



UNIVERSIDAD DE JAÉN
Centro de Estudios de Postgrado

Trabajo Fin de Máster

GENÉTICA EN EVOLUCIÓN

Alumno/a: Cobo Peinado, Ángel

Tutor: Mario Sánchez Gómez

Departamento: Geología

Octubre, 2019

Resumen

Durante el presente Trabajo Fin de Máster se pretende abordar los contenidos relacionados con la evolución de los seres vivos comprendidos en el bloque 3: Genética y evolución, los cuales corresponden a la asignatura de Biología en el curso de 2º de bachillerato dichos contenidos aparecen en la Orden de 14 de julio de 2016, por la que se desarrolla el currículo correspondiente al Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía.

La enseñanza de la evolución, elemento clave en la alfabetización científica de nuestra sociedad, se encuentra anclada en muchas ocasiones en el Darwinismo clásico y se trabaja aislada de la genética. Esto puede crear distorsiones en la comprensión de ambos temas por parte del alumnado y desaprovecha las sinergias inherentes a su aprendizaje conjunto. De hecho, los actuales avances en el estudio de la evolución se producen a partir de la secuenciación generalizada de los genomas.

El proyecto consiste en una propuesta de mejora de la unidad didáctica mediante el cambio a una metodología mixta entre activa y pasiva, ampliación del contenido sobre las diferencias entre las teorías evolutivas (Darwinismo y Neodarwinismo) y especialmente mediante la realización de una actividad de investigación guiada, que aborda el análisis de la secuencia de los genomas de diferentes especies. Esto es posible gracias a la apertura pública de las bases de datos genómicas, que mediante el programa BLAST es accesible por cualquier usuario. Con esta actividad se conseguirán diversos objetivos simultáneos: aumento de la motivación del alumno al tratar con datos reales, mejorar la comprensión tanto de la evolución como de algunos aspectos de la genética, y actualizar los conceptos sobre la evolución del alumnado. Además, la aproximación numérica al concepto evolutivo supone una mejora a la atención a la diversidad.

Palabras clave: Biología, proceso de aprendizaje, unidad didáctica, aprendizaje significativo.

Abstract

During this Master's Thesis, it is intended to address the contents related to the evolution of living beings included in block 3: Genetics and evolution, which correspond to the subject of Biology in the course of 2nd year of high school said contents appear in the Order of July 14, 2016, which develops the curriculum corresponding to the Baccalaureate in the Autonomous Community of Andalusia.

The teaching of evolution, a key element in the scientific literacy of our society, is anchored in many occasions in classical Darwinism and works isolated from genetics. This can create distortions in the understanding of both subjects by the students and

miss the synergies inherent in their joint learning. In fact, the current advances in the study of evolution occur from the generalized sequencing of genomes.

The project consists of a proposal to improve the teaching unit by changing to a mixed methodology between active and passive, expanding the content on the differences between evolutionary theories and especially by conducting a guided research activity, which addresses the analysis of the sequence of the genomes of different species. This is possible thanks to the public opening of genomic databases, which through the BLAST program is accessible by any user. With this activity, several simultaneous objectives will be achieved: increasing the motivation of the student to deal with real data, improving the understanding of both the evolution and some aspects of genetics, and updating the concepts of student evolution. In addition, the numerical approach to evolution implies an improvement in attention to diversity.

Keywords: Biology, learning process, teaching unit, meaningful learning.

Índice

1.Introducción	5
2.Fundamentación epistemológica	7
2.1. Contexto histórico y social	7
2.2. Teorías de la evolución	12
2. 2.1. Darwinismo	12
2. 2.2. Unión de la genética y la evolución (Neodarwinismo).	13
2. 2.3. Otros mecanismos evolutivos	15
2.3. Pruebas de la evolución	19
2. 3.1. Pruebas Biogeográficas.	19
2. 3.2. Pruebas taxonómicas.	20
2. 3.3. Pruebas paleontológicas.	21
2. 3.4. Pruebas anatómicas.	22
2. 3.5. Pruebas embriológicas.	23
2. 3.6. Pruebas bioquímicas.	24
2.4. Divergencia y convergencia evolutiva.....	25
2. 4.1. Divergencia evolutiva.....	25
2. 4.2. Convergencia evolutiva	26
2.5. Evolución regresiva	26
2.6. Análisis de ADN en evolución.....	27
2. 6.1. Reloj molecular	27
2. 6.2. Proyecto del Genoma Humano (PGH)	29
2. 6.3. BLAST.....	30
2. 6.4. Paleogenética	32
3.Unidad didáctica	33
3. 1. Utilidad práctica del tema.....	33
3. 2. Justificación didáctica	36
3. 3. Contextualización.....	39
3. 4. Adaptación de la UD	40
3. 5. Elementos curriculares.....	42
3. 5.1 Objetivos	42
3. 5.2 Competencias.....	47
3. 5.3 Contenidos	50
3. 5.4 Metodología pedagógica.....	52
3. 6. Evaluación	53
3. 6.1 Criterios de evaluación y estándares de aprendizaje	54

3. 6.2	Criterios de calificación	55
3. 6.3	Instrumentos de calificación	56
3. 6.4	Recuperación.....	56
3. 7.	Temporalización.....	56
3. 8.	Organización del espacio	63
3. 9.	Recursos materiales.....	64
3. 10.	Tratamiento interdisciplinar	64
3. 11.	Atención a la diversidad.....	65
4.	Bibliografía	67
	Legislación a nivel nacional:.....	71
	Legislación a nivel de la Comunidad Autónoma:	71
	Documentos del I.E.S. Sierra Sur:.....	72
	Otros recursos:.....	72
	Web necesarias:.....	72
	Libros:.....	72
5.	Anexos:.....	73
	Anexo I	73
	Anexo II	76
	Anexo III	77
	Anexo IV	81
	Anexo V.....	82
	Anexo VI.....	84

1. Introducción

Desde que el hombre ha sido consciente de sí mismo ha intentado dar respuesta a su propia existencia, en ocasiones, las conjeturas sobre su devenir han sido dadas como explicaciones en busca de una satisfacción basada en la fe. El razonamiento también ha sido asociado en este tema pero más cerca de la filosofía que de la ciencia, buscando siempre la satisfacción de dar respuesta a algo que parecía no tenerla. La religión, la filosofía y la ciencia han tratado de dar solución a esta incógnita con mayor o menor éxito. Siendo objetivo habría que considerar la validez de cada uno de los razonamientos a día de hoy. Considerando el más realista el de la ciencia ya que este mismo se basa en hechos demostrables a través de una herramienta poderosa, el método científico, el cual puede descifrar la verdad de todos los acontecimientos posibles.

La concepción del término evolución biológica ha sufrido cambios a través del tiempo hasta unirse con conceptos de genética, ya que actualmente no se entiende la aparición de nuevas especies sin considerar los procesos de mutación y recombinación en el ADN de una población. Queda claro que las pruebas de la evolución están escritas en el genoma. Desde la aparición del proyecto del genoma humano a comienzos del siglo XXI se ha llevado a cabo la secuenciación de multitud de organismos permitiendo que el estudio genético sea un mecanismo accesible, útil y fácil de manejar. Los diferentes mecanismos de alineamiento de secuencias son herramientas cruciales a la hora de dictaminar el porvenir de un linaje evolutivo. Este tipo de pruebas están revolucionando el mundo de la filogenia y reordenando la clasificación de los seres vivos de manera inequívoca. Podemos encontrar ciertas especies de vegetales clasificadas como especies no emparentadas que han resultado ser parientes muy próximos y viceversa (D'Hont et al., 2012).

Teniendo en cuenta el reciente cambio en la legislación, según está comprendido en la Orden de 14 de julio de 2016 y para reflejar la ligazón entre ambas disciplinas (genética y la biología evolutiva) llevo a cabo la elección de la temática en cuestión. Se vinculan así nuevas concepciones dentro del campo de la evolución que deben de ser transmitidas al alumnado del siglo XXI. Mi experiencia en el periodo de prácticas en el centro docente IES Sierra Sur de Valdepeñas de Jaén me mostró plantearme la propuesta de mejora que presento en este trabajo de fin de máster. Los objetivos que se tratan lograr son solventar la falta de interés del alumnado, una metodología exclusivamente pasiva, la falta de contenidos en cuanto a las diferencias entre las dos teorías evolutivas (Darwinismo y Neodarwinismo).

La propuesta de mejora va a consistir en una combinación de metodología activa y pasiva, ampliación del contenido a través del uso de las TICs y el desarrollo de un proyecto de investigación guiado por el profesor mediante una herramienta digital, BLAST, la cual consiste en una base de datos heurística que alinea secuencias de ADN y

las compara con una base de datos real de Pubmed. BLAST es una forma de analizar secuencias genómicas o fragmentos de ellas de manera rápida, sencilla y gratuita.

La propuesta puede dividirse en dos partes:

- La primera parte propone una mejor comprensión por parte del alumnado. Se ha de combinar el modelo expositivo tradicional con otras metodologías de enseñanza activa con el fin de obtener un aprendizaje significativo. El rol del alumnado ganará importancia y se completará mediante la búsqueda de información y el uso de la TIC. El debate y las ideas de los alumnos y alumnas serán una herramienta habitual de clase.
- La segunda parte comprende el desarrollo de un proyecto de investigación guiado por el profesor. Que tiene como finalidad hacer atractivo parte del contenido. La trascendencia a través de la historia del término evolutivo debe suponer un reto intelectual para el alumnado lo que lo hace muy apropiado para estimularlo y que este pueda servir de vehículo curricular en la asignatura. Esto favorece que el alumnado aumente la motivación y compromiso con su propio aprendizaje y que se fomente el uso de habilidades cognitivas complejas. Se hará especial énfasis en el desarrollo de las competencias clave y a mejorar la atención a la diversidad, esta se llevará a cabo evitando exponer al término evolutivo como un concepto abstracto. Se favorece la comprensión del alumnado que pueda no estar representado dentro del grupo de pensamiento operacional formal de Piaget.

Las herramientas usadas para el aprendizaje a lo largo de esta UD están diseñadas para la integración de la visión científica. Las presentaciones, videos, fotos y actividades persiguen que el alumnado adquiera un conocimiento evolutivo global. La comprensión de la unidad es crucial para el perfecto desarrollo de la prueba de acceso a la universidad (PAU) y como un concepto central, estructural y fundamental en los procesos de enseñanza-aprendizaje de la Biología en general (Gagliardi, 1986; González, 2011). Favorece la formación de una ciudadanía alfabetizada desde el punto de vista científico, permite al alumnado comprender parte de sí mismo, de su origen como especie y como habitante del planeta Tierra.

2. Fundamentación epistemológica

A lo largo de la historia los conocimientos han ido siguiendo corrientes de pensamiento. El Zeitgeist (espíritu del tiempo) que encierra cada época va destinado a la elaboración de un concepto cada vez más amplio y realista de la evolución. La teoría de Darwin no surge de la nada sino que aparece como una necesidad o idea que permaneció en el aire sugerida por investigadores anteriores, los descubrimientos de estos investigadores dan pie a la formulación de la teoría de Darwin-Wallace.

Al mismo tiempo la evolución ha ido desmintiendo suposiciones basadas en la fe y en la filosofía del porvenir de la vida. Estas ideas alternativas aún siguen formando parte de la explicación de nuestro mundo para ciertos grupos de personas. Por suerte en nuestro país estos grupos de influencia no tienen la fuerza suficiente para luchar contra la visión científicamente aceptada de la evolución.

2.1. Contexto histórico y social

Para el siguiente contenido se va seguir el criterio de clasificación del pensamiento evolutivo de Stephen Jay Gould (2004) (Figura 1) paleontólogo, biólogo evolutivo y catedrático "Alexander Agassiz" de Zoología de la Universidad de Harvard, propuesto en su libro *La estructura de la teoría de la evolución*. Con respecto a los antecedentes epistemológicos de la evolución biológica se puede destacar 5 momentos históricos claves en la cambiante percepción del pensamiento:

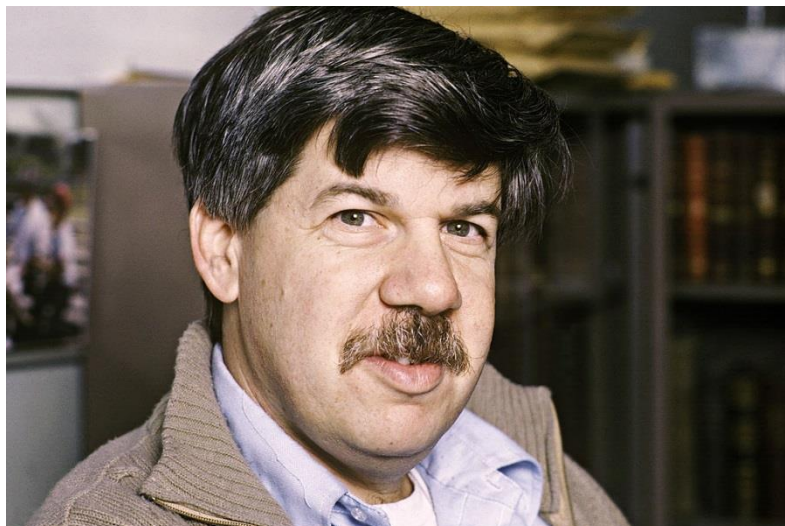


Figura 1. Fotografía de Gould S. J.

El primer momento decisivo o el comienzo del pensamiento tiene lugar en la antigua Grecia, lugar donde se comenzó a especular sobre los orígenes del hombre. La solución a esta gran pregunta se dio acorde a los principios culturales y sociales de corte esencialista propuesto por filósofos griegos de la antigüedad como Platón o Aristóteles. Más adelante la tradición judeo-cristiana formó su propia creación del hombre, este seguía teniendo origen en la creación divina y establece que el ser humano fue creado a imagen y semejanza de su creador, «Dios el señor formó al hombre de la tierra misma, y sopló en su nariz y le dio vida. Así el hombre comenzó a vivir». La percepción creacionista del Génesis de la Biblia fue adoptada como la explicación al origen del ser humano durante gran parte de la historia de la humanidad. Hay que decir que no existe solo una religión y no solo en la religión cristiana sino en todas las religiones abrahámicas (cristianismo, judaísmo e islamismo) se comparten ideas tales como el creacionismo, fijismo y el monoteísmo. Otro grupo de religiones, las dhármicas (budismo e hinduismo) no creen necesaria la respuesta a esta pregunta, puesto que ellos consideran que el universo ha existido desde siempre.

En este apartado habría que hacer un inciso y tratar el tema del creacionismo a día de hoy, aunque se considere como el primer momento del pensamiento evolutivo existen grupos con creencia férrea en el creacionismo. A diferencia del creacionismo clásico se ha modificado a lo que denominan “diseño inteligente”. Los creacionistas modernos como explicación a la complejidad y adaptación de los organismos del medio natural sugieren que las respuestas de la naturaleza tienen que ser obra de un diseñador omnipotente. Las ideas creacionistas no tienen un sustento científico y la propia Royal Society de Londres afirmó en 2006 que el evolucionismo está fuertemente respaldado, negando un espacio al diseño inteligente como teoría científica. En España, el debate entre creacionistas y evolucionistas no tiene una gran controversia puesto que el evolucionismo está fuertemente arraigado en la comunidad educativa y científica. No es así en otros países con gran nivel de desarrollo como es Estados Unidos, donde todavía se enseña creacionismo en más de 10 estados, destacando Louisiana y Tennessee que poseen una gran tradición creacionista. Según *Politics* (<https://news.gallup.com/poll/210956/belief-creationist-view-humans-new-low.aspx>) en 2017 un 38% de los estadounidenses creen que el hombre surge por los poderes divinos de

Dios. En la siguiente figura (Figura 2) se puede observar la distribución de la enseñanza creacionista en Estados Unidos.

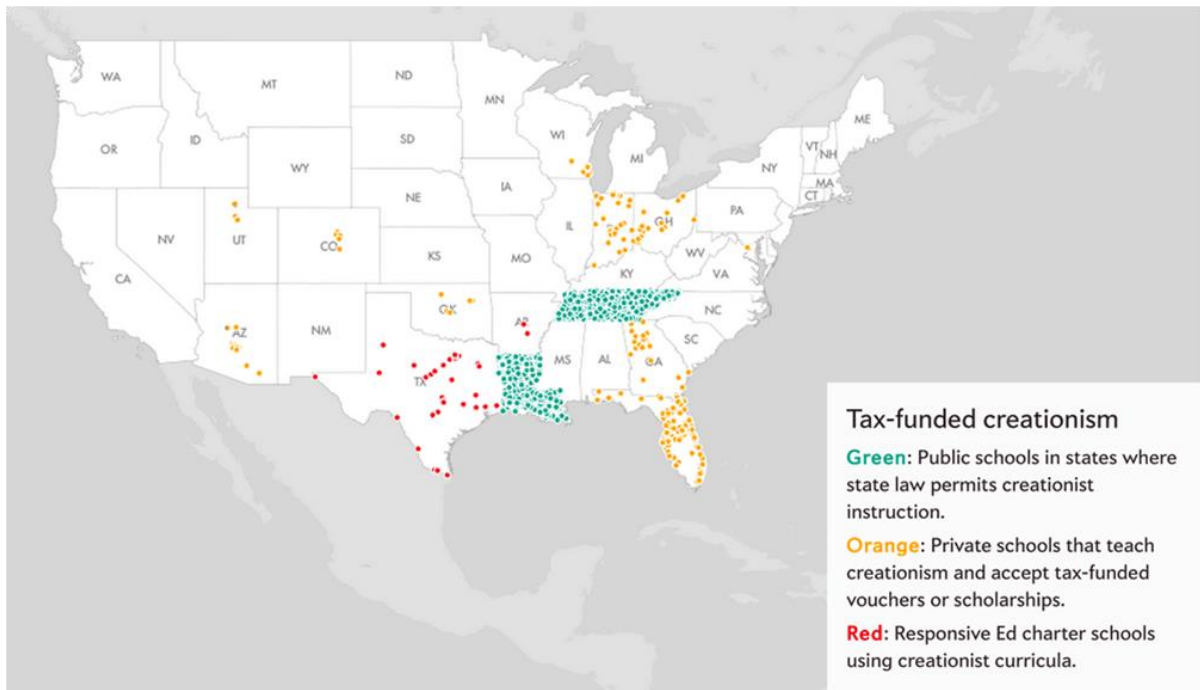


Figura 2. Distribución de centros con enseñanzas creacionistas en EEUU.

La percepción teológica llega hasta la naturalista de mediados del siglo XVIII de la mano de Linneo, Harvey y Paley, pensadores que comparten una explicación sobrenatural del origen de los seres vivos, consideran a los mismos como entes inmutables a través del tiempo.

El segundo momento, comprende desde finales del siglo XVIII hasta principios del siglo XIX, donde Georges Louis Leclerc mayormente conocido como conde de Buffon y otros naturalistas plantean que la viabilidad de los organismos no estaba establecida desde la creación. Buffon observó el registro fósil y lo comparó con los organismos actuales llegando a la conclusión de que los organismos experimentan variaciones y algunos incluso habían desaparecido. Estas ideas tendrían gran influencia en naturalistas posteriores. En esta misma época se propone la primera teoría de la evolución por Lamarck influenciada por el pensamiento previo de Buffon. Lamarck propuso la primera teoría evolucionista que se denominó la transformación de los seres vivos (transformismo). Se acepta que a lo largo de la historia los organismos han ido modificándose. Según Lamarck los cambios en el medio causan transformaciones en la conducta de los individuos y en consecuencia cambios en sus órganos. Su uso provoca su crecimiento y su desuso su atrofia. Y esos caracteres se heredan. Esta teoría propone que los organismos presentan una tendencia a cambios heredables mediante el uso y desuso de órganos buscando una mayor complejidad. Se considera a este pensamiento transformista y creacionista ya que no se explica el origen de la vida en nuestro planeta

sin la omnipotencia de un ser todo poderoso, Dios. El ejemplo clásico para exponer esta idea de Lamarck corresponde con explicación del cuello de las jirafas (ver Figura 3)



Figura 3. Las jirafas mediante la ejercitación de su cuello llegaban a las hojas más altas de los árboles para alimentarse según Lamarck.

El tercer momento, comprende desde el siglo XIX, momento en el cual se consolida la teoría evolutiva de Darwin, propuesta de forma independiente por los naturalistas Darwin y Wallace. Darwin tuvo ocasión de estudiar y recoger numerosos datos a partir de los cuales, dedujo una nueva teoría de la evolución. La publicó muchos años después de haberla pensado, estimulado por la competencia de Alfred Russell Wallace, que había llegado a las mismas conclusiones que él. Por este motivo, se habla de la teoría de la evolución de Darwin – Wallace, esta es la primera teoría consistente, unificadora y exclusivamente científica de la evolución. Aunque la propuesta de Darwin tomó más peso a lo largo del tiempo debido a su idea sobre la evolución del ser humano. Según Darwin los humanos presentamos un antepasado común con algunos homínidos, algo chocante para la época, este hecho fue un detonante para poner en entre dicho la teoría de Darwin en sus comienzos. Además supuso un motivo de mofa por parte de la sociedad del siglo XIX hacia la figura de Charles Darwin (ver Figura 4). Por otro lado Wallace afirmaba que el hombre tenía un origen divino. La teoría de Darwin y Wallace establece que la aparición de la enorme biodiversidad de especies en nuestro planeta se originó a partir de uno o pocos antepasados comunes siendo el principal mecanismo de la evolución biológica la selección natural.

El cuarto momento clave, comprende el periodo desde principios del siglo XX denominado también como eclipse del darwinismo (Bowler, 1985) corresponde con la explicación del motor de la selección natural, la genética. Esta nueva rama de pensamiento era un acontecimiento posterior a Darwin y su teoría. En este momento de la historia del pensamiento evolutivo época la validez de la teoría darwinista fue puesta en entre dicho. Aparece la consolidación de la teoría sintética de la evolución a mediados del siglo XX (1940-1950), dicha teoría fusiona la teoría de Darwin con la nueva disciplina biológica, la genética, nace así el Neodarwinismo.

