

**LA BIOINFORMÁTICA EN LA COMPRESIÓN DEL DOGMA CENTRAL DE LA
BIOLOGÍA MOLECULAR**

Jeferson Stiven Mora Poveda

Universidad Pedagógica Nacional

Licenciatura en Química

Bogotá D.C.

Agosto de 2023

**LA BIOINFORMÁTICA EN LA COMPRENSIÓN DEL DOGMA CENTRAL DE LA
BIOLOGÍA MOLECULAR**

Jeferson Stiven Mora Poveda, Código 2018215048

Departamento de Química, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad
Pedagógica Nacional

Trabajo de grado

Director de proyecto: Rodrigo Rodríguez Cepeda

Químico, Dr en Educación

Bogotá D.C.

Agosto de 2023

DEDICATORIA

A la vida por manifestarme de manera inverosímil el recorrido hacia las grandes oportunidades y experiencias.

A mi prima Lorena y mi tía Anita por creer en mí desde el inicio de este proceso formativo y por siempre expresar su apoyo.

A mi familia, amigos y compañeros que siempre me acompañaron de manera incondicional.

Al doctor Rodrigo Rodríguez Cepeda quien me dio la confianza y oportunidad para trabajar en conjunto y hacer posible este proyecto.

AGRADECIMIENTOS

A mis padres María y Jorge quienes me apoyaron y acompañaron en cada paso de mi proceso formativo, a mis hermanos que siempre estuvieron para ayudarme y darme palabras de aliento, a Claudia L. por animarme a iniciar este proceso, a mi amiga Laura G. por estar presente desde el día uno de este proceso formativo hasta el final; a mis amigas

Luisa y Tatiana quienes me brindaron su apoyo incondicional en los momentos más difíciles; a mis compañeros y amigos con los que compartí diferentes experiencias de vida (Yuri, Daniela, Sofía, Paula Z, Marisol y muchos más); a cada profesor que generó un impacto en mi proceso educativo; al profesor Diego Blanco por sus palabras de aliento y buenos consejos; al profesor Rodrigo por brindarme la oportunidad de pertenecer al semillero de investigación y por la paciencia que me tuvo; a la profesora Yolanda Ladino que me brindó su apoyo y consejos y por último a mis compañeros Daniel, Natalia y Checho quienes estuvieron gran parte de mi proceso formativo y con quienes apostábamos la mayor nota.

Agradezco a también a la profesora Liliana Guerrero y la profesora Lina Beltrán por su tiempo, comentarios y evaluación que contribuyeron en la construcción y realización de este trabajo, de la misma manera a mis compañeros que me ayudaron en la realización de las actividades y ser posible este proyecto.

CONTENIDO

1.	INTRODUCCIÓN.....	9
2.	JUSTIFICACIÓN	11
3.	PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	13
4.	OBJETIVOS	15
	General:	15
	Específicos.....	15
5.	REFERENTE TEÓRICO.....	16
	Enseñanza para la comprensión	16
	Enfermedad neurodegenerativa de Huntington	19
	Dogma central de la biología molecular.....	23
	Bioinformática.....	26
6.	ANTECEDENTES	29
	6.1. Desde la enseñanza para la comprensión	29
	6.2. Desde la bioinformática	31
	6.3. Desde el dogma centra de la biología molecular	32
7.	METODOLOGÍA.....	33
	Variables	33
	Formulación de hipótesis.....	33
	Hipótesis nula (H_0).....	33
	Hipótesis alternativa (H_1)	34
	Fases de la investigación	34
	Fase 1. prueba de entrada	34
	Fase 2. Estructuración y aplicación un programa guía de actividades	34
	Fase 3. Evaluación del programa guía de actividades	34
	Población	35
8.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	36

8.1.	Fase 1. Prueba de entrada	36
	Pregunta 1.....	36
	Pregunta 2.....	38
	Pregunta 3.....	40
	Pregunta 4.....	41
	Pregunta 5.....	42
	Pregunta 6.....	43
8.2.	Fase 2. Estructuración y aplicación de un PGA	44
	8.2.1. Programa guía de actividades.....	44
	8.2.2. Aplicación del programa guía de actividades	47
8.3.	Fase 3. Implicaciones didácticas	68
9.	CONCLUSIONES.....	76
10.	RECOMENDACIONES.....	77
11.	REFERENCIAS	78
	ANEXOS.....	82

CONTENIDO DE FIGURAS

Figura 1	partes estriado cerebral.....	19
Figura 2	RMN cerebro normal y con Huntington.....	21
Figura 3	Ganglios basales.....	21
Figura 4.	Proceso dogma central de biología molecular	24
Figura 5	Análisis exploratorio pregunta 1, pre-test	36
Figura 6	Red de concurrencias asociado al concepto "ácido nucleico".....	37
Figura 7	Resultado pregunta 2 prueba de entrada	39
Figura 8	Resultados pregunta 3 prueba de entrada.....	40
Figura 9	Resultados pregunta 4 prueba de entrada.....	42
Figura 10	Resultados pregunta 5 prueba de entrada.....	43
Figura 11	Concurrencias de respuestas pregunta 6	43
Figura 12	Resultados actividad 1	48

Figura 13 Infografía grupo 6	49
Figura 14 Resultados exploratorios actividad 1	50
Figura 15 Concurrencias Infografía grupo 6	51
Figura 16 Concurrencias infografía grupo 6 enfoque "gen"	52
Figura 17 Resultados criterio de evaluación 1. Actividad 2.....	53
Figura 18 Respuesta grupo 2	54
Figura 19 Resultados criterio de evaluación 2. Actividad 2.....	54
Figura 20 Respuesta grupo 2 punto 3	55
Figura 21 Resultados criterio de evaluación 3. Actividad 2.....	56
Figura 22 Resultado punto 4. Grupo 2.....	57
Figura 23 Resultados Criterio de evaluación 4. Actividad 2.....	58
Figura 24 Respuesta punto 6. Grupo 2.....	58
Figura 25 Estructura Carpaína	59
Figura 26 Estructura Cotinina	59
Figura 27 Estructura Nicotina	60
Figura 28 Resultados docking diseño actividad 3.....	61
Figura 29 Resultados actividad 3. Docking molecular	62
Figura 30 Respuesta Grupo 1. Actividad 3	63
Figura 31 Respuesta Grupo 2 DruLiTo.....	64
Figura 32 Resultados actividad 4. Mapa conceptual.....	66
Figura 33 Mapa conceptual Grupo 1	66
Figura 34 Mapa conceptual grupo 2	67
Figura 35. Evaluación cuantitativa primer punto de la prueba de entrada y la actividad 4	68
Figura 36. Evaluación Cualitativa de prueba de entrada y puntos 1, 2 y 3 de la actividad 2	70
Figura 37. Evaluación cuantitativa de prueba de entrada y punto 5 de actividad 573	
Figura 38 Figure 1 ejemplo tomado de: Bermúdez y Ortega (2019)	130

CONTENIDO DE TABLAS

Tabla 1. Repeticiones de CAG en alelos.....	20
Tabla 2. Medicamentos para tratar la EH	23
Tabla 3. Variable de investigación.....	33
Tabla 4 Resultados pregunta 2 prueba de entrada.....	39
Tabla 5 Resultados pregunta 3 prueba de entrada.....	40
Tabla 6 Respuestas pregunta 4 prueba de entrada.....	42
Tabla 7 Respuestas pregunta 5 pre-test.....	43
Tabla 8 Metas de comprensión	45
Tabla 9.. Fases del programa guía de actividades	46
Tabla 10 Resultados actividad 1.....	48
Tabla 11 Resultados criterio de evaluación 1. Actividad 2.....	53
Tabla 12 Resultados criterio de evaluación 2. Actividad 2.....	54
Tabla 13 Resultados criterio de evaluación 3. Actividad 2.....	56
Tabla 14 Resultados criterio de evaluación 4. Actividad 2.....	57
Tabla 15 Resultados Docking molecular diseño actividad 3	60
Tabla 16 Resultado Actividad 3 Docking molecular	62
Tabla 17 Resultados Actividad 4 mapa conceptual	65
Tabla 18. Evaluación cuantitativa primer punto prueba de entrada y actividad 4..	69
Tabla 19 primera correlación.....	69
Tabla 20. Evaluación cualitativa de prueba de entrada y puntos 1, 2, y 3 de actividad 2	71
Tabla 21. Segunda correlación.....	71
Tabla 22. Evaluación cuantitativa de prueba de entrada y punto 5 de actividad 2 .	73
Tabla 23. Tercera correlación.....	73

CONTENIDO DE ANEXOS

Anexo A. Prueba de entrada	82
Anexo B. Respuestas prueba de entrada	85
Anexo C. Rúbrica de evaluación 1 (actividad 1)	91
Anexo D. Rúbrica de evaluación 2 (actividad 2)	92
Anexo E. Rúbrica de evaluación 3 (actividad 4)	93
Anexo F. Rúbrica de evaluación prueba de entrada	94

Anexo G. Evaluación prueba de entrada	95
Anexo H. Evaluación actividad 1	95
Anexo I. Evaluación actividad 2.....	96
Anexo J. Evaluación actividad 3	97
Anexo K. Evaluación actividad 4.	98
Anexo L. Caracterización cuantitativa de la semilla de papaya (Carica papaya L.)	98
Anexo M. Rendimiento de extractos.....	99
Anexo N. Caracterización fitoquímica.....	99
Anexo O. Programa guía de actividades	100

1. INTRODUCCIÓN

El presente trabajo se realizó en el marco del semillero de investigación χημεία (Chimeía) ACS-UPN sobre la enseñanza-aprendizaje de la química y bioquímica en contexto, que, a su vez, está adscrito al grupo de investigación Didáctica y sus Ciencias. Este proyecto fue financiado por la Subdirección de Gestión de Proyectos de la Universidad Pedagógica Nacional (CIUP)]; desarrollado solamente por el autor y fue parte de los objetivos establecidos por el proyecto con el código 037-S22, por lo cual, tuvo como objeto investigar y desarrollar una propuesta para la enseñanza del dogma central de la biología molecular bajo la perspectiva de la enfermedad neurodegenerativa del Huntington, por medio de la enseñanza para la comprensión como alternativa contextualizada que permite facilitar el aprendizaje de conceptos de química y bioquímica.

Por lo tanto, este trabajo de grado tiene como finalidad la investigación, no sólo en la parte pedagógica y didáctica, sino también en la disciplinar, ya que, a lo largo del proceso en el semillero de investigación, se tomó como base el estudio y caracterización de la semilla de papaya (*Carica papaya L.*) como recurso natural aprovechable, debido a que este material vegetal es considerado como un residuo, de tal manera que la identificación de compuestos bioactivos como los alcaloides, pueden ser empleados en etapas iniciales de la enfermedad de Huntington como inhibidor de la apoptosis de las células neuronales evitando la reducción en la población en las mismas.

De esta manera, se pretende articular el modelo didáctico de la Enseñanza para la Comprensión (EpC) con la temática del dogma central de biología molecular, empleando como tópico generativo la enfermedad Neurodegenerativa, haciendo que el aprendizaje de dichos conceptos bioquímicos sea aplicable a distintos contextos, sin embargo, para realizar esta apuesta es importante realizar una planeación estructurada donde se evidencien las preconcepciones de los estudiantes al respecto de la temática por medio de un instrumento que permita recolectar dicha información, seguidamente, se diseña y aplica un programa guía de actividades (PGA) articulando las herramientas bioinformáticas con los principios activos presentes en la semillas de papaya bajo la perspectiva de la enfermedad neurodegenerativa.

