cada fase del proceso.	10	-	Pizarra digital, ordenador, vídeo (https://www.youtube.com/watch?v=YqjbmrQcyfM)
Lectura compartida	Como la replicación es muy tediosa de entender, después del vídeo se realiza la técnica "lectura	20	-	Libro de texto (páginas 124-127) (Alcamí et al., 2016).

	compartida”, de un texto que explica el proceso paso a paso. Un alumno deberá explicar a la clase lo que su compañero acaba de leer. Estas explicaciones serán guiadas y corregidas por el profesor y los alumnos de forma conjunta. El texto se encuentra en el libro de texto de la asignatura.			
Actividad grupal: las partes y el todo	En pequeños grupos de unas cuatro personas, se realizará la tarea del tipo “las partes y el todo”, con el fin de interiorizar los participantes del proceso de la replicación. Se nombrarán las moléculas participantes y se escribirá qué pasaría en el proceso si faltaran.	10	-	Plantilla de la tarea “las partes y el todo” (Anexo V).

Tabla 9. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 4. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 4				
Contenidos: Replicación del ADN. Etapas de la replicación. El ARN. Tipos y funciones. La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas.				
Objetivos específicos: III, IV, V		Competencias clave: b, c, d, f		
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Actividad de repaso	Se proyectará una imagen de una horquilla de replicación y, entre todos, fomentando la	5	-	Ordenador, pizarra digital,

	participación del mayor número de estudiantes (seleccionados por el profesor), deberán nombrar las distintas partes y enzimas implicadas, además de explicar brevemente el proceso. Los compañeros ayudarán al alumno que presente dificultades.			imagen (Anexo VI).
Clase magistral con esquema	Explicación del concepto de ARN, y de sus características y tipos. A medida que se va exponiendo, el profesor realizará en la pizarra dibujos de las estructuras expuestas. Al final de la cada explicación, un alumno aleatorio deberá explicar, apoyado en el esquema, lo que se ha explicado, para comprobar que los contenidos se están comprendiendo correctamente.	15	-	Pizarra digital, ordenador, pizarra.
Actividad grupal: compara y contrasta	En pequeños grupos de 4-5 personas, el alumnado realizará la tarea “compara y contrasta” acerca de las semejanzas y diferencias entre el ADN y el ARN.	10	-	Plantilla actividad “compara y contrasta” (Anexo VII).
Clase magistral con esquema	Explicación del proceso de transcripción, con la realización simultánea de esquemas de las distintas fases del proceso. Al final de la explicación de cada fase, un alumno aleatorio debe explicar cada esquema a sus	20	-	Pizarra digital, ordenador, pizarra.

	compañeros, para comprobar que los contenidos se van comprendiendo correctamente.			
Explicación de la tarea para la sesión posterior	Se pide, por grupos de 6, que los alumnos se ayuden del libro de texto y de fuentes de internet para buscar en qué consiste: - Dogma central biología molecular - Código genético - Iniciación de traducción - Elongación - Terminación A cada grupo se le asignará un apartado, que deberán realizar como tarea para la siguiente sesión. Deberán trabajar la información para exponerla a sus compañeros, y podrán elaborar presentaciones de diapositivas, dibujos, esquemas, etc., según prefieran.	5	-	-

Tabla 10. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 5. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 5	
Contenidos: La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas. El código genético en la información genética.	
Objetivos específicos: V	Competencias clave: a, b, c, d, f

Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Exposición de los alumnos: clase invertida	Cada grupo, de los asignados en la última actividad de la sesión anterior, expondrá los contenidos de esta sesión, que son la traducción (proceso y bases) a sus compañeros. Lo harán a partir de la información buscada como tarea. El profesor irá corrigiendo, matizando y clarificando las explicaciones, de forma que quede claro para todos los oyentes.	55	CE.3.3, CE.3.4, CE.3.5	Ordenador, pizarra digital, pizarra.

Tabla 11. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 6. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 6				
Contenidos: La ingeniería genética. Principales líneas actuales de investigación. Organismos modificados genéticamente. Utilidad y funcionamiento de enzimas de interés en las técnicas moleculares actuales. Nomenclatura de enzimas de restricción.				
Objetivos específicos: VI		Competencias clave: b, c, e		
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Cuestionario ideas previas sobre la aplicación de enzimas en la actualidad	Se realizará un cuestionario-juego a través de la plataforma <i>Kahoot</i> . Los alumnos podrán utilizar algunos de los ordenadores del aula para participar. Se analizarán así las ideas	5	-	Ordenador, pizarra digital, ordenadores, otros dispositivos electrónicos, cuestionario

	previas de los contenidos de esta sesión.			(https://play.kahoot.it/v2/lobby?quizId=2412be51-abe5b-484f-843c-f2a5b532fc39)
Clase magistral	Explicación de las principales enzimas empleadas en biología molecular: nucleasas, endonucleasas de restricción, ADN polimerasas, retrotranscriptasas, etc. También se expondrán sus características y usos. Se explicará la nomenclatura de las endonucleasas de restricción. En la pizarra digital, se hará una breve descripción de los centros de investigación genética más importantes de Andalucía, asociados a la Universidad de Granada: <i>Genyo</i> y <i>CIBM</i> (Centro de Investigación de Biomedicina), de modo que conozcan las líneas actuales de investigación de nuestra Comunidad Autónoma.	25	-	Pizarra digital, ordenador, pizarra.
Actividades grupales para trabajar las endonucleasas	En parejas, se realizarán dos actividades para poner en práctica los conocimientos tratados en la sesión. Una de ellas consistirá en relacionar el nombre de una serie de endonucleasas de	20	CE.3.8.	Hoja con las actividades (Anexo VIII).

	restricción con los organismos a los que deben su nombre. En la otra, con carácter más práctico, se elaborará un mapa de restricción de un fragmento de ADN que se somete a la acción de distintas endonucleasas. Se corregirán entre todos, una vez se hayan finalizado. Contarán en todo momento con el apoyo y la guía del profesor, que estará disponible para resolver cualquier duda. Las actividades resueltas se entregarán al profesor al final de la clase.			
Realización del cuestionario inicial	Los alumnos volverán a realizar el cuestionario del inicio de la sesión en la plataforma <i>Kahoot</i>, con idea de corregir los errores que tuvieron al principio y valorar lo aprendido en la clase.	5	-	Pizarra digital, ordenador, ordenadores, dispositivos electrónicos, cuestionario (https://play.kahoot.it/v2/lobby?quizId=2412be51-abeb-484f-843c-f2a5b532fc39).

Tabla 12. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 7. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 7				
Contenidos: La genética molecular o química de la herencia. Identificación del ADN como portador de la información genética. Concepto de gen. Replicación del ADN. Etapas de la replicación. Diferencias entre el proceso replicativo entre eucariotas y procariotas. El ARN. Tipos y funciones. La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas. El código genético en la información genética.				
Objetivos específicos: III, IV, V			Competencias clave: a, d, f	
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Actividad individual: “El flujo de la información genética”	Cada alumno deberá realizar una actividad en la que deberá poner en práctica de forma integrada los conocimientos adquiridos hasta el momento. Se les entregará el enunciado de la misma y la realizarán, pudiendo consultar dudas y guiarse de las directrices del profesor en todo momento. Se entregará resuelta al profesor al final de la clase.	55	CE.3.1, CE.3.3, CE.3.4, CE.3.5.	Hoja con la actividad (Anexo IX).