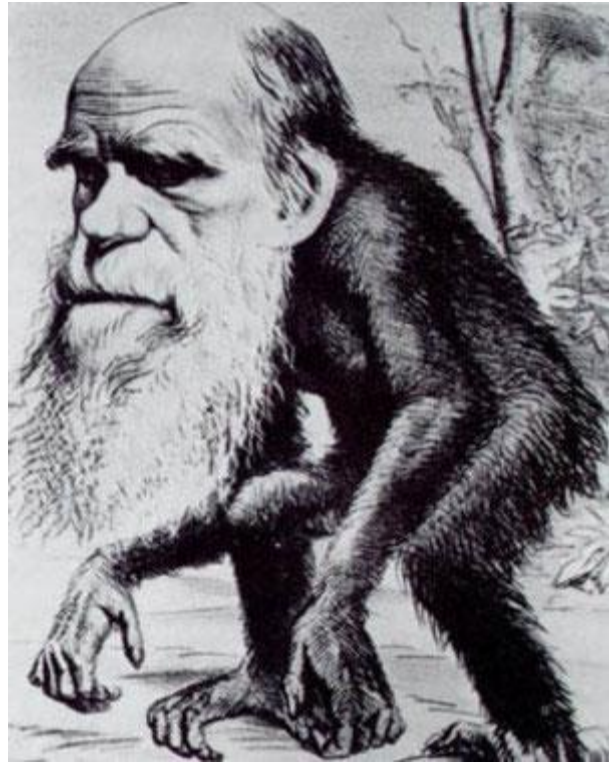


Figura 4. Caricatura de Darwin publicada en la revista *Hornet*.

El quinto y último momento decisivo comprende desde 1960 hasta nuestros días, dónde no se cuestiona la validez de la selección natural sino su explicativa omnipotencia. Así que la nueva teoría Neodarwinista reúne datos de todas las ciencias biológicas. Aparecen nuevas ideas de cara a la evolución con nuevos mecanismos de especiación tales como; el efecto fundador, simbiosis y el efecto cuello de botella entre otros. En este mismo contexto se entiende la revisada definición de evolución biológica, esta se define como “una serie de transformaciones parciales o completas e irreversibles de la composición genética de las poblaciones, basadas principalmente en interacciones alteradas por el ambiente. La evolución orgánica consiste principalmente en radiaciones adaptativas de especies en nuevos ambientes, ajustándose a cambios ambientales que tienen lugar en un hábitat particular y en el origen de nuevos modos de explorar hábitats ya existentes. Estos cambios adaptativos dan lugar ocasionalmente a una mayor complejidad de patrones de desarrollo, de reacciones fisiológicas y de interacciones entre poblaciones y su ambiente, llegando con el tiempo a la especiación”.

2.2. Teorías de la evolución

2. 2.1. Darwinismo

En su obra “El origen de las especies” (1.859), Darwin explica que el proceso evolutivo se basa en dos factores: la variabilidad de la descendencia y la selección natural que produce la lucha por la existencia. Darwin tomó de Malthus la idea de que, mientras los alimentos crecen en proporción aritmética, la población lo hace de forma geométrica. En un momento determinado del proceso se alcanzará el punto crítico, no se dispondrá de alimentos suficientes. Por ello ante un ambiente hostil, se plantea entre todos los individuos de una misma población una lucha por la supervivencia, en la cual los menos aptos acaban por desaparecer y persisten los mejor adaptados. A esto se le denomina selección natural. Los supervivientes, son los que se reproducen más y transmiten sus características a más descendientes.

Para demostrar el hecho de la evolución, Darwin aporta, entre otras, pruebas biogeográficas (Ver punto 2.2 Pruebas de la evolución) y para exponer cómo ocurre la evolución expuso el caso de la selección artificial en su obra *Ensayo sobre la domesticación* (1868). Gran parte del contenido del libro se refiere a información detallada sobre la domesticación de los animales y plantas. Aunque también contiene una descripción de la teoría sobre la herencia que él denominó pangénesis. Su idea sobre la herencia de caracteres nace de la necesidad de explicar la transmisión hereditaria aunque en este caso sin fundamentación. La pangénesis corresponde con una idea defendida por Anaxágoras y Demócrito según la cual cada órgano y estructura del cuerpo producía pequeños sedimentos llamados gémulas, que por vía sanguínea llegaban a los gametos. Esta idea fue posteriormente rebatida por Francis Galton, se demostró la validez de teorías diferentes (González, 2004).

Por otro lado la selección artificial es un proceso llevado a cabo por los humanos sobre todo desde el neolítico con el fin de obtener razas y variedades de animales y vegetales útiles a sus fines. Se entiende como selección artificial a la técnica de control reproductivo de los organismos domésticos, el hombre puede seleccionar su ganado o cultivos de forma que busca ciertas características. La elección de las características beneficiosas perdura en el tiempo ya que estas son las únicas que se reproducen mientras las características que no interesan se pierden. Se pueden encontrar miles de estos ejemplos y es fácil entender cómo se llevan a cabo estos procesos. Algunos ejemplos son; el perro a partir del lobo, la mayoría de los cultivos que conocemos como; maíz, trigo, cebada, lechuga... etc.

La teoría de la evolución Darwin-Wallace supone un punto de inflexión en el pensamiento biológico. Se rompen las ligas que sostienen la aparición de la vida en nuestro planeta a causas sobrenaturales, es el comienzo del pensamiento sobre

superstición. El trabajo realizado por Darwin y Wallace demuestra una concepción del mundo novedosa para la época, la enorme intuición necesaria para esta suposición rompe los esquemas y concepciones sociales sobre el devenir del hombre. Pensadores anteriores muestran ligeras ideas que conducen a la suposición de la evolución de los seres vivos mediante diferentes pruebas, como por ejemplo las pruebas paleontológicas (ver apartado 2.1 Pruebas de la evolución). Son estos dos naturalistas los que cambian la forma de pensar de su época. La teoría es aportada de una forma lógica y con la toma de datos y pruebas cuidadosamente realizada. Aunque cierta esta idea, aún no se puede definir la sucesión de caracteres entre padres e hijos.

2. 2.2. Unión de la genética y la evolución (Neodarwinismo).

La aparición de la nueva teoría evolutiva, Neodarwinismo, surge de los posteriores estudios sobre genética y una revisión de la teoría de Darwin. La concepción de la genética no existía en la época en la que Darwin planteó su teoría por lo tanto no supo explicar que movía a la selección natural.

El concepto de la herencia parecía ser algo realmente cierto ya que es fácilmente observable la aparición de cierto grado de parentesco entre padres e hijos, existía “algo” que hacía que ciertas características puedan pasar de generación en generación. Aunque lógico y visible no se podía explicar de manera científica, ¿por qué pasaban características entre generaciones?

Dando sentido a la herencia de caracteres de generación en generación, Gregor Mendel describió el término factor hereditario en sus estudios con plantas de guisante. Dicho término dio los primeros comienzos de la genética. Posteriormente la teoría cromosómica proponía que los factores hereditarios, es decir los genes, se localizaban en los cromosomas y como ocurría con un carácter concreto el número de cromosomas también era de dos. Existen dos paquetes de información, aunque la generación filial solo obtiene un juego de cada progenitor (Sutton, 1903; Boveri, 1904). Por lo tanto existían paquetes de información que se podían heredar y algunas de estas características podían heredarse de forma conjunta, estos son los genes ligados (presentan aparición lineal en el cromosoma) de forma que se heredan en el mismo cromosoma (Morgan, 1911). Quedó claro que las características heredables (genes) se localizaban en los cromosomas y que los individuos presentan dos juegos de información de los que solo uno procede de cada progenitor, la herencia pasó a ser un hecho científicamente demostrable.

Por otro lado la genética de poblaciones se establece como el núcleo teórico y ataca con fuerza el concepto de la teoría Darwinista en su explicación sobre las causas de la evolución. El logro más importante de los modelos de genética de poblaciones fue mostrar que la selección natural era un mecanismo suficiente para que pueda darse la

evolución. Según afirmaba Fisher “La selección natural es un mecanismo que genera un grado sumamente alto de improbabilidad” cita recuperada de Huxley (1936), esto quería decir que la variedad de características aparecían en la naturaleza por sí mismas a partir de mutaciones puntuales y que algunas de estas perduraban en el tiempo. El principio de la selección natural pasó a observarse como un proceso acumulativo de improbabilidad a través de una serie de oportunidades favorables (Fisher, 1930; Wright, 1931). La aportación de Fisher en su libro *The Genetical Theory of Natural Selection* se celebra como el primer trabajo importante para proporcionar una síntesis de la selección darwiniana y la genética mendeliana. Su publicación en 1930 marcó un punto de inflexión en el desarrollo del pensamiento evolutivo, contribuyendo fundamentalmente al renacimiento del darwinismo después de un largo período de abandono. Después de la década de 1920 a 1930 la selección natural no ha vuelto a ponerse en entredicho, siendo un mecanismo evolutivo válido y aceptado.

La selección natural pasó a observarse como una acumulación de las diferentes variedades de características heredables que podrían producirse por errores (mutaciones) de las secuencias de ADN, estos errores surgen al azar a lo largo del tiempo. Su acumulación selectiva se debía a ciertas variables del medio que favorecían a algunas de las características a acumularse en el ADN de una población. Además se aceptó como mecanismo de evolución cualquier cambio en las frecuencias alélicas en una población en el transcurso de varias generaciones; sin importar si ese cambio se debe a selección natural o a algún otro mecanismo evolutivo, ni si ese cambio mejora la adaptación de la población a su entorno o no. Se aceptaron más mecanismos evolutivos; la simbiosis (Margulis y Sagan, 2003), evolución horizontal molecular, genética de poblaciones, teoría neutralista de la evolución molecular (Kimura, 1983) y la deriva genética.

Los avances científicos y la aceptación de los mecanismos de la evolución dieron pie a la llegada de una teoría evolutiva remodelada que pasó a llamarse teoría Sintética denominada por Huxley en 1946. Desde su aparición, la evolución se considera un proceso en dos etapas, uno es el surgimiento al azar de la variación, y otro la selección direccional de las variantes producidas en la primera etapa. El juego entre el azar de las mutaciones y la selección son el motor de la evolución. La revolución de la biología molecular de los últimos 30 años no ha hecho más que confirmar la importancia general de ambos ingredientes.

En definitiva se superan las ideas de la teoría Darwin-Wallace, el concepto presentaba demasiadas aristas, debía ser revisado y puesto al día. La genética abre camino a la evolución mejorando la forma de comprenderla y de clasificar la vida de forma coherente. La taxonomía queda obsoleta frente a las pruebas que se muestran en el ADN. La filogenética se introduce en una nueva senda que no induce a error.

Esta teoría moderna de la evolución difiere de la teoría de Charles Darwin en tres aspectos:

- Reconoce que las características de una especie son heredadas en forma de unidades separadas llamadas genes. La variación dentro de una población se debe a la presencia de múltiples alelos de un gen.
- Postula que la especiación es habitualmente una acumulación de pequeñas modificaciones genéticas a lo largo del tiempo.
- Reconoce varios mecanismos evolutivos además del de la selección natural.

2. 2.3.Otros mecanismos evolutivos

Como se ha dicho en el apartado anterior, el debate sobre el poder omnipotente de la selección natural es insuficiente para la obtención de la enorme variabilidad que existe en nuestro planeta. La aceptación de más mecanismos evolutivos muestra que el proceso evolutivo no es un mecanismo único de selección. Cualquier variación de las frecuencias alélicas de una población puede influir en su porvenir.

El siguiente apartado se muestra la dificultad de que una mutación pueda desencadenar un proceso de especiación. Además sugiere que la deriva genética es un mecanismo más eficaz para producir una especiación o diferenciación de especies a lo largo del tiempo.

Teoría neutralista de la evolución molecular

La teoría neutral (Kimura, 1983) afirma que es muy complicado que una mutación puntual sea beneficiosa para su portador y establece que la mayoría de las mutaciones no se ven afectadas por la selección natural. Las mutaciones aparecen al azar, esto no quiere decir que el individuo que la posea pueda presentar un efecto negativo o positivo. La mayoría de las mutaciones son inapreciables para la selección natural, estas se denominan mutaciones neutras. Las mutaciones neutras se van acumulando en el ADN de los individuos debido a que no se ven afectadas por la selección natural, a su vez las mutaciones aleatorias que favorecen a sus portadores se van acumulando en la población mediante la selección natural. Según esta teoría la mutación no es un mecanismo suficientemente efectivo para cambiar las frecuencias alélicas de una población, no carga sobre el trabajo de la selección natural en la selección de alelos favorables para la supervivencia sino que estima que no es un mecanismo efectivo, sugiere que la deriva genética es mejor mecanismo para cambiar la frecuencia alélica en una población. En los siguientes puntos se van a mostrar diferentes mecanismos de variación de las frecuencias alélicas:

- Deriva genética

La deriva genética se define como cualquier reducción del acervo genético de una población por causas externas a la selección de los alelos, es decir, mediante cualquier efecto estocástico. La reducción de acervo genético elimina de forma no selectiva alelos de la población, por probabilidad los alelos más representados pueden permanecer en la población y frecuentemente los alelos menos representados suelen ser eliminados (Wright, 1964). En la siguiente generación se observa un cambio en la diversidad de la población reduciendo significativamente sus frecuencias alélicas. Ejemplos de deriva genética son los siguientes puntos; Efecto cuello de botella y efecto fundador.

Efecto cuello de botella

El efecto cuello de botella (Sastre et al., 2011) es el ejemplo extremo de deriva genética. En este caso un acontecimiento estocástico (no debido a selección) como una catástrofe natural (terremoto, incendio o huracán) reduce de forma drástica el número de individuos de una población. Al diezmar la población el acervo genético experimenta una reducción drástica, algunos alelos habrán desaparecido quedando solamente una pequeña cantidad que represente a la población. Al eliminar de forma no selectiva parte de los alelos, la frecuencia alélicas de los que sobreviven al desastre natural se ven incrementados de forma significativa, los alelos supervivientes dictarán el futuro de la población.

El efecto cuello de botella produce una eliminación de la variabilidad de la especie muy severa, en la cual las generaciones siguientes al desastre natural son susceptibles de experimentar más efectos de la deriva genética hasta que la población vuelva a la normalidad, por lo tanto durante generaciones pueden perderse más alelos.

En la **figura 5** puede verse una representación gráfica de cómo sería la reducción del acervo genético. Donde cada bola representa a un alelo diferente, la botella al acervo genético de la población y hacerla vaciar representa la catástrofe natural. El vaso representa la primera generación después de la catástrofe donde solo una pequeña parte de los alelos de la población sobreviven.



Figura 5. Efecto cuello de botella.

Efecto fundador

Al igual que en el apartado anterior (efecto cuello de botella,) el efecto fundador (Hunley y Healy, 2011) es otro ejemplo extremo de deriva genética. En este, una pequeña parte de la población se aísla del resto, ya sea por una barrera física o por alguna otra razón (ver Figura 6). De esta forma la nueva población fundadora no presenta la misma proporción de alelos que la población original sino una pequeña representación de ella. La nueva población puede presentar alelos poco corrientes o incluso carecer de los comunes divergiendo de la frecuencia de la población inicial (ver apartado 2.1 pruebas de la evolución, pruebas biogeográficas).

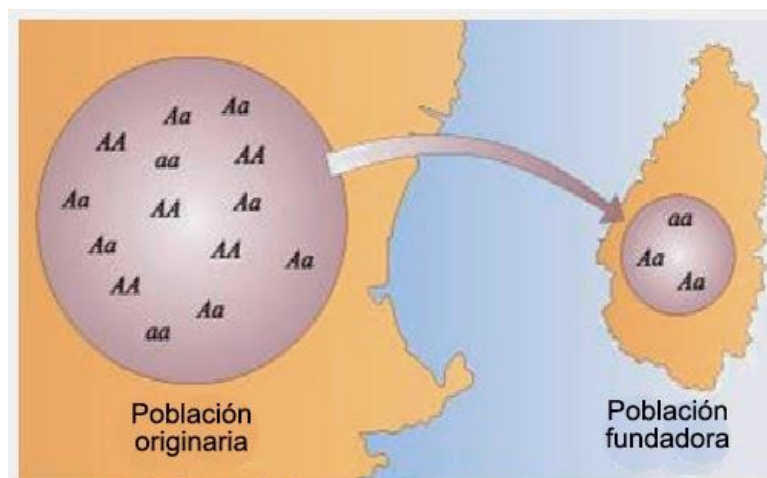


Figura 6. Efecto fundador

Figura 6. Se observa como una pequeña porción de una población se aísla del resto, la representación de los alelos de la población fundadora no representa las frecuencias alélicas de la población original. Se encuentran diferencias significativas en las frecuencias alélicas de forma que con el tiempo acabarán divergiendo.

- Simbiosis y transferencia genética horizontal

Esta teoría de la simbiosis (Sagan et al., 1965; Sagan, 1967; Margulis y Sagan, 2003) se afirma que la relación entre individuos puede aportar una relación de mejora en la supervivencia. Cada uno de los individuos simbiotes se favorece de su “amigo” de forma que la vida sin dicha relación sería más complicada para ambos. Según esta teoría una gran parte de las características de los seres vivos procede de la interacción simbiótica con otros organismos y de la adquisición de su genoma (transferencia genética horizontal). En contraposición con la teoría Neodarwinista, Margulis afirmaba que la mutación no bastaba como mecanismo evolutivo para la obtención de la enorme diversidad, la mutación es una fuente de baja variabilidad. La fuente de variabilidad surge de la asimilación de los genomas de los simbiotes mediante transmisión horizontal. Donde la selección natural dictaba la supervivencia de los organismos que sí se pueden relacionarse de forma productiva. La transferencia de ADN puede ser entre organismos unicelulares y/o pluricelulares, en organismos como las bacterias es habitual la asimilación de ADN del medio o incluso de otros organismos. Un ejemplo a este hecho es la resistencia a los antibióticos. Se piensa que los dominios unicelulares han realizado asimilación entre ellos de genomas (ver Figura 7).

Recientemente esta teoría se ha visto respaldada por posteriores investigaciones, se piensa que la transmisión horizontal de ADN está involucrada no solo en la aparición de las mitocondrias y los cloroplastos sino en la aparición de familias de proteínas globulares como la hemoglobina en diferentes organismos. En este caso se tratará el de una especie de planta, *trema virgatum*, una planta que comparte linaje con bacterias y algas (Vázquez-Limón et al., 2012).

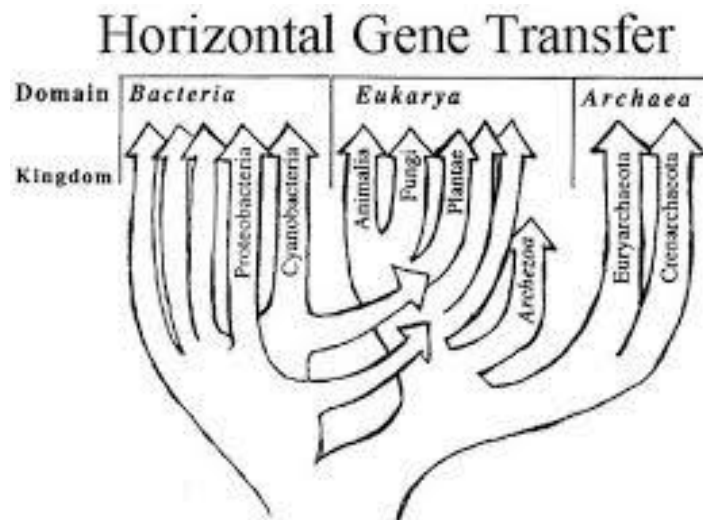


Figura 7. Esquema de transferencia horizontal de ADN entre dominios

2.3. Pruebas de la evolución

A día de hoy se consideran como pruebas de la evolución a la recopilación que se ha llevado a cabo a lo largo de la historia del término evolutivo, desde las pruebas más antiguas como son las pruebas taxonómicas, paleontológicas tanto como las biogeográficas hasta las más modernas como son las pruebas bioquímicas. A lo largo del siguiente apartado se van a exponer las diferentes pruebas que demuestran que la evolución es un hecho.

2. 3.1. Pruebas Biogeográficas.

Se piensa que surge de la observación directa de Darwin sobre las diferentes especies de pinzones en las islas galápagos estas pruebas se diferencian por una separación física de una población de individuos de la misma especie. Cuanto más alejadas o aisladas están dos zonas, más diferencias presentan su flora y su fauna. Por lo tanto dicha población se enfrenta a diferentes ambientes favoreciendo que los individuos que nacen mejor adaptados al ambiente acaban siendo los más representados de la población. De esta forma al cabo de varias generaciones la variabilidad de características genéticas de la población se ve favorecida por los que nacen más adaptados para dicho ambiente siendo estos los más representados, a este concepto se le denomina especiación alopárida (Dobzhansky, 1937). Con el paso del tiempo la población inicial de la especie al estar sometida a diferentes ambientes acabará por separarse en dos especies evolutivamente diferentes. Ejemplo de los pinzones de Darwin en las islas Galápagos es el ejemplo clásico para esta prueba de la evolución (Figura 8).



Figura 8. Pinzones de Darwin

Figura 8. Se pueden ver como los diferentes ambientes provocan la aparición de diferentes picos, estos se ven influenciados por las diferentes estrategias de alimentación que los pinzones adaptaron en cada ambiente desembocando en especies diferentes a lo largo del tiempo. Someter a una especie a diferentes ambientes provoca la aparición de nuevas líneas evolutivas mediante lo que se conoce como radiación adaptativa, el ambiente condiciona la evolución. Los pinzones acaban alcanzando gran parte de los nichos ecológicos de las islas en busca de su supervivencia.

2. 3.2. Pruebas taxonómicas.

Se consideran como las pruebas más antiguas que se conocen de la evolución, fueron propuestas por Linneo a la hora de clasificar los seres vivos y condujo a la deducción que los organismos provienen de unos pocos grupos de individuos. La clasificación de los seres vivos se basa en criterios de semejanza. Cada taxón incluye seres con unas características comunes. El mejor ejemplo posible para este tipo de prueba son los organismos denominados “puentes” entre los diferentes grupos taxonómicos, como los mamíferos monotremas (ornitorrinco), que poseen características intermedias entre los reptiles y los mamíferos; los onicóforos que se hallan entre los anélidos (lombrices y sanguijuelas) y los protozoos se consideran dentro

del reino animalia, por ser heterótrofos a excepción de la *euglena spirogyra* que en presencia de luz puede sintetizar clorofila pasando a ser autótrofa.

2. 3.3. Pruebas paleontológicas.