Con la finalidad de presentar los resultados de investigación, este documento está estructurado en 9 capítulos, siendo el primero una contextualización general del trabajo de grado, el segundo capítulo establece la justificación del desarrollo del presente trabajo

estableciendo la importancia de abordar de aplicar una metodología con temáticas contextualizadas y trabajos cooperativos para el desarrollo de competencias que promueven la comprensión en los estudiantes. En el tercer capítulo se aborda la identificación de la problemática y la estructuración de la pregunta problema relacionando las implicaciones didácticas en la comprensión del dogma central de la biología molecular aplicando herramientas bioinformáticas, por lo tanto, en el capítulo cuatro se establecieron los objetivos para poder identificar dichas implicaciones por medio de la indagación en los preconceptos de los estudiantes y posteriormente estructurar un programa guía de actividades empleando herramientas bioinformáticas.

En el capítulo quinto se estructuró toda la información teórica base de la investigación seccionada en el modelo didáctico de la enseñanza para la comprensión, seguido de la enfermedad neurodegenerativa de Huntington como tópico generativo, luego el dogma central de la biología molecular como temática principal y la bioinformática como medio para el desarrollo del programa guía de actividades. De la misma manera se consideró la búsqueda de diferentes investigaciones, tanto disciplinares como pedagógicas en tres aspectos diferenciales, es decir, se buscó proyectos e investigaciones desde la enseñanza para la comprensión, desde la bioinformática y por último desde el dogma central de la biología molecular, es importante mencionar que se contempló el punto de vista local (Universidad Pedagógica Nacional), nacional e internacional.

La metodología se situó en el capítulo siete, el cual para este trabajo se optó por emplear la metodología de investigación mixta con el enfoque cuasiexperimental, esto debido a que se puede obtener un mayor panorama para el análisis de los resultados, al igual que la población seleccionada fue intencional. Esta investigación fue estructurada en tres fases acordes a los objetivos específicos, siendo la primer fase la prueba de entrada, la segunda fase fue la estructuración y aplicación del programa guía de actividades y la tercer fase fue la evaluación e identificación de implicaciones didácticas del programa guía de actividades, por lo tanto, en el capítulo ocho se encuentran los resultados y discusión organizados por las mismas tres fases y fue analizado con ayuda de los programas estadísticos Atlas.ti para datos cualitativos y SPSS Statistiscs para datos cuantitativos. Por último, se encuentran las conclusiones, recomendaciones y anexos que soportan la información de análisis y elaboración de instrumentos.

2. JUSTIFICACIÓN

El presente trabajo tuvo como intención generar la comprensión de la temática del dogma central de la biología molecular, por medio de la experimentación en el laboratorio y herramientas bioinformáticas de uso libre, con la finalidad de aportar en la apropiación y desarrollo de ciertas competencias que favorecen el proceso en los estudiantes, bajo el contexto de la enfermedad neurodegenerativa de Huntington. De esta manera, se pretende que por medio de un cambio metodológico los estudiantes se acerquen a la apropiación del concepto y poder usarlo en distintos contextos que tengan relación con dicho concepto.

Se ha evidenciado en distintos estudios, mencionados en el proyecto desarrollado por Magnarelli et, al (2009), que los tópicos relacionados con bioquímica tienen un grado alto de dificultad en la comprensión y aborda en mayor medida el aprendizaje memorístico. Generalmente el profesor comunica una cantidad de información a los estudiantes sin un contexto en particular, opacando el potencial investigativo que cualquier temática contemplada, de tal manera que los autores afirman que se evidencia un mejor aprendizaje empleando temáticas contextualizadas y trabajos en grupos colaborativos, ya que se permite el desarrollo de distintas competencias, dentro de ellas la comunicativas y las investigativas.

Desde el punto de vista disciplinar, el concepto de *dogma central de la biología molecular* posee bastantes retos en el proceso de enseñanza aprendizaje debido a la gran cantidad de información abstracta que por sí misma, de la misma manera, el término *dogma* genera gran complejidad y cuestionamiento por la dificultad en su definición, por lo tanto, desde el diccionario de la Real Academia Española (RAE), hace referencia a “un conjunto de creencias de carácter indiscutible...”, esto aplicado a los procesos biológicos indica que es un principio fundamental en los procesos biológicos de los seres vivos indicando una sola dirección con la transcripción de un gen del ADN formando el ARN mensajero y del mismo modo, direccionado al ribosoma para la formación de proteínas. El lenguaje de comunicación entre las bases nitrogenadas y los aminoácidos que conforman las proteínas es el punto central de la abstracción.

Como propuesta metodológica se contempla la aplicación de un programa guía de actividades, donde los estudiantes tomen un rol activo de investigador al interactuar con un material vegetal y evidenciar el potencial farmacológico donde puedan identificar moléculas bioactivas en virtud farmacológico, asimismo, generar un acercamiento en la interacción de

ciertas moléculas bioactivas en software de uso libre como DruLiTo donde se puede contemplar características importantes que debe poseer un medicamento, por otro lado, el comprender la mecánica del proceso celular en la concepción del dogma central de la biología molecular, dará herramientas que aportarán a los estudiantes en el desarrollo de posibles fármacos.

3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Si bien la enseñanza tanto de la química como la biología, por si solas, tienen grandes retos por la cantidad de contenidos y como lo mencionan Piñeros y Parga (2014), la educación colombiana se ha enfocado en estructurar un currículo caracterizado por estar lleno de contenidos con un producto sin sentido y sin aplicabilidad a la vida real o en contextos de la vida cotidiana. Ahora bien, la articulación de estas dos disciplinas que dan lugar a la bioquímica tiene un reto mucho mayor, ya que esta ciencia, según la Universidad Europea, estudia la composición química de los seres vivos, generando foco particular en las moléculas que comprenden a las células, tejidos y sustancias de transportes entre estos, es decir, se enfatiza en la composición y comportamientos de las macromoléculas como los ácidos nucleicos, las proteínas, carbohidratos, lípidos, entre otras.

De tal manera que, al iniciar el curso de bioquímica, se asumiría que los estudiantes ya cuentan con las competencias y conocimientos “básicos” tanto de química como de biología para el desarrollo de la asignatura, sin embargo, desde el proceso de enseñanza aprendizaje no es adecuado asumir o generalizar que todos los estudiantes poseen los conocimientos o competencia. Por lo tanto, los profesores, en un intento por cumplir al cien por ciento con el contenido programado y su vez suplir los vacíos conceptuales, toman un rol catedrático impartiendo información descontextualizada.

Una de las temáticas que se abordan tanto en espacios académicos de secundaria como en espacios académicos de programas de pregrado es el dogma central de la biología molecular, el cual comprende el proceso de transcripción y traducción del código genético para la producción de proteínas, es decir, es un estricto proceso que se orienta en un solo sentido, desde el ADN, pasando por el ARN mensajero que en el ribosoma se traduce a secuencias de aminoácidos formando proteínas. Aunque de manera muy general el proceso se torna complicado, esta es una de las temáticas más descontextualizadas porque se explica con una secuencia genética aleatoria, por otro lado, el desconocimiento de la gran cantidad de herramientas bioinformáticas limita el potencial en el desarrollo de distintas competencias científicas en los estudiantes.

Con lo anterior, estableciendo una revisión de los diferentes planes curriculares de programas de pregrado relacionados a química y bioquímica, la Universidad Antonio Nariño (UAN, 2022) en su programa de bioquímica contempla el espacio académico de Bioquímica donde hasta hace poco incorporó el espacio académico de bioinformática, sin embargo lo

programas de Química Farmacéutica y Química de la Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales (UDCA, 2022)) no tienen destinado un espacio académico de bioinformática, de la misma manera, los programas de Química de la Universidad Nacional de Colombia (UN, 2023) y Licenciatura en Química de la Universidad Distrital (UD, 2022), tampoco contemplan una asignatura referente a bioinformática o química computacional.

Desde una perspectiva local con la Universidad Pedagógica Nacional, hasta hace poco se contemplaba el espacio académico de química computacional en el programa académico del pregrado, sin embargo, no establecían herramientas o procesos meramente biológicos, de la misma manera, revisando el programa sintético del espacio académico de sistemas bioquímicos no se ilustra un ítem referente al uso de herramientas bioinformáticas desde aspectos metodológicos, lo cual implica que el estructurar actividades con las herramientas bioinformáticas se ha convertido en una práctica empírica por parte de los profesores.

Por lo tanto, una de las alternativas viables para el desarrollo de cursos de ciencias naturales en general, es el uso adecuado tópicos generativos que puedan orientar el interés en los estudiantes bajo la perspectiva de los resultados obtenidos por según Magnarelli, Et, al (2009) en su estudio donde evidenciaron que la comprensión de conceptos específicos a partir del trabajo con patologías en la carrera de medicina era más significativa.

Por lo tanto, se plantea la siguiente pregunta problema:

¿Cuáles son las implicaciones didácticas en la comprensión del dogma central de la biología molecular al usar las herramientas bioinformáticas?

4. OBJETIVOS

General:

Evaluar las implicaciones didácticas de la bioinformática en la comprensión del dogma central de la biología molecular.

Específicos

- Identificar el nivel de comprensión inicial del dogma central de la biología molecular mediante un instrumento de entrada.
- Estructurar y aplicar un programa guía de actividades alrededor del dogma central de la biología molecular, en el contexto de la enfermedad neurodegenerativa de Huntington y el uso de la bioinformática.
- Evaluar el nivel de eficacia del programa guía de actividades abordando la temática del dogma central de la biología molecular.

5. REFERENTE TEÓRICO

Enseñanza para la comprensión

Desde el siglo XX se ha venido evidenciando la importancia en la metodología para los procesos de enseñanza-aprendizaje con la finalidad de favorecer las buenas prácticas pedagógicas y didácticas en las distintas disciplinas educativas, por esta razón una de las alternativas bastante prometedoras es la Enseñanza para la Comprensión, el cual surge a mediados de los años 60's por el profesor David Perkins de la Universidad de Harvard, en conjunto con la creación del proyecto Zero.

Bajo la perspectiva de reflexiva de Pogr  (2001) las practicas pedag gicas y la pedagog a se ven a convirtiendo en un proceso burocr tico y ritual donde se impon an autoritariamente las ideas por parte de los profesores a los estudiantes sin importar las necesidades o el contexto de los mismos, evitando un proceso fundamental en el desarrollo de todo individuo y es la explotaci n del aprendizaje por medio de las preguntas, con lo anterior, claramente no es necesario nuevos conocimientos, m s bien, es imprescindible que se puedan hacer nuevas preguntas que puedan orientar ese aprendizaje.

Por lo tanto, como profesores es importante reflexi n y cuestionar  qu  es lo realmente importante?,  Qu  es lo que realmente se quiere que comprendan los estudiantes?,  C mo se sabe que comprenden? Y  C mo saben ellos que comprenden? Por supuesto para dar respuesta a las dos primeras preguntas se trabajan bajo estos elementos: los hilos conductores, los t picos generativos y las metas de comprensi n; y para dar respuesta a las  ltimas dos preguntas los elementos son los desempe os de comprensi n y la evaluaci n diagn stica. (Pogr , 2001)

Con lo anterior, una estructuraci n m s detallada del marco te rico sobre el cuestionamiento de lo realmente relevante en el proceso de ense anza aprendizaje lo realiz  Martha Stone en 1999 en el libro *Ense anza para la comprensi n. Vinculaci n entre la investigaci n y la pr ctica*, que se describir  a continuaci n.

La Ense anza para la Comprensi n (EpC), como lo menciona Stone (1999), se basa en la interiorizaci n de aprendizajes que pueden ser aplicados en contextos de la vida cotidiana, trabajando y reforzando en los estudiantes habilidades y competencias como la curiosidad intelectual, aprendizaje aut nomo, comprensi n conceptual, pr cticas flexibles, actitudes, entre otros. Como lo establece Perkins (1999), la ense anza para la

comprensión desarrolla en los estudiantes competencias necesarias para vivir en una sociedad global compleja que requiere la estructuración de aprendizajes significativos.