Tabla 13. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 8. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 8				
Contenidos: Las moléculas orgánicas: glúcidos, lípidos, péptidos y ácidos nucleicos. Identificación del ADN como portador de la información genética. Replicación del ADN. Etapas de la replicación. El ARN. Tipos y funciones. La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas. El código genético en la información genética. La ingeniería genética. Principales líneas actuales de investigación.				
Objetivos específicos: I, II, III, IV, V, VI			Competencias clave: a, b, c, d, e	
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos

Actividades de repaso y profundización realizadas forma cooperativa	Los estudiantes realizarán tres actividades de repaso de la unidad y una de profundización. Lo harán en grupos, organizados de la misma manera que en la exposición. Se pondrán en común las soluciones mediante la técnica de “cabezas numeradas”. En ella, los alumnos asignarán a cada integrante de su grupo un número. Después, el profesor dirá un número y un grupo de trabajo, y el estudiante correspondiente deberá resolver la actividad. Así, todos los miembros del grupo deben ser capaces de comprender y explicar al resto su respuesta. Se evaluará el nivel de consecución de los objetivos por parte cada grupo mediante observación directa.	45	CE.1.4, CE.1.5, CE.3.1, CE.3.2, CE.3.3, CE.3.4., CE.3.5, CE.3.8	Hoja de actividades de repaso (Anexo X), ordenadores.
Relleno de diana de evaluación	A cada grupo se le entregará una hoja con dianas de evaluación relacionadas con los criterios de evaluación que se tratan en esta actividad. Cada equipo cumplimentará las dianas según el nivel con el que consideren que los equipos restantes han conseguido los distintos criterios. Así, los alumnos serán bien conscientes de sus objetivos	10	CE.1.4, CE.1.5, CE.3.1, CE.3.2, CE.3.3, CE.3.4., CE.3.5, CE.3.8	Hoja con dianas de evaluación (Anexo XI).

	y tendrán más motivación para obtener los mejores resultados posibles.			
--	--	--	--	--

Tabla 14. Contenidos, objetivos específicos y competencias clave trabajados en la sesión 9. Secuenciación, temporalización y descripción de las actividades a realizar. Relación con los criterios asociados y los recursos necesarios.

SESIÓN 9				
Contenidos: Las moléculas orgánicas: glúcidos, lípidos, péptidos y ácidos nucleicos. Identificación del ADN como portador de la información genética. Replicación del ADN. Etapas de la replicación. Diferencias entre el proceso replicativo entre eucariotas y procariotas. El ARN. Tipos y funciones. La expresión de los genes. Transcripción y traducción genética en procariotas y eucariotas. El código genético en la información genética. La ingeniería genética. Principales líneas actuales de investigación.				
Objetivos específicos: I, II, III, IV, V, VI			Competencias clave: a, b, c, d	
Metodología	Descripción	Duración (minutos)	C.E.	Recursos
Prueba escrita	Se le repartirá a cada alumno una prueba escrita para evaluar sus conocimientos de la unidad. Constará de 7 preguntas, en las que explicarán contenidos teóricos y los pondrán a prueba en otras, de razonamiento práctico.	50	CE.1.4, CE.1.5, CE.3.1, CE.3.2, CE.3.3, CE.3.4., CE.3.5, CE.3.8	Prueba escrita (Anexo XII).
Proceso de evaluación de la actividad docente	Se pedirá al alumnado que rellenen un cuestionario en la plataforma <i>Google forms</i> , de forma que evalúen el enfoque de la unidad didáctica, las actividades realizadas y el nivel de satisfacción con el desarrollo de la UD en	5	-	Ordenadores, otros dispositivos electrónicos, cuestionario (https://forms.gle/YaTWB6D8)

	general. También evaluarán de forma personal el nivel de agrado con los conocimientos adquiridos por cada uno de ellos.			z7UaUevaluacf NU6).
--	---	--	--	--------------------------------------

5.10. Atención a la diversidad

La atención a la diversidad alberga el conjunto de actuaciones dirigidas a dar respuesta a las diferentes capacidades, ritmos y estilos de aprendizaje, así como a las distintas motivaciones, intereses, situaciones sociales, económicas y culturales del alumnado, para así facilitar la adquisición de las competencias y el logro de sus objetivos.

Por tanto, en esta unidad didáctica, en actividades de trabajo cooperativo, se tratará de agrupar a los alumnos de forma heterogénea. Así, aquellos que presenten más dificultades podrán aprender de aquellos que dominan la materia, favoreciendo la inclusión e integración de todos ellos. Por ejemplo, se intentará repartir a los alumnos repetidores y a los que presentan calificaciones más bajas entre los distintos grupos, de modo que trabajen de forma conjunta con los alumnos más brillantes. Igualmente, los alumnos menos motivados se dispondrán con los más interesados en la materia, con la meta de que el grupo cree un objetivo común.

Por otro lado, se propondrán actividades de refuerzo para los estudiantes a los que les resulte más dificultosa la comprensión de los contenidos tratados, de forma que puedan, con un poco de trabajo adicional, alcanzar los conocimientos esperados para la unidad e igualar los del resto de la clase. Del mismo modo, serán planteadas actividades de ampliación de los contenidos para aquellos que quieran incrementar sus conocimientos con respecto a los temas tratados. Estas actividades se encuentran en el Anexo XIII.

Además, como se ha mencionado en el apartado 5.3., la clase cuenta con un alumno que presenta necesidades educativas especiales. El alumno presenta una leve discapacidad visual con baja visión, con restos visuales. Esto quiere decir que conserva un porcentaje de visión útil para su vida diaria: desplazamientos, tareas domésticas, lectura, trabajos... De acuerdo con el tercer capítulo de la Orden del 15 de enero de 2021 indica que deben desarrollarse medidas de atención a la diversidad para hacer efectivos los principios de educación inclusiva y de accesibilidad universal. Además, dispone que se realizarán adaptaciones de acceso para el ANEE, permitiéndoles acceder a la información, a la comunicación y a la íntegra participación en todas las actividades. Por ello, se facilitará

que este alumno disponga en todo momento de un lugar en primera fila, y el tamaño de fuente de los textos y presentaciones proyectados en la pizarra digital será siempre superior a 18 puntos. Las hojas de actividades, fichas y exámenes que se le repartan a lo largo de la UD tendrán los mismos contenidos que los del resto de compañeros, pero también un tamaño de fuente superior a 20 puntos, así como un mayor tamaño de las imágenes adjuntas.

6. Evaluación del proceso de enseñanza-aprendizaje

El artículo 34 de la Orden del 15 de enero de 2021 establece como uno de los objetivos de los procesos de evaluación la mejora de los procesos de enseñanza y aprendizaje a través de la valoración de la propia práctica docente, tanto por parte del alumnado como del profesorado. Así se conseguirá estimar la efectividad de las técnicas de enseñanza seleccionadas, con el objeto de mejorarlas y corregir sus deficiencias, alcanzando un nivel de calidad de la enseñanza que mejore progresivamente en cada curso escolar.

Para ello, en la última sesión, se pedirá a los alumnos que rellenen un cuestionario, también digitalizado en la plataforma *Google forms* (<https://forms.gle/YaTWB6D8z7UaUfNU6>), en el que valoran las actividades y el enfoque que se ha realizado en la unidad didáctica, a la vez que puntúan el grado de conocimientos objetivo que han adquirido. Esto servirá de referencia y de crítica constructiva al profesor, que podrá hacerse una idea de la satisfacción de sus alumnos con respecto a su labor profesional. Podrá también buscar soluciones para mejorar como docente y valorar propuestas realizadas por los propios estudiantes de su materia.

Por otra parte, el propio profesor cumplimentará una rúbrica en la que autoevaluará el desarrollo de la unidad didáctica y su actividad docente, incluyendo comentarios y propuestas con vistas de mejorar en años posteriores. Valorará también los resultados que observa con respecto al agrado del alumnado, la motivación que ha alcanzado y los contenidos que ha interiorizado, con la meta de optimizar el proceso de enseñanza-aprendizaje en todos los aspectos posibles. Esta rúbrica se localiza en el Anexo XIV.

7. Conclusiones

La ingeniería genética y las bases moleculares del ADN constituyen asuntos muy referidos en la actualidad, que no cesan de progresar a pasos agigantados día a día. No obstante, tanto los más jóvenes como la población general tiende a tener escasas concepciones sobre este ámbito o, en su caso, erróneas.