Se basan en el estudio de los fósiles, junto a las pruebas taxonómicas son las pruebas más antiguas que se conocen de la evolución. En el registro fósil se aprecia un aumento en la diversidad a lo largo del tiempo, así como, en general, un aumento de la complejidad. Las series de fósiles que han podido encontrarse indican una evolución que tiende, aparentemente mediante cambios graduales a hacer más especializadas las diferentes estructuras conservadas. Por ejemplo, los antepasados del caballo contaban con patas cortas terminadas en cinco dedos, que posteriormente se reducen a tres y por último a uno solo, a la vez que los huesos de estos miembros se alargan. En este caso la evolución toma una dirección: la de conseguir una extremidad adaptada a la carrera (ver Figura 9)

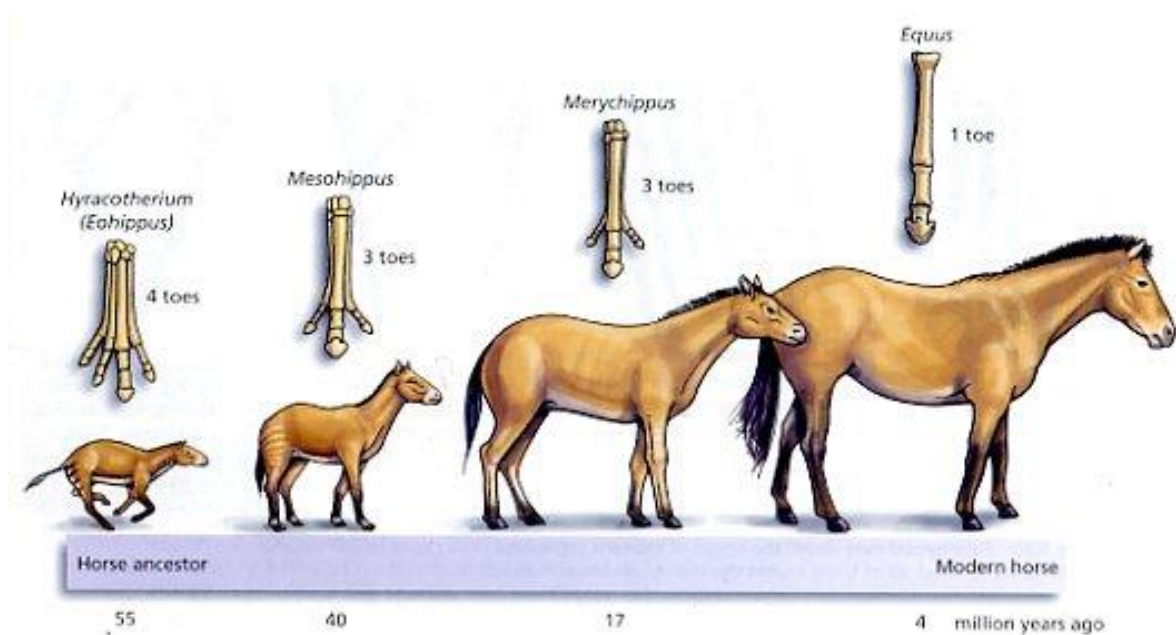


Figura 9. Prueba paleontológica, línea evolutiva *Equus*

2. 3.4. Pruebas anatómicas.

Se basan en la comparación de órganos entre diferentes especies. Los órganos homólogos son aquellos que tienen un mismo origen embriológico y evolutivo, y por ello una misma estructura interna, aunque su aspecto y función pueden ser diferentes. Se los considera prueba de que derivan de un antecesor común por un proceso de evolución divergente. Por ejemplo, la pata de un gato, el brazo humano, el ala de un murciélago o la aleta de una ballena presentan el mismo diseño de huesos a pesar del aspecto externo tan diferente que poseen (Ver Figura 10).

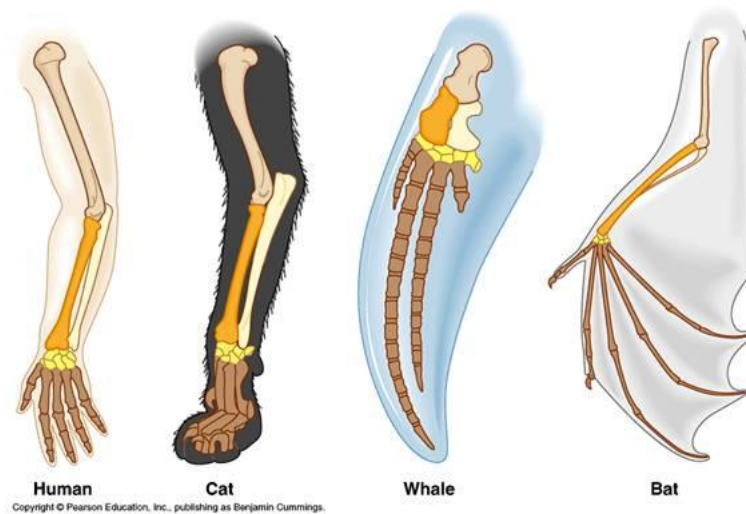


Figura 10. Órganos homólogos en mamíferos.

Por el contrario, existen órganos que desempeñan funciones semejantes y que incluso tienen aspectos parecidos, pero cuyo parecido procede de una evolución convergente surgiendo como adaptación a unas mismas necesidades. Se trata de órganos análogos: las alas de los insectos y los de los mamíferos son órganos de este tipo (Ver Figura 11).

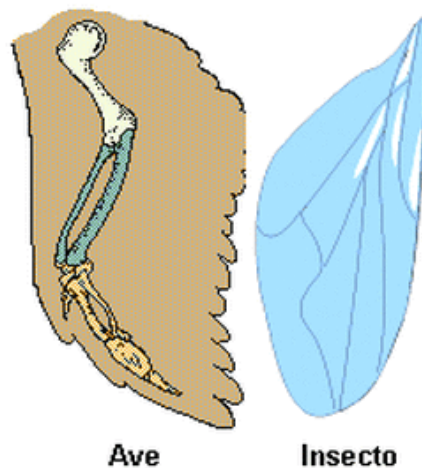


Figura 11. Órgano análogo, ala ave e insecto

Por otro lado los órganos vestigiales no realizan ninguna función, por lo que si se eliminan no producen ningún perjuicio para el individuo. Son homólogos respecto a órganos ancestrales funcionales. A causa del desuso se han ido reduciendo en los organismos actuales.

2. 3.5.Pruebas embriológicas.

Se basan en el estudio comparado del desarrollo embrionario. En definitiva el desarrollo del embrión se produce en el mismo orden de sucesión que la evolución de su antepasado (Duboule, 1995; Krumlauf, 1995). Los embriones, a lo largo de su desarrollo, presentan estructuras que luego pueden perderse, pero que dan pistas sobre el origen de su grupo. Además, el estudio de diferentes embriones puede servir para comparar especies que, una vez nacidas no tienen el mismo aspecto (ver Figura 12). El estudio de embriones en algunos estadios de su desarrollo puede dar pista sobre su origen evolutivo. Existen organismos aparentemente diferenciables en aspecto donde sus embriones son casi indistinguibles unos de otros. En la figura propuesta más adelante se observa como los embriones del grupo de los vertebrados en sus dos primeras etapas presentan una gran similitud, tanta que sería complicado diferenciar la especie a la que pertenece cada embrión. Esta prueba muestra que estas mismas especies comparten un mismo linaje evolutivo en alguna etapa lo largo de su historia. El desarrollo de los embriones es una característica en estos individuos que no ha cambiado mucho a lo largo del tiempo.

Comparación del desarrollo de los distintos tipos de vertebrados y del hombre en las tres primeras etapas.

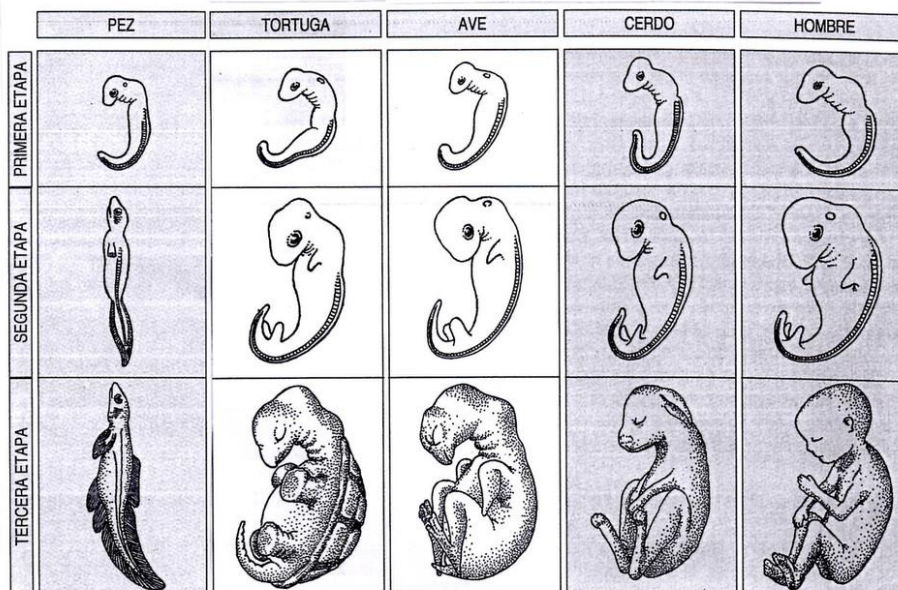


Figura 12. Comparación de embriones de vertebrados con el hombre.

2. 3.6. Pruebas bioquímicas.

Se estudian moléculas similares en grupos de seres vivos diferentes. De entre todas las moléculas, el ADN y las proteínas son las más interesantes y la comparación de las mismas se emplea para averiguar el parentesco entre especies (Rubin et al., 2000) (ver Figura 13). Incluso puede servir para dar fecha concreta en la divergencia de dos especies con un antepasado común, a través de lo que se denomina el reloj molecular (ver apartado 2. 4. 1 reloj molecular). Las pruebas de ADN están aportando una nueva visión de la taxonomía de los seres vivos: ciertas especies de vegetales clasificadas como especies no emparentadas han resultado ser parientes muy próximos y viceversa (D'Hont et al., 2012).

gorila		A	
humano	GTGCCCATCCAAAAGTCCAA	GATGACACCCAAAACCCCTCATCAAGACAATTGTCACCAGG	
chimpancé	GTGCCCATCCAAAAGTCCAA	GATGACACCCAAAACCCCTCATCAAGACAATTGTCACCAGG	
humano	ATCAATGACATTTACACACGCAGTCAGTCTCCTCCAAACAGAA	GTCACCGGTTTGGAC	C
chimpancé	ATCAATGACATTTACACACGCAGTCAGTCTCCTCCAAACAGAA	GTCACCGGTTTGGAC	
gorila			C
gorila		C	
humano	TTCATTCTGGGCTCCACCC	ATCCTGACCTTATCCAAGATGGACCAGACACTGGCAGTC	
chimpancé	TTCATTCTGGGCTCCACCC	ATCCTGACCTTATCCAAGATGGACCAGACACTGGCAGTC	
gorila			C
humano	TACCAACAGATCCTCACCAGTATGCCTTCCAGAAAC	TGATCCAAATATCCAACGACCTG	
chimpancé	TACCAACAGATCCTCACCAGTATGCCTTCCAGAAAC	TGATCCAAATATCCAACGACCTG	
gorila			A
humano	GAGAACCTCCGGGAT	CTTCTTCAGGTGCTGGCCTTCTCTAAGAGCTGCCACTTGCCCTGG	
chimpancé	GAGAACCTCCGGGAT	CTTCTTCAGGTGCTGGCCTTCTCTAAGAGCTGCCACTTGCCCTGG	
gorila			C

Figura 13. Comparación secuencia ADN humano-chimpancé-gorila.

Figura 13. En esta secuenciación se puede observar una gran similitud en el apareamiento de bases. Se pueden identificar los alineamientos de bases no coincidentes de color violeta, estando estos muy poco representados a lo largo de la secuencia. El ADN de humano, chimpancé y gorila es muy cercano evolutivamente, la similitud de la secuencia se debe a un pariente cercano del que las ramas evolutivas divergieron, se deduce que las diferencias entre las secuencias aparecen después de la divergencia de las especies. La teoría del reloj molecular anteriormente citada podría dar una fecha exacta de la divergencia de estas tres especies, más adelante se concretará en qué consiste esta teoría.

Este tipo de análisis pueden aclarar anteriores errores a nivel taxonómico, sirven para reinventar la taxonomía, da luz sobre los procesos que han determinado la supervivencia de especies a lo largo del tiempo e incluso puede darnos información de cómo podría ser el primer organismo con vida, el LUCA.

2.4. Divergencia y convergencia evolutiva

2. 4.1. Divergencia evolutiva

A día de hoy sabemos que todos los seres vivos presentan el mismo código genético e incluso que la composición química es similar. Tales semejanzas no pueden ser fruto del azar sino del hecho de que todos los organismos están emparentados. La existencia de la enorme biodiversidad que existe en nuestro planeta se debe a la aparición de diferentes líneas evolutivas a partir del primer organismo, el LUCA (last universal common ancestor) (Morange, 2011; Di Giulio, 2006). En la siguiente figura (Figura 14) se observa la aparición de los diversos reinos de clasificación de los seres vivos a partir del LUCA. La aparición de este organismo se remonta a unos 3.800 millones de años aproximadamente, a partir de los cuales divergieron los demás organismos buscando en este caso una mayor complejidad evolutiva en su mayoría.

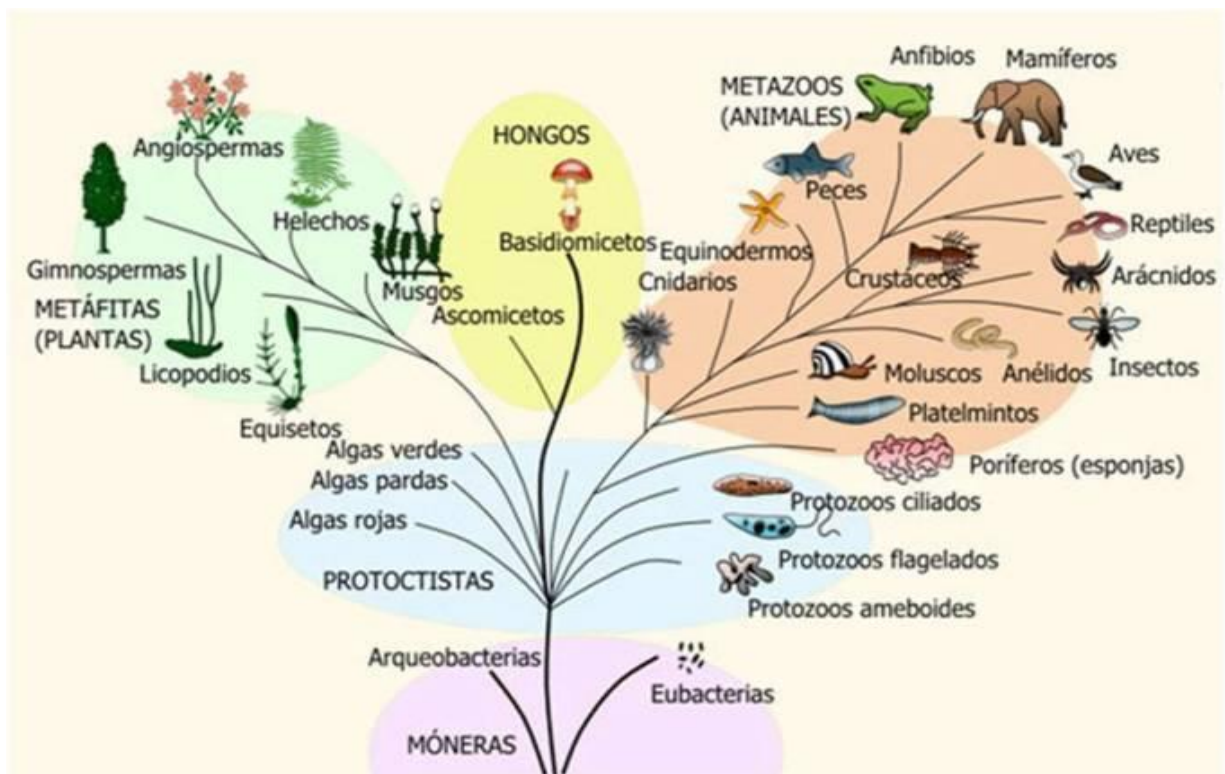


Figura 14. Árbol de la vida

2. 4.2. Convergencia evolutiva

Al contrario del apartado anterior (divergencia evolutiva) en el cual trata de la diversificación de especies a través de un organismo ancestral y que estos organismos comparten estructuras y/o órganos similares. La convergencia está relacionada con un origen evolutivo diferente pero con similitudes entre organismos aparentemente idénticas, lo que se conoce como órganos análogos (ver apartado 2.1, pruebas anatómicas). Es decir, la convergencia aborda especies que no están emparentadas pero que aparentemente presentan órganos similares, la similitud de dichos órganos se debe a su diseño. En la naturaleza existen diseños que son idóneos para realizar ciertas funciones, por ejemplo para volar hace falta un ala. En este caso, las aves e insectos presentan un órgano muy parecido, las alas, pero que tiene origen totalmente distinto (ver Figura 8).

2.5. Evolución regresiva

La idea general que tenemos es que la vida con el tiempo ha ido complicándose. Desde nuestro punto de vista, asumimos que existe una predisposición a la complejidad en la evolución, pero esto no ocurre así. Cualquier ser vivo que actualmente habite la Tierra es tan perfecto como cualquier otro y esto se debe a que sobrevive, desarrollándose y reproduciéndose, por lo tanto tiene el mismo éxito que otros individuos a pesar de que pueda ser más sencillo en sus estructuras.

Asimismo la evolución regresiva (Jeffery, 2009) puede entenderse como un conjunto de cambios a lo largo del tiempo que sufren ciertas especies y que las llevan a una simplificación de sus estructuras y aparatos.

En ocasiones, encontramos organismos que estructuralmente son muy simples y que por lo tanto podríamos presuponer que son primitivos. Sin embargo, un estudio detallado nos hará ver que pertenecen a grupos de organismos más complejos y que a lo largo del tiempo la evolución ha seleccionado a individuos más simples que sus antepasados. La selección natural ha elegido por el contrario a individuos que han podido “ir perdiendo” algunos de sus órganos y estructuras, ya que esta simplificación o regresión (marcha atrás) les era ventajosa en un nuevo medio ambiente (Jeffery, 2009), la ventaja está en la economía. Existen algunos ejemplos como:

La tenia o solitaria es un gusano parásito del intestino humano. Puede alcanzar más de 5 metros de longitud y no tiene ojos ni boca ni aparato digestivo. Sin embargo, es muy probable que sus antepasados hayan tenido esos órganos, necesarios para

sobrevivir en otros medios. Dentro del intestino delgado, con los nutrientes de la digestión a mano es ventajoso no tener ni ojos ni aparato digestivo.

2.6. Análisis de ADN en evolución

Hasta hace relativamente poco tiempo el estudio del ADN se ha llevado a campos insospechados, con ellos podemos no solo identificar a un criminal o llevar a cabo una prueba de paternidad sino que podemos conocer la historia que nuestro propio ADN encierra. Como se ha dicho anteriormente, en el ADN reside nuestra identidad no solo como individuos sino también como especie, la historia de nuestra evolución y de nuestro linaje. En los siguientes apartados se verán en qué consiste y cómo puede llevarse a conocer la historia que encierra nuestro ADN. Las técnicas de estudio de ADN en evolución han cambiado a lo largo de las décadas desde aparición de la teoría del reloj molecular hasta los descubrimientos de la colonización europea del ser humano, gracias al desarrollo del proyecto del genoma humano (PGH).

2. 6.1. Reloj molecular

Puede considerarse uno de los primeros estudios genéticos destinado a la evolución mediante ADN. La teoría del reloj molecular fue propuesta en la década de los años sesenta por (Zuckerandl y Pauling, 1962, 1965a, 1965b), mediante un estudio de la hemoglobina los científicos habían notado que las proteínas experimentan reemplazos de aminoácidos a una tasa sorprendentemente constante a través de especies relacionadas evolutivamente. Esta tasa uniforme de cambios genéticos fue posteriormente descrita usando el término "reloj molecular". Zuckerandl y Pauling se dieron cuenta de que existe un marcapasos universal que podría ser utilizado como criterio para medir la escala de tiempo de divergencias evolutivas. Este se debe a la tasa de intercambios de aminoácidos por unidad de tiempo y su aplicación a la observación de las diferencias de proteínas en un rango de organismos. Esto permitiría la deducción de los tiempos de divergencia de sus respectivos linajes (ver Figura 15). Aunque al parecer el concepto del reloj molecular es una herramienta poderosa de clasificación de la divergencia evolutiva parece presentar ciertas desventajas:

- El concepto no se puede aplicar si no se conoce el momento en el que las especies divergieron debido a que la tasa de mutación no es constante por año, la mutación por año es una estimación que ayuda a datar el proceso de divergencia (Tajima, 1993).
- Puede ser no válida si la selección natural está actuando, la comparación entre secuencias debe ajustarse a mutaciones que no estén relacionadas con la supervivencia de su portador. La selección natural provoca una modificación de las

frecuencias alélicas de forma que favorece la aparición de ciertos alelos, en este caso puede seleccionar los alelos mutados y eliminar los no mutados siendo inservible esta técnica.