Con lo anterior, la EpC está sedimentada en la corriente del constructivismo, al igual que los pilares del aprendizaje significativo de David Ausubel, ya que contempla los pre saberes o preconcepciones que los estudiantes tienen al respecto de su entorno, que, a su vez, ligado con el conjunto de información y conocimiento guiado por el profesor estructura nuevos conocimientos y adquiere el aprendizaje.

Desde el punto de vista de Stone (1999) la EpC contiene cuatro elementos que desarrollan el marco conceptual de este modelo. Sus elementos son: tópicos generativos, metas de comprensión, desempeños de comprensión y evaluación diagnóstica continua. Cada uno de estos elementos está centrado en una respectiva pregunta que orienta la razón del proceso de enseñanza-aprendizaje. Por consiguiente, especificando cada uno de los elementos, el primero de estos hace referencia a la importancia de los contenidos curriculares, ya que en la actualidad es un tema controversial entre los profesionales de la educación ¿Qué es lo realmente importante enseñar, qué temas generan interés en los estudiantes? De tal manera que históricamente se ha demostrado que enseñar conceptos, realizar operaciones y responder una serie de preguntas no promueven un buen desarrollo cognitivo en los estudiantes, por lo que seleccionar un tema de interés hace que los estudiantes desarrollen competencias y habilidades alrededor de la temática y se pueda construir nuevo conocimiento, sin embargo, es importante tener en cuenta ciertas características a la hora de elegir un tema generativo. El tema debe estar direccionado para la disciplina que se quiere desarrollar, información accesible e interesante para los estudiantes en el proceso de indagación, interesante para el docente y rico en conexión o interdisciplinariedad.

El segundo elemento hace referencia a las metas de comprensión, es aquí donde el docente define la pedagogía y la finalidad de lo que quiere lograr con sus estudiantes, el tener un tema generativo no es suficiente para el desarrollo de un proceso adecuado de enseñanza-aprendizaje, por lo que las metas definen ese punto focal al que se quiere llegar tanto con el tema como con los estudiantes, lo que es realmente importante y relevante que los estudiantes aprendan. Para la estructuración de estas metas se espera que sean explícitas y públicas, dispuestas a una estructura compleja y centrales para la disciplina (Stone, 1999).

El tercer elemento hace referencia a los desempeños de comprensión, el cual la autora hace gran énfasis de relevancia e importancia, ya que “la visión vinculada con el desempeño subraya la comprensión como la capacidad e inclinación a usar lo que uno sabe cuándo uno actúa en el mundo” de tal manera que los desempeños son acciones relevantes que lleven al estudiante en el proceso de llegada a la meta propuesta y asimismo llegar a la comprensión por medio del tema generativo, por lo tanto se establecen tres categorías progresivas en el desarrollo de desempeños, el primero es la etapa de exploración, la segunda es la investigación guiada y la última es proyecto final de síntesis, siendo estos tópicos graduales (Stone, 1999).

Desempeños de comprensión efectivos:

- Vinculación directa con las metas de comprensión.
- Comprensión por medio de la práctica.
- Usos de múltiples estilos de aprendizaje y formas de expresión.
- Promueven un compromiso reflexivo con los desafíos.
- Demostración de la comprensión.

Por último, está el elemento de la evaluación diagnóstica continua, ésta estando directamente relacionada con la meta de comprensión, ya que, al establecer dichas metas, la retroalimentación por parte de los estudiantes y el profesor en el proceso de enseñanza aprendizaje establece por sí solo la evaluación. Es importante mencionar que el proceso de evaluación es un aspecto bastante cuestionado porque dependiendo de la metodología, se contempla la finalidad de la misma, de esta manera, se enfatiza en la pregunta ¿qué es verdaderamente relevante, el proceso o el resultado? A modo de respuesta, el modelo de la EpC otorga mayor importancia al proceso y hace como actor principal a los estudiantes, es decir, ya no se estructura una coevaluación del cien por ciento por parte del profesor, sino que el estudiante participa en dicho proceso, al igual que sus pares, en este sentido, se escalona la importancia de la autoevaluación y la heteroevaluación (Stone, 1999).

Al contemplar los distintos mecanismos de evaluación, los estudiantes son capaces de identificar las metas de comprensión e ir estructurando un pensamiento crítico y objetivo tanto consigo mismos como con sus pares, consecuentemente, el proceso de enseñanza aprendizaje es más asertivo para los estudiantes.

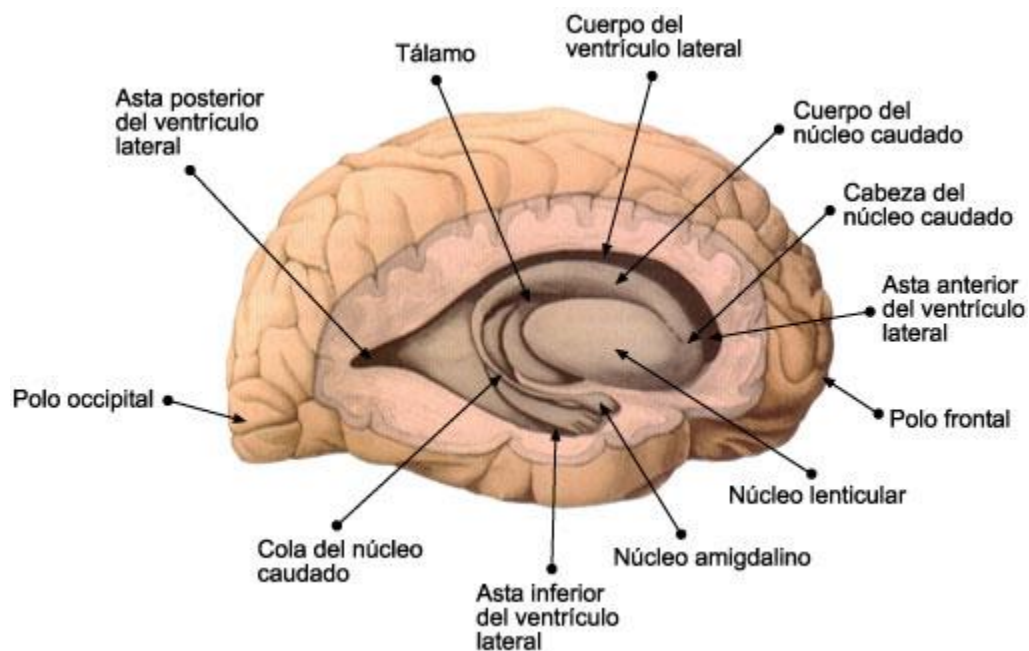
Por consiguiente, uno de los tópicos generativos para contextualizar el tema del dogma central de la biología molecular y poder explicar y la importancia de la traducción y

transcripción del código genético es la enfermedad neurodegenerativa de Huntington que se desarrollará a continuación.

Enfermedad neurodegenerativa de Huntington

La enfermedad de Huntington (EH) es un trastorno neurodegenerativo transmitido, más específicamente, es la pérdida neuronal selectiva en el cuerpo estriado (es una parte subcortical del telencéfalo y forma parte de los ganglios basales figura 1) que produce corea y deterioro cognitivo. La palabra corea proviene del griego "κορεία" el cual significa danza, también la enfermedad de corea se conoce como "baile de San Vito", esto debido a los movimientos involuntarios de tipo excesivo, abruptos, irregulares, poli direccionales y variados en velocidad que migran de una parte del cuerpo a otro dando la apariencia de baile (Rodríguez, et al. 2013).

Figura 1 partes estriado cerebral



Fuente: Peñaloza (2008)

Esta enfermedad, Huntington, fue reconocida en el año 1872 por el médico norteamericano George Summer Huntington al hacer la primera descripción clínica al comportamiento de la enfermedad en una familia evidenciado un apego genético de la misma, de esta manera, la enfermedad de Huntington (EH) se establece como la combinación de corea, otros movimientos anormales, deterioro cognitivo progresivo y síntomas psiquiátricos y conductuales (Rodríguez, et al. 2013).

A nivel epidemiológico, la enfermedad está distribuida por todo el mundo en igual proporción entre hombres y mujeres, la tasa de casos se encuentra de entre 5 a 10 casos por 100.000 habitantes, según los estudios genealógicos, la EH se origina en el oeste de Europa (Francia, Alemania y Holanda) que posteriormente se dispersó por América, Inglaterra, Sudáfrica y Australia, sin embargo, estudios han demostrado que la enfermedad no tiene grandes afectaciones en la raza negra y en ciertos asiáticos (Rodríguez, et al. 2013).

A grandes rasgos, la EH es generada por la mutación de la Huntingtina, una proteína que se sintetiza a partir del gen IT15 localizado en el cromosoma 4, el cual el primer exón del cromosoma 4p16.3 está mutado con diferentes repeticiones de nucleótidos que producen la proteína no funcional generando la muerte de diversas células como las neuronas. Básicamente la mutación de esta proteína se caracteriza por la expansión de Citosina, Adenina y Guanina localizada en la sección de la cadena del ADN, las repeticiones de CAG en el proceso de traducción de la Huntingtina es el aminoácido glutamina. Las repeticiones de glutamina en la primer parte de dicha proteína normal es igual o menor a 35 repeticiones, pero cuando se excede a 40 repeticiones de glutamina se produce la EH, es decir, si las repeticiones de CAG son menor o igual a 35 repeticiones el primer exón de cromosoma 4p16.3 es un estado normal para esta proteína, si las repeticiones están entre 36 y 39 la penetrancia de la enfermedad es incompleta y si las repeticiones son de 40 a 50 se presentan síntomas entre los 30 y 40 años de edad en el paciente, por otro lado, si se superan las 70 repeticiones de CAG se considera como la EH juvenil, a continuación se expresa en el cuadro un resumen de esta condición con respecto a las repeticiones de CAG en el exón del respectivo cromosoma.

Tabla 1. Repeticiones de CAG en alelos

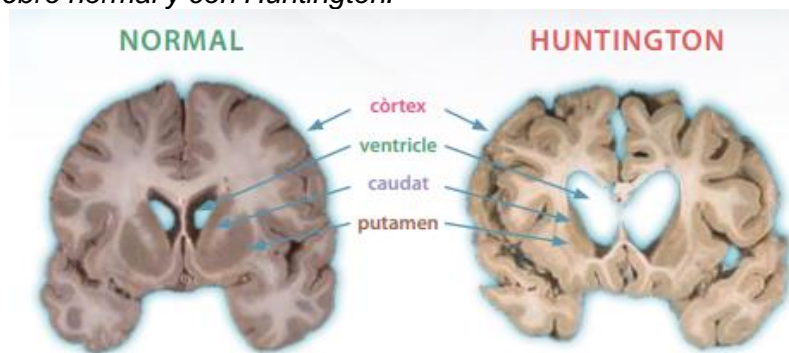
Alelos	Cantidad de repeticiones
Normal	≤26 repeticiones CAG, los más comunes son entre 17 y 19 repeticiones.
normal-mutados	27 a 35 repeticiones de CAG puede ser inestable en las células germinales masculinas.
con penetrancia reducida	36 a 39 repeticiones, meióticamente inestable y puede producir la EH.
con penetrancia completa	≥40 produce el fenotipo de la EH.

Fuente: Tomado y adaptado de Rodríguez Et, al. (2013)

Es importante especificar que esta enfermedad es transmitida genéticamente y en mayor nivel por parte del padre ya que muchas de las células afectadas, como se especifica en la tabla 1, se establece una inestabilidad en las células germinales masculinas, por otro lado, los trinucleótidos CAG tienden elevar su repetición con el paso de generaciones, asimismo con la edad y su gravedad, de esta manera a mayor expansión de las repeticiones CAG más temprano será evidente la sintomatología y la progresión será más rápida (Rodríguez Et, al, 2013).