La proyección didáctica desarrollada en este Trabajo de Fin de Máster se ha enfocado a formar ciudadanos, así como futuros estudiantes y profesionales de estos campos, con una adecuada base conceptual de estos aspectos. Además, se han seleccionado metodologías, como el trabajo cooperativo o el aula invertida, que facilitarán la interiorización de los conceptos tratados y la adquisición de competencias transversales de gran utilidad para el desarrollo ciudadano. A su vez, se conseguirá un potenciamiento de la motivación del alumnado de 2º de Bachillerato, ya que estas estrategias se han seleccionado en base a sus intereses y capacidades cognitivas, tanto a nivel individual como con perspectiva de grupo. Así, se garantizará la formación de jóvenes adultos capaces de desarrollarse de la mejor manera en la sociedad y en sus campos académicos y laborales, con habilidades para crear un pensamiento crítico y fundamentado con respecto a estos temas de relevancia actual.

8. Bibliografía

Alcamí, J., Bastero, J., Fernández, B., Gómez de Salazar, J., Méndez, M.J., Slöcker, J. (2016). Biología. 2º de bachillerato. Savia. Editorial SM. ISBN: 978-8467587197.

Ávila-Medrano, B.A., Ávila-Medrano, E.K. (2020). Karl Martin Leonhard Albrecht Kossel: En Portada. Revista de Medicina Clínica, vol. 4: 2. Disponible en web: <https://medicinaclinica.org/index.php/rmc/article/view/266>

Barchilón, M. (2020). Historia del descubrimiento del ADN. La Vanguardia: Junior Report. 20 de julio de 2020. Disponible en web: <https://www.lavanguardia.com/vida/junior-report/20191027/471223785960/historia-descubrimiento-adn-nucleotidos-doble-helice.html>

BBC News. (2021). Gregor Mendel: cómo un monje en un jardín de arvejas descubrió las leyes de la herencia genética. BBC News – Mundo. 21 de mayo de 2021. Disponible en web: <https://www.bbc.com/mundo/noticias-56719582>

Bello, S. (2004). Ideas previas y cambio conceptual. Educación Química, 15, 3: 60-67. Disponible en web: <http://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2004.3.66178>

Berg, M., Giguere, D., Dron, J., Lant, J., Genereaux, J., Liao, C., Wang, J., Robinson, J., Gloor, G., Hegele, R., O'Donoghue, P., Brandl, C. (2019). Targeted sequencing reveals expanded genetic diversity of human transfer RNAs. RNA Biology. 16 : 1-12. Disponible en web: <https://doi.org/10.1080/15476286.2019.1646079>

Bertaux, J., Carr, M., Des Marais, D. & Gaidos, E. (2007). Conversations on the Habitability of Worlds: The Importance of Volatiles. *Space Science Reviews*. 129. 123-165. Disponible en web: <https://doi.org/10.1007/s11214-007-9193-3>

Cevallos, Y., Molina, L., Santillán, A., De Rango, F., Rushdi, A., Alonso, J.B. (2017). A Digital Communication Analysis of Gene Expression of Proteins in Biological Systems: A Layered Network Model View. *Cogn Comput*: 9, 43–67. Disponible en web: <https://doi.org/10.1007/s12559-016-9434-4>

Dovey, G. (2021). DNA replication. Teach Me Physiology – Cell Growth and Death. 20 de septiembre de 2021. Disponible en web: <https://teachmephysiology.com/biochemistry/cell-growth-death/dna-replication/>

Echeburúa, E., de Corral, P. (2010). Adicción a las nuevas tecnologías y a las redes sociales en jóvenes: un nuevo reto. *Adicciones*, 22(2): 91-95. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=289122889001>

El País. (2003). El descubrimiento de la estructura del ADN cumple 50 años. Periódico El País: Sociedad. Madrid: 23 de abril de 2003. Disponible en web: https://elpais.com/sociedad/2003/04/25/actualidad/1051221601_850215.html

Esberg, A. (2007). Functional aspects of wobble uridine modifications in yeast tRNA. Department of Molecular Biology. Umea University. Solfjäders Offset: Umeå 2007. ISBN: 978-91-7264-302-4. Disponible en web: <https://www.semanticscholar.org/paper/Functional-aspects-of-wobble-uridine-modifications-Esberg/d4827adfbb73bf540fcfd892a0f75b54aaca4a73>

Estébanez Alonso, J.M. (2014). Análisis de los conocimientos e ideas previas sobre Genética de los alumnos que comienzan 4º ESO comparados con los alumnos de 1º Bachillerato. Universidad Internacional de la Rioja. Orihuela (Alicante). Disponible en web: <https://reunir.unir.net/handle/123456789/2648>

Farfán, M.J. (2015). Biología Molecular Aplicada al Diagnóstico Clínico. *Revista Médica Clínica los Condes*, 26 (6), pp. 778-793. DOI: 10.1016/j.rmcl.2015.11.007 Disponible en web: <https://www.elsevier.es/es-revista-revista-medica-clinica-las-condes-202-articulo-biologia-molecular-aplicada-al-diagnostico-S0716864015001546>

Fernández Hernández, J. M., Guerrero Bell, M., Fernández Guerrero, R. (2006). Las ideas previas y su utilización en la enseñanza de las ciencias morfológicas en carreras afines al campo biológico. *Tarbiya: Revista de investigación e innovación educativa*, 37: 117-124. ISSN: 1132-6239. Disponible en web: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=2013263>

Galileo Universidad. (2020). El papel de la biología molecular en la actualidad. Panel de noticias: Historias de éxito. Disponible en web: <https://www.galileo.edu/historias-de-exito/el-papel-de-la-biologia-molecular-en-la-actualidad/>

Gómez-Aguado, F., Lorenzo Luque, M.I., Simón, F., Hernández Giménez, B. (2015). Biología molecular y citogenética. Barcelona: Altamar. ISBN: 9788416415045

INTEF (Instituto Nacional de Tecnologías Educativas y Formación del Profesorado). (2013). “La Base de la Herencia”. *Proyecto Biosfera*. Ministerio de Educación y Formación Profesional, Gobierno de España. Disponible en web: <https://procomun.intef.es/ode/view/1619143201935>

Íñiguez, F. J. y Puigcerver, M. (2013). *Una propuesta didáctica para la enseñanza de la genética en la Educación Secundaria*. Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias 10 (3), 307-327. Disponible en web: <https://revistas.uca.es/index.php/eureka/article/view/2844>

Jang, S.M., Zhang, Y., Utani, K., Fu, H., Redon, C., Marks, A.B., Smith, O.K., Redmon, C.J., Baris, A.M., Tulchinsky, D.A., Aladjem, M.I. (2018). The replication initiation determinant protein (ReplD) modulates replication by recruiting CUL4 to chromatin. *Nat Commun.* 17; 9 (1): 2782. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05177-6>

Junta de Andalucía. (2010). “Unidad 3: Genética Molecular”. *Principios de genética*. Averroes. Centros TIC. Recursos docentes de Biología y Geología. Disponible en web: https://www.juntadeandalucia.es/averroes/centros-tic/14002996/helvia/aula/archivos/repositorio/250/282/html/genetica/index.htm?contenidos/interf.htm?curso03/curso03_01.htm

Khan Academy. (2017). “Vías de transmisión de señal”. Ciencia. Biología Avanzada. Comunicación celular y ciclo celular. Cambios en las vías de transducción de señales. Disponible en: <https://es.khanacademy.org/science/ap-biology/cell-communication-and-cell-cycle/changes-in-signal-transduction-pathways/a/intracellular-signal-transduction>

Kim, S. (2015). Topological tangle modeling of difference topology experiments: Tangle analysis of DNA-protein complexes. *Journal of Physics: Conference Series*. 622, 012023. <http://dx.doi.org/10.1088/1742-6596/622/1/012023>