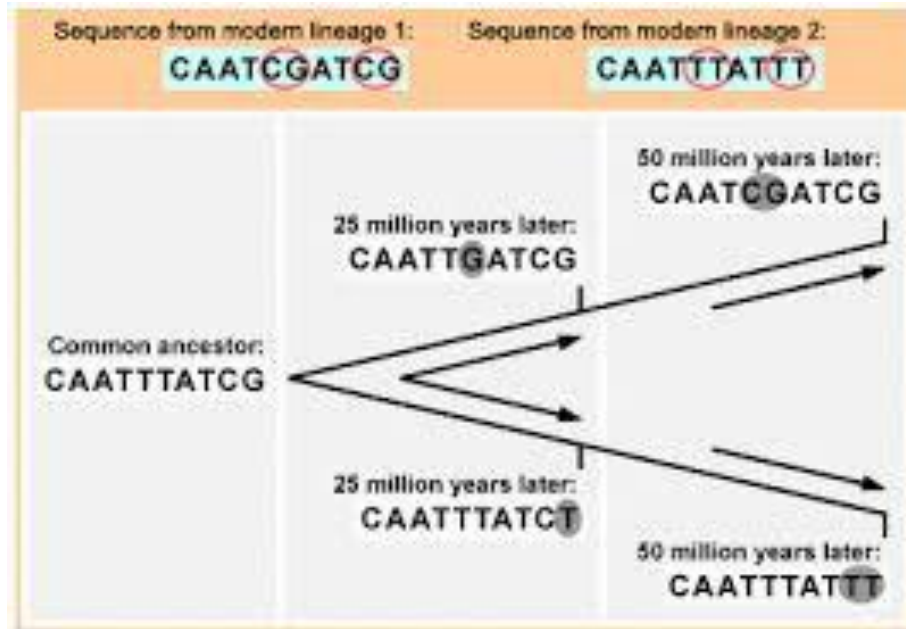


Figura 15. Reloj molecular

Figura 15. Conociendo una fecha de divergencia en el linaje de un grupo de organismos y teniendo esta como referencia. Se puede calcular la edad de la divergencia entre dos grupos de organismos del mismo linaje, se estima que de media la separación temporal de un cambio de nucleótido es de 25 millones de años. La acumulación de las mutaciones que no estén influidas por la selección natural en el genoma de los individuos sirve como criterio para determinar la separación mediante divergencia de estos y ordenarnos según un criterio lógico. La aparición de mutaciones sirve para dictar la separación de la línea evolutiva con gran exactitud.

La aparición en los años 60 de la primera herramienta de clasificación genética en evolución fue una revolución. Hasta entonces no se conocía ningún mecanismo que utilizase el ADN para la clasificación y datación de una divergencia evolutiva. Aunque útil, el mecanismo no puede determinarse de forma rápida y presentaba sus limitaciones. Hay que entender que la tasa de acumulación de mutaciones es una mera estimación y que los mecanismos utilizados a día de hoy son mucho más rápidos, fiables y exactos.

2. 6.2. Proyecto del Genoma Humano (PGH)

“El Proyecto Genoma Humano ha sido la primera incursión importante de las comunidades de investigación biológica y médica en la gran ciencia” (Collins et al., 2003). El PGH puede definirse como el gran avance científico del siglo en biología. Es cierto que hasta entonces los biólogos nunca han tenido un reto tan ambicioso y popular a nivel internacional como este. La secuenciación del genoma humano abriría el camino a la secuenciación de organismos de todos los dominios de la vida y aplicables al conocimiento de los procesos biológicos de todas las ramas de la ciencia desde la escala molecular hasta la evolutiva. Estos avances se pueden traducir en multitud de aplicaciones, aunque las aplicaciones técnicas y comerciales en ámbitos como el diagnóstico y la terapia de enfermedades son las más relevantes y productivas a nivel económico.

La andadura comenzó en los años 80 cuando las técnicas utilizadas en el campo de la genética dieron lugar a plantearse la secuenciación completa de los 100.000 genes del ser humano (más de 3×10^9 pares de bases), aunque no solo dependía de la secuenciación, para ello era necesario saber el lugar de cada fragmento secuenciado surge así la necesidad de realizar una cartografía del genoma. El PGH es un estudio de secuenciación y cartografía que se llevó a cabo mediante técnicas ya utilizadas anteriormente como el método Sanger (Sanger et al., 1977), una técnica que permitía conocer el nucleótido final de una secuencia dada. El inconveniente de esta prueba residía en la velocidad de secuenciación, muy lenta y costosa, haciendo que se dudara sobre la viabilidad del proyecto. Posteriormente se inventó una serie de secuenciadores denominados de segunda generación que permitían la secuenciación de grandes fragmentos de ADN de forma automática, más rápida y económica. El PGH se desarrolló finalmente con un secuenciador de ADN capilar automatizado de alto rendimiento, denominado ABI PRISM 3700 DNA Analyzer de PE Biosystems. La evolución de las técnicas de secuenciación masiva permitió una reducción del coste final favoreciendo que el proyecto se llevase a cabo. La aparición del primer borrador del genoma humano fue una realidad en 2001 y tuvo lugar gracias al trabajo de dos empresas una pública (consorcio público) y otra privada (Celera).

Se obtuvieron datos reveladores sobre el genoma, existen regiones muy abundantes a lo largo del genoma que están duplicadas, estas varían en tamaño. Dichas secuencias revelan una historia evolutiva compleja, el análisis comparativo indica que hay expansiones de genes en vertebrados, estos genes están asociadas con funciones neuronales, regulación específica del desarrollo de tejidos, hemostasia y el sistema inmunitario. Además se notificó la existencia de un alto grado de diferencias de un solo nucleótido en fragmentos de ADN, denominados polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), existe un SNP cada 1250 pares de bases de media. Menos de un 1% de todos los

SNP dan como resultado una variación en las proteínas que codifican (Venter et al., 2001).

Durante el desarrollo del PGH los avances en la tecnología de los secuenciadores estuvieron casi completamente destinada al genoma humano pero a la vez se realizó la secuenciación de multitud de organismos antes del humano, a veces como prueba de los secuenciadores para su posterior uso en el PGH. Algunos de los genomas o fragmentos de ellos secuenciados son:

- Bacteriófago lambda (Sanger et al., 1982)
- Haemophilus influenzae (Fleischmann et al., 1995)
- Cromosoma 2 de Arabidopsis thalianagenome (Lin et al., 1999)
- Drosophila melanogaster (Adams et al., 2000; Myers et al., 2000)

La secuenciación de estas especies abrió la puerta a la secuenciación masiva de organismos de todos los dominios de la vida. La Biología evolutiva fue una de las disciplinas en las que mejor se adaptó la nueva era de la secuenciación. Las posibilidades que ofrece la comparación de secuencias, genomas, proteínas y ARNm presentaron una completa remodelación de la manera de trabajar.

2. 6.3. BLAST

Toda la información referente a la secuenciación de genomas está localizada en bases de datos. Una de ellas es la de Pubmed que tiene su propio programa de análisis llamado BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), una forma gratuita, sencilla y real de trabajar con una multitud de pruebas bioquímicas. BLAST es una herramienta bioinformática que sirve para comparar secuencias de ADN, ARN y proteínas. BLAST presenta un algoritmo heurístico, no determina una solución correcta de forma directa, sino que calcula la significación de los resultados dando una serie de porcentajes en lugar de una respuesta final. El alineamiento de secuencias mediante BLAST es una herramienta perfecta para interpretar resultados, ya que busca la similitud entre secuencias a través de un alineamiento de tipo local que compara una secuencia concreta, secuencia problema, con las secuencias almacenadas en la base de datos. Como resultado el algoritmo encuentra las secuencias de la base de datos que tienen mayor parecido a la secuencia problema.

Los datos deben de ser interpretados pero en esencia la similitud entre secuencias puede señalar dos opciones, una relación evolutiva o una relación funcional basada en convergencia evolutiva:

- En la relación evolutiva la similitud de las secuencias se debe a la divergencia a partir de un ancestro común, por lo tanto se espera una mayor similitud entre individuos cercanos evolutivamente.
- En la relación funcional la similitud se debe a la obtención selectiva de un carácter o una estructura biológica (una proteína por ejemplo) que pueda servir para una función similar en individuos que no están emparentados.

Tipos de herramientas que propone BLAST

BLAST contiene una variedad de pruebas bioquímicas que se pueden llevar a cabo en la herramienta, existen varios mecanismos de búsqueda que difieren en lo que se pretende realizar con ellos. Se verán a continuación:

- BLASTn: Busca nucleótidos en la base de datos mediante una secuencia problema de nucleótidos. Sus aplicaciones son la localización de oligonucleótidos, ADNc, y productos de PCR en un genoma; escrutinio de elementos repetitivos; **detección de una misma secuencia en múltiples especies**; anotación del ADN genómico; ensamblaje de las lecturas obtenidas en proyectos de secuenciación; eliminación de las secuencias pertenecientes a un vector, **comparación de secuencias**.
- BLASTp: Busca proteínas en la base de datos mediante una secuencia problema de proteínas. Sirve para la identificación de regiones comunes o de dominios compartidos entre las proteínas; recolección de proteínas relacionadas para hacer análisis filogenéticos.
- BLASTx: Busca proteínas en la base de datos mediante una secuencia problema de nucleótidos traducidos a proteínas. Sirve para encontrar en el ADN genómico los genes que codifican proteínas; determinar si un ADNc corresponde a una proteína conocida.
- TBLASTn: Busca nucleótidos traducidos a proteínas en la base de datos mediante una secuencia problema de proteína. Aplicada en identificación de transcritos que sean parecidos a una proteína determinada y que puedan pertenecer a múltiples organismos; localización de una proteína en el ADN genómico.
- TBLASTx: Busca nucleótidos traducidos a proteínas en la base de datos mediante una secuencia problema de nucleótidos traducidos a proteínas. Se lleva a cabo en predicción de genes en múltiples especies a nivel de transcrito o a nivel de genoma; identificación de genes que no han sido detectados por métodos tradicionales o cuyos productos aún no están almacenados en las bases de datos de proteínas.

Para la realización de los análisis de ADN en evolución la herramienta concreta de BLAST que se usa es BLASTn. Las secuencias de nucleótidos se comparan con una base de datos de nucleótidos en la que se obtienen datos de similitud del fragmento. A mayor significancia mayor parentesco entre las secuencias. Además el programa localiza fragmentos similares a la secuencia problema en un genoma determinado.

2. 6.4. Paleogenética

Los avances relativos a los programas bioinformáticos de secuenciación no solo han dado paso a descubrimientos dentro del campo de la evolución sino que han abierto el camino a la determinación incluso de las rutas de colonización de algunos organismos. Ya no solo se estudian los cambios producidos en unos organismos frente a otros sino que se concreta a niveles tan sutiles que se puede determinar las rutas que estos mismo siguieron. En este apartado se expondrá en contenido relacionado con la colonización europea del *Homo sapiens*.

La paleogenética es una disciplina reciente que consiste en estudiar el ADN de restos antiguos, los descubrimientos que esta disciplina ha llevado a la luz han estado siempre ligados de la mano de la genética y la secuenciación. Los acontecimientos más relevantes sacados a la luz son la hibridación entre humanos modernos y Neandertales (Pääbo et al., 1997) y colonización de Europa por el hombre moderno.

La historia de la colonización del hombre moderno en Europa está escrita en el ADN de los europeos. A partir de análisis genéticos se puede determinar de dónde llegó la primera población de europeos y los cruces que les sucedieron.

Para ver la evolución de las secuencias de ADN a lo largo del tiempo se pueden llevar a cabo una serie de alineamiento de secuencias, para ello se comparan una serie de SNPs (polimorfismos de un solo nucleótido). Los SNPs son errores puntuales producidos por la ADN pol en la replicación y que son heredados de padres a hijos. Cada SNP concreto que aparece en una secuencia de ADN humano está representado en la población. Los errores en las secuencias se han ido heredando desde que surgieron. En la actualidad el estudio de SNPs para los linajes maternos se realiza en mitocondria y para linajes paternos se producen en cromosoma Y. De este modo se pueden comparar los registros paleontológicos con los humanos actuales para poder determinar de dónde vienen las poblaciones humanas (Rivollat et al., 2015), los individuos que presenten los SNPs de los ancestros serán descendientes de ellos.

Hay que destacar que el principal problema con las muestras de fósiles, es la degradación. Aunque existe cierto grado de degradación los estudios se destinan a comparar fragmentos de ADN de las muestras que no estén dañados. Existen bases de datos con los ADN de individuos de diferentes edades del holoceno, esta biblioteca de genomas se denomina biblioteca de ADN ancestral (aADN)

Como resultado de los estudios realizados hasta la fecha se piensa que las poblaciones de europeos actuales han sido formadas principalmente por tres grandes oleadas de inmigración. La primera, procedente de África comenzó hace más de 60.000 años. Los estudios de ADN muestran que todos los extraafricanos venimos del mismo árbol genealógico y compartimos la misma historia migratoria. Hace 45.000 años se completó la colonización de Europa por los cazadores recolectores extraafricanos.

Durante los últimos 10.000 años dos migraciones importantes tuvieron impactos masivos en el estilo de vida y el acervo genético de las poblaciones europeas (Olalde et al., 2015; Valdiosera et al., 2018). Una procedente de Oriente medio y Anatolia hace unos 7.500 años que siguió la ruta del mediterráneo (Lee et al., 2013; Haak et al., 2005; Brandt et al., 2013) y otra hace 5.000 años procedente de poblaciones de la estepa pónica, zona que abarca desde el norte del Mar Negro, que siguió el río Danubio, hasta Europa central (Gamba et al., 2011; Lacan et al., 2011).

Los estudios de ADN en evolución llegan hasta la determinación de aspectos tan sutiles como las migraciones con un bajo índice de error, anteriormente se ha tratado que la esencia de lo que somos como especie y como individuos reside en nuestro genoma. Este supone una prueba inequívoca que nos define como individuos, los análisis de ADN realzan una realidad que escapa a la divulgación o la memoria de los seres humanos. Los últimos avances no hacen más que mostrar parte la historia que se ha vivido en nuestro planeta y de la que no se tiene constancia.

3. Unidad didáctica

3.1. Utilidad práctica del tema

El estudio de la evolución, entra dentro de las directrices que la Junta de Andalucía propone que han de enseñarse en la materia, con orientación a los exámenes de selectividad. Sin embargo, el hecho de centrarnos en esta temática no solo es debido al temario propuesto con el objetivo de aprobar la selectividad, con esta unidad didáctica se pretende ir más allá, pues se busca que el alumnado se pregunte toda una serie de cuestiones.

La integración de la unidad didáctica resalta uno de los pilares fundamentales de la Biología como ciencia, la evolución. La unión de los términos evolución y genética dan relevancia al estudio continuado de la unidad evolución en el bloque III: Genética y evolución de 2º Bachillerato, según aparece en la Orden de 14 julio de 2016, por la que se desarrolla el currículo correspondiente al Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía. La propuesta de mejora de la UD en el IES Sierra Sur tiene como objetivo fomentar la formación científica del alumnado y contribuir a consolidar la metodología científica como herramienta habitual de trabajo enfocada en las metodologías activas

de aprendizaje. Además la actividad de análisis genético de ADN pretende promover que el alumnado aumente su motivación y compromiso con su propio aprendizaje y que se fomente el uso de habilidades cognitivas complejas pretendiendo conseguir una mayor retención de los contenidos facilitando la comprensión del mundo que les rodea.

La perfecta asimilación de las diferencias de las teorías evolutivas es esencial como un concepto central de la UD y de la Biología en general. Como indican autores como González (2011) o Gagliardi (1986) la enseñanza de la teoría evolutiva es central, estructural y fundamental en los procesos de enseñanza y aprendizaje de la Biología, favorece la formación de una ciudadanía alfabetizada desde el punto de vista científico, gana importancia a la hora de entender fenómenos relacionados con la salud pública, el desarrollo agroeconómico y biotecnológico posibilitando formar ciudadanos capaces de actuar de una manera crítica e informada en las sociedades.

También hay que resaltar que el concepto de evolución biológica soporta cuestiones claves de la Biología como la existencia de lo vivo, la dinámica de lo viviente y la biodiversidad, además de cuestiones sobre la existencia de uno mismo, la comprensión de qué somos y hacia dónde nos dirigimos son preguntas que pueden surgir en el alumnado y que pueden encontrar respuesta en los materiales complementarios que aparecen en la google classroom con libros sobre el origen de la especie humana (La especie elegida, Juan Luis Arsuaga) o el origen de la vida (El Origen de la vida, Alexander Oparin).

La ampliación de los contenidos de la UD tiene como objetivo resaltar las diferencias entre la teoría darwiniana y su revisión, la teoría Sintética o Neodarwiniana, comprendida dentro de los objetivos generales de la materia y de la unidad didáctica de la asignatura. A su vez solventa otros problemas encontrados en el periodo de prácticas en el centro docente como la falta de comprensión de la biodiversidad por parte del alumnado y la acumulación de errores sobre el contenido de evolución en la etapa anterior (4º ESO). La solución propuesta comprende la visualización de diferentes alternativas para expresar la carencia explicativa de la selección natural, un error del Darwinismo. La revisión de la teoría Neodarwiniana propone alternativas a la mutación y recombinación que no se han plasmado en los apuntes de clase. Para complementar esta ausencia en el contenido el alumnado puede encontrar en la Google classroom y/o buscar la información por su cuenta. Esta actividad será evaluada en clase mediante la exposición de la búsqueda y la posibilidad de un debate abierto sobre las nuevas ideas, la finalidad es la integración de los conceptos por parte del alumnado. Las propuestas alternativas a la selección natural están comprendidas en el apartado 2.2.3 Otros mecanismos evolutivos.

El proyecto de investigación en alineamiento de secuencias de ADN es una herramienta útil y dinámica que favorece la determinación de árboles filogenéticos, búsqueda de genes y secuencias en organismos, el estudio de la homología entre especies, muestra los cambios genéticos producidos en organismos... etc. La alineación de secuencias de ADN es una herramienta útil en evolución.

El caso de análisis genético en evolución que realizará el alumnado de 2º Bachillerato (ver AnexoV) se centra en organismos emparentados evolutivamente. Se analizarán secuencias de una estructura concreta, la hemoglobina, en el grupo de los mamíferos. Además se llevará a cabo una alineación de secuencias con organismos fuera del reino animalia con el fin de presentar al alumnado con un problema de interpretación de datos que deben de solventar, a este tipo de actividades se las denomina aprendizaje basado en proyectos (ABP). Los resultados deben de ser interpretados por el alumnado con las herramientas que el profesor cede a través de la google classroom, los apuntes de clase y la ayuda que el docente supone con mediador del proceso enseñanza-aprendizaje. Las conclusiones deben de ser realizadas de una forma coherente y viable, se busca siempre una buena interpretación por los alumnos y alumnas de 2º de bachillerato.

La inferencia de homología es un tema activo en la bioinformática, este puede servir para la predicción de estructuras proteicas (Levitt, 2001) y de las funciones de las mismas (Koonin, 2005). La identificación de familias de genes o proteínas muestran las diferentes variantes que pueden aparecer dentro de la divergencia evolutiva, ésta a pequeña escala puede arrojar pistas de los cambios puntuales producidos dentro de un linaje concreto. La comparación de familias de genes y/o proteínas muestran los cambios acumulados en el ADN que varían más entre especies más lejanas evolutivamente. Por otro lado, encontraremos menos variación entre individuos menos lejanos evolutivamente siendo sencillo pensar que se han producido menos cambios a lo largo del tiempo o que la divergencia es más reciente.

Los datos de parentesco se mostrarán teniendo en cuenta una familia de genes codificantes de la proteína globular hemoglobina, siendo la hemoglobina del *Homo Sapiens* la tomada como referencia para los alineamientos. Los alineamientos se harán dentro del reino animalia, de esta forma se obtendrán datos con mayor parentesco aunque la gama de individuos escogida presentará variaciones. La asimilación de los datos y la obtención de conclusiones mostrarán si se han alcanzado los objetivos del proyecto.

Además los alumnos y alumnas de deben de conocer que la evolución convergente causa similitud entre secuencias genómicas que no tienen un origen evolutivo común (Parker et al., 2013) teniendo en cuenta que pueden existir secuencias muy similares sin origen evolutivo común, este concepto debe de aparecer en las conclusiones si es necesario.

Con respecto al uso de la herramienta BLAST (como se ha dicho en el apartado 2. 6. 3) es una herramienta bioinformática que sirve para comparar secuencias de ADN, ARN y proteínas mediante un algoritmo heurístico que compara una secuencia determinada con las que componen la base de datos obteniendo un porcentaje de significancia. Se busca la similitud de las secuencias para su posterior interpretación.

Se hace inherente una pregunta básica sobre el programa, ¿será el alumnado capaz de usar BLASTn (es la herramienta concreta que se usa para el análisis de nucleótidos) con eficacia?

La respuesta es sí, el uso de la herramienta bioinformática es bastante sencillo. Una vez se ajustan los parámetros y se encuentra la secuencia a analizar en GenBank se copia la secuencia en formato FASTA para posteriormente pegarla en BLASTn. El análisis tarda unos segundos en realizarse, tras este tiempo el programa muestra los datos de parentesco ordenados de mayor a menor. Para conocer el funcionamiento del programa y los parámetros que se van a usar (ver anexo I).

Webs necesarias:

- GenBank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
- BLASTn: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch

3. 2. Justificación didáctica

Cada día nuestra sociedad está haciendo uso de una serie de recursos tecnológicos que hace unos 50 años se hacía impensable, los avances en ciencia y tecnología modelan a la sociedad en la que vivimos haciendo que cada vez más estemos ligados al uso de la tecnología. Pero esto no ocurre en todos los centros de enseñanza, es decir, la mayor parte del profesorado no pertenece a lo que se denomina nativos digitales a diferencia del alumnado que sí lo son. El profesorado de ciencias en su mayor parte no hace uso de los recursos digitales o lo hace de manera escasa, la metodología tipo expositiva-receptiva o clase magistral es lo común en una clase de ciencias. Por lo tanto se favorece a una de las ideas que el alumnado tiene sobre las ciencias naturales, estas se ven como un conjunto de datos que deben de ser memorizados (Garritz, 2001). Existe una necesidad de cambio que presente un docente actualizado e innovador que permita ser partícipe al alumnado del proceso de enseñanza-aprendizaje, es decir, se hace necesario el cambio no solo en la metodología sino en el marco de pensamiento haciendo que el alumnado se convierta en el protagonista del proceso. La necesidad de docentes más adaptados al alumnado y con técnicas basadas en hacer más atractiva y amena la asignatura gana importancia. Por otro lado no se puede mantener una metodología de aprendizaje pasiva-receptiva, en este sentido el alumnado no asimila los conceptos sino

que los repite en un momento dado teniendo una retención pasajera que fácilmente pierden.