Neuroquímicamente el cerebro se ve estrechamente relacionado con el avance de la EH, ya que se evidencia una atrofia en el estriado, específicamente en el núcleo caudado (figura 1) lo que causa un incremento en el tamaño de las astas frontales de los ventrículos laterales. A comparación de otras enfermedades neurodegenerativas, la EH recae selectivamente en las células neuronales estriales espinosas de mediano tamaño (MSSN: Medium Size Spiny neurons) como GPi-GABA/Dyn/sP/D1 y SNr-GABA/Dyn/sP/D1 (Martínez, Rábano, 2002), debido a la disminución en los ganglios basales de sustancias neurotransmisoras como GABA (ácido Y-aminobutírico) y su enzima descarboxilada del ácido glutámico, al igual que la acetilcolina y la encefalina también se reducen.

Figura 2 RMN cerebro normal y con Huntington.

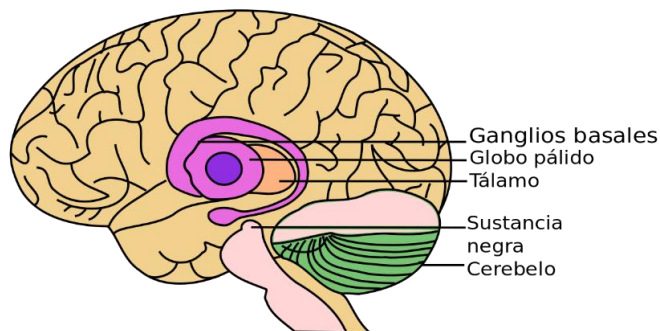


Fuente: Del Toro, 2009

A nivel fisiopatológico, la EH produce una inactivación funcional o lesión en el NST (núcleo subtalámico), el cual disminuye la actividad del complejo Gpi/SNpr (globo pálido interno/sustancia negra pars reticulata).

Figura 3 Ganglios basales

Ganglios basales y estructuras cerebrales relacionadas



Fuente: Leevanjackson, Oxilium

La explicación de la presencia de discinesia (movimientos involuntarios) se debe a que la degeneración del estriado inicia la subpoblación de GABA-encefalina provocando la reducción de producción de inibitorio en el circuito indirecto, lo que conyeba la inhibición excesiva de NST por el Gpe (globo pálido externo). Cuando se disminuye el efecto excitatorio den NST sobre el complejo Gpi/SNpr, también disminuye el efecto inibidor sobre el tálamo lo que aumenta la actividad talamocordical y de manera perceptible la aparición de movimientos involuntarios, particularmente, con el aumento de la EH se disminuye el corea y aparece la acinesia (ausencia de movimientos voluntarios).

Las manifestaciones clínicas de la EH se derivan de las alteraciones del comportamiento, alteraciones afectivas, y cognitivas con la disfunción motora progresiva. Estadísticamente, la edad media de la aparición o inicios de los síntomas de la EH es 38 años con limitantes entre la segunda y séptima década de la vida y como se había mencionado anteriormente, dependiendo de la cantidad de repeticiones de CAG en la proteína es el progreso y gravead de la condición. Otro tipo de manifestaciones de la EH epilepsia, depresión, psicosis, trastornos cognitivos como la alteración de la memoria reciente y el juicio hasta desarrollar la demencia, entre otras múltiples condiciones (Rodríguez et al., 2013).

En cuanto al tratamiento que se ha establecido para tratar la EH, se establece el talento humano con los genetistas, enfermeras, psicólogos y demás especialistas y por el

lado de fármacos que, hasta el momento, han funcionado y parecen ser eficaces en el control del corea y trastornos mentales son los siguientes:

Tabla 2. Medicamentos para tratar la EH

Clase	Fármacos	Dosis inicial diaria	Dosis máxima diaria
Antipsicóticos típicos	Haloperidol	0,5 mg	8 mg
	Flufenazina	0,5 mg	8 mg
	Tioridazina	10 mg	100 mg
	Tiotixene	1 mg	20 mg
Antipsicóticos atípicos	Quetiapina	12,5 mg	100 mg
	Clozapina	2,5 mg	100 mg
	Olanzapina	2,5 mg	30 mg
	Risperidona	0,5 mg	6 mg
	Ziprasidona	20 mg	160 mg
	Aripiprazol	5 mg	30 mg
Fármacos depletors de dopamina	Tetrabenazina	12,5 mg	100 mg
	Reserpina	0,1 mg	3 mg
Benzodiacepinas	Clonazepam	0,5 mg	3 mg
	Diazepam	1 mg	20 mg
	Alprazolam	0,25 mg	4 mg
Antagonistas del glutamato	Amantadita	100 mg	500 mg

Fuente: Rodríguez Et, al. (2013)

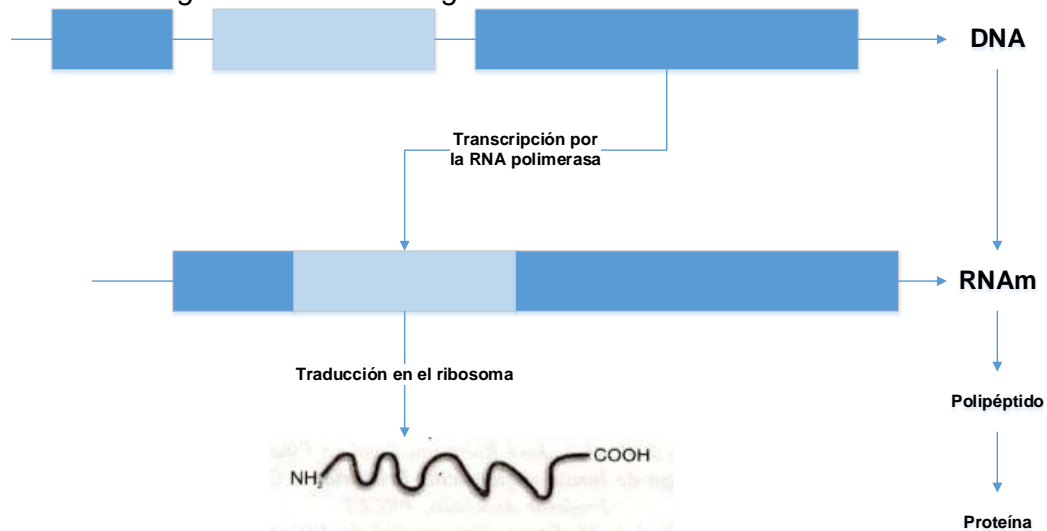
De tal manera que al reconocer los síntomas, causas y daños a nivel celular en la transcripción y traducción del gen IT15 que codifica a la proteína Huntingtina y que dicha proteína genera muerte en las células neuronales provocando movimientos involuntarios y deterioro cognitivo, es imperativo reconocer el proceso del dogma central de la biología molecular con la transcripción y traducción del código genético.

Dogma central de la biología molecular

En palabras de los profesores Patiño y Ramírez (2006), el dogma central de la biología molecular es la expresión de la información genética que se produce en la gran mayoría de células y en casi todos los casos en una sola dirección, es decir, el ADN

determina la síntesis del ARN y ésta a su vez produce polipéptidos dado como producto final proteínas. En el mismo sentido Harispe et al. (2018) en el curso sobre biología molecular realiza una traducción de la publicación “*On protein synthesis*”, en español “*sobre la síntesis proteica*” realizada por Francis Crick en el año 1958, donde establece la hipótesis del dogma central de la biología molecular indicando que la información que se encuentra en el ADN que se ha pasado a proteína no puede retroceder el proceso, es decir, es posible pasar información de ácido nucleico a ácido nucleico o de ácido nucleico a proteína, pero el paso de información de proteína a ácido nucleico no es posible, lo cual se establece como un proceso en una sola dirección en la mayoría de los casos. La figura 4 representa el proceso de manera resumida.

Figura 4. Proceso dogma central de biología molecular



Fuente: tomado y adaptado de Patiño y Ramírez, 2006

Sin embargo, para poder comprender el proceso de transcripción y traducción, es indispensable hacer un sutil recorrido histórico referente al material genético y hereditario, en este sentido, la concepción inicial y la base para la comprensión de la transmisión del material genético fue estructurada por Gregor Mendel, debido a su trabajo cruzando plantas con características fenotípicas diferentes logró identificar que los rasgos de los organismos se determinaban por un par de factores, cada uno de estos factores proveniente de un progenitor. (Patiño y Ramírez 2006)

Ya en el siglo XX se logró visualizar el material que se encontraba en el interior del núcleo de la célula identificando las estructuras nucleares denominados cromosomas, el

cual, dichas estructuras establecen una variación dependiendo del organismo, paulatinamente, gracias a la tecnología de refracción de rayos X y diferentes indicadores, logros identificar un par de cromosomas pertenecientes a las mujeres y a los hombres denominados XX y XY respectivamente, por lo tanto, la características del sexo fue la primera en ser ubicada.

Posteriormente, la sustancia que se logró extraer del núcleo de la célula, denominada nucleína fue caracterizada químicamente demostrando que dicha sustancia, hoy conocida como ADN, es un polímero constituido por nucleótidos, que a su vez está agrupando a una base nitrogenada, un azúcar y un grupo fosfato; estas bases nitrogenadas son la adenina, guanina, citosina y timina. El ADN es una macromolécula que posee una estructura primaria (secuencia de nucleótidos), una estructura secundaria (doble hélice) donde se establece la complementariedad de las bases nitrogenadas con la interacción por medio de puentes de hidrogeno de las bases nitrogenadas timina – adenina y adenina – guanina; una estructura terciaria que comprende una secuencia específica de nucleótidos conformando los genes y por último, la estructura secundaria es el enrollamiento formando los cromosomas. (Patiño y Ramírez 2006)

Dentro del proceso de transcripción del material genético se contemplan tres fases, la primera es la iniciación; la segunda es la elongación y la tercera es la terminación. Para la primera fase, un conjunto de proteínas y enzimas como los factores de transcripción, la helicasa y la ARN polimerasa se direccionan a una secuencia anterior al gen denominado TATA box, desde aquí este conjunto de proteínas se acoplan a la hebra codificante (3'– 5'); en la segunda fase, la ARN polimerasa inicia el proceso de replicación de la hebra codificante (5'-3') posicionando los nucleótidos correspondientes con un ligero cambio, se acopla un uracilo en lugar de la timina; para la tercera fase, una de las proteínas identifica una secuencia de nucleótidos donde le indica la finalización de la transcripción. (KhanAcademy)

Esta nueva copia de ácido nucleico llamado ARN, lleva consigo un mensaje, por esa razón toma el nombre de ARN mensajero, sin embargo, es importante mencionar que no toda la secuencia de nucleótidos del ácido ribonucleico es traducible, esto debido a que posee regiones denominadas exones y otras intrones, los exones son regiones traducibles y los intrones son regiones no traducibles, por tal motivo, dicho ARN pasa por un proceso de maduración donde una enzima desacopla los intrones dejando únicamente los exones

y por último le agrega adeninas al final para brindarle estabilidad a la molécula y de esta manera poder salir del núcleo de la célula. (KhanAcademy)

Una vez que se tiene el ARNm, este se dirige al ribosoma para el proceso de traducción, en este orgánulo de la célula se encuentra el ARNt (ácido ribonucleico de transcripción), el cual se encarga de identificar un conjunto de tres nucleótidos, llamados codones, y posicionando un aminoácido en su lugar, es decir, el ARNt reconoce una tripleta de nucleótidos (codón) y ubica un aminoácido en particular, por ejemplo, si el codón contiene los nucleótidos Citosina-Adenina-Guanina, codifica para el aminoácido glutamina. Es importante mencionar que, así como en el proceso de transcripción se identificaba una secuencia de nucleótidos de inicio, para la traducción también, el inicio se efectúa cuando se identifica el codón AUG, de la misma manera para la terminación hay tres posibilidades UAA, UAG y UGA. (Patiño y Ramírez 2006)

El ARNr (ácido ribonucleico ribosomal) será el encargado de acoplar los aminoácidos codificados por cada uno de los codones del ARNm por medio de un enlace peptídico generando polipéptidos, dentro del ribosoma o el complejo de Golgi esos polipéptidos se acoplan y doblan de tal manera que toma una forma específica la proteína. (Patiño y Ramírez 2006)

Con el auge de la tecnología y las bases de datos, actualmente se encuentran sitios web donde almacenan secuencias genéticas y de aminoácidos para ser usados en análisis computacionales en investigaciones de tratamientos de enfermedades o en identificar los mecanismos de acción de las distintas sustancias en el organismo, no obstante, estas bases de datos son una herramienta prometedora para el desarrollo de clases a nivel bioquímico.