Nelson, D.L., Cox, M.M. (2018). Lehninger: Principios de Bioquímica. Séptima edición. Omega: Barcelona. ISBN: 8428216673

Lents, N.H. (2010). ADN III: La replicación del ADN. Visionlearning, vol BIO-3 (2). Disponible en: <https://www.visionlearning.com/es/library/Biologia/2/ADN-III/180/reading>

Linko, V. (2011). DNA-based applications in molecular electronics. Research report. Department of Physics. Jyväskylä: University of Jyväskylä. ISBN: 978-951-39-425-5. Disponible en web: <https://jyx.jyu.fi/handle/123456789/26925>

Luisel V., Rodríguez, C. (2014). Metodologías de enseñanza para un aprendizaje significativo de la histología. Revista Digital Universitaria. 1 de noviembre de 2014, Vol. 15, No.11. Universidad Nacional Autónoma de México. Disponible en web: <http://www.revista.unam.mx/vol.15/num11/art90/>

Martínez, B. (2013). El mundo social del adolescente: amistades y pareja. Los problemas en la adolescencia: respuestas y sugerencias para padres y educadores, 3: 71-96. Madrid: Síntesis. Disponible en web: https://www.researchgate.net/publication/260479149_Martinez_B_2013_El_mundo_social_del_adolescente_amistades_y_pareja En E Estevez coord Los problemas en la adolescencia respuestas y sugerencias para padres y educadores Madrid Síntesis

McKee, T., McKee, J. (2014). Bioquímica: las bases moleculares de la vida. Quinta edición. McGraw Hill Education. ISBN: 978-607-15-1127-0

Morata, G. (2008). El siglo del gen. Biología molecular y genética. Fronteras del conocimiento. Madrid, BBVA. Disponible en web: <https://www.bbvaopenmind.com/articulos/el-siglo-del-gen-biologia-molecular-y-genetica/>

Olmo, M., Nave, R. (2017). Dogma Central de la Biología Molecular. HyperPhysics – Department of Physics and Astronomy – Georgia State University. Disponible en web: <http://hyperphysics.phy-astr.gsu.edu/hbasees/Organic/dogma.html>

Osorio Lupiáñez, P. (2019). Teoría de la Evolución. Una Biología para Todos. Primera edición. Editorial Gami. ISBN: 8417688099.

Peng, Y., Croce, C. (2016). The role of MicroRNAs in human cancer. Signal Transduction and Targeted Therapy, 1, 15004. <https://doi.org/10.1038/sigtrans.2015.4>

Piaget, J. (1981). Infancia y Aprendizaje. La teoría de Piaget, 4: 13-54. Disponible en web: <http://dx.doi.org/10.1080/02103702.1981.10821902>

Rué, J. (1994). ¿Qué es el aprendizaje cooperativo? Investigación e Innovación en Metodologías de Aprendizaje. Universitat Politècnica de Catalunya. Disponible en

web: <https://www.upc.edu/rima/es/grupos/giac-grupo-de-interes-en-aprendizaje-cooperativo/bfque-es-aprendizaje-cooperativo>

Sadurní, J.M. (2020). Gregor Mendel, el padre de la genética. Nacional Geographic. Revista Historia. Temas: Biografías. Disponible en web: https://historia.nationalgeographic.com.es/a/gregor-mendel-padre-genetica_15509

Salas, M. (2007). Arthur Kornberg, padre de la replicación del ADN. El País: Necrológicas. 4 de noviembre de 2007. Disponible en web: https://elpais.com/diario/2007/11/04/necrologicas/1194130801_850215.html

SnapGene®. (2021). Restriction Cloning. Resources. SnapGene®: Insightful Science. Disponible en web: <https://www.snapgene.com/resources/restriction-cloning/>

Soliman, A. (2002). Comparative studies in virus X affecting potato plants in Egypt. Cairo University, Faculty of Science. Giza (Egypt). <http://dx.doi.org/10.13140/RG.2.2.10679.73120>

Tan, C., Tomkins, J. (2015). Information Processing Differences Between Bacteria and Eukarya—Implications for the Myth of Eukaryogenesis. Answers Research Journal, 8: 143–162. Disponible en web: <https://answersresearchjournal.org/information-processing-bacteria-eukarya/#>

Torralba Redondo, B., Sanz Esteban, M., Serrano Barrero, S. (2009). Biología. 2º Bachillerato. Primera Edición. Tesela. Oxford Educación. Oxford University Press España. ISBN: 978-8467352132.

Trujillo Sáez, F. (2012). Propuestas para una escuela en el siglo XXI. Aula de Encuentro: Revista de Investigación y Comunicación de Experiencias Educativas. 15, 1: 209-210. Madrid: Catarata. ISBN: 978-84-8319-781-3. Disponible en web: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5710111>

UNIR (Universidad Internacional de La Rioja). (2020a). Flipped Classroom, las claves de una metodología rompedora. UNIR, Educación, Revista. Noticias. 3 de marzo de 2020. Disponible en web: <https://www.unir.net/educacion/revista/flipped-classroom/>

UNIR (Universidad Internacional de La Rioja). (2020b). Qué es el aprendizaje basado en problemas. UNIR, Educación, Revista. Noticias. 27 de julio de 2020. Disponible en web: <https://www.unir.net/educacion/revista/aprendizaje-basado-en-problemas/>

UNIR (Universidad Internacional de La Rioja). (2020c). Qué es el desarrollo cognoscitivo y sus implicaciones en el ámbito de la Educación Especial. UNIR, Educación, Revista. Noticias. 17 de agosto de 2020. Disponible en web: <https://www.unir.net/educacion/revista/desarrollo-cognoscitivo-cognitivo/>

Warren, B. (2021). Translation of DNA. Teach Me Physiology. Biochemistry. Protein Synthesis. 20 de septiembre de 2021. Disponible en web: <https://teachmephysiology.com/biochemistry/protein-synthesis/dna-translation/>