El uso de actividades destinadas a hacer atractiva la asignatura al alumnado está estrechamente ligado con las metodologías activas de enseñanza, estas se definen como cualquier actividad que propicie la participación del alumnado de una forma que se fomenta que el estudiante realice actividades y que piense en las actividades que realiza (Bonwell y Eison, 1991). Además la orden del 14 Julio de 2016 asegura que las metodologías de carácter activo favorecen y fomentan un aprendizaje funcional que facilita el desarrollo por competencias. Por lo tanto el uso de una metodología activa se hace crucial para el proceso de enseñanza aprendizaje. En contraposición con la clase magistral tipo receptiva-expositiva el estudiante debe de hacer mucho más que escuchar al docente, debe aplicar conceptos, resolver problemas, leer, cuestionarse y crear conocimiento. El estudiante activo está continuamente expuesto a situaciones que demandan operaciones intelectuales de orden superior como son: análisis, síntesis, interpretación, inferencia y evaluación (González, 2000).

Para llevar a cabo este tipo de operaciones mentales por parte del alumnado se va a realizar una serie de medidas;

Se pretende mediante la búsqueda de información conseguir una mejor percepción de los contenidos y enlazar estos contenidos con las sesiones. Para ello se hará uso de una TIC, estas se definen como todas aquellas plataformas que giran en torno a las tecnologías de almacenamiento, procesamiento, recuperación y comunicación de la información a través de diferentes dispositivos electrónicos e informáticos (Belloch, 2012), en nuestro caso será a través de una google classroom. La TIC contiene información relacionada con el proceso de enseñanza aprendizaje que se pretende obtener del alumno y para que este mismo provoque el aprendizaje por descubrimiento. Las google apps para la educación promueven un entorno colaborativo especialmente al ámbito de la educación, en el que se incluyen diversas herramientas de Google para trabajar en línea: Gmail, Google Drive, Google Calendar, Docs o Sites.

Por otra parte se comprende un proyecto de investigación (ABP) guiado por el profesor (andamiaje), en el cual el alumnado va a relacionar una serie de datos procedentes de una base de datos (Pubmed) y relacionarlos con los contenidos expuestos en clase. A la hora de relacionar los datos los alumnos obtendrán una situación problema en el cual deben de centrar el resto de la investigación. Previamente a la realización del proyecto de investigación hay que entender que los contenidos ya han sido expuestos en clase mediante una metodología pasiva. La metodología del proyecto está impuesta de manera constructivista en las ideas de Vygotsky, el andamiaje (Vygotsky, 1978) y el aprendizaje cooperativo están comprendidos dentro de la ABP.

El proyecto de investigación (Análisis genético en evolución) es un tipo de actividad denominada ABP (aprendizaje basado en proyectos), está contenido dentro de las metodologías de aprendizaje activo y tiene como objetivo enfrentar al alumnado con un problema de carácter real a partir del cual deben de desarrollar la actividad. El proyecto pretende enseñar conocimiento significativo y para ello requiere utilizar capacidades intelectuales de orden superior. El alumnado se formula preguntas, busca respuestas y llega a conclusiones (crean conocimiento) adecuadas con el bloque. De esta forma se obtiene un mayor grado de comprensión y aprendizaje (ver Figura 16) (Dale, 1946). Además de aprender a trabajar en equipo dentro de cada grupo el alumnado aprenderá a respetar a los integrantes. Se fomenta que aprendan a expresar sus ideas con claridad, esto es lo que se conoce como capacidades del siglo XXI enfocadas en los aprendices del milenio en los países de la OCDE. A su vez el uso de las nuevas tecnologías ofrece el acceso a una gran cantidad de información al alumnado. El uso de las TIC en la educación facilita un aprendizaje constructivista y significativo. El alumno construye su saber mediante la unión de los conocimientos previos que ya posee con la adquisición de los nuevos conocimientos que aprende por medio de la indagación y búsqueda de información con las nuevas tecnologías



Figura 16. Cono de aprendizaje de Dale.

3. 3. Contextualización

El contexto donde se lleva a cabo la propuesta de mejora del Trabajo de Fin de Máster (TFM) es el instituto de educación secundaria **Sierra Sur**, localizado en la localidad de Valdepeñas de Jaén, se comenzará tratando con la localidad en cuestión y posteriormente se introducirá al contexto del centro.

Valdepeñas de Jaén es un pequeño municipio de la Sierra Sur localizado en la provincia de Jaén con una población decreciente de unos 3.852 habitantes, los cuales presentan una presencia discontinua durante el año en el municipio. Esto se debe a la emigración temporal durante las temporadas de vendimia en Francia, la emigración temporal para el trabajo jornalero realizado en la vendimia francesa se realiza durante los meses de primavera y verano. Valdepeñas de Jaén es un municipio eminentemente agrícola y ganadero. La industria del aceite de oliva monopoliza gran parte de la economía, puesto que el escaso terreno dedicado a la agricultura está ocupado mayoritariamente por el cultivo del olivo siendo esta la ocupación total de los habitantes del municipio en los meses de diciembre a marzo. En este aspecto Valdepeñas de Jaén es un pueblo dedicado casi exclusivamente al trabajo temporal de campo o en su defecto a la ganadería.

La población de este municipio se encuentra en un descenso continuo (Véase Figura 17, documento recuperado de Adsur, 2016) podemos apreciar un descenso en la comparación de los datos entre el año 2004 y 2014 de un 37.02 % de los habitantes de Valdepeñas de Jaén a un 31.67 % del total en el año 2014, es decir, un decremento de 5.35 %. Este indicador a considerar incide que el envejecimiento de la población y en el despoblamiento de las zonas rurales es una realidad en la Sierra Sur de Jaén, la figura destaca que es un fenómeno que no solo ocurre en Valdepeñas de Jaén.

	POBLACIÓN DE MENOS DE 30 AÑOS SOBRE POBLACIÓN TOTAL 2004-2014									
	HOMBRES <30 años		MUJERES <30 años		AMBOS SEXOS <30 años		POBLACIÓN TOTAL		<30 años/ POBLACIÓN TOTAL	
	2004	2014	2004	2014	2004	2014	2004	2014	2004	2014
ANDALUCÍA	1.558.850	1.456.149	1.477.402	1.385.755	3.036.252	2.841.904	7.687.518	8.402.305	39,50%	33,82%
JAÉN	130.580	114.655	122.540	108.166	253.120	222.821	654.458	659.033	38,68%	33,81%
SIERRA SUR DE JAÉN	18.088	16.141	17.306	15.350	35.394	31.491	93.433	94.977	37,88%	33,16%
Alcalá la Real	3.995	3.527	3.760	3.447	7.755	6.974	21.806	22.324	35,56%	31,24%
Alcaudete	2.145	1.779	2.015	1.742	4.160	3.521	11.101	10.896	37,47%	32,31%
Castillo de Locubín	789	577	724	569	1.513	1.146	5.002	4.381	30,25%	26,16%
Frailas	301	229	269	222	570	451	1.804	1.648	31,60%	27,37%
Fuensanta de Martos	586	523	553	484	1.139	1.007	3.252	3.160	35,02%	31,87%
Jamilena	703	647	611	556	1.314	1.203	3.379	3.466	38,89%	34,71%
Martos	4.821	4.465	4.869	4.162	9.690	8.627	23.719	24.562	40,85%	35,12%
Torre del Campo	2.873	2.701	2.651	2.492	5.524	5.193	13.798	14.616	40,03%	35,53%
Valdepeñas de Jaén	825	619	791	644	1.616	1.263	4.365	3.988	37,02%	31,67%
Villares (Los)	1.050	1.074	1.063	1.032	2.113	2.106	5.207	5.936	40,58%	35,48%

Figura 17 .Áreas rurales en la Sierra Sur de Jaén.

Contextualización del centro

En cuanto al centro hay que aclarar que su presencia en el municipio se debe a un aislamiento físico. Al ser un municipio de un número reducido de habitantes, el centro de estudios de secundaria podría estar vinculado al de un municipio cercano o compartido con otro. La distancia con otros municipios es determinante para la presencia del centro en la localidad. El IES Sierra Sur es un centro de estudios en el cuál los alumnos pertenecen a una población reducida, la mayoría del alumnado ya se conoce de ante mano, en este sentido se produce una baja conflictividad debido a un sentimiento de amiguismo permanente que se extiende desde los primeros niveles educativos.

El centro es de titularidad pública y depende de la junta de Andalucía, posee una oferta educativa reducida. Su oferta consiste en dos ciclos de Educación Secundaria Obligatoria (ESO) y dos modalidades de Bachillerato: Ciencias Sociales y Humanidades, y Ciencia y Tecnología. Las edades del alumnado están comprendidas entre los 12 y los 20 años. Por sexos el número de alumnos es menor que el de alumnas. El alumnado del centro procede de un ambiente familiar en el que, en general, se valoran los estudios. La motivación por los aspectos académicos es alta, especialmente en los niveles superiores. La mayor parte del alumnado manifiestan sensibilidad e interés por adquirir una cultura que desarrolle todos los aspectos de su personalidad: salud, ocupación del tiempo libre, cuidado del entorno natural, relaciones interpersonales, cuestiones sociales, manifestaciones artísticas y deportivas.

Contexto de clase

El alumnado de 2º de Bachillerato está formado por un total de 8 alumnos de los cuales 6 son chicas y 2 son chicos, las edades están comprendidas entre los 17 y los 18 años. El perfil del alumno de Bachillerato es muy homogéneo. Todos los alumnos presentan interés en mayor o menor medida por la asignatura y tienen como objetivo llegar a una carrera universitaria. Las expectativas por parte del profesor son altas debido al reducido número de alumnos por clase. Las clases son amenas y en general el alumnado pregunta y responde con coherencia y cierto interés. Aunque no toda la clase presenta un alto grado de interés y curiosidad durante gran parte del desarrollo de las clases.

3. 4. Adaptación de la UD

El artículo 16 del Real Decreto 1467/2007, de 2 de noviembre, indica que los aspectos básicos del currículo de Bachillerato son establecidos por las administraciones educativas, pero es el centro docente el responsable de desarrollar y completar el

currículo, en función de las características del alumnado y de su realidad educativa. Asimismo, en el artículo 8.2 del Decreto 416/2008, de 22 de julio, aparece que los centros docentes establecen en su proyecto educativo los criterios generales para la realización de las programaciones didácticas de cada una de las materias que forma el Bachillerato.

Basándose en los criterios generales, los encargados de la elaboración de las programaciones didácticas de las materias que les correspondan son los departamentos de coordinación didáctica, y lo harán teniendo en cuenta las necesidades y características del alumnado. Todo esto viene recogido en el artículo 8.4 del Decreto 416/2008, de 22 de julio.

En el aula, el profesor tiene que seguir la programación didáctica del departamento al que pertenece, pero a la hora de impartirlas debe de adaptarse a las características de sus alumnos, favoreciendo así la atención a la diversidad en el aula.

La programación de la unidad didáctica del presente trabajo, se ha realizado teniendo en cuenta las características concretas de los alumnos del 2º curso de Bachillerato de la rama científico-tecnológica, así como sus necesidades educativas, desde un punto de vista interdisciplinar y mediante un modelo metodológico constructivista de aprendizaje significativo. La unidad didáctica se ha diseñado con la idea de que este alumnado aprenda conceptos, procedimientos y actitudes de manera significativa mediante actividades diarias y finales, que tendrán que realizar tanto de manera individual como grupal, desarrollando así una visión crítica y formándose en valores como son el compañerismo, la tolerancia, la confianza y el respeto por los demás mientras trabaja los contenidos de la UD.

Como medida más relevante se ha llevado a cabo la elaboración de un proyecto de investigación que presenta la característica de dar una serie de datos cuantitativos a la evolución de los organismos. Esto puede provocar una mejor comprensión del término evolutivo por parte del alumnado ya que evita ser un concepto abstracto. En todo caso se favorece la adquisición de conocimiento del alumnado que pueda no estar representado dentro del grupo de pensamiento operacional formal de Piaget (Piaget, 1970; Inhelder y Piaget, 1958), en los países industrializados sólo un 35% de los estudiantes de secundaria alcanza este nivel (Huitt y Hummel, 2003). Según este, las edades para alcanzar dicha etapa están comprendidas las edades de los alumnos y alumnas de 2º de bachillerato (entre 17 y 18 años), aunque esta etapa puede alcanzarse en edades superiores tanto a nivel de universitarios y/o adultos.

3. 5. Elementos curriculares

De acuerdo con lo establecido en la Ley Orgánica 2/2006, de 3 de mayo, de Educación (LOE), modificada por la Ley Orgánica 8/2013, de 9 de diciembre, para la mejora de la calidad educativa (LOMCE), así como el artículo 2 del Real Decreto 1105/2014, de 26 de diciembre, por el que se establece el currículo básico de la Educación Secundaria Obligatoria y del Bachillerato. Se entenderá por currículo la regulación de los elementos que determinan los procesos de enseñanza y aprendizaje para cada una de las enseñanzas y etapas educativas.

3. 5.1 Objetivos

Dentro de los elementos curriculares, los objetivos se definirían como las capacidades que el alumnado debe adquirir, como resultado de los procesos de enseñanza-aprendizaje que se desarrollan en el Centro y que les permitirán resolver problemas futuros de manera adecuada.

La programación didáctica tiene que reflejar su relación con la legislación vigente. En dicha programación los objetivos de la unidad deben aparecer relacionados con los de la etapa y materia correspondiente. En este apartado se reflejan los objetivos generales de etapa de Bachillerato, ya que esta programación se corresponde para una unidad de 2º de Bachiller de dicha etapa. Estos objetivos aparecen reflejados en el Real Decreto 1105/2014 de 26 de diciembre, mientras que el Decreto 111/2016, de 14 de junio, añade otros dos objetivos más, propios de la comunidad andaluza (m y n, Tabla 2).

Por el contrario, los objetivos de materia que corresponden a la asignatura de Biología en Bachillerato en la Comunidad de Andalucía aparecen en la Orden del 14 de julio de 2016.

Objetivos generales de etapa:

Las competencias clave deberán estar estrechamente vinculadas a los objetivos definidos para el Bachillerato, de acuerdo con lo establecido en la Orden ECD/65/2015, de 21 de enero, por la que se describen las relaciones entre las competencias, los contenidos y los criterios de evaluación de la Educación Primaria, la Educación Secundaria Obligatoria y el Bachillerato.

Por ello, en las tablas siguientes (tabla 1 y 2) se detallan los objetivos de la etapa y la relación que existe con las competencias clave:

Objetivos generales de etapa	Competencias clave
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.	Competencia social y ciudadana. (CSC)
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.	Competencia social y ciudadana. (CSC) Competencia de sentido de iniciativa y espíritu emprendedor. (SIEP)
c) Fomentar la igualdad efectiva de derechos y oportunidades entre hombres y mujeres, analizar y valorar críticamente las desigualdades y las 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.	Competencia social y ciudadana. (CSC)
d) Afianzar los hábitos de lectura, estudio y disciplina, como condiciones necesarias para el eficaz aprovechamiento del aprendizaje, y como medio de desarrollo personal.	Competencia para aprender a aprender. (CAA) Competencia social y ciudadana. (CSC)
e) Dominar, tanto en su expresión oral como escrita, la lengua castellana.	Competencia en comunicación lingüística. (CCL)
f) Expresarse con fluidez y corrección en una o más lenguas extranjeras.	Competencia en comunicación lingüística. (CCL)
g) Utilizar con solvencia y responsabilidad las tecnologías de la información y la comunicación.	Competencia digital. (CD)

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.	Competencia social y ciudadana. (CSC) Conciencia y expresiones culturales. (CEC)
i) Acceder a los conocimientos científicos y tecnológicos fundamentales y dominar las habilidades básicas propias de la modalidad elegida.	Competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología. (CMCT) Conciencia y expresiones culturales. (CEC) Competencia para aprender a aprender. (CAA)
j) Comprender los elementos y los 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.	Competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología. (CMCT) Competencia para aprender a aprender. (CAA)
k) Afianzar el espíritu emprendedor con actitudes de creatividad, flexibilidad, iniciativa, trabajo en equipo, confianza en uno mismo y sentido crítico.	Competencia de sentido de iniciativa y espíritu emprendedor. (SIEP)
l) Desarrollar la sensibilidad artística y literaria, así como el criterio estético, como fuentes de formación y enriquecimiento cultural.	Competencia en comunicación lingüística. (CCL) Conciencia y expresiones culturales. (CEC)

m) Utilizar la educación física y el deporte para favorecer el desarrollo personal y social.	Competencia social y ciudadana. (CSC)
n) Afianzar actitudes de respeto y prevención en el ámbito de la seguridad vial.	Competencia social y ciudadana. (CSC)

Tabla 1. Relación de los objetivos de la etapa y las competencias clave.

Se establece la relación de las competencias clave con los objetivos generales añadidos por el artículo 3.2 del Decreto 110/2016, de 14 de junio, por el que se establece la ordenación y el currículo del Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía.

Objetivos generales de etapa	Competencias clave
a) Profundizar en el conocimiento y el aprecio de las peculiaridades de la modalidad lingüística andaluza en todas sus variedades.	Competencia en comunicación lingüística. (CCL) Conciencia y expresiones culturales. (CEC)
b) 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.	Conciencia y expresiones culturales. (CEC)

Tabla 2. Relación de los objetivos de la etapa y las competencias clave.

Objetivos específicos de la unidad didáctica

La enseñanza de la Biología en el Bachillerato tendrá como finalidad el desarrollo de las siguientes capacidades de acuerdo con la Orden de 14 julio de 2016, que se desarrolla el currículo correspondiente al Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía.

En la siguiente tabla aparecen los objetivos de la materia de Biología en 2º de Bachillerato y la relación de los objetivos que cumple la unidad didáctica en concreto aparecen marcados con una X.

Objetivos de la materia	Objetivos de la UD
1. Fomentar la igualdad efectiva de derechos y oportunidades entre hombres y mujeres, 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.	X
3. Dominar, tanto en su expresión oral como escrita, la lengua castellana, valorando cada exposición o ejercicio que realice el alumno o la alumna.	X
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.	X
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.	X
	X

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.	X
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.	X
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.	X
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.	X

Tabla 3. Relación de los objetivos de la materia y los específicos de la UD.

3. 5.2 Competencias

Las competencias clave, comprendidas en la Orden ECD/65/2015, de 21 de enero, por la que se describen las relaciones entre las competencias, los contenidos y los criterios de evaluación de la educación primaria, la educación secundaria obligatoria y el bachillerato, y en línea con la Recomendación 2006/962/EC del Parlamento Europeo y del Consejo, de 18 de diciembre de 2006, sobre las competencias clave para el aprendizaje permanente, son aquellas que todas las personas precisan para su realización y desarrollo personal, así como para la ciudadanía activa, la inclusión social y el empleo. Estas capacidades sirven para aplicar de forma integrada los contenidos propios de cada enseñanza y etapa educativa, con el fin de lograr la realización adecuada

de actividades y la resolución eficaz de problemas complejos. De acuerdo con lo la Orden ECD/65/2015 las competencias clave del currículo serán las siguientes.

- **Comunicación lingüística (CCL)**, la competencia en comunicación lingüística es el resultado de la acción comunicativa dentro de prácticas sociales determinadas, en las cuales el individuo actúa con otros interlocutores y a través de textos en múltiples modalidades, formatos y soportes. Estas situaciones y prácticas pueden implicar el uso de una o varias lenguas, en diversos ámbitos y de manera individual o colectiva. Para ello el individuo dispone de su repertorio plurilingüe, parcial, pero ajustado a las experiencias comunicativas que experimenta a lo largo de la vida. Las lenguas que utiliza pueden haber tenido vías y tiempos distintos de adquisición y constituir, por tanto, experiencias de aprendizaje de lengua materna o de lenguas extranjeras o adicionales.

- **Competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología (CMCT)**, la competencia matemática y las competencias básicas en ciencia y tecnología inducen y fortalecen algunos aspectos esenciales de la formación de las personas que resultan fundamentales para la vida. En una sociedad donde el impacto de las matemáticas, las ciencias y las tecnologías es determinante, la consecución y sostenibilidad del bienestar social exige conductas y toma de decisiones personales estrechamente vinculadas a la capacidad crítica y visión razonada y razonable de las personas. A ello contribuyen la competencia matemática y competencias básicas en ciencia y tecnología:
 - La **competencia matemática** implica la capacidad de aplicar el razonamiento matemático y sus herramientas para describir, interpretar y predecir distintos fenómenos en su contexto. La competencia matemática requiere de conocimientos sobre los números, las medidas y las estructuras, así como de las operaciones y las representaciones matemáticas, y la comprensión de los términos y conceptos matemáticos.

 - Las **competencias básicas en ciencia y tecnología** son aquellas que proporcionan un acercamiento al mundo físico y a la interacción responsable con él desde acciones, tanto individuales como colectivas, orientadas a la conservación y mejora del medio natural, decisivas para la protección y mantenimiento de la calidad de vida y el progreso de los pueblos. Estas competencias contribuyen al desarrollo del pensamiento científico, pues incluyen la aplicación de los métodos propios de la racionalidad científica y las destrezas tecnológicas, que conducen a la adquisición de conocimientos, la contratación de ideas y la aplicación de los descubrimientos al bienestar social. Las competencias en ciencia y tecnología capacitan a ciudadanos

responsables y respetuosos que desarrollan juicios críticos sobre los hechos científicos y tecnológicos que se suceden a lo largo de los tiempos, pasados y actuales. Estas competencias han de capacitar, básicamente, para identificar, plantear y resolver situaciones de la vida cotidiana –personal y social– análogamente a como se actúa frente a los retos y problemas propios de las actividades científicas y tecnológicas.

- **Competencia digital (CD)**, la competencia digital es aquella que implica el uso creativo, crítico y seguro de las tecnologías de la información y la comunicación para alcanzar los objetivos relacionados con el trabajo, la empleabilidad, el aprendizaje, el uso del tiempo libre, la inclusión y participación en la sociedad. Esta competencia supone, además de la adecuación a los cambios que introducen las nuevas tecnologías en la alfabetización, la lectura y la escritura, un conjunto nuevo de conocimientos, habilidades y actitudes necesarias hoy en día para ser competente en un entorno digital.
- **Aprender a aprender (CPAA)**, la competencia de aprender a aprender es fundamental para el aprendizaje permanente que se produce a lo largo de la vida y que tiene lugar en distintos contextos formales, no formales e informales. Esta competencia se caracteriza por la habilidad para iniciar, organizar y persistir en el aprendizaje. Esto exige la capacidad para motivarse por aprender. Esta motivación depende de que se genere la curiosidad y la necesidad de aprender, de que el estudiante se sienta protagonista del proceso y del resultado de su aprendizaje y, finalmente, de que llegue a alcanzar las metas de aprendizaje propuestas y, con ello, que se produzca en él una percepción de auto-eficacia. Todo lo anterior contribuye a motivarle para abordar futuras tareas de aprendizaje.
- **Competencias sociales y cívicas (CSC)**, la competencia cívica se basa en el conocimiento crítico de los conceptos de democracia, justicia, igualdad, ciudadanía y derechos humanos y civiles, así como de su formulación en la Constitución española, la Carta de los Derechos Fundamentales de la Unión Europea y en declaraciones internacionales, y de su aplicación por parte de diversas instituciones a escala local, regional, nacional, europea e internacional. Esto incluye el conocimiento de los acontecimientos contemporáneos, así como de los acontecimientos más destacados y de las principales tendencias en las historias nacional, europea y mundial, así como la comprensión de los procesos sociales y culturales de carácter migratorio que implican la existencia de sociedades multiculturales en el mundo globalizado.