Bioinformática

La bioinformática se encarga de conjugar diferentes disciplinas como la física, la química, la biología, la matemática y la informática con el objetivo de analizar, comprender y transformar una cantidad grande de datos biológicos en conocimiento para utilizar en medicina con el desarrollo de fármacos y análisis del genoma además de conocer las estructuras de las proteínas y la actividad de las mismas. (Meneses et al., 2011).

Dentro de la enseñanza de la bioquímica, se ha empleado distintos modelos y metodologías para la representación de las biomoléculas que generar errores conceptuales o limitaciones en la comprensión, por esta razón, una de las alternativas en esta sección

del siglo XXI, es el uso de la informática y con ellos, los softwares de bioinformática que permiten observar a detalle las particularidades de interés en dichas estructuras biológicas.

Dentro de los campos que se pueden encontrar en la bioinformática se encuentra el que se encarga de desarrollar las bases de datos y los softwares que luego serán utilizados como herramienta para generar nuevo conocimiento a propósito de la composición bioquímica de los seres humanos. Las herramientas bioinformáticas tienen gran aplicación en el área de la medicina pues permite conocer el código genético de una persona en específico e identificar cualquier tipo de anomalía presente en él para, desde allí, tomar acciones de mejora y evitar el desarrollo de algunas enfermedades asociadas a los daños en los genes. De otro lado, se puede utilizar la bioinformática en análisis forenses para determinar la identidad de las personas a través de algún software. La bioinformática entonces es el desarrollo de bases de datos para almacenar y analizar datos biológicos y posteriormente hacer un tratamiento estadístico que permita obtener conocimientos desde esa relación (Meneses et al., 2011) Dentro de las múltiples herramientas bioinformática se destacan:

1. Protein Database (PDB): Esta base de datos da acceso a las diferentes estructuras de las proteínas y ácidos nucleicos determinados por la técnica de difracción, esta base de uso se cobra importancia en la medida en que se puede establecer una relación entre la estructura de la proteína y sus funciones (Altschul y Lipman, 1990)
2. Drug Likeness Tool (DruLiTo): DruLiTo es un software que permite realizar una comparativa entre las propiedades estructurales de algunos compuestos y hacer la similitud con algún fármaco conocido; es decir, esta herramienta permite conocer qué compuestos presentes en una muestra específica podría cumplir con la misma función que un fármaco. (Ankit, et al. Sitio web)
3. Python Prescription es una herramienta virtual para describir el comportamiento computacional y funcional de medicamentos con distintas moléculas, este software tiene una base gráfica donde se puede observar cada uno de los átomos que conforman las moléculas, asimismo, se encuentran bases de cálculo como AutoDock 4, AutoDock Vina y Vinawizard. En general, esta herramienta genera cálculos para reconocer la mejor conformación en el acoplamiento entre una macromolécula y un ligando ofreciendo un valor aproximado del potencial de afinidad entre las moléculas de trabajo. (PyRx sitio web)

4. NCBI National Center for Biotechnology Information es una plataforma donde se encuentra una gran cantidad de información de naturaleza biológica, en este sitio web se puede encontrar investigaciones y artículos sobre fracciones del genoma humano y otras especies, asimismo, se encuentran secuencias de proteínas

6. ANTECEDENTES

6.1. Desde la enseñanza para la comprensión

Para la consolidación de antecedentes que aportan al desarrollo del presente proyecto, se tomaron artículos, investigaciones científicas, trabajos de grado y tesis acordes a la temática de la Enseñanza para la Comprensión realizados en los últimos trece años, por otro lado, se tiene en cuenta la perspectiva a nivel local, nacional e internacional en el proceso de dichas investigaciones.

Con lo anterior, desde el foco local, en el Departamento de Química de la Universidad Pedagógica Nacional se desarrolló el proyecto *Enseñanza para la comprensión (EpC): contaminantes emergentes una problemática ambiental*, realizado por Saray Julieth Orjuela Bernal en el año 2018 donde desarrolla una secuencia didáctica sobre la remoción del cromo hexavalente por medio de un biadsorbente proveniente de los residuos de maíz con la finalidad de dar importancia al cuidado de cuerpos de aguas subterráneas y potables desde el enfoque de Enseñanza para la Comprensión. Este proyecto genera un soporte significativo, debido a que se emplea la enseñanza de conceptos químicos a estudiantes de educación superior empleando el modelo didáctico de la EpC.

Del mismo modo, Castañeda (2014) realiza un proyecto, en el marco de la especialización en Pedagógica, tipo estudio de caso titulado *Aportes a la enseñanza de la lengua Castellana y el desarrollo de habilidades comunicativas desde el modelo enseñanza para la comprensión en niños con TEA. Un estudio de caso*. Donde obtuvo información sobre los aportes de los docentes de lengua castellana en el proceso de enseñanza aprendizaje de un estudiante de segundo grado diagnosticado con Trastorno del Espectro Autista (TEA), el cual, dicho trabajo proporciona un marco teórico y unas estrategias didácticas enfocadas en el la EpC, cabe resaltar que las estrategias están enfocadas en el contexto de la inclusión, sin embargo generan una concepción significativa para el desarrollo de propuestas de actividades y evaluaciones.

Ahora, desde una perspectiva regional y nacional, Sandra Patiño (2012) investigadora de la universidad Manuela Beltrán, pretende desarrollar una propuesta metodológica en la enseñanza para los estudiantes con el propósito fundamental de cambiar el paradigma transformando los roles de los estudiantes, profesores y aulas de clase, asimismo como el desarrollo de habilidades y capacidades para la resolución de problemas en la vida cotidiana y acciones responsables de los estudiantes, todo esto plasmado en la publicación de la octava versión de la revista Humanizarte titulada *La*

enseñanza para la comprensión (EpC): propuesta metodológica centrada en el aprendizaje del estudiante. Consecuentemente, esta publicación direcciona una pedagogía en conjunto con una metodología para el desarrollo educativo de los estudiantes.

Por otro lado, Pérez (2019) realizó el proyecto de investigación desde su proceso en la Maestría en Educación sobre *La enseñanza para la comprensión (EpC): propuesta metodológica centrada en el aprendizaje del estudiante* donde aplica durante ocho años el modelo de la EpC en el Instituto Caldas de la ciudad de Bucaramanga donde resaltan aspectos característicos metodológicos y evaluativos resaltando la importancia del marco conceptual de dicho modelo como los tópicos generativos, metas y desempeños de comprensión y la evaluación diagnóstica continua, en este sentido, este trabajo ofrece unos cimientos conceptuales importantes que enmarcan la metodología de enseñanza como una alternativa emergente en el proceso de la enseñanza de las ciencias, más específicamente la bioquímica.

Al igual que el trabajo anterior, Moisés Quintero (2015) realizó una investigación enfocada en estudiantes de educación media y realizando una apuesta en su proyecto titulado *Propuesta didáctica para la enseñanza de las funciones de segundo grado de variable real en el marco de la enseñanza para la comprensión para fortalecer el pensamiento variacional en el grado 9 de la IER Yarumito.* El cual está basado en su experiencia de práctica donde pudo evidenciar que los estudiantes de grado noveno tenían inconvenientes en la comprensión de las funciones, de tal manera que realizó la propuesta consentida empleando la temática de función cuadrática de variable real en diferentes contextos, por lo tanto, la EpC es un modelo que se puede aplicar en distintas áreas, como es este caso, el área de matemáticas.

En el mismo sentido, se establecen algunas perspectivas internacionales con el trabajo titulado *Organizador de unidad enseñada para la comprensión en el aprendizaje de matemática en alumnas de 5to secundaria del distrito de Bellavista,* desarrollado en el marco de la maestría en Educación en la mención Evaluación y Acreditación de Calidad de la Educación de la Universidad San Ignacio De Loyola de Lima – Perú, (Guillén, 2010) realizó una investigación en 25 alumnas de la institución Bellavista bajo el modelo didáctico de la Enseñanza para la comprensión, donde evidenció, comparando por medio de un grupo control, que el modelo mejoró el aprendizaje de la matemática en estudiantes de quinto de secundaria. La metodología de la autora se basó en la realización de la prueba Kolmogorov Smirnov y prueba T Student para datos con estadística parametrizada, lo cual

ofrece herramientas, tanto en la sección conceptual y metodológica como en la sección de análisis de datos por medio de herramientas estadísticas.

Por último, desde Costa Rica, el profesor Edgar Salgado – García (2012) comenta la experiencia, desde su artículo *Enseñanza para la comprensión en la educación superior: la experiencia de una universidad costarricense*, publicado en la revista Iberoamericana de Educación superior, al aplicar el modelo de la Enseñanza para la Comprensión en el nivel educativo superior, reconociendo la importancia que se le ha dado a niveles escolares inferiores como primaria, educación básica y secundaria, en el marco del proyecto Zero de la Universidad de Harvard, de tal manera que, Edgar pretende plantear el modelo como razón de ser de la institución Universidad Latinoamericana de Ciencia y Tecnología (UNLACIT) de Costa Rica como modelo pedagógico y pretende que esta investigación contribuya en el desarrollo de nuevas alternativas metodológicas en la educación superior.

6.2. Desde la bioinformática

A partir del trabajo desarrollado en el semillero de investigación χημεία (Chimeía), bajo la línea de investigación alimentómica, Duque (2021) realizó su proyecto de grado titulado *Bioinformática: una herramienta didáctica para la enseñanza de la inhibición enzimática desde los estilos de aprendizaje*, en el cual aborda la temática de la inhibición enzimática por medio de la interacción de la monoamino oxidasa (MAO) y ciertas moléculas empleando los softwares Chimera y AutoDock Vina, acoplando de esta manera los ligandos inhibidores con la MAO y demostrar el potencial inhibidor de los diferentes ligandos para demostrar la importancia de la salud mental, específicamente la depresión, bajo la perspectiva de los estilos de aprendizaje. Duque (2021), concluyó que el uso de las herramientas bioinformáticas influyó significativamente en el aprendizaje del concepto desarrollado, ya que se evidenció que es más fácil de comprender al ser gráfico y práctico.

Olaya y cejas (2018) identificaron que el uso de herramientas bioinformáticas contribuye en el proceso educativo de los estudiantes ya que el desarrollo de microproyectos empleando la bioinformática no solo contribuirá en la vida profesional, sino que también es un puente para la comprensión de conceptos estratégicos sobre química y bioquímica, debido a que los estudiantes deben comprender los conceptos para poder hacer los diferentes análisis investigativos en los softwares y las bases de datos, por otro lado, los autores afirman que las competencias desarrolladas alrededor del uso de dichas herramientas son comunicación lingüística, matemática, digital y la autonomía.