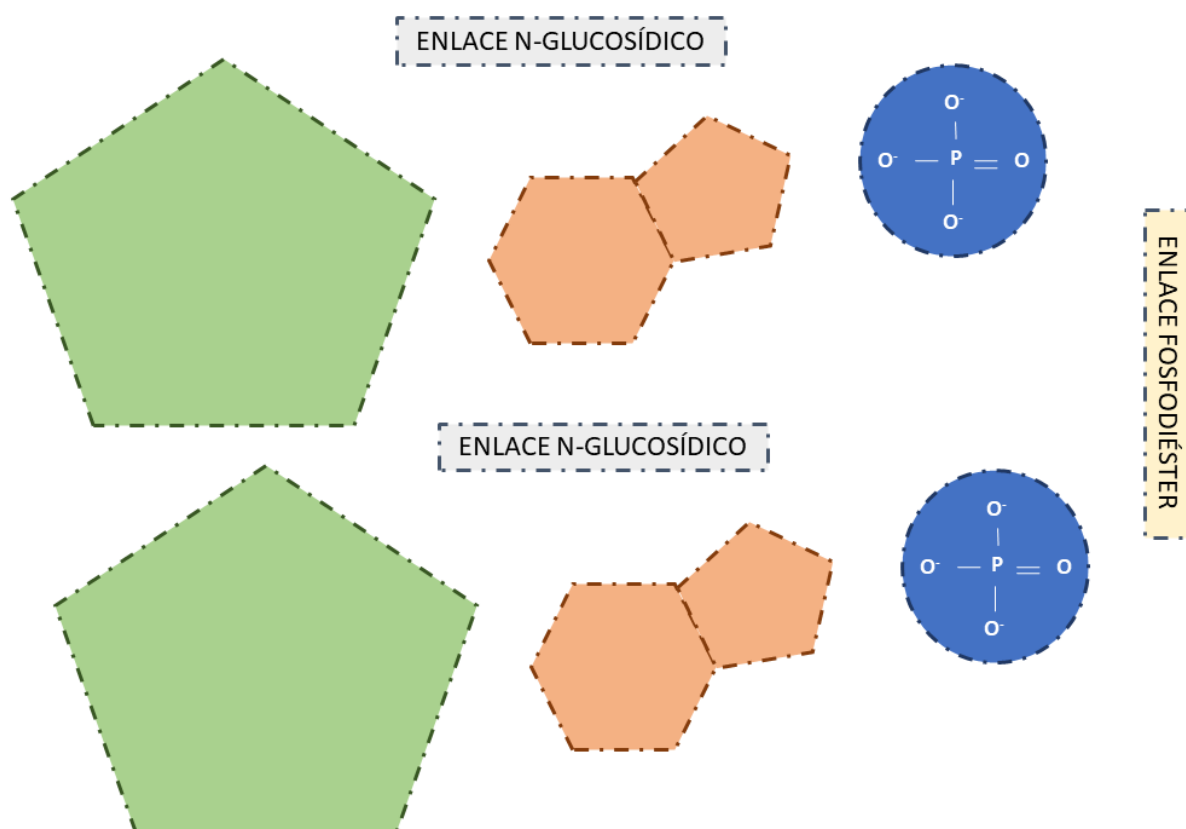
ANEXOS

ANEXO I: RÚBRICA DE EVALUACIÓN DE LOS CRITERIOS ASOCIADOS A LA UNIDAD DIDÁCTICA.

CE	Nivel de consecución (calificación)			
	1 (1-3)	2 (4-5)	3 (6-8)	4 (9-10)
CE.1.4.	No ha conseguido identificar los monómeros de los ácidos nucleicos ni los enlaces que los unen.	Ha conseguido identificar los monómeros de los ácidos nucleicos, pero no comprende la unión entre ellos.	Ha conseguido identificar los monómeros de los ácidos nucleicos y los enlaces que los unen.	Ha conseguido identificar los monómeros de los ácidos nucleicos y los enlaces que los unen con perfecta desenvoltura.
CE.1.5.	No conoce la composición química, función, localización ni tipos de ácidos nucleicos.	Conoce la función y localización, pero no los tipos y la composición de los ácidos nucleicos.	Conoce la composición química, función, localización y tipos de ácidos nucleicos.	Conoce e identifica perfectamente la composición química, función, localización y tipos de ácidos nucleicos.
CE.3.1.	No identifica el ADN como portador de la información genética.	Relaciona el ADN con la aparición algunas características de los seres vivos.	Identifica el ADN como responsable de portar la información genética.	Conoce perfectamente cómo el ADN ejerce su papel como portador de la información genética.
CE.3.2.	No conoce las etapas ni las enzimas implicadas en la replicación del ADN.	Distingue las principales etapas de la replicación, pero no su desarrollo ni el papel de cada enzima.	Conoce las etapas y enzimas implicadas en la replicación del ADN.	Describe perfectamente las etapas de la replicación del ADN y las características de las enzimas implicadas.
CE.3.3.	No conoce la relación entre el ADN y la síntesis de proteínas.	Relaciona el ADN con la síntesis de proteínas, pero no conoce exactamente cómo se da esta relación.	Conoce la relación entre el ADN y la síntesis de proteínas y los principales procesos por los que esto ocurre.	Describe perfectamente todos los procesos y participantes en el uso de la información del ADN para la síntesis de proteínas.
CE.3.4.	No ha mostrado conocer las características y funciones de los ARN.	Conoce los tipos de ARN, pero no describe bien sus características y funciones.	Expone las principales características y funciones de los ARN	Diferencia y describe perfectamente el papel y las propiedades del ARN y sus tipos.

CE.3.5.	No ha interpretado correctamente los esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.	Ha interpretado los esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción, pero con algún error.	Ha elaborado e interpretado los esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.	Ha elaborado con detalle e interpretado con soltura distintos esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.
CE.3.8.	No conoce las aplicaciones de la ingeniería genética en la actualidad.	Reconoce utilidades de la ingeniería genética en la actualidad, pero no en qué consisten.	Identifica las técnicas de la ingeniería genética en la actualidad y sus aplicaciones.	Describe las técnicas de la ingeniería genética en la actualidad, valora su utilidad y conoce su fundamento y aplicaciones.

ANEXO II: MATERIAL PARA LA ACTIVIDAD DE LA SESIÓN 1.



ANEXO III: PROTOCOLO PARA LA PRÁCTICA DE EXTRACCIÓN DE ADN DE TOMATE PARA LA SESIÓN 1.

El ADN, tal y como sabemos, se encuentra en todas las células de todos los organismos vivos. Aunque nos parezca mentira, los vegetales también lo son, y también está formado por células que contienen su propio ADN. ¿Qué será lo que forma esa estructura y textura tan peculiar de los tomates? ¿Qué será lo que realmente estamos introduciendo en nuestro cuerpo al comerlo? La respuesta es clara: células. Por ello, procedemos a extraer el ADN de ellas.

Si quisiéramos, podríamos secuenciar ese ADN, obteniendo una huella identificativa del tomate, como se hace con los restos de piel, pelo o sangre en los casos de investigación de criminales.

MATERIALES Y REACTIVOS

- 1 tomate
- 2 cucharaditas de sal común (NaCl)
- 250 ml de agua destilada
- Detergente para ropa, para lavavajillas o para fregar platos
- Mortero
- Colador
- Vasos de cristal
- Alcohol 96%
- Bicarbonato de sodio
- Tubo de ensayo

PROCEDIMIENTO

- 1) Machacamos muy bien el tomate (homogeneizamos la muestra), todo lo que podamos, con ayuda del mortero, para romper sus células y que salga el ADN, que se irá disuelto en la parte líquida del tomate
- 2) Por ello, colamos la muestra y guardamos en un vaso el líquido que hayamos obtenido.
- 3) Preparamos el tampón de lisis, que ayudará a romper las células y a que salga el ADN de ellas. Se añaden 2 cucharaditas de sal a 250 ml de agua y 6 cucharadas de bicarbonato de sodio. Se añade otra cucharadita de detergente, y mezclamos y agitamos durante 2 minutos.
- 4) Extraemos el ADN: mezclamos el líquido obtenido del tomate (tomamos 10 ml) con el tampón de lisis recién preparado, del que tomamos 20 ml. Tapamos y agitamos durante 2 minutos.
- 5) Cogemos 5 ml de la mezcla anterior y la pasamos a un tubo de ensayo.
- 6) Añadimos 10 ml de alcohol etílico con cuidado, dejándolo resbalar por las paredes del tubo (no lo echamos directamente).
- 7) Dejamos reposar 5 minutos y... ¡vemos el ADN! Es una interfase blanquecina entre el alcohol transparente (arriba) y la muestra de tomate rojiza (abajo).

ANEXO IV: ACTIVIDAD DE REPASO DE LA SESIÓN 3.

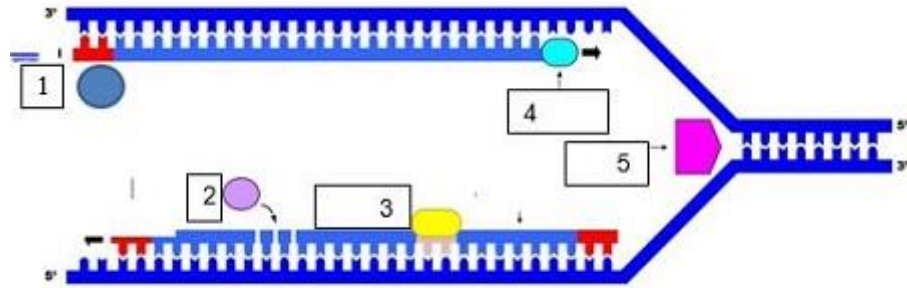
A continuación, vemos un trozo fragmento de la publicación de Watson y Crick en la revista *Nature* en 1953, en la que exponen su mayor descubrimiento: la estructura espacial del ADN. Lo hicieron en inglés, y se tradujo a nuestro idioma utilizando el traductor de *Google* que, como siempre, parece no trabajar de la mejor manera. ¿Encontrarás los fallos?