- **Sentido de la iniciativa y espíritu emprendedor (SIEP)**, la competencia sentido de iniciativa y espíritu emprendedor implica la capacidad de transformar las ideas en actos. Ello significa adquirir conciencia de la situación a intervenir o resolver, y saber elegir, planificar y gestionar los conocimientos, destrezas o habilidades y actitudes necesarios con criterio propio, con el fin de alcanzar el objetivo previsto. Esta competencia está presente en los ámbitos personal, social, escolar y laboral en los que se desenvuelven las personas, permitiéndoles el desarrollo de sus actividades y el aprovechamiento de nuevas oportunidades. Constituye igualmente el cimiento de otras capacidades y conocimientos más específicos, e incluye la conciencia de los valores éticos relacionados.
- **Conciencia y expresiones culturales (CEC)**, La competencia en conciencia y expresión cultural implica conocer, comprender, apreciar y valorar con espíritu crítico, con una actitud abierta y respetuosa, las diferentes manifestaciones culturales y artísticas, utilizarlas como fuente de enriquecimiento y disfrute personal y considerarlas como parte de la riqueza y patrimonio de los pueblos. Esta competencia incorpora también un componente expresivo referido a la propia capacidad estética y creadora y al dominio de aquellas capacidades relacionadas con los diferentes códigos artísticos y culturales, para poder utilizarlas como medio de comunicación y expresión personal. Implica igualmente manifestar interés por la participación en la vida cultural y por contribuir a la conservación del patrimonio cultural y artístico, tanto de la propia comunidad como de otras comunidades.

3. 5.3 Contenidos

Es el conjunto de conocimientos, habilidades, destrezas y actitudes que contribuyen al logro de los objetivos de cada enseñanza y etapa educativa y a la adquisición de competencias. Tanto los contenidos de la materia como los contenidos específicos de la unidad, tienen que ayudar a alcanzar los objetivos generales de etapa, los objetivos generales de área de conocimiento y los objetivos específicos de la unidad que se han explicado con anterioridad.

Contenidos específicos de la UD

Los contenidos incluidos en esta unidad están basados en las directrices del Orden de 14 de julio de 2016, por la que se desarrolla el currículo correspondiente al Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía, contenido en el temario de Biología de 2º de bachillerato en el bloque 3. Genética y evolución:

- Evidencias del proceso evolutivo.
 - Definición evolución
 - Pruebas de la evolución

- Darwinismo y Neodarwinismo: la teoría sintética de la evolución.
 - Definición de las teorías
 - Otros mecanismos evolutivos
 - Diferenciación de las teorías

- La selección natural. Principios. Mutación, recombinación y adaptación.
 - Selección artificial
 - Proceso de especiación

- Evolución y biodiversidad.
 - Divergencia evolutiva
 - Convergencia evolutiva
 - Órganos homólogos
 - Órganos análogos
 - Evolución regresiva

Relación de los contenidos específicos de la unidad con las competencias clave

Contenido específico de la UD	Competencias clave
Evidencias del proceso evolutivo	CCL, CMCT, CSC
Darwinismo y Neodarwinismo: la teoría sintética de la evolución	CCL, CMCT, CD, CPAA, CSC, SIEP
La selección natural. Principios. Mutación, recombinación y adaptación	CCL, CMCT, CD, CPAA, CSC, SIEP
Evolución y biodiversidad	CCL, CMCT, CD, CPAA, CSC, SIEP, CEC

Tabla 4. Relación de contenidos específicos de la Unidad con las competencias clave.

3. 5.4 Metodología pedagógica

Se define como el conjunto de estrategias, procedimientos y acciones organizadas y planificadas por el profesorado, de manera consciente y reflexiva, con la finalidad de posibilitar el aprendizaje del alumnado y el logro de los objetivos planteados.

Hoy en día se tiene a disposición un amplio abanico de posibilidades innovadoras para fomentar la motivación en los alumnos y mejorar así la metodología enseñanza-aprendizaje. Entre ellas y según la Orden de 14 de julio de 2016, se debe intentar llevar a cabo una metodología lo más activa y participativa posible, de cara a difundir entre el alumnado las peculiaridades de la metodología científica.

Estas metodologías propuestas por la Comunidad Autónoma de Andalucía, están reforzadas por estudios realizados en aulas en las que se ve la mejora en el proceso de aprendizaje y aumento de la motivación del alumno por aprender. Según dichos estudios sobre cómo mejorar las estrategias metodológicas a seguir en el aula. Para la enseñanza de contenidos como son las teorías de la evolución, resaltan la importancia de que el docente intente buscar la participación activa del alumno de manera que afronte problemas de interpretación de fenómenos evitando así que tengan un papel de carácter pasivo en clase. Concluyen que resulta favorable trabajar con el alumnado dividido en pequeños grupos, facilitando así el intercambio de ideas y la participación. El uso de actividades que promuevan la argumentación también mejora la capacidad de razonamiento del alumno, de manera que presente su propio pensamiento crítico y que a su vez pueda defenderlo a través de la argumentación (Jiménez et al., 1992; Caballer et al., 2002; Ayuso y Banet, 2002; Iglesias et al., 2013). En estas metodologías los alumnos y las alumnas ponen en juego un conjunto de conocimientos, habilidades y actitudes personales necesarias para un aprendizaje significativo de los conocimientos, de manera que facilitan el desarrollo de las competencias, así como la motivación de los alumnos y alumnas.

Atendiendo a las recomendaciones citadas en el artículo 7 del Decreto 110/2016, de 14 de junio y al orden de 14 de julio de 2016, por el que se establece la ordenación y el currículo del Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía y partiendo de lo visto en el periodo de prácticas en el IES Sierra Sur observamos que un modelo **tradicional** de enseñanza o **expositivo** no sería adecuado si se usan únicamente. Para una mejor comprensión por parte del alumnado se ha de combinar el modelo tradicional con otras metodologías de enseñanza activa. Se usará fundamentalmente una actividad ABP, la cual, puede ser muy eficaz. Dicha actividad presenta un carácter constructivista, donde el profesor plantea problemas a través de una actividad y dirige al alumnado hacia su solución, mientras el alumnado construye nuevos conocimientos mediante la investigación, se trata de alcanzar la zona de desarrollo próximo del alumnado (ZDP).

Además será útil el uso de la google classroom, mediante el uso de las nuevas tecnologías para impartir los contenidos en el aula se ayuda al alumnado a construir su propio conocimiento a través de la investigación, donde éste tiene que buscar y contrastar información, ayuda al alumno a presentar carácter crítico y emprendedor donde es responsable de su aprendizaje.

También podemos tomar como herramienta el modelo **conflicto cognitivo** nos puede aportar la reflexión de las ideas previas del alumnado en cuanto a las teorías evolucionistas. De esta manera, podremos estudiar ideas previas que los alumnos y alumnas puedan tener y que, de ser no aceptadas por la comunidad científica, pueden suponer un problema para la construcción de nuevo conocimiento. Los que se pretende, en definitiva, es utilizar herramientas de distintos modelos para llevar a cabo un **aprendizaje significativo**. Según Ausubel, “un aprendizaje es significativo cuando un nuevo contenido se relaciona sustancialmente con la estructura cognitiva del sujeto que aprende, modificándola”. Para que haya un aprendizaje de estas características y no sea puramente memorístico, es necesario una disposición de los alumnos y alumnas (que se suponen deben estar motivados estando en el curso donde están) y, por otra parte, deben tener una base de conocimientos adecuada, que les supongan unos “cimientos” sólidos para la construcción de nuevos esquemas (Ausubel et al., 1978).

Además se adoptará como medida de adaptación para los alumnos y alumnas de 2º de bachillerato los datos cuantitativos del análisis genético, esta medida evita que el concepto de evolución pueda ser abstracto para el alumnado que no se encuentre en lo que la teoría de Piaget denomina pensamiento operacional formal y que puede ser habitual en alumnos y alumnas de esta edad.

3. 6. Evaluación

La evaluación se llevara a cabo de manera **sumativa** (se centra en el resultado final) y **formativa** (se centra en la evolución del proceso educativo) para valorar tanto un trabajo continuado así como un correcto aprendizaje de los objetivos marcados. El desempeño social del trabajo diario traducido en una buena actitud en el aula y un correcto trabajo en equipo también serán elementos evaluables.

El último elemento que se evaluara dentro de esta unidad será la capacidad del profesor para transmitir las ideas básicas del tema, esto se conseguirá mediante un cuestionario a través de la plataforma kahoot! (anexo IV) en la última sesión, los datos serán transformados a valores numéricos y se crearan graficas comparativas para ver si las ideas de los alumnos se han desarrollado correctamente.

3. 6.1 Criterios de evaluación y estándares de aprendizaje

Los criterios de evaluación y los estándares de aprendizaje son uno de los referentes fundamentales de la evaluación. Se convierten de este modo en el referente específico para evaluar el aprendizaje del alumnado. Describen aquello que se quiere valorar y que el alumnado debe de lograr, tanto en conocimientos como en competencias clave. Responden a lo que se pretende conseguir en la UD.

En el siguiente cuadro se asocian los criterios de evaluación, los estándares de aprendizaje y las competencias clave a la que se contribuye.

Estándares de aprendizaje	Criterios de evaluación	Competencias clave
EA.3.11.1. Argumenta distintas evidencias que demuestran el hecho evolutivo.	CE.3.11. Diferenciar distintas evidencias del proceso evolutivo.	CMCT CAA CD
EA.3.12.1. Identifica los principios de la teoría Darwinista y Neodarwinista, comparando sus diferencias.	CE.3.12. Reconocer, diferenciar y distinguir los principios de la teoría Darwinista y Neodarwinista.	CMCT CAA CD
EA.3.13.1. Distingue los factores que influyen en las frecuencias génicas. EA.3.13.2. Comprende y aplica modelos de estudio de las frecuencias génicas en la investigación privada y en modelos teóricos.	CE.3.13. Relacionar genotipo y frecuencias génicas con la genética de poblaciones y su influencia en la evolución.	CMCT CAA CD
EA.3.14.1. Ilustra la relación entre mutación y recombinación, el aumento de la diversidad y su influencia en la evolución de los seres vivos.	CE.3.14. Reconocer la importancia de la mutación y la recombinación.	CMCT CAA CD

EA.3.15.1. Distingue tipos de especiación, identificando los factores que posibilitan la segregación de una especie original en dos especies diferentes.	CE.3.15. Analizar los factores que incrementan la biodiversidad y su influencia en el proceso de especiación.	CMCT CAA CD
CE.3.16. Citar algunas de las especies endémicas en peligro de extinción de Andalucía, la importancia de su conservación y el estado de los proyectos de recuperación relacionados con las mismas.		CCL CMCT CAA CSC CD

Tabla 5. Estándares de aprendizaje, criterios de evaluación y competencias clave

3. 6.2 Criterios de calificación

- Actitud en clase: 10%. Se tendrá en cuenta de manera positiva una actitud respetuosa, participativa y trabajadora, así como la realización de las actividades diarias.
- Actividad de análisis genético: 30%. La actividad está comprendida en dos partes;
 - Realización del trabajo de forma clara, contenidos relacionados con el temario de clase, claridad de lo expuesto, limpieza, uso de vocabulario científico. 15%
 - Exposición de las ideas y debate, este se evaluará mediante la rúbrica expuesta en el **anexo IV**. 15%
- Examen: 60%

Además, si el alumno es sorprendido copiando en alguno de los apartados propuestos se le calificará con cero en dichas pruebas.

3. 6.3 Instrumentos de calificación

- Valoración de la actitud del alumno en referencia a su participación y comportamiento
- Elaboración de un trabajo grupal
- Exposición del trabajo grupal
- Realización de las actividades diarias
- Realización de una prueba escrita

3. 6.4 Recuperación

Los alumnos con menos de un 40% de puntuación en la exposición o en el examen escrito tendrán que recuperar la parte no superada. Aquellos que alcancen el 40% en estas partes pero no lleguen al 50% de la nota total debido a una mala actitud tendrán que recuperar una o dos partes dependiendo de su nota en cada una de ellas.

Para recuperar el examen escrito los alumnos tendrán que superar un nuevo examen con una estructura similar al anterior pero con diferentes preguntas, siempre teniendo en cuenta los contenidos específicos de la unidad.

Los alumnos y alumnas con la parte expositiva suspensa constituirán un nuevo grupo y repetirán la exposición, el tema de esta exposición será seleccionado por el profesor en función de las actitudes de los alumnos suspensos.

3. 7. Temporalización

El horario lectivo de la asignatura de Biología, que se imparte a lo largo del curso de 2º de bachillerato, consta de cuatro horas semanales.

En nuestro caso, esas horas estarán ubicadas en los siguientes días: lunes a cuarta hora, miércoles a segunda hora, jueves a cuarta hora y viernes a última hora.

	Lunes	Martes	Miércoles	Jueves	Viernes
1º HORA	X	X	X	X	X
2º HORA	X	X	BIOLOGÍA	X	X
3º HORA	X	X	X	X	X
	RECREO				
4º HORA	BIOLOGÍA	X	X	BIOLOGÍA	X
5º HORA	X	X	X	X	X
6º HORA	X	X	X	X	BIOLOGÍA

Tabla 6. Horas semanales de Biología.

Las sesiones estarán, en general, planificadas para una duración de unos cincuenta y cinco minutos. Sin embargo, la quinta sesión, que será la de exposición de trabajos, podría durar hasta ochenta y cinco minutos, esto se debe que podría aprovecharse la hora del recreo si fuese necesario.

Esta UD se incluirá dentro del Bloque 3 de la asignatura, genética y evolución. El bloque se divide a su vez en tres unidades didácticas de las cuales evolución comprende la tercera y última. La previsión, teniendo en cuenta que se desarrollará a lo largo de 8 sesiones, es que pueda impartirse a principios de marzo, dejando así al bloque 3 como penúltimo bloque antes del comienzo de la selectividad. En la siguiente tabla podremos ver cómo quedaría organizado:

LUNES	MARTES	MIÉRCOLES	JUEVES	VIERNES	SÁBADO	DOMINGO
				1. Sesión 1	2	3
4. Sesión 2	5	6. Sesión 3	7. Sesión 4	8. Sesión 5	9	10
11. Sesión 6	12	13. Sesión 7	14. Sesión 8	15	16	17

Tabla 7. Distribución de las sesiones durante los primeros días del mes de marzo

Secuenciación de las sesiones

Las sesiones tendrán una serie de elementos comunes durante su desarrollo:

- Comprobar asistencia.
- Corrección de actividades.
- Preguntas sobre las opiniones de los alumnos y debate cuando la complejidad del contenido lo permita.
- Exposición de los contenidos por parte del profesor

Sesión 1

Durante los primeros 15 minutos de la clase se presentará la Google classroom en la cual los alumnos y alumnas pueden encontrar una batería de ejercicios de la unidad. Las actividades se deben de realizar de forma diaria. Además la Google classroom sirve de apoyo para el material de la unidad debido a que diariamente el alumnado debe de revisar su contenido e introducirse en el material complementario que el profesor sube. Como material opcional el alumnado dispone de vídeos, explicaciones, ayudas, exámenes de selectividad, libros y documentales que le ayudarán de cara a afrontar la unidad didáctica.

El resto de la sesión (40 min) se destinará a introducir al alumnado en la unidad, se presentarán las evidencias del proceso evolutivo, la definición de las mismas y las pruebas de la evolución. La sesión finaliza con la ordenación de las actividades, en concreto la actividad 1.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Explicación de la Google classroom	-	15 min	CD, CPAA, CCL
<ul style="list-style-type: none"> • Evidencias del proceso evolutivo. o Definición evolución o Pruebas de la evolución 	1	40 min	CCL, CD, CMCT

Tabla 8. Sesión 1

Sesión 2

El comienzo de la segunda sesión da lugar con la corrección de la actividad 1, ordenada en la primera sesión, esta comprenderá aproximadamente 15 min. En ella no solo se realiza la supervisión del trabajo diario por parte del alumnado sino que se afianza el contenido de la sesión anterior mediante la revisión por parte del grupo de clase de las actividades de los compañeros, con ello se pretende evitar errores comunes y corregir los posibles malentendidos de la sesión anterior, esto se llevará a cabo durante toda la UD.

La exposición de la sesión 2 se llevará a cabo durante los últimos 40 min de la sesión, en ella se expondrán los contenidos mediante una metodología expositiva tradicional, la cual se representa a lo largo de la UD. En esta sesión se motivará al grupo de clase a la búsqueda de información sobre una de las incógnitas que se verán el presente día en clase, para ello el alumnado debe de elegir uno de las tres variantes que el profesor sugiere:

- Efecto cuello de botella
- Efecto fundador
- Teoría de la Simbiosis

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Corrección de actividades	1	15 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP
<ul style="list-style-type: none"> • Darwinismo y neodarwinismo: la teoría sintética de la evolución. <ul style="list-style-type: none"> o Definición de las teorías o Otros mecanismos evolutivos o Diferenciación de las teorías 	5 y 6	40 min	CD, CCL, CMCT, SIEP y CPAA

Tabla 9. Sesión 2

Sesión 3

En la sesión 3 el grupo de clase es el principal transmisor de información durante los primeros 30 min de la sesión, para ello debe de exponer las actividades y búsqueda de información. Se pretende realizar un debate, el alumnado expresa a sus compañeros las conclusiones de su búsqueda para que estos integren dicho conocimiento. Se realizarán grupos dependiendo de la búsqueda que realice cada alumno o alumna. Estos grupos servirán para hacer una revisión de sus propias búsquedas individuales con el sentido de sacar con una idea final que debe exponerse en clase, la duración de proceso debe de ser breve.

La exposición de los contenidos de la sesión 3 se llevará a cabo durante los últimos 25 min de la sesión, se hará especial énfasis en la revisión de la Google classroom en las publicaciones de Selección natural y bacterias con resistencia a los antibióticos, contenidos que deben debatirse en la siguiente sesión.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Corrección de actividades	5 y 6	15 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Explicación de la búsqueda	-	15 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP
<ul style="list-style-type: none"> • La selección natural. Principios. Mutación, recombinación y adaptación. <ul style="list-style-type: none"> o Selección artificial o Proceso de especiación 	3 y 4	25 min	CD, CCL y CMCT

Tabla 10. Sesión 3

Sesión 4

La sesión 4 comenzará con la corrección de las actividades 3 y 4, este proceso durará 10 min. Los posteriores 15 min están destinados a la exposición del contenido expuesto en la Google classroom, bacterias resistentes a los antibióticos. El contenido de esta y la finalidad de la resistencia a los antibióticos debe de comentarse como debate entre toda la clase.

Los 35 min posteriores a la corrección de las actividades se llevará a cabo la exposición de los contenidos referentes a la evolución y la biodiversidad, los conceptos de divergencia, convergencia, órganos análogos y homólogos. La parte de exposición pasiva terminará tras la sugerencia de búsqueda al alumnado del término evolución regresiva y el término reloj molecular (este término será útil en la sesión 5) y la actividad 9.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Corrección de actividad	3 y 4	10 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Exposición de la búsqueda	-	15min	CMCT, CD, CPAA, CCL, CSC y SIEP
<ul style="list-style-type: none">• Evolución y biodiversidad.<ul style="list-style-type: none">o Divergencia evolutivao Convergencia evolutivao Órganos homólogoso Órganos análogos	2 y 7	30 min	CD, CCL y CMCT

Tabla 11. Sesión 4

Sesión 5

La sesión comenzará con la corrección de las actividades 2 y 7 ordenadas en la sesión anterior, este proceso durará 10 min. Posteriormente el alumnado expondrá el concepto reloj molecular que se relacionará con el contenido expuesto en la sesión anterior, por otro lado se expondrá el término evolución regresiva a partir del cual puede enlazarse con el proceso evolutivo global y mediante el cual continuará la sesión. La revisión del concepto global tendrá una duración de 15 min y a través del mismo deben de consolidarse cuestiones tales como:

- ¿Tiene algún sentido la evolución?
- ¿La evolución dirige a los individuos a la complejidad?
- ¿Se busca siempre una mejora de los organismos en la evolución?

Para finalizar la sesión los alumnos y alumnas realizarán los últimos 2 ejercicios de la batería propuesta por el profesor. La realización de ejercicios en la hora de clase pretende solventar dudas y evitar que el alumnado cometa errores a la hora de reflexionar sobre el concepto evolutivo.

En esta sesión el profesor recordará a los alumnos y alumnas que para la siguiente clase deben de traer consigo un ordenador portátil, si no es posible el centro cederá los ordenadores que sean precisos. La importancia de que el alumnado traiga consigo su propio ordenador se debe a la versatilidad que estos mismos presentan con sus propios ordenadores. La siguiente sesión debe de ser fluida para que toda la clase sea capaz de aprender a usar la herramienta BLAST por su propia cuenta.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Corrección de actividad	2 y 7	10 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Exposición de la búsqueda	-	15min	CMCT, CD, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Revisión del concepto global de evolución	-	15min	CD, CCL y CMCT
Realización de actividades 8 y 9 en clase	8 y 9	15min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP

Tabla 12. Sesión 5

Sesión 6

La sexta sesión está destinada exclusivamente a la preparación de la clase para la realización del proyecto análisis genético de ADN en evolución, para ello los primeros 15 min de clase se destinarán a la realización de 2 grupos de 4 alumnos cada uno. Una vez estén terminados los grupos de clase comenzará la introducción de los grupos al proyecto. En primer lugar se le hará saber a la clase en qué consiste el proyecto y el trabajo que tienen que realizar dentro de él. En segundo lugar se hará una revisión del funcionamiento del programa BLAST y el uso de la genoteca, para amenizar el proceso el alumnado debe de seguir no solo al profesor sino también en guion propuesto por el profesor (ver anexo I). A la vez que aprenden el funcionamiento pueden ir analizando el ADN de las especies dadas en el proyecto.