6.3. Desde el dogma centra de la biología molecular

Otro de los proyectos desarrollados en el marco del semillero de investigación χημείαν (Chimeía) está titulado como *desarrollo de la competencia argumentativa y la construcción de conceptos bioquímicos, a partir de un programa guía de actividades en el marco del código genético* realizado por Borda (2022), donde desarrolla la temática del código genético y con este el dogma central de la biología molecular enmarcado en un contexto particular sobre las enfermedades hereditarias, específicamente las células falciformes, asimismo, la intencionalidad del proyecto iba dirigido en reforzar la competencia argumentativa por medio del contexto de la modificación genética (CRISPR CAS-9) como solución a la mutación genética, por lo tanto, el establecer un contexto particular para discutir en clase contribuye en el proceso de aprendizaje de los estudiantes a la hora de expresar un punto de vista.

Revelo (2023) identificó una problemática actual en la institución Unidad Educativa Municipal Calderón, reconociendo que los estudiantes hacían uso excesivo de los teléfonos móviles con fin recreativo y procrastinación generando una actitud ensimismada y poco interesados en la educación, por lo tanto, Revelo tomo como oportunidad el nuevo modelo m-Learning (mobile-learning, en español aprendizaje electrónico móvil) creando una aplicación con una interfaz tipo chatrobot para motivar el proceso de enseñanza aprendizaje, asimismo, el autor estableció que la temática del dogma central de la biología molecular no era notable con la estrategia m-learning, lo cual es considerado como innovador. Con lo anterior, es evidente que el uso de las Tecnologías de la Información y la Comunicación son un método efectivo para la enseñanza de temáticas científicas en la nueva generación tecnológica, no obstante, las herramientas tecnológicas e informática contribuyen en la comprensión y asimilación de conceptos denominados complicados.

7. METODOLOGÍA

Para el presente proyecto de investigación, la metodología empleada fue mixta como alternativa que reúne las aproximaciones en el análisis de datos cualitativos y cuantitativos generando un mayor acercamiento a la comprensión de problemas científicos fundamentado en el pragmatismo, con la finalidad de triangular los resultados con posturas de autores, complementar, contextualizar, reducir incertidumbre, diversidad, claridad, consolidación, entre otros (Fernández y Baptista, 2014), además tuvo un enfoque cuasi-experimental, el cual pretendió experimentar la relación entre una o más variables independientes y la variable dependiente o de respuesta, adicionalmente este diseño tuvo como base fundamental el tiempo y la percepción que se tiene con el paso de cambio gracias a este.

Variables

Teniendo en cuenta la formulación del problema y su respectiva pregunta fue la identificación de las implicaciones didácticas que tiene el uso de herramientas bioinformáticas en la comprensión del concepto de dogma central de la biología molecular y sus diferentes mecanismos, por tal motivo, se tomó como variable independiente el uso de herramientas bioinformáticas y la variable dependiente la comprensión del dogma central de la biología molecular, con la finalidad de ver la influencia que tiene la bioinformática en la enseñanza de la biología molecular.

Tabla 3. Variable de investigación

Variable independiente	Variable dependiente
Uso de herramientas bioinformáticas	Comprensión del dogma central de la biología molecular

Fuente: Elaboración propia

Formulación de hipótesis

Hipótesis nula (H₀)

El uso de las herramientas bioinformáticas no influye en la comprensión del dogma central de la biología molecular, ni en el desarrollo de habilidades científicas en los estudiantes del curso de bioquímica.

Hipótesis alternativa (H₁)

El uso de herramientas bioinformáticas influye positivamente en la comprensión del dogma central de la biología molecular y el desarrollo de habilidades científicas en los estudiantes de bioquímica

De tal manera que se tuvo como intención realizar o adecuar instrumentos validados para la recolección de información con el enfoque anteriormente mencionado en la propuesta de un programa guía de actividades enmarcado en el uso de las herramientas bioinformáticas y su influencia en la comprensión del dogma central de la biología molecular y posteriormente sistematizar y analizar los datos por medio de los softwares Atlas.ti para datos cualitativos y SPSS para datos cuantitativos, para tal motivo se estructuraron las siguientes fases de investigación.

Fases de la investigación

Fase 1. prueba de entrada

Esta fase tuvo como finalidad conocer los preconceptos y su comprensión al respecto de la temática de biología molecular y la enfermedad neurodegenerativa de Huntington por medio de un instrumento que permitió identificar el punto de partida del análisis en la investigación.

Fase 2. Estructuración y aplicación un programa guía de actividades

Para la estructuración de las actividades se contó con el modelo didáctico de la enseñanza para la comprensión, asimismo se tomó como tópico generativo la enfermedad de Huntington en conjunto con las herramientas bioinformáticas y experiencias de laboratorio para favorecer la comprensión y competencias.

Fase 3. Evaluación del programa guía de actividades

Para finalizar el proceso del trabajo de investigación, se realizó el análisis de los resultados y su respectiva comparación con la prueba de entrada para identificar las implicaciones didácticas en la enseñanza del dogma central de la biología molecular por medio de las herramientas bioinformáticas. Dicho análisis fue hecho con ayuda de softwares estadísticos como Atlas.ti para datos cualitativos y SPSS Statistics para datos cuantitativos que calcula un valor de correlación indicando la eficiencia o impacto del programa guía de actividades.

Población

La propuesta del programa guía de actividades se estructuró para estudiantes de pregrado universitario que contemplen el espacio académico de bioquímica en programas de química, bioquímica, biotecnología y áreas de la salud. Por lo tanto, la muestra poblacional correspondió a veinte estudiantes del ciclo de profundización que cursaban el espacio académico de Sistemas bioquímicos de la Licenciatura en Química de la Universidad Pedagógica Nacional

8. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

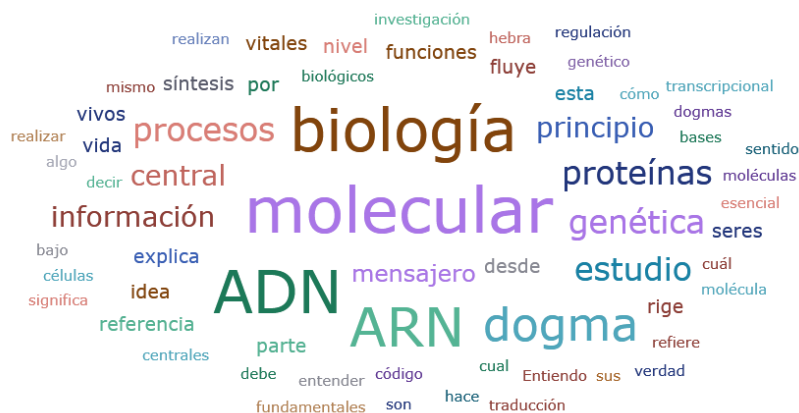
8.1. Fase 1. Prueba de entrada

Con la finalidad de conocer los conocimientos previos de los estudiantes, se adaptó desde el punto de vista disciplinar del instrumento de la tesis de maestría de Mosquera (2015), el cual está estructurado por seis preguntas donde relacionan el significado, ejercicios y cotidianidad del tema dogma central de la biología molecular (anexo A). De la misma manera, para la evaluación se realizó bajo una rúbrica (anexo G). Para este estudio el tema central es el dogma central de la biología molecular y la población de estudio fue 20 estudiantes del ciclo de profundización de la Licenciatura en Química de la Universidad Pedagógica Nacional.

Pregunta 1

La pregunta uno (1) va dirigida al reconocimiento de conocimientos previos cuando se les pregunta por el concepto de dogma central de la biología molecular, por lo que se les solicita a los estudiantes por medio de la pregunta “Defina con sus propias palabras lo que entiende por dogma central de la biología molecular”, esto debido a que, si los estudiantes comprenden el concepto, tendrán la posibilidad de aplicarlo en distintos contextos. Cerca de cuatro estudiantes encuestados afirmaron no saber o no están seguros de tener la respuesta, por otro lado, a modo de análisis exploratorio sobre las respuestas de los otros 16 estudiantes se muestra en la figura 5.

Figura 5 Análisis exploratorio pregunta 1, pre-test



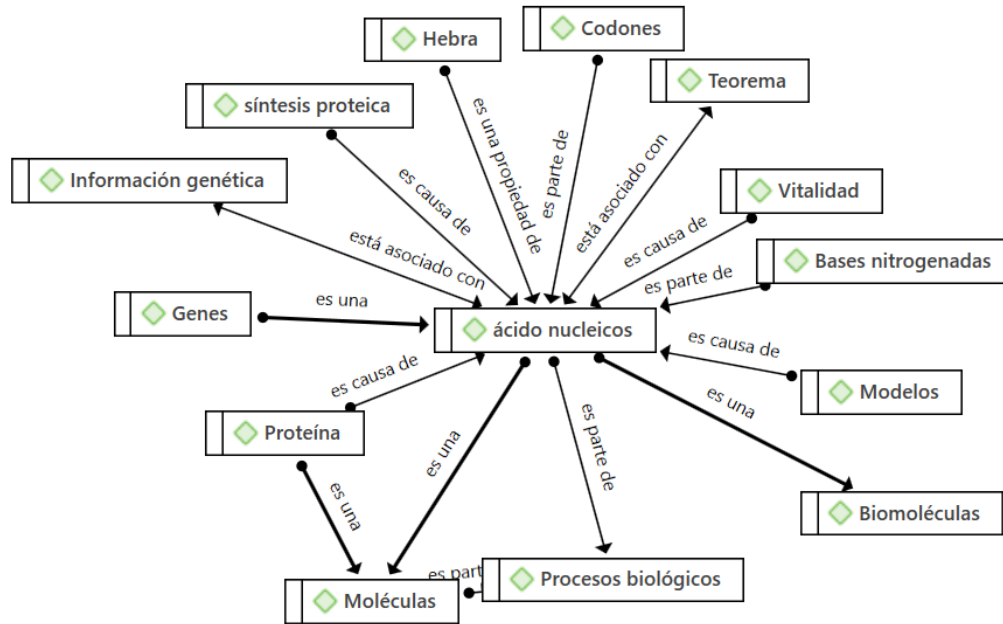
Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio del software Atlas.ti

Para la interpretación de la figura 5, las palabras con mayor tamaño indican una mayor frecuencia en las respuestas de los estudiantes y las de menor tamaño una menor repetitividad, sin embargo, como la pregunta fue “Defina con sus propias palabras lo que entiende por el dogma central de la biología molecular” se descartan los conceptos “biología” y “molecular” por lo que las siguientes palabras con más frecuencia son ADN, ARN, genética y proteína con 6 a 10 repeticiones.

Contemplando lo mencionado por Patiño y Ramírez (2006), la denominación de dogma central de la biología molecular es la expresión genética de la mayoría de células conformando un sistema de una sola dirección, donde el inicio es el ADN determinando la síntesis de ARN y esta a su vez siendo una secuencia específica produce polipéptidos que conformaran proteínas, de tal manera que haciendo un análisis desde las concurrencias en las respuestas de los estudiantes, y desde los conceptos más frecuentes, mencionados anteriormente en la **Figura 6**, se engloban los acrónimos ADN y ARN en el concepto “ácido nucleico” para mayor facilidad, por lo tanto, los estudiantes mencionaron que los conceptos que están asociados a ácido nucleico fueron “información genética” y “teorema”; los conceptos que hacen o son parte de ácido nucleico fueron “bases nitrogenadas”, “codones” y “procesos biológicos”; los conceptos que son o es causa de ácido nucleico fueron “síntesis proteica”, “vitalidad”, “modelo” y “proteína”; por último los estudiantes mencionaron que los ácidos nucleicos son moléculas, biomoléculas y genes. En la figura 5 se puede observar la naturaleza de la concurrencia según las respuestas de los estudiantes, sin embargo, para hacer un balance de todo lo mencionado y generando una comparación con lo ya mencionado por Patiño y Ramírez (2006), las respuestas tienen gran acercamiento en conceptos, pero no una definición concretamente acertada.