Deseamos ofrecer aquí una estructura radicalmente distinta para el ácido desoxirribonucleico. Esta estructura tiene dos cadenas helicoidales enrolladas en torno a un eje distinto cada una de ellas. Hemos hecho las suposiciones químicas usuales, más específicamente, que cada cadena consiste en grupos fosfatodiéster uniendo residuos de β -D-ribofuranosa con enlaces 5'→3'. Ambas cadenas siguen una hélice levógira y corren en la misma dirección. En cada una de las cadenas las bases están situadas hacia el exterior y los fosfatos hacia el interior. Los azúcares se disponen perfectamente perpendiculares a la base adjunta. Cada pareja de nucleótidos está separada por una distancia de 0.34 nm. Hemos asumido un ángulo de 36 grados entre residuos adyacentes en la misma cadena, para que la estructura se repita después de 12 pares de nucleótidos sobre cada cadena, esto es, después de 3,4 nm.

ANEXO V: PLANTILLA DE LA ACTIVIDAD ‘LAS PARTES Y EL TODO’

LA MAQUINARIA DE REPLICACIÓN					
↓					
PARTES					
↓					
¿QUÉ PASARÍA SI FALTARAN?					
↓					
¿CUÁL ES LA FUNCIÓN DE CADA UNA?					
↓					
¿CÓMO FUNCIONAN JUNTAS?					

ANEXO VI: IMAGEN PROYECTADA A COMPLETAR DE UNA HORQUILLA DE REPLICACIÓN EN LA SESIÓN 4.



ANEXO VII: PLANTILLA PARA ACTIVIDAD “COMPARA Y CONTRASTA” DE LA SESIÓN 4.

Two empty boxes (one green, one orange) are positioned at the top, with blue arrows pointing down towards the central question.

¿EN QUÉ SE PARECEN?

A large, empty, light blue rounded rectangle is provided for writing similarities.

¿EN QUÉ SE DIFERENCIAN?

EN CUANTO A:

Five rows of boxes are provided for writing differences. Each row consists of a green box, a light blue box with a double-headed arrow, and an orange box.

CONCLUSIONES:

A large, empty, light blue rounded rectangle is provided for writing conclusions.

ANEXO VIII: ACTIVIDADES SOBRE ENZIMAS DE RESTRICCIÓN DE LA SESIÓN 6.

Actividad 1: Las siguientes son algunas de las endonucleasas de restricción más utilizadas actualmente en las técnicas de biotecnología, que contienen numerosas aplicaciones. ¿Sabrías decir en qué organismo se aisló cada una de ellas por primera vez? ¿En qué se diferencian las enzimas Pvu I y Pvu II?

Nombre de la enzima	Organismos
EcoR V	<i>Thermus aquaticus</i>
Taq I	<i>Proteus vulgaris</i>
Not I	<i>Escherichia coli</i> RY13
Nru I	<i>Proteus vulgaris</i>
Stu I	<i>Streptomyces albus</i>
Sal I	<i>Nocardia rubra</i>
Pvu I	<i>Nocardia otididiscabirum</i>
Pvu II	<i>Streptomyces tubercidicus</i>

Actividad 2: Se digiere un fragmento de ADN clonado con las enzimas de restricción Hind III y Sma I y con una mezcla de ambas. Se obtienen fragmentos de los siguientes tamaños.

- Digestión con Hind III: un fragmento de 2,5 kb y otro de 5 kb.
- Digestión con Sma I: un fragmento de 2 kb y otro de 5,5 kb.
- Digestión con ambas enzimas: un fragmento de 2 kb, otro de 2,5 kb y otro de 3 kb.

A) Dibujar el mapa de restricción: localiza, en el fragmento inicial, los sitios de corte.

B) Cuando la mezcla de fragmentos producida por la actuación de las dos enzimas a la vez se corta, además, con la enzima EcoR I, se observa la pérdida del fragmento de 3 kb y la aparición de uno de 1,5 kb, en su lugar. Indicar sobre el mapa de restricción anterior el punto de corte de EcoR I.

ANEXO IX: ACTIVIDAD INDIVIDUAL DE LA SESIÓN 7.

EL FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

A partir de un hipotético gen de una célula eucariota, describir todo el flujo de información desde el gen eucariótico en un cromosoma del núcleo, que se copia en primer lugar, hasta el resto de procesos que tienen lugar para dar lugar al correspondiente polipéptido en el citoplasma.

El hipotético gen de una célula eucariota tiene la siguiente configuración:

5'	EXON 1	INTRON 1	EXON 2	INTRON 2	EXON 3	3'
PROMOTOR	ATGCAC TACGTG		CGGCAGCAG GCCGTCGTC		GAGAAGGCCAACTAG CTCTCCGGTTCATC	SECUENCIA DE FINALIZACIÓN
3'						5'

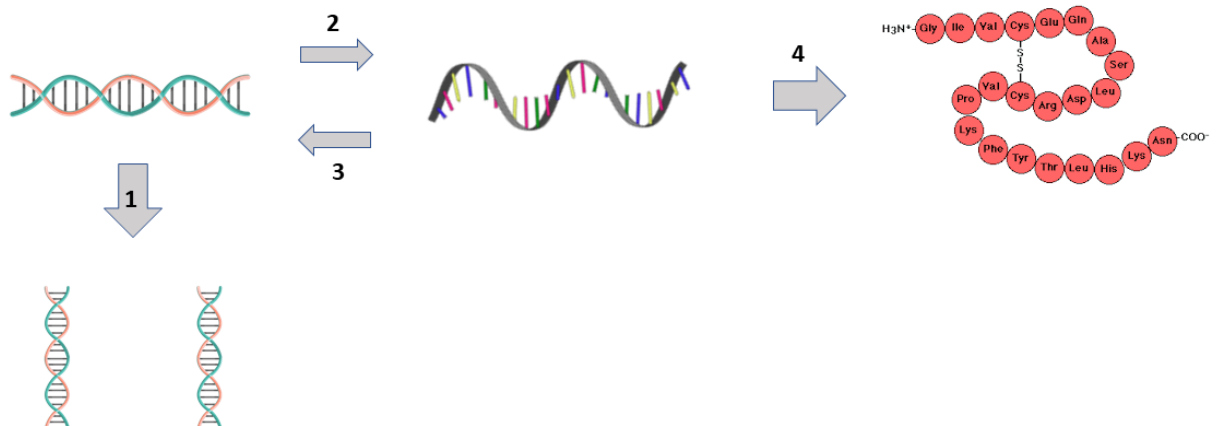
Directrices:

- Identifica los diferentes procesos y fases que intervienen.
- Analiza qué enzimas y otras moléculas están implicadas en cada proceso.
- Describe brevemente cada proceso.
- Determina cómo va cambiando la secuencia inicial al finalizar cada proceso, y representa esquemáticamente la secuencia del polipéptido final.

ANEXO X: ACTIVIDADES DE REPASO DE LA UNIDAD A REALIZAR EN LA SESIÓN 8.

Actividad 1: Si se compara la síntesis de proteínas con la construcción de un edificio, ¿Qué tipo de ARN representará el papel de arquitecto? ¿Y el de albañil que coloca los ladrillos para levantar una pared? ¿Qué molécula corresponde a los ladrillos? Razona tus respuestas.

Actividad 2: Presta atención al siguiente esquema y completa la tabla.



Número	Nombre del proceso	¿En qué consiste?	Molécula producida	Enzimas implicadas
--------	--------------------	-------------------	--------------------	--------------------

1				
2				
3				
4				

Actividad 3: Indica los tipos de moléculas que se pueden obtener por hidrólisis de un (desoxi-) nucleósido y de un (desoxi-) nucleótido. Indica el nombre de tres nucleótidos cualesquiera. Describe las funciones estructural, energética y co-enzimática de los nucleótidos.