La extensión del tiempo de introducción al proyecto se debe a que cada alumno y alumna aprenda de forma eficaz el uso del programa y que estos puedan hacerlo sin problema para la siguiente sesión. Se responderán dudas tales como:

- ¿Qué se debe de buscar?
- ¿Dónde buscar?
- Además de las dudas que surjan.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Realización de los grupos de trabajo	-	15 min	CPAA, CCL, CSC y SIEP
Introducción al proyecto	-	40 min	CMCT, CD, CPAA, CCL, CSC y SIEP

Tabla 13. Sesión 6

Sesión 7

En esta sesión los grupos deberán de realizar el trabajo de forma conjunta, es decir, cada grupo debe de repartirse el trabajo de forma coherente y realizarlo en la sesión si es posible. Lo esencial es comenzar los análisis de ADN en la sesión 6 destinando la sesión 7 para la toma de conclusiones. La realización del trabajo en la hora de clase se debe a la presencia del profesor que adquiere el rol de guía. Sería idóneo que el alumnado acabe el proyecto en esta sesión con la ayuda del profesor.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Realización del proyecto	-	55 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP

Tabla 14. Sesión 7

Sesión 8

La última sesión está destinada la entrega del proyecto, su exposición y debate. La sesión 8 está estratégicamente localizada en jueves para así poder aprovechar el tiempo del recreo si fuese necesario para resolver dudas de última hora o para organizar las exposiciones. La entrega del proyecto puede llevarse a cabo en mano o de forma telemática a través de la Google classroom, esto lo decidirán los grupos. No obstante se dejarán los primeros 5 min de la sesión destinada a la entrega de proyectos y la preparación de las presentaciones de los grupos si fuese necesario.

Cada grupo dispone de 15 min para exponer las conclusiones de su proyecto y la exposición de los datos. Los últimos 15 min de la sesión están destinados a un debate que deben de realizar los grupos exponiendo cada uno sus conclusiones y debatiendo sobre ellas.

Para finalizar la UD se ha realizado un cuestionario mediante la aplicación Kahoot! (ver anexo III), esta herramienta se utilizará a modo de evaluación del proceso de enseñanza-aprendizaje de la UD.

Contenido	Actividades	Temporalización	Competencias clave
Entrega de proyectos	-	5 min	CCL, CSC y CD
Exposición grupo 1	-	15 min	CMCT, CD, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Exposición grupo 2	-	15 min	CMCT, CD, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Debate	-	15 min	CMCT, CPAA, CCL, CSC y SIEP
Kahoot!	-	5 min	CMCT, CD y CCL

Tabla 15. Sesión 8

3. 8. Organización del espacio

De forma general, la materia se imparte en el laboratorio de Biología en el que se desarrollaran el tratamiento teórico de los contenidos, la realización de actividades, debates, proyección de vídeos o DVDs con contenido científico y la exposición de trabajos, desarrollo de experimentos y donde podremos evaluar las destrezas del alumnado.

El laboratorio se localiza en la planta baja del IES Sierra Sur junto al laboratorio de Química y el aula de Tecnología (ver anexo II). Consta de una pizarra digital con su correspondiente proyector y una pizarra convencional, la mesa y asiento del profesor con un ordenador, mesas y asientos de los alumnos distribuidos por todo el espacio de manera individual y orientada hacia la pizarra, varias estanterías con libros y otros materiales para ser utilizados cuando la situación así lo requiera.

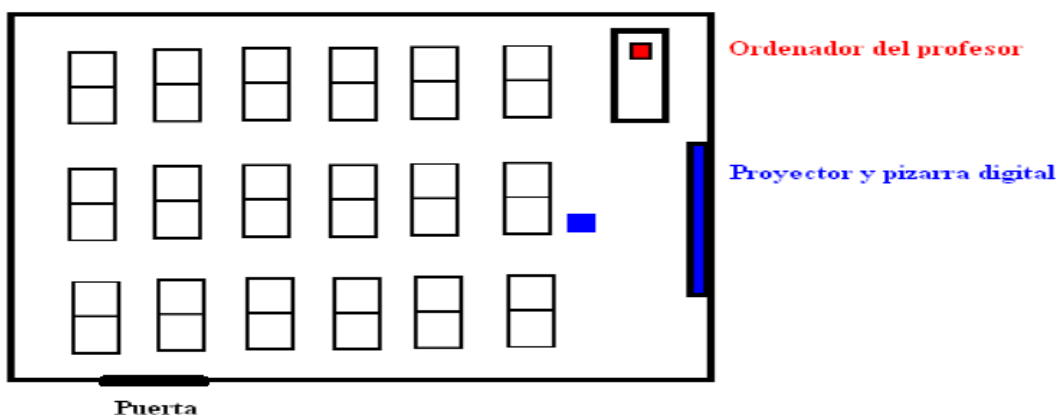


Figura 18. Organización espacios, laboratorio de Biología

3. 9. Recursos materiales

Principales recursos:

- Apuntes del profesor y diapositivas de la unidades (<http://www.iessierrasur.es/departamentos/biologia-y-geologia/2o-bach-biologia/>)

Entre los recursos que podemos encontrar para cada unidad denominados como materiales complementarios los que se encuentran en la **Google classroom** (código: **bkxswk**):

- Resúmenes de los conceptos necesarios que deben saber para abordar cada unidad.
- Fotografías, gráficos, ilustraciones y esquemas aclaratorios que facilitan y refuerzan el aprendizaje de los contenidos expuestos.
- Actividades de refuerzo y ampliación.
- Videos sobre los contenidos de la unidad
- Libros sobre el contenido de clase

Por otro lado, se hace también uso de otro tipo de materiales como:

- Material de laboratorio (si hiciese falta)
- Pizarra digital
- Pizarra tradicional
- Ordenadores (si hiciese falta)

3. 10. Tratamiento interdisciplinar

Esta unidad, al igual que la materia donde se integra, es muy indicada para llevar a cabo este tratamiento. En concreto, el desarrollo de la UD requerirá el abordaje de conocimientos de otras asignaturas tales como: geografía; química; informática; geología; además, el alumnado necesitará acudir a recursos en lengua castellana e inglés, como idioma extranjero, para poder leer, comprender, debatir, transcribir y exponer la información que hayan buscado. Por tanto, en esta temática se llevará a cabo una **disciplinariedad transversal**, es decir, se utilizarán conocimientos de otras materias en el desarrollo de la UD.

3. 11. Atención a la diversidad

Aunque el caso aborda una pequeña clase con alumnado homogéneo se van a tomar una serie de medidas para atender a las distintas particularidades que estas puedan presentar. En general una asignatura de 2º de Bachillerato de carácter troncal puede presentar que no todo el alumnado aprende de la misma manera y al mismo ritmo.

Como profesores debemos tener estas premisas en cuenta y, por tanto, no debemos entender la escuela como un ente homogeneizador, sino como un espacio de entendimiento de los demás y apoyo a los que lo necesitan con el fin de que se formen como personas íntegras, siempre desde sus propias identidades. La diversidad pues, ha de verse como un elemento de riqueza y no como un obstáculo. Se entiende así la atención a la diversidad como el conjunto de actuaciones educativas dirigidas a dar respuesta a las diferentes capacidades, ritmos y estilos de aprendizaje, motivaciones, intereses, situaciones socioeconómicas y culturales, lingüísticas y de salud del alumnado, con la finalidad de facilitar la adquisición de las competencias clave y el logro de los objetivos de la etapa y no podrán, en ningún caso, suponer una discriminación que le impida alcanzar la titulación correspondiente según aparece en el artículo 22 del Decreto 110/2016, de 14 de junio.

Por lo general, en lo referente a la atención a la diversidad se pueden desarrollar dos grupos de medidas: **medidas ordinarias o habituales**; medidas extraordinarias o específicas.

Las medidas ordinarias parten del Proyecto Educativo del Centro y también de las programaciones de aula, y van dirigidas a todo el alumnado que presente problemas de aprendizaje. Por otro lado, las medidas específicas están destinadas a la atención de alumnos que por sus características tengan necesidades especiales, en nuestro caso particular no se presenta ningún alumno o alumna en el grupo de clase con necesidades extraordinarias o específicas por lo tanto no se desarrollará este contenido.

En este sentido, de acuerdo con las programaciones didácticas, se incluirán metodologías y procedimientos e instrumentos de evaluación que presenten mayores posibilidades de adaptación a los diferentes ritmos y estilos de aprendizaje del alumnado. Teniendo en cuenta lo anterior, la atención educativa ordinaria a nivel de aula se basará en:

- Metodologías didácticas favorecedoras de la inclusión (aprendizaje basado en proyectos y aprendizaje cooperativo).
- Puesta en escena de una actividad de análisis de ADN, esta está destinada a evitar la abstracción del concepto evolutivo y así favorecer al alumnado que no se encuentre en el grupo de pensamiento operacional formal de Piaget.
- Organización de los espacios y los tiempos de manera flexible
- Diversificación de los procedimientos e instrumentos de evaluación.
- Actividades de profundización de contenidos y estrategias específicas de enseñanza- aprendizaje que permitan al alumnado desarrollar al máximo su capacidad y motivación.

En esta UD, al establecerse en la metodología una dinámica de trabajo en grupo, hace que todos los alumnos y alumnas tengan que trabajar conjuntamente, repartiéndose responsabilidades y apoyándose entre sí para poder cumplir con las tareas propuestas. El hecho de compartir ideas al debatir dentro del grupo, exponer ante los compañeros/as, el responder a preguntas y comentarios podrá hacer que cada uno de los alumnos y alumnas sientan que se crea un espacio adecuado para el desarrollo de sus capacidades y para poder aprender de los demás.

La visión de los datos cuantitativos en el análisis genético está diseñada para evitar que el concepto de evolución pueda ser abstracto para el alumnado que no se encuentre en lo que la teoría de Piaget denomina pensamiento operacional formal y que puede ser habitual en alumnos y alumnas de esta edad. El trato numérico en la actividad se asocia con cierto grado de evolución, el aprendizaje de este concepto abstracto puede ser facilitado por la asimilación en cuanto a una referencia concreta que ofrece la numeración.

4. Bibliografía

Adams M., Celniker S., Holt R., Evans C. Et al. (2000) The Genome Sequence of *Drosophila melanogaster*. *Science*. 287 (5461), 2185-2195.

Ausubel, D., Novak, J., Hanesian, H. (1978). *Educational Psychology: A Cognitive View* (2nd Ed.). New York: Holt, Rinehart & Winston. 733 pp.

Ayuso, E. y Banet, E. (2002). "Pienso más como Lamarck que como Darwin": comprender la herencia biológica para entender la evolución. *Revista Alambique*. 32(2), 39-47.

Belloch, C. (2012) *Las Tecnologías de la Información y Comunicación en el Aprendizaje*. Universidad de Valencia, España. Recuperado de <https://goo.gl/kDoBvC>

Bonwell, C.C. y Eison J. A. (1991) *Active Learning: Creating Excitement in the Classroom*. ASHEERIC Higher Education Report No.1. George Washington University, Washington, DC. 121 pp.

Boveri, T. (1904) *Ergebnisse über die Konstitution der chromatischen Substanz des Zellkerns*. G. Fischer, Jena. 152 pp.

Bowler, P. (1985). *El eclipse Del Darwinismo. Teorías evolucionistas antidarwinistas en las décadas en torno a 1900*. Barcelona: *Labor*. 286 pp.

Brandt G., Haak W., Adler C. J., Roth C., Szécsényi-Nagy A., Karimnia S., et al. (2013) Ancient DNA Reveals Key Stages in the Formation of Central European Mitochondrial Genetic Diversity. *Science*. 342, 257–261.

Caballer, M.J., Giménez, I. y Madrid, A. (2002). La evolución. Programación de aula: ¿qué queremos conseguir? *Revista Alambique*. 34(2), 104-111.

Collins F., Morgan M., Patrinos A. (2003) The Human Genome Project: Lessons from Large-Scale Biology. *Science*. 300 (5617), 286.

D'Hont A., Denoeud F., Wincker P. (2012) The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. *Nature*. 488, 213–217.

Dale, E. (1996). The "cone of experience." In D. P. Ely & T. Plomp (Eds.), *Classic writings on instructional technology* (1st ed.). Englewood. CO: Libraries Unlimited 180 pp.

Di Giulio, M. (2006) The non-monophyletic origin of the tRNA molecule and the origin of genes only after the evolutionary stage of the last universal common ancestor (LUCA). *Journal of theoretical biology*. 240 (3), 343-352.

Dobzhansky, T. (1937). *Genetics and the origin of species*. New York: *Columbia University Press*. 364 pp.

Duboule, D. (1995) Vertebrate hox genes and proliferation. An alternative pathway homeosis. *Current opinion in genetics and development*. First edition. Clarendon Press, Oxford. 5, 525-8.

Fisher R. (1930). *The Genetical Theory of Natural Selection*. Oxford: Clarendon Press. 37.

Fleischmann R., Adams M., White O., Clayton R. A., Kirkness E. F. Et al. (1995) Whole-genome random sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. *Science*. Vol. 269 (5223), 496-512.

Gagliardi, R. (1986). Los Conceptos Estructurales en el Aprendizaje Por Investigación. *Enseñanza de las Ciencias*. 4 (1), 30-35.

Gamba C. Fernández E., Tirado M., Deguilloux M. F., Pemonge M. H., Utrilla P., et al. (2011) Ancient DNA from an Early Neolithic Iberian population supports a pioneer colonization by first farmers. *Molecular Ecology*. 21, 45–56.

Garritz, A. (2001). Veinte años de la teoría del cambio conceptual. *Educación química*. 12 (3), 123-126.

González J. L. (2004) *Teorías de la vida*. Madrid, Síntesis. 304 pp.

González H. (2000) “La evaluación de los estudiantes en un proceso de aprendizaje activo de la cartilla docente”. Recuperado de http://www.icesi.edu.co/contenido/pdfs/cartilla_evaluacion.pdf

González, L. (2011). Obstáculos para el aprendizaje del modelo de evolución por selección natural. Tesis Doctoral. Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. Facultad Ciencias Exactas y Naturales. 21 (1) Recuperado de http://hdl.handle.net/20.500.12110/tesis_n4961_GonzalezGalli

Gould, S. J. (2004). *La estructura de la teoría de la evolución*. Barcelona: Tusquets. 1432 pp.

Haak W., Forster P., Bramanti B., Matsumura S., Brandt G, et al. (2005) Ancient DNA from the First European Farmers in 7500-Year-Old Neolithic Sites. *Science*. 310, 1016–1018.

Huitt W., Hummel J. (2003) Teoría del desarrollo de Piaget. *Educational Psychology Interactive*. Valdosta, GA: Valdosta State University. Recuperado de <http://www.edpsycinteractive.org/topics/cognition/piaget.html>

Hunley K. and Healy M. (2011) The Impact of Founder Effects, Gene Flow, and European Admixture on Native American Genetic Diversity. *Am J Phys Anthropol*. 146(4), 530–538.

Huxley, J. (1936) Natural selection and evolutionary progress. *Br. Assoc. Annual Meeting Report*. 81–100.

- Huxley, J. (1946). *La evolución: síntesis moderna*. Buenos Aires: Losada Cop.
- Iglesias, B., de la Madrid, L., Ramos, A., Robles, C. y Serrano, A. (2013). Metodologías innovadoras e inclusivas en educación secundaria. *Tendencias Pedagógicas*. 21, 63-78.
- Inhelder, B. y Piaget, J. (1958). *The Growth of Logical Thinking from Childhood to Adolescence*. New York: Basic Books. 378 pp. <http://dx.doi.org/10.1037/10034-000>
- Jeffery W. (2009) Regressive Evolution in *Astyanax* Cavefish. *Annual Review of Genetics*. 43, 25-47.
- Jiménez, M.P., Brañas, M.P. y Pizarro, I. (1992). ¿Cómo cambian los seres vivos?. *Revista Aula de Innovación Educativa*. 5, 37-40.
- Kimura, M., (1983) *The Neutral Theory of Molecular Evolution*. Cambridge University Press, Cambridge. 367 pp.
- Koonin EV. (2005) Orthologs, paralogs, and evolutionary genomics. *Annu Rev Genet*. 39(309), 38.
- Krumlauf, R. (1995) Hox genes in vertebrate development. *Cell*. 78, 191-201.
- Lacan M., Keyser C., Ricaut F. X., Brucato N., Tarrús J., Bosch A., et al. (2011) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 108, 18255–18259.
- Lee E. J., Krause-Kyora B. , Rinne C., Schütt R., Harder M., Müller J., et al. (2013) Ancient DNA insights from the Middle Neolithic in Germany. *Archaeological and Anthropological Sciences*. 6, 199–204.
- Levitt M. (2001) The birth of computational structural biology. *Nat Struct Biol*. 8(392), 3.
- Lin X., Kaul S., Venter C. Et al. (1999) Sequence and analysis of chromosome 2 of the plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature*. 402, 761–768.
- Margulis, L. y Sagan, D. (2003). *Captando Genomas. Una teoría sobre el origen de las especies*. Barcelona: Kairos. 308 pp.
- Morange, M. (2011) Some considerations on the nature of LUCA, and the nature of life. *Research in Microbiology*. 162 (1), 5-9.
- Morgan T. H. (1911) Random segregation versus coupling in mendelian inheritance. *Science*. 34, 873 - 384.
- Myers E., Sutton G., Delcher L., Dew I. (2000) A Whole-Genome Assembly of *Drosophila*. *Science*. 287, 2196-2204.
- Olalde I., Schroeder H., Sandoval-Velasco M., Vinner L., Lobón I. (2015) A Common Genetic Origin for Early Farmers from Mediterranean Cardial and Central

European LBK Cultures. *Molecular Biology and Evolution*. Oxford University Press. 32(12), 3132-3142.

Pääbo S., Stoneking M., Krainitzki H., Schmitz R., Stone A., Krings M. (1997) Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans. *Cell*. 90 (1), 19-30.

Parker J, Tsagkogeorga G, Cotton JA, Liu Y, Provero P, Stupka E, Rossiter SJ. (2013) Genome-wide signatures of convergent evolution in echolocating mammals. *Nature*. 502 (7470), 228–31.

Piaget, J. (1970). Science of education and the psychology of the child (D. Coltman, Trans.). New York: Orion. 341 pp.

Rivollat M., Mendisco F., Pemonge M.H., Safi A., Saint-Marc D., et al. (2015) When the Waves of European Neolithization Met: First Paleogenetic Evidence from Early Farmers in the Southern Paris Basin. *Plos One*. 10(4): e0125521. Recuperado de <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125521>

Rubin G., Yandell M., Wortman J., Gabor G. (2000) Comparative Genomics of the Eukaryotes. *Science*. 287, 2204-2215.

Sagan, L. (1967) On the Origin of Mitosing Cells. *Journal of Theoretical Biology*. 14, 225–74.

Sagan L., Ben-Shaul, Y., Epstein H.T., Schiff J.A. (1965) Studies of chloroplast development in Euglena. XI. Radioautographic localization of chloroplast DNA. *Plant physiology*. 40 (6) 1257-1260.

Sanger F., Air M, Barrell B., Brownt N., Coulson A., Fiddes J., Hutchison C., Slocombe P., Smith M. (1977) Nucleotide sequence of bacteriophage ϕ X174 DNA. *Nature*. 265, 687- 695.

Sanger F., Coulson A. R., Hong G. F., Hill D. F., Et al. (1982) Nucleotide sequence of bacteriophage λ DNA. *Journal of Molecular Biology*. 162, 729.

Sastre N., Vilà C., Salinas M., Bologov V., Urios V., Sánchez A., Francino O., Ramírez O. (2011) Signatures of demographic bottlenecks in European wolf populations. *Conserv Genet*. 12, 701–712.

Sutton, W. (1903) The chromosomes in heredity. *Biol*. 4, 231–251.

Tajima F. (1993) Simple Methods for Testing the Molecular Evolutionary Clock Hypothesis. *Genetics Society of America*. 135(2), 599–607.

Tajima, F. (1993) Simple methods for testing the molecular evolutionary clock hypothesis. *Genetics*. 135, 599–607.

Valdiosera C., Günther T., Vera-Rodríguez J. C., Ureña I., et al. (2018) Cuatro milenios de prehistoria biomolecular ibérica ilustran el impacto de las migraciones prehistóricas en el otro extremo de Eurasia. *PNAS*. 115 (13), 3428-3433.

Vázquez-Limóna C., Hoogewijs D., Vinogradov S. N., Arredondo-Peter R. (2012) The evolution of land plant hemoglobins. *Plant Science*. 191, 71-81.

Venter C., Adams M., Myers E., Li P. Et al. (2001) The Sequence of the Human Genome. *Science*. 291, 1304-1351.

Vygotsky, L. S. (1978). La mente en la sociedad: el desarrollo de procesos psicológicos superiores. Cambridge, MA: Harvard University Press. 224 pp.

Wright, S. (1931). Evolution in Mendelian populations. *Genetics*. 16, 97-159.

Wright, S. (1964). Stochastic processes in evolution. Stochastic models in medicine and biology. *University of Wisconsin Press, Madison*. J. Garland, ed. 199-241

Zuckerkandl E., Pauling L. (1965a) Evolutionary divergence and convergence in proteins. En: Bryson V., Vogel H.J. (eds.): *Evolving Genes and Proteins*. Nueva York: Academic Press. 97-166.

Zuckerkandl E., Pauling L. (1965b) Molecules as documents of evolutionary history. *J Theor Biol*. 8, 357-66.

Zuckerkandl E., Pauling L.B. (1962) Molecular disease, evolution, and genetic heterogeneity. En: Kasha M., Pullman B. (eds.): *Horizons in Biochemistry*. Nueva York: Academic Press. 189-225.