Figura 6 Red de concurrencias asociado al concepto "ácido nucleico"



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio del software Atlas.ti

Con lo anterior, el estudiante No 10 establece un gran acercamiento con su respuesta “*El dogma central de la biología molecular nos dice que la duplicación de ADN se presenta en siguiendo una serie de procesos organizados que llevan hasta la síntesis de proteínas*” indicando la dirección en la que se genera el proceso, sin embargo, se evidencia un error conceptual con la mención de duplicación de ADN, por otro lado, la mayoría de respuestas van más enfocadas a concepciones abiertas sobre el ADN, ARN y genética estableciendo una ambigüedad.

Pregunta 2

En esta pregunta se le suministra un fragmento de texto donde se menciona, de manera general, la composición del ADN y ARN como ácidos nucleicos, el cual se le da gran relevancia a las bases nitrogenadas, la complementariedad de las bases nitrogenadas para la formación de la estructura de la doble hélice y la naturaleza de los ARN que tienen un papel importante en el proceso del dogma central. Todo esto con la finalidad de identificar las capacidades de extracción de información de los estudiantes y de comprensión de la misma, por lo tanto, se les solicita a los estudiantes completar la hebra complemento 3' a 5' de un fragmento de nucleótidos en sentido 5' a 3' posicionando los nucleótidos complementarios T-A y C-G.

Para el análisis de los resultados, se establecieron tres opciones teniendo en cuenta la naturaleza de los mismos, esto porque se pudo evidenciar que se presentaron tres casos particulares, el primero fue la respuesta acertada en la secuencia complementaria, la segunda fue la respuesta no acertada de la secuencia y la tercera fue por la manifestación de no saber cómo desarrollar el ejercicio, es decir, respuesta acertada, respuesta no acertada y Manifestaron no saber. En la tabla 4 se expresan los resultados obtenidos y de la misma manera en la figura 7.

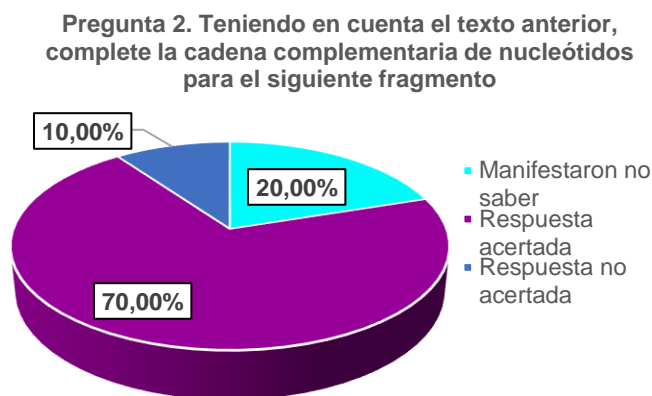
Tabla 4 Resultados pregunta 2 prueba de entrada

Pregunta 2.	Frecuencia	porcentaje
Manifestaron no saber	4	20.0
Respuesta acertada	14	70.0
Respuesta no acertada	2	10.0

Fuente: Elaboración propia.

Nora: realizado por medio del software SPSS stadistics.

Figura 7 Resultado pregunta 2 prueba de entrada



Fuente: Elaboración propia.

Nota: Realizado desde el software SPSS stadistics y Excel

Con lo anterior, se puede evidenciar que el 70% de los estudiantes reconocen la estructura de los ácidos nucleicos, específicamente del ADN, el 10% no desarrolló bien el ejercicio y el 20% restante manifestó que no sabía cómo completar la secuencia complementaria 3' – 5'. Para el caso particular del estudiante 12 que respondió “3'CGACGGCCCTGCCAGGTTCTACCTGCCGGCGAGTCC5” como respuesta acertada posicionó los símbolos de los nucleótidos complementarios correspondientes a la secuencia

dada, por otro lado, el estudiante 8 respondió “GGACTCGCCGGACGGATGAACCTGGGCAGGCCGTCG” indicando que sabía el posicionamiento adecuado de nucleótidos complementarios para la secuencia, por lo tanto esta respuesta es no acertada, debido a que el estudiante no logró identificar el complemento de los nucleótidos, es decir, posicionar la G en el lugar donde hay C y posicionar A donde hay T, en ambos sentidos, es decir, para la secuencia suministrada 5' GCTGCCGGGACGGGTCCAAG...”, se esperaba que se relacionara de la siguiente manera: 3'CGACGGCCCTGCCAGGTTTC..., finalmente el estudiante 3 manifestó “no tengo la respuesta” ingresando en el grupo de las personas que manifestaron no saber cómo hacer el ejercicio.

Pregunta 3

Para la tercera pregunta, se presenta dos estructuras de nucleótidos correspondientes al ADN y ARN, esto con la finalidad de identificar una de las diferencias estructurales entre los ácidos nucleicos enfocado en la pentosa, es decir, para el ADN se cuenta con la desoxirribosa y para el ARN se establece la ribosa, de aquí la procedencia de sus nombres.

Como en el análisis de la pregunta 2, se establecieron tres posibles respuestas, la primera es manifestar que no sabe, la segunda es la respuesta acertada y la tercera es la respuesta no acertada. En la tabla 5 y la figura 8 se puede observar la frecuencia y porcentajes de los resultados de los estudiantes.

Tabla 5 Resultados pregunta 3 prueba de entrada

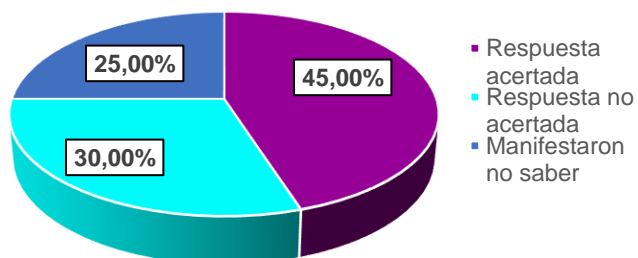
Pregunta 3	Frecuencia	Porcentaje
Manifestaron no saber	5	25.0
Respuesta acertada	9	45.0
Respuesta no acertada	6	30.0

Fuente: Elaboración propia

Nota: Realizado por medio de SPSS statistics.

Figura 8 Resultados pregunta 3 prueba de entrada

Pregunta 3. De las dos siguientes estructuras, identifique cual nucleótido corresponde a la molécula de ARN y la que corresponde al ADN



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado desde el software SPSS Statistics y Excel

Basado en la información anterior (tabla 5 y figura 8), el 45% obtuvo una respuesta acertada identificando el nucleótido perteneciente al ADN y el perteneciente al ARN, sin embargo, el 30% no acertó en la respuesta y el 25% restante no reconoce la estructura primaria o monómeros del genoma humano. El estudiante 16 respondió de manera acertada “*La forma de identificarlos es mediante el azúcar respectivo, para el caso del ADN, el azúcar respectivo es la desoxirribosa (A) y la ribosa (B) en el caso del ARN*” según la pretensión de la pregunta, por el contrario, el estudiante 20 respondió “*A es ARN y B es ADN*” lo cual es incorrecto, esto debido a que la estructura A correspondía al nucleótido de ADN por la presencia de la desoxirribosa, es decir, un solo grupo OH en la pentosa y la molécula B correspondía al ARN por la presencia de los dos grupos OH en la pentosa.

Pregunta 4

En esta sección se le presentó un gráfico en modo de apoyo para la traducción de un fragmento de código genético para que los estudiantes generaran la secuencia de aminoácidos, asimismo como la formación del péptido. Para este caso particular, se evidenció que el 55% respondió no saber cómo hacer la traducción, el 35% generó una respuesta acertada y el 10% restante no generó una respuesta acertada confundiendo el proceso de traducción con el proceso de transcripción, cabe resaltar que se mantuvo la misma metodología para poder analizar los resultados con las tres posibilidades de expresión, es decir, respuesta acertada, respuesta no acertada y manifestaron no saber. En la tabla 6 y en la figura 9 se expresan los resultados más detalladamente.

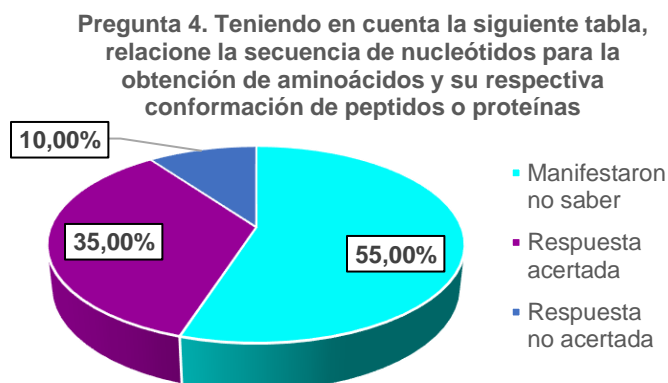
Tabla 6 Respuestas pregunta 4 prueba de entrada

Pregunta 4	Frecuencia	Porcentaje
Manifestaron no saber	11	56.0
Respuesta acertada	7	35.0
Respuesta no acertada	2	10.0

Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS

Figura 9 Resultados pregunta 4 prueba de entrada



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS y Excel.

En esta sección, se pudo evidenciar que los estudiantes desconocían el proceso de traducción por medio de la articulación de la tabla donde se asigna un aminoácido a un codón en particular, el estudiante 14 respondió lo siguiente de manera acertada “*Ala,Ala,Gly,Thr,Gly,Pro,Arg,Try,Thr,Ala,Ala,Gln,Val,Leu,Leu,Leu,Pro,Ala,Ala,Gln,Ser,Pro,His,Phe*” identificando cada uno de los aminoácidos correspondientes a los codones de la secuencia de nucleótidos suministrada, por otro lado, el estudiante 18 no comprendió la relación entre la tabla y los codones generando el ARN como consecuencia de la transcripción y no traducción del código genético respondiendo “3’ *CGACGGCCCUGCCCAGGUUCUACCUGCCGGCTAGUCCAAGACGAAAUGGACGCCGGGUCUCGGGGUAAG* 5”.

Pregunta 5

Como uno de los objetivos del presente proyecto es desarrollar el concepto de dogma central de la biología molecular y sus distintas aplicaciones a partir de herramientas bioinformáticas, se realiza la pregunta “¿tiene conocimiento sobre la bioinformática?” con

la intencionalidad de identificar el punto de inicio en el manejo de las herramientas, al igual que generar un impacto hacia el proceso de enseñanza aprendizaje de la bioquímica, de tal manera que el 80% de los estudiantes indicaron no saber sobre bioinformática y el 20% restante mencionaron sí saber. En la siguiente tabla 7 y figura 10 se indican los resultados con mayor detalle.

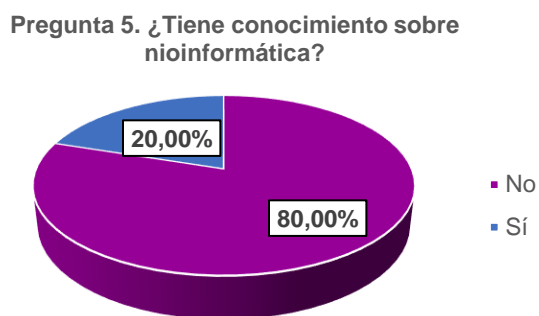
Tabla 7 Respuestas pregunta 5 pre-test

Pregunta 5	Frecuencia	Porcentaje
Sí	4	20.0
No	16	80.0

Fuente: Elaboración propia.