Actividad 4: Busca en internet el funcionamiento del operón *lac* como mecanismo de regulación de la expresión génica y las aplicaciones que tiene su manipulación en la actualidad. Explica brevemente lo que hayas encontrado a tus compañeros.

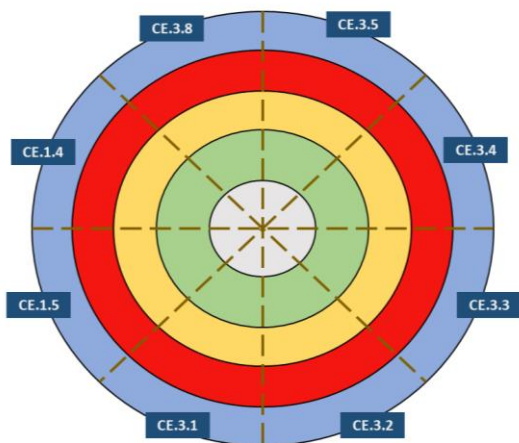
ANEXO XI: DIANAS DE EVALUACIÓN PARA VALORAR EL TRABAJO DE LOS COMPAÑEROS EN LA SESIÓN 8.

Los criterios de evaluación que vais a valorar en vuestros compañeros son los siguientes:

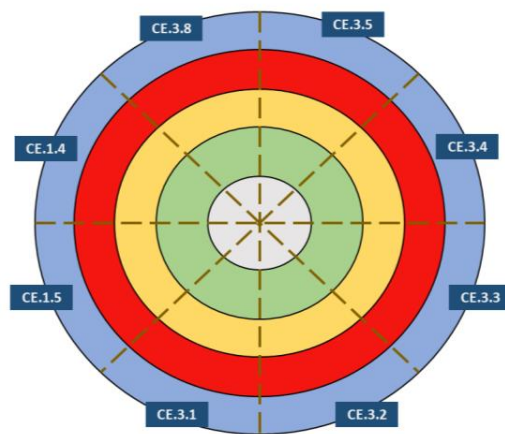
- CE.1.4. Identificar los tipos de monómeros que forman las macromoléculas biológicas y los enlaces que les unen.
- CE.1.5. Determinar la composición química y describir la función, localización y ejemplos de las principales biomoléculas orgánicas.
- CE.3.1. Analizar el papel del ADN como portador de la información genética.
- CE.3.2. Distinguir las etapas de la replicación diferenciando los enzimas implicados en ella.
- CE.3.3. Establecer la relación del ADN con la síntesis de proteínas.
- CE.3.4. Determinar las características y funciones de los ARN.
- CE.3.5. Elaborar e interpretar esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción.
- CE.3.8. Desarrollar los avances más recientes en el ámbito de la ingeniería genética, así como sus aplicaciones.

Rellenad la diana de cada grupo según penséis que han superado cada objetivo.

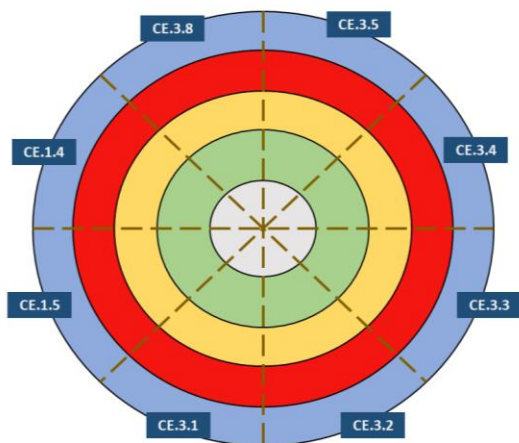
Equipo:



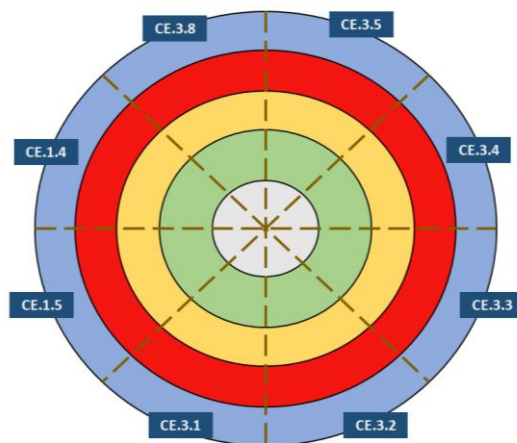
Equipo:



Equipo:



Equipo:



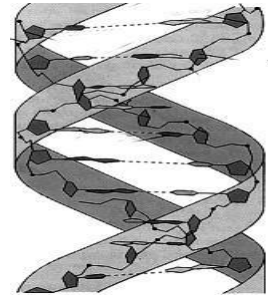
ANEXO XII: PRUEBA ESCRITA DE EVALUACIÓN DE LA UNIDAD (SESIÓN 9).

EXAMEN UNIDAD 'ÁCIDOS NUCLEICOS Y SUS ENZIMAS ASOCIADAS'

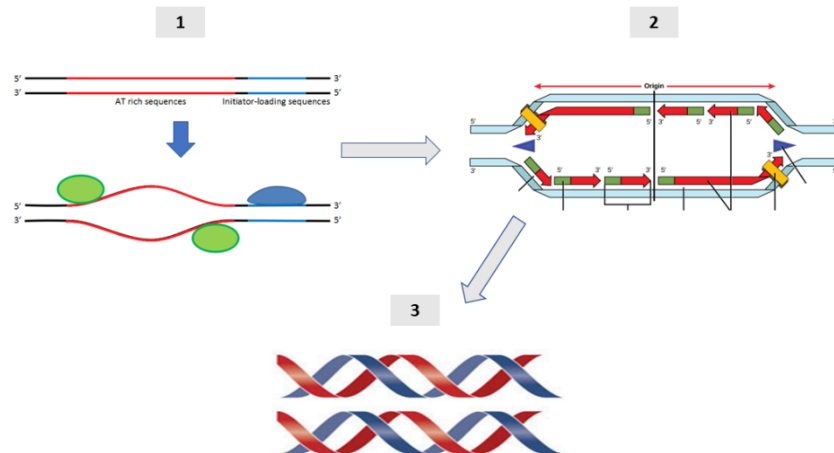
Nombre del alumno:

- 1) En relación a la figura, contesta a las siguientes preguntas (**CE.1.4.**, **CE.3.1.**):

- ¿Qué macromolécula representa la figura? ¿Qué tipos de monómeros la forman? Nombra los enlaces que se establecen entre los monómeros.
- Describe cuatro características de la estructura secundaria de esta molécula.



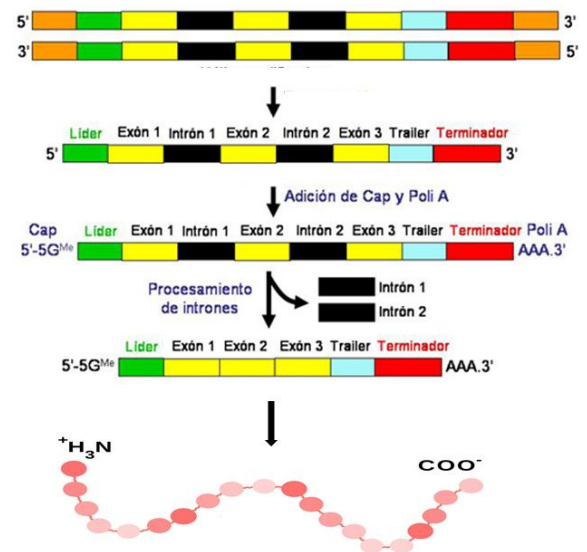
- Describe la composición química de los distintos tipos de nucleótidos. Define NADPH y ATP, nombrando una función de cada uno. Nombra dos lugares en los que se puede encontrar el ADN además de en el núcleo (**CE.1.5**).
- Define los siguientes conceptos, nombrando una función de cada uno (**CE.1.4**, **CE.3.4**).
 - ARNt
 - Renaturalización
 - Histona
 - NADPH
 - Enlace N-glucosídico
- Describe brevemente lo que ocurre en cada uno de los pasos de la figura, nombrando a los principales participantes y di el nombre del proceso global (**CE.3.1**, **CE.3.2**, **CE.3.5**).