Legislación a nivel nacional:

LOE (Ley Orgánica 2/2006, de 3 de mayo, de Educación. En la redacción actual, tras la aprobación de la LOMCE)

LOMCE (Ley Orgánica 8/2013, de 9 de diciembre, para la mejora de la calidad educativa)

R.D. 1105/14 (Real Decreto 1105/2014), de 26 de diciembre, por el que se establece el currículo básico de la Enseñanza Secundaria Obligatoria y del Bachillerato)

R.D. 310/16 (Real Decreto 310/2016, de 29 de julio, por el que se regulan las evaluaciones finales de Enseñanza Secundaria Obligatoria y de Bachillerato)

Legislación a nivel de la Comunidad Autónoma:

LEA (Ley 17/2007, de 10 de diciembre, de Educación de Andalucía)

Decreto 110/2016, de 14 de junio, por el que se establece la ordenación y el currículo del Bachillerato en la Comunidad Autónoma de Andalucía.

Orden de 14 de julio de 2016, por la que se desarrolla el currículo correspondiente al 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.

Documentos del I.E.S. Sierra Sur:

- Proyecto Educativo del Centro.
- Programación didáctica de la asignatura

Otros recursos:

Adsur (2016). Recuperado de http://www.adsur.es/files/downloads/edl_sierrasurjaen.pdf

Web necesarias:

- Tutorial análisis de datos: https://www.youtube.com/watch?v=wl_nwgg6P98
- Genbank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
- Pubmed (BLASTn): <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

Libros (Material complementario):

La especie elegida (2001) Juan Luis Arsuaga

Genoma (2000) Matt Ridley

El secreto de la vida (2003). James D. Watson

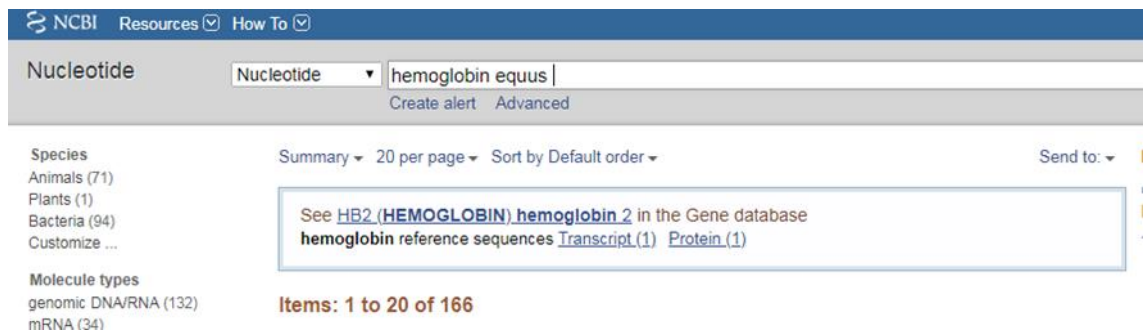
El origen de la vida. Alexander Oparin

5. Anexos:

Anexo I

¿Cómo se usa BLASTn?

Paso 1: Antes de poder secuenciar se debe de buscar una secuencia de ADN que pueda ser analizada por el algoritmo del programa, la búsqueda de secuencias se realiza en el banco de información de ADN GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), para ello debemos de poner el nombre del organismo en latín y el del gen, secuencia o transcrito en inglés. En este ejemplo realizaremos la búsqueda de la secuencia de ADN que codifica para la hemoglobina de caballo, luego buscamos hemoglobin y el nombre científico del organismos, este caso Equus.



Seleccionamos una secuencia que contenga ADN, por ejemplo la secuencia 6 y obtenemos los datos en formato FASTA (flecha vertical)



Paso 2. Copiamos la secuencia en formato fasta, desde la apertura >, hasta el final de la secuencia.

Equus przewalskii alpha 1 hemoglobin gene, complete cds

GenBank: AH007675.2

[GenBank](#) [Graphics](#)

```
>AH007675.2 Equus przewalskii alpha 1 hemoglobin gene, complete cds
GCTCTCGTTGGCGCAGAACCCCGCCGGCGTCTCCTGCGGTTGCGGCGCCGCCGCGCGCCCGCTCCTCGC
CAGCCAATGAGCGCGGCCCGGGCGGGCGTGCCCCCGCGCCCGGACTATAAAGCTGCGCGCTCGGCCCGC
CGCGTACGCTGCTGTGCCGCTGCTGGTCTAGCACAGACTCAGAAACAGTCACCATGGTGTCTGTGCCG
CCGACAAGACCAACGTCAAGGCCGCTGGAGTAAGGTTGGCGGCCACGCTGGCGAGTTTGGCGCAGAGGC
CCTAGAGAGGTGAGGACCTCTCTTTCCCGGCCGGGACCTCGGGCACAGCAGCCGCCCCAGGGGCTGC
CAGCAACCCCTCGGTGGGTTCTGGCCGGGCTGGTGCAGAAAGACCCCAAGATCTCAGGGTCTGACCGCGGA
CCAGCCGGAGGAGCCCGGCCAGCACCTTCTTCCGAATCCGAGGCTCCGGACCTGCCCCCGACCCCGCCA
CCCCACACCCACGCCGGCCCCCGCGCGCCGCCCCCCCCCCCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNGCCCCCGCTCACTCTCCTCTCCCTGCAAGGATGTTCTGGGCTTCCCCACCACCAAGACCTACT
TCCCCACTTCGATCTGAGCCACGGCTCCGCCAAGGTCAAGGCCACGGCAAGAAGGTGGGCGACGCGCT
GACTCTCGCCGTGGGCCACCTGGACGACCTGCCTGGCGCCCTGTCGAATCTGAGCGACCTGCACGCACAC
AAGCTGCGCTGGACCCCGTCAACTTCAAGGTGAGCCCGGGGGCCGGGCTGGCCGGGCGGGAGAGACGA
GCGGGAGGCGCAGCGGGCCCTCCAGAGGGCAGGGAAACCCCGTGGGTCTCAGAAGTGGAGCGCGGGCGGC
CGCGGGCCCGACGCCCTTGACACCCCTCGATCCGCA6CTTCTGAGTCAATTGCCTGCTGTCCACCTTGG
CCGTCCACCTCCCAACGATTTACCCCTGCCGTCCACGCCTCCCTGGACAAGTCTTGAGCAGTGTGAG
CACCCTGCTGACCTCCAAATACCGTTAAGCTGGAGCCACGGCGATCCCTGCCCGCGGCCCGGGGCCCTT
GCCTCCGCGTGCCTCCCACTTCCCTACCTTTCAATAAAGTCTGATGGGCTGCATGACGCTGCGTGCCTC
GGTCTCTGTGTCCGCAATGTGCCAGGGGTGGGGGTGGTCTGTCTGATCAAGGACCTCCCAAGGAGCGGG
CAGAGAGGGAAGGGAAGAAAAGGTTGGAGGAGGGAGTGGAGCTGGTGGGCTGCCTGGGTTTGTGCAAC
CCCCACTGTACCCTGGAGAGCTTGTCTATGCACGTTGGCCTCTTCT
```

Paso 3. La secuencia se debe pegar en el programa BLASTn (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)



Paso 4. Seleccionar los parámetros de búsqueda del programa, ver imagen siguiente y seleccionar puntos 1, 2 y 3 en BLASTn.

Choose Search Set

1 Database Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):

Human genomic plus transcript (Human G+T)

Exclude Optional Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Limit to Optional Sequences from type material

Entrez Query Optional [YouTube](#) [Create custom database](#)

Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Optimize for Highly similar sequences (megablast) More dissimilar sequences (discontiguous megablast) Somewhat similar sequences (blastn)

2 Choose a BLAST algorithm

BLAST

3 Search database Human G+T using Blastn (Optimize for somewhat similar sequences)

Show results in a new window

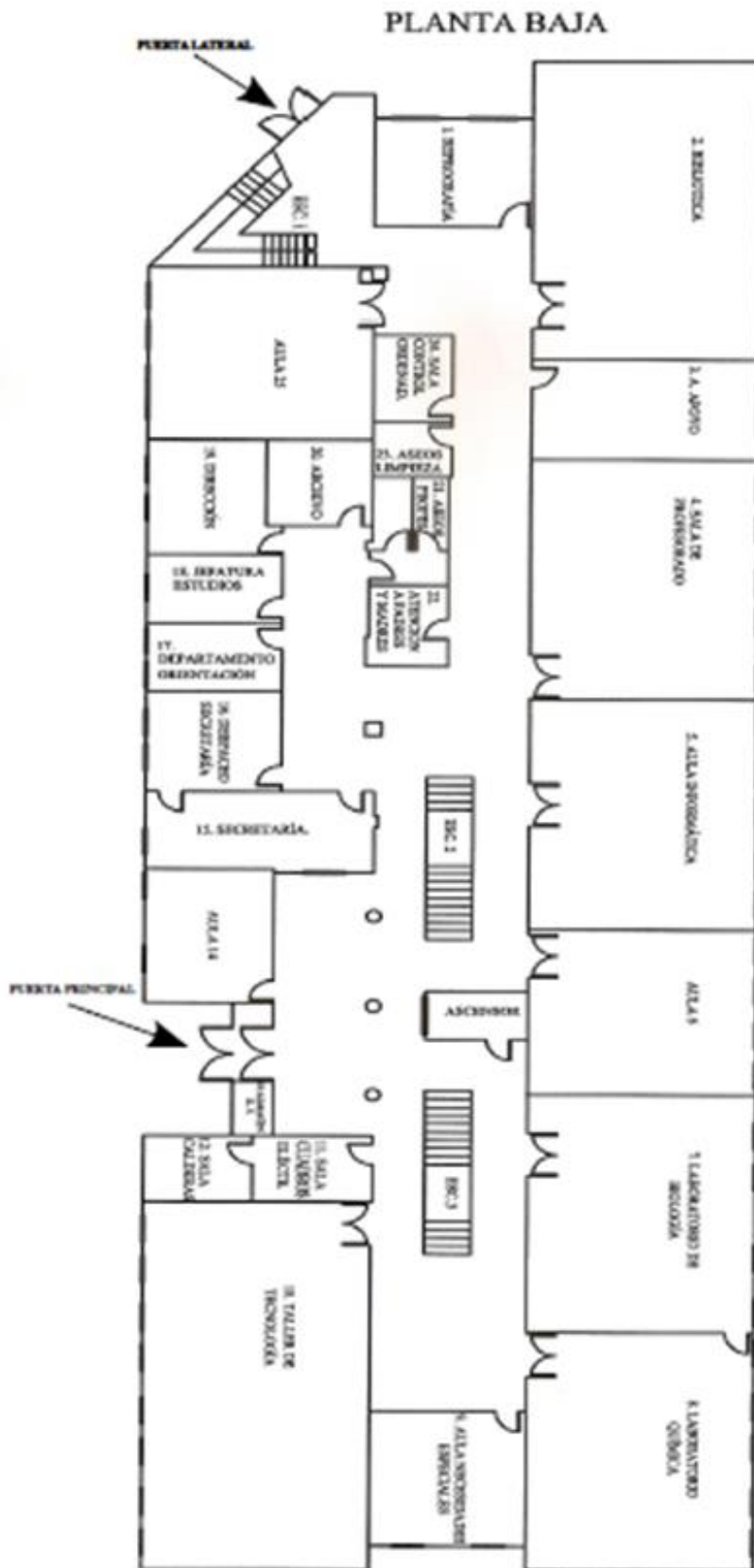
Paso 5. Resultados del análisis se observan en este apartado, el porcentaje que aparece es la similitud de la secuencia problema (la secuencia de caballo) con la del genoma humano.

Sequences producing significant alignments Download Manage Columns Show 100

select all 63 sequences selected [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
Transcripts						
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens hemoglobin subunit alpha 1 (HBA1) mRNA	252	566	33%	8e-64	86.96%	NM_000558.4
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens hemoglobin subunit alpha 2 (HBA2) mRNA	252	579	38%	8e-64	86.96%	NM_000517.4
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens hemoglobin subunit theta 1 (HBQ1) mRNA	180	233	20%	4e-42	79.23%	NM_005331.4
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Homo sapiens hemoglobin subunit zeta (HBZ) transcript variant X2 mRNA	114	114	12%	1e-22	73.77%	XM_005255288.3
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Homo sapiens hemoglobin subunit zeta (HBZ) transcript variant X1 mRNA	114	114	12%	1e-22	73.77%	XM_005255287.3
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens hemoglobin subunit zeta (HBZ) mRNA	114	114	12%	1e-22	73.77%	NM_005332.2
<input checked="" type="checkbox"/> Homo sapiens hemoglobin subunit delta (HBD) mRNA	55.4	55.4	9%	1e-04	68.89%	NM_000519.3

Anexo II

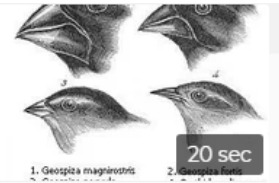


I.E.S. SIERRA SUR

Anexo III

1 - Question

Darwin expuso como prueba de la evolución el ejemplo de "los pinzones" ¿Qué tipo de pruebas es?



- Prueba Anatómica ✗
- Prueba Paleontológica ✗
- Prueba Taxonómica ✗
- Prueba Biogeográfica ✓

2 - Question

¿En qué consistían los órganos homólogos?



20 sec

- Presentan mismo origen evolutivo ✗
- Tienen la misma función ✗
- Tienen un mismo origen pero diferente función ✓
- Tienen el mismo origen y misma función ✗

3 - Question

¿Qué ejemplo darías para explicar un órgano homólogo?



30 sec

- Alas de insecto y alas de ave ✗
- Aleta de delfín y mano humana ✓
- Ala de murciélago y aleta de ballena ✓
- Alas de diferentes especies de insecto ✗

4 - Question

¿Cómo llamarías a las pruebas de la evolución que comparan fósiles y organismos vivos?



- Prueba Anatómica ✗
- Prueba Paleontológica ✓
- Prueba Embriológica ✗
- Prueba Taxonómica ✗

5 - Question

¿Cómo llamarías a una serie de cruces selectivos con el fin de obtener un organismo mejorado?



- Selección ✗
- Selección Natural ✗
- Cría ✓
- Selección Artificial ✓

6 - Question

Todos los seres vivos "entienden el mismo lenguaje en su ADN" ¿A qué se debía?

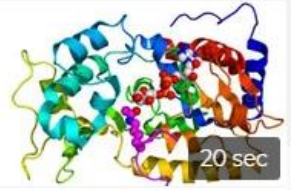


20 sec

- Todos los organismos son bilingües ✗
- Tenemos un mismo origen evolutivo ✓
- Todos los organismos vivos estamos emparentados ✓
- Casualidad ✗

7 - Question

¿Qué tipo de prueba es la que compara MOLÉCULAS para observar la similitud de los organismos?



- Prueba Anatómica ✗
- Prueba Embriológica ✗
- Prueba Bioquímica ✓
- Prueba Médica ✗

8 - Question

Cuando hablamos de órganos homólogos hacemos referencia a...



30 sec

- Evolución ✗
- Evolución divergente ✓
- Evolución convergente ✗
- Ninguna de las anteriores ✗

9 - Question

El Neodarwinismo explicaba la variabilidad con...



- Bases genéticas ✗
- Mutaciones, reproducción asexual y recombinación ✗
- Mutaciones, reproducción sexual y recombinación ✓
- Mutaciones ✗

10 - Question

A lo largo del tiempo la evolución ha seleccionado individuos más simples



30 sec



Convergencia evolutiva



Divergencia evolutiva



Evolución regresiva



Selección natural



Anexo IV

Competencias	Nivel de ejecución	Nivel de ejecución	Nivel de ejecución	Nivel de ejecución
	1. Insatisfactorio	2. Poco satisfactorio	3. Satisfactorio	4. Muy satisfactorio
A. Organización del trabajo	La exposición no tiene en cuenta una planificación ni un trabajo previo	Se han tenido en cuenta algunos aspectos del trabajo previo pero son insatisfactorios	Se han tenido en cuenta la mayoría de aspectos del trabajo previo y se ha planificado	Se han tenido en cuenta todos los aspectos del trabajo previo y se han planificado
B. Estructura y claridad de exposición	Exposición oral mal estructurada y poco clara	Las ideas se expresan de forma desordenada aunque se aprecia cierta claridad	La exposición oral está bien estructurada	La exposición está bien estructurada y la información resulta comprensible
C. Uso herramienta TIC. Presentación	No se utiliza ninguna herramienta informática	Se utiliza una herramienta informática de forma irregular	Se utiliza una herramienta informática de forma adecuada	Se utiliza una herramienta informática de forma adecuada y creativa
D. Fluidez y seguridad en exposición	Se lee la información expuesta con poca fluidez, hay interrupciones	Se lee la información cuando no se recuerda y la fluidez es escasa	No se lee la información de forma general y la fluidez es correcta	La exposición se expone con gran fluidez, seguridad y se valora el contacto con el auditorio
E. Uso del lenguaje no verbal	No mira al auditorio (vista fija en algún punto incorrecto; suelo, pared) y la postura corporal no es adecuada	Mantiene una postura inadecuada y evita mirar al auditorio.	La postura es correcta y se mantiene contacto visual con el auditorio	La postura corporal es correcta, se mantiene el contacto visual con el auditorio, se señalan los puntos de interés y se interacciona con el auditorio. La voz del expositor se
F. Adecuación, coherencia y cohesión de la información	La información es incoherente. Hay errores graves de adecuación (coloquialismos o vulgarismos), no está bien cohesionado (no se usan conectores)	Falta coherencia, puede que se repitan ideas y conceptos de forma redundante. Las ideas no se unen con conectores o estos son escasos. El lenguaje es pobre o poco	La información es coherente, se usan bastantes conectores para unir las ideas, se usan técnicas para evitar repetir conceptos o ideas y el registro es el adecuado	La información es coherente, se usan los conectores adecuados y el vocabulario es rico y culto.

INSATISFACTORIO 4; POCO SATISFACTORIO 6; SATISFACTORIO 8; MUY SATISFACTORIO 10

Anexo V

Análisis Genético de ADN en evolución con soluciones de parentesco

1- Ordene según su criterio las siguientes especies en relación de parentesco con la especie humana:

- Ratón (*Mus musculus*) **81, 8%**
- Caballo (*Equus przewalskii*) **86,96 %**
- Perro (*Canis lupus*) **85,86 %**
- Pez zebra (*Danio rerio*) **73,18 %**
- Gallo (*Gallus gallus*) **76, 51 %**
- Vaca (*Bos Taurus*) **83, 12%**
- Bonobo (*Pan paniscus*) **99,08 %**

2- Busque en Genbank secuencias de ADN de las especies antes mencionadas y compárelas mediante el programa Blast con el genoma humano. Para ello deberá de realizar una búsqueda en relación con una proteína o parte de ella, en este caso hemoglobina (hemoglobin). Ordene las especies en relación al parentesco que encuentra con la especie humana. ¿Encuentra diferencias con la respuesta al primer ejercicio? ¿Cuáles son? ¿A qué puede deberse? ¿Qué tipo de prueba de la evolución está viendo en este ejercicio? Razone su respuesta. ¿A qué se debe que todos los organismos antes mencionados tenga un contenido de ADN similar al de otras especies? Razone su respuesta.

3- Busque y compare una secuencia de ADN de la especie *Trema virgata*, para ello debe de buscar secuencias de la hemoglobina. ¿Qué tipo de organismos es esta especie? ¿A qué se puede deber el grado de parentesco de *Trema virgata* con el de *Homo sapiens*? Justifique su respuesta.

89, 66 %

4- Busque y compare una secuencia de ADN de la especie *Aciditiobacillus*, para ello debe de buscar secuencias de la citocromo oxidasa. ¿Qué tipo de organismos es esta especie? ¿A qué se puede deber el grado de parentesco de *Aciditiobacillus* con el de *Homo sapiens*? Justifique su respuesta.

89, 19%

5- Todos los organismos del planeta Tierra presentan características similares en cuanto que todos presentan moléculas muy parecidas y que están compuestas del mismo material. Por ejemplo sabemos que una proteína está formada por

aminoácidos. Además todos los organismos vivos presentan el mismo código genético. ¿Cómo puede explicarse esto? Justifique su respuesta.

Anexo VI

Webgrafía:

- ❖ Figura 1: <https://imgur.com/gallery/jbNsv>
- ❖ Figura 2: <https://lacienciaysusdemonios.com/2014/01/29/mapa-de-la-ensenanza-del-creacionismo-pagada-con-impuestos-en-eeuu/>
- ❖ Figura 3: <https://www.lifeder.com/ciencia/biologia/page/216/>
- ❖ Figura 4: <https://copepodo.wordpress.com/2009/05/18/caricaturas-de-darwin/>
- ❖ Figura 5: <https://es.khanacademy.org/science/biology/her/heredity-and-genetics/a/genetic-drift-founder-bottleneck>
- ❖ Figura 6: <https://biologiaisil.blogspot.com/2019/05/otros-mecanismos-evolutivos.html>
- ❖ Figura 7: http://bioinformatica.uab.cat/base/documents/genetica_gen201516/portfolio/Una%20pieza%20clave%20en%20la%20evoluci%C3%B3n.%20Transferencia%20lateral%20de%20genes2016_5_21P22_16_48.pdf
- ❖ Figura 8: <https://lapizarradelaciencia.wordpress.com/2012/04/26/los-pinzones-de-darwin/>
- ❖ Figura 9: https://2.bp.blogspot.com/-z5vBkjXISbU/UHSWfa_QpgI/AAAAAAAAAEI/x6fcRStfjXU/s1600/cartas12_01d.jpg
- ❖ Figura 10: <https://eblogucion.blogspot.com/2013/12/organos-homologos-y-organos-analogos.html>
- ❖ Figura 11: <https://andrearubio53.weebly.com/pruebas-anatoacutemicas.html>
- ❖ Figura 12: <https://bioygeologia.weebly.com/pruebas-de-la-evolucioacuten.html>
- ❖ Figura 13: <https://davidhuerta.typepad.com/.a/6a01347ff0d110970c0133f28602e3970b-popup>
- ❖ Figura 14: <https://biosnatura.blogspot.com/2018/11/bloque-v-valoras-la-biodiversidad-e.html>
- ❖ Figura 15: https://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/0_0_0/molecclocks_01_sp
- ❖ Figura 16: https://www.researchgate.net/figure/Figura-2-Piramide-de-aprendizaje-basada-en-el-cono-de-aprendizaje-de-Edgar-Dale-Dale_fig3_308649243
- ❖ Figura 17: http://www.adsur.es/files/downloads/edl_sierrasurjaen.pdf
- ❖ Figura 18: Recuperada del Plan de Centro