Nora: realizado desde el software SPSS

Figura 10 Resultados pregunta 5 prueba de entrada



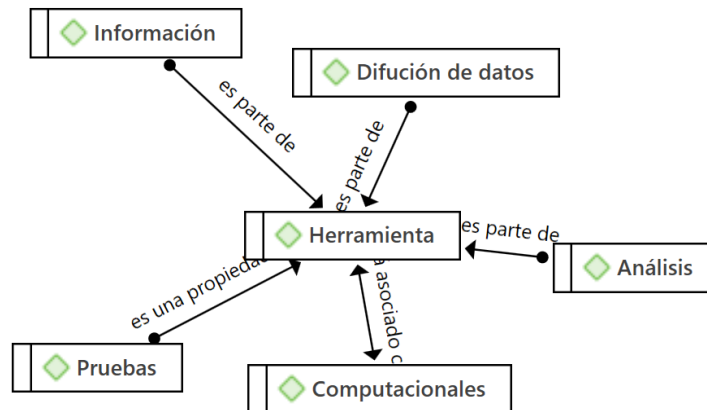
Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado desde el software SPSS y Excel

Pregunta 6

Esta pregunta está enlazada con la pregunta anterior y es saber sobre ese conocimiento que tienen sobre la bioinformática, por lo tanto, se analizaron los resultados de los cuatro estudiantes por medio del software Atlas.ti generando las siguientes concurrencias bajo los códigos más representativos, como se evidencia en la figura 11. Este punto no tiene una valoración, ya que la pretensión es identificar las aproximaciones a dicho tópico.

Figura 11 Concurrencias de respuestas pregunta 6



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio del software Atlas.ti

Según los estudiantes, la bioinformática está comprendida por herramientas, ya que fue el concepto con mayor frecuencia, desde aquí se desglosan otros conceptos que están relacionados o son parte de las herramientas como computacionales, análisis, información y datos, sin embargo, son respuestas muy someras que no detallan sobre la bioinformática.

Desde el punto de vista general de los resultados de la prueba de entrada, se identifica que la mayoría de los estudiantes identifican la estructura primaria y secundaria de los ácidos nucleicos, sin embargo, se evidenció que desconocen el concepto general del dogma central de la biología molecular y con este el procedo de traducción, es decir más del cincuenta por ciento no comprenden el dogma central de la biología molecular.

8.2. Fase 2. Estructuración y aplicación de un PGA

8.2.1. Programa guía de actividades

Con la finalidad de dar cumplimiento al segundo objetivo específico y como medio para el desarrollo del objetivo general, el cual es identificar las implicaciones didácticas de la enseñanza de los ácidos nucleicos por medio de la enseñanza para la comprensión y retomando el marco conceptual mencionado por Stone (1999), este modelo se comprende por cuatro características importantes, el desarrollo de una temática a partir de tópicos generativos, metas de comprensión, desempeños de comprensión y la evaluación diagnóstica continua.

Tópico generativo: ¿Cuál es la importancia del dogma central de la biología molecular en la enfermedad neurodegenerativa de Huntington y cómo se podría tratar dicha patología?

Con lo anterior, se establecen tres metas de comprensión que enmarcan los tres momentos necesarios para el desarrollo del programa guía de actividades (Anexo O), la primera es relacionada a la contextualización de la enfermedad de Huntington, la segunda la demostración del dogma central de la biología molecular y la tercera es la realización de pruebas *in-silico* para posibles tratamientos a la patología neuronal.

Metas de comprensión

Tabla 8 Metas de comprensión

Metas de comprensión	Afirmaciones	Hilos conductores
MC1	Los estudiantes comprenden el concepto de dogma central de biología molecular aplicado en un caso de la vida real.	¿Cómo se articula la traducción y transcripción del código genético con las enfermedades neurodegenerativas?
MC2	Los estudiantes comprenden el concepto del dogma central de la biología molecular con la traducción y transcripción del código genético empleando herramientas bioinformáticas.	¿De qué están compuestos los ácidos nucleicos? ¿Cómo se realiza la transcripción y traducción del código genético? ¿Cuál es la importancia del dogma central?
MC3	Los estudiantes comprenden el concepto del dogma central de la biología molecular identificando estrategias para el desarrollo de tratamientos ante las enfermedades neurodegenerativas.	¿De qué manera se pueden emplear las herramientas bioinformáticas para la búsqueda de posibles medicamentos?

Fuente: tomado y adaptado de Mosquera (2015).

Ya teniendo definidas las metas de comprensión con sus respectivos hilos conductores, se esboza la siguiente fase del programa guía de actividades donde se presentan los desempeños de comprensión y la evaluación continua, donde en esta última característica se establecen los criterios de evaluación y la respectiva retroalimentación para garantizar un buen proceso de enseñanza aprendizaje.

Fases del programa guía de actividades bajo el enfoque EpC

Tabla 9.. Fases del programa guía de actividades

Meta de comprensión	Desempeño de comprensión	Evaluación continua	
		Criterios	Retroalimentación
Fase guiada de la evaluación continua			
MC1	Realiza la lectura del artículo donde se evidencia la importancia de la genética en la enfermedad de Huntington	Demuestra coherencia en la extracción de información relevante	A modo de conversatorio, se selecciona un grupo de estudiantes para articular información relevante sobre la enfermedad y el foco central.
	Realiza Una infografía basado en la lectura donde se establezca la relación de la enfermedad de Huntington y el dogma central de la biología molecular (actividad 1)	Demuestra coherencia en la articulación de la información pertinente en la explicación de la enfermedad de Huntington	
MC2	Contextualiza la composición y funcionalidad de los ácidos nucleicos, asimismo como la traducción y transcripción del mismo		Se realiza un vídeo explicativo sobre el uso adecuado de la base de datos y la solución del taller
	Hace uso de bases de datos y herramientas bioinformáticas para el desarrollo del dogma central de la biología molecular enmarcado en el contexto de las enfermedades neurodegenerativas. (actividad 2)	Demuestra comprensión y buen manejo de la información, bases de datos y uso de las herramientas bioinformáticas para el proceso del dogma central.	

MC3	Reconocen las moléculas de trabajo a emplear en las herramientas bioinformáticas desde la semilla de papaya como material vegetal de interés.		A modo de conversatorio se selecciona un grupo de trabajo para que comuniquen lo
	Desarrolla de docking molecular para identificar un posible tratamiento de la enfermedad neurodegenerativa de Huntington (actividad 3)	Evidencia que los estudiantes tienen manejo de las herramientas bioinformáticas, asimismo como el análisis para interpretar los resultados obtenidos	realizado y comprendido, asimismo, se termina centrando el conversatorio aclarando dudas y objetivo de la actividad
	Muestran las propiedades farmacológicas de las moléculas de estudio (Actividad 4) Realización de mapa conceptual sobre el dogma central para articular para identificar la relación de conceptos (actividad 4)	Demuestran que comprenden el concepto de dogma central de biología molecular con la articulación de distintos conceptos	

Fuente: tomado y adaptado de Mosquera (2015)

8.2.2. Aplicación del programa guía de actividades

A continuación, se describen los resultados obtenidos en la aplicación del programa guía de actividades bajo en el enfoque de la enseñanza para la comprensión al grupo de estudiantes que cursan el espacio académico Sistemas Biológicos de la Licenciatura en Química de la Universidad Pedagógica Nacional bajo la supervisión del docente universitario

Actividad 1

Esta actividad tiene como objetivo introducir a los estudiantes en el t3pico generativo, la enfermedad de Huntington, empleando el art3culo de Rodr3guez et al. (2013) donde se aborda la historia, epidemiolog3a, etiolog3a, anatom3a y fisiolog3a patol3gica, manifestaciones, causas y tratamientos de la enfermedad. con esta informaci3n se esperaba que los estudiantes realizaran la infograf3a en grupos donde articularan la mayor informaci3n y el contenido m3s relevante de la enfermedad. Esta actividad fue evaluada por medio de la r3brica 1 (Anexo C) el cual, se establecen los desempe3os cualitativos superior (S), alto (A), b3sico (B) y bajo (BJ), asimismo, se establecieron tres criterios de evaluaci3n, el primero hace referencia a la capacidad de extracci3n de informaci3n; la segunda contempla los aspectos importantes que describen una enfermedad como las manifestaciones o s3ntomas, tratamientos y causas; por 3ltimo, la tercera se enfoca en la identificaci3n del mecanismo bioqu3mico de la mutaci3n gen3tica.

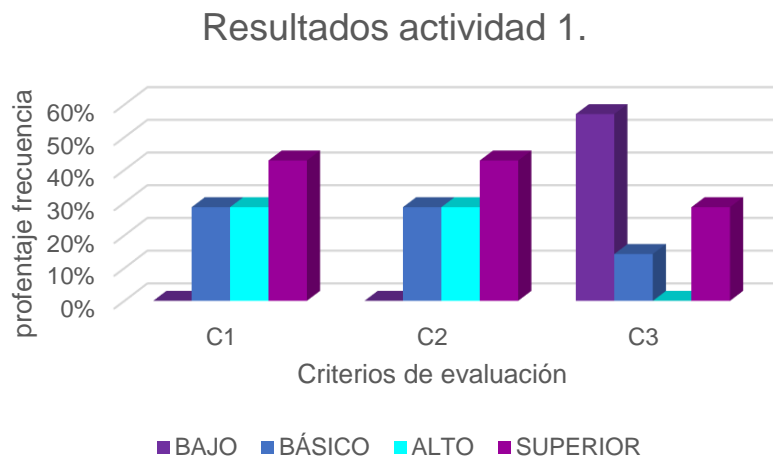
Tabla 10 Resultados actividad 1

Criterio 1. Extracci3n de informaci3n		
Desempe3o	Frecuencia	Porcentaje
B3sico	2	28.6
Alto	2	28.6
Superior	3	42.9
Total	7	100.0
Criterio 2. Descripci3n aspectos de la enfermedad		
B3sico	2	28.6
Alto	2	28.6
Superior	3	42.9
Total	7	100.0
Criterio 3. Identificaci3n de la mutaci3n gen3tica		
Bajo	4	57.1
B3sico	1	14.3
Superior	2	28.6
Total	7	100.0

Fuente: Elaboraci3n propia.

Nota: realizador por medio de Atlas.ti.

Figura 12 Resultados actividad 1



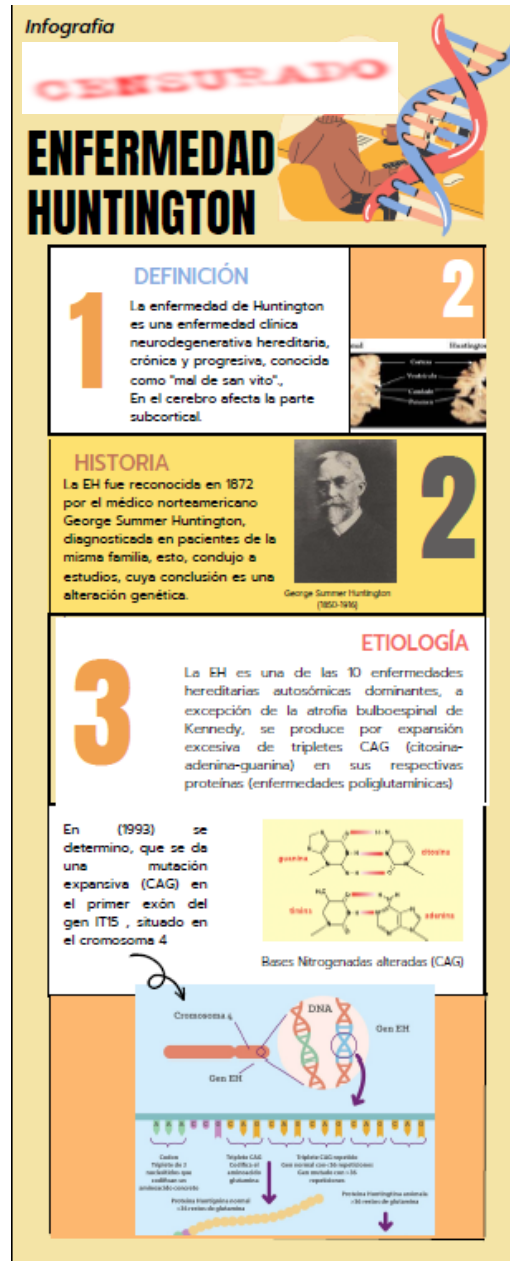
Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de Atlas.ti.

Con la tabla 