- A la vista del siguiente esquema (**CE.3.1**, **CE.3.3**, **CE.3.4**, **CE.3.5**):

- Nombra las moléculas que aparecen en cada fase y el nombre del proceso por el que se van transformando.
- ¿En qué tipo de organismos tienen lugar todos estos procesos?
- Si la secuencia unida de los genes marcados en amarillo de la primera molécula es la siguiente:

5'-TTCGTTACACCCGCCTCTGGTGCA-3'
3'-AAGCAATGTGGGCGGAGACCAGT-5'



¿Cuál será la secuencia de la penúltima molécula? ¿Y de la última? Ayúdame de esta tabla para saberlo.

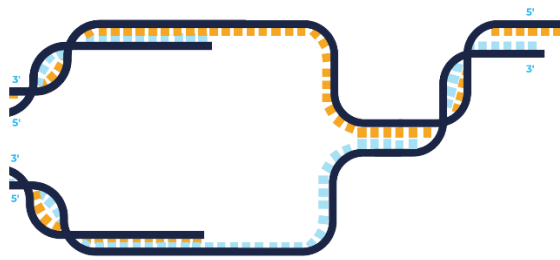
UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA } Stop UAG }	UGU } Cys UGC } UGA } Stop UGG } Trp
CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }
AUU } AUC } Ile AUA } AUG } Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }
GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }

- 6) Nombra los tres principales tipos de ARN y describe su estructura y función (CE.3.4.).
- 7) Explica cómo actúan las siguientes enzimas e indica una aplicación en la actualidad de cada una de ellas (CE.3.8.):
 - Transcriptasa inversa
 - ADN polimerasa
 - Hind III
 - Telomerasa

ANEXO XIII: ACTIVIDADES DE REFUERZO Y AMPLIACIÓN DE LA UNIDAD DIDÁCTICA.

ACTIVIDADES DE REFUERZO DE LA UNIDAD 2

- 1) Un fragmento de un ácido nucleico cuya secuencia es CGGAGCAC corresponde a:
 - a) ADN
 - b) ARNm
 - c) ARNt
 - d) ADN o ARN indistintamente
- 2) ¿Cuál es la cadena complementaria al siguiente fragmento de ADN: 5'-ACCTGTACG-3'?
Nombra y explica 3 características de la doble hélice del ADN, que descubrieron Watson y Crick.
- 3) Observa la siguiente imagen, que representa una horquilla de replicación:



- a) Identifica la cadena conductora y la retardada.
 - b) Dibuja los fragmentos de Okazaki en la que corresponda.
 - c) Dibuja, donde corresponda, cebadores de ARN.
 - d) Nombra 4 proteínas que participen en este proceso y su función.
 - e) Cita 3 diferencias con el proceso de transcripción y otras 3 con el proceso de traducción.
- 4) Dibuja un esquema sencillo con los pasos del proceso de traducción. ¿Qué significa que el código genético es degenerado?
- 5) Indica una función en las técnicas de biotecnología de las siguientes enzimas: EcoRI, ADN ligasa, retrotranscriptasa.

ACTIVIDADES DE AMPLIACIÓN DE LOS CONTENIDOS DE LA UNIDAD 2

M. Meselson y F. Stahl, en 1957, realizaron un experimento que los llevó a obtener una conclusión muy útil e interesante con respecto al proceso de replicación. En primer lugar, comprobaron que el ADN de bacterias cultivadas durante varias generaciones en un medio con ^{15}N (isótopo del nitrógeno de mayor peso molecular) pesaba más que el ADN de bacterias

cultivadas en un medio con ^{14}N , es decir, nitrógeno “normal”. Dada esta diferencia, pudieron separar ambos tipos de moléculas mediante un proceso de centrifugación con gradiente de densidad en medio de cloruro de cesio.

- Investiga en qué consiste la ultracentrifugación con gradiente de densidad, y qué utilidades tiene.

El experimento que realizaron ocurrió de la siguiente manera:

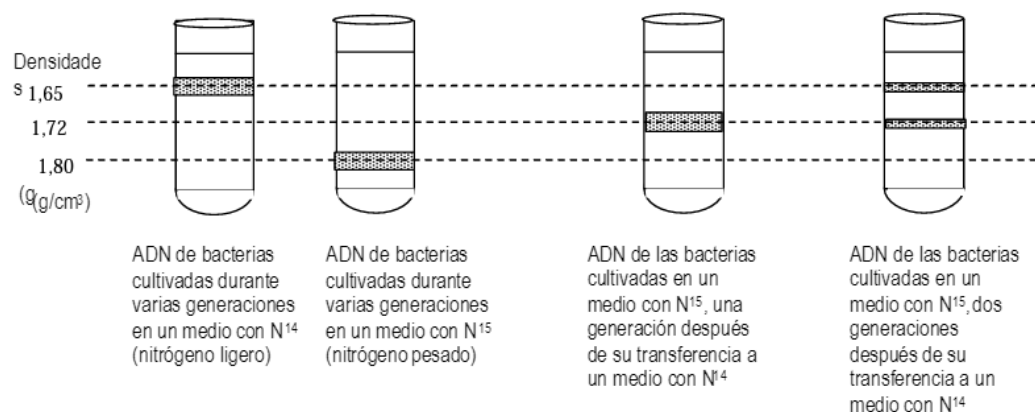
1. Cultivaron bacterias de la especie *E. coli* durante varias generaciones en un medio con el isótopo 15 del nitrógeno. Así, las cadenas de ADN que se fueran sintetizando en cada ciclo de división celular incluirían esos isótopos.
2. Se hicieron pasar esas bacterias a un medio con átomos de nitrógeno 14, dejando también que tuvieran lugar varios ciclos de división.
3. Tras ello, cogieron muestras de las bacterias resultantes y les extrajeron y analizaron sus moléculas de ADN.

En la primera generación obtuvieron una sola banda en posición intermedia. Esto quería decirles que todas las moléculas de ADN tenían la misma densidad, es decir, que tenían en todo caso la misma proporción $^{14}\text{N}/^{15}\text{N}$.

En las siguientes generaciones, segunda y tercera, se mantenía esa banda intermedia, pero aparecía una nueva banda, que se correspondía con la densidad de una molécula de ADN con nitrógeno 14.

- ¿Qué propiedad de la replicación descubrieron los investigadores con este experimento?

- Contesta las siguientes preguntas, en relación al esquema del experimento:



¿Cuál sería el aspecto de un quinto tubo de centrifugación obtenido a partir del cultivo sobre medio con N^{15} tres generaciones después de su transferencia al medio con N^{14} ? ¿Qué aspecto tendría un sexto tubo de centrifugación obtenido a partir del cultivo sobre medio con N^{15} tras 100 generaciones después de su transferencia al medio con N^{14} ?

ANEXO XIV: RÚBRICA Y COMENTARIOS DE AUTOEVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD DOCENTE

Aspecto	1	2	3	4	5
Las actividades y recursos seleccionados han sido útiles y motivadores.					
Las calificaciones obtenidas por los alumnos han sido satisfactorias.					
La temporalización y el tiempo estimado para cada actividad ha sido acertada.					
La motivación y el interés que han mostrado los alumnos ha sido alto.					
Las explicaciones han sido claras, dinámicas y adaptadas al contexto de los alumnos.					
Los alumnos han comprendido correctamente los conceptos más importantes.					

NOTAS, OBSERVACIONES O MEJORAS A AÑADIR:

.....

.....

.....

.....

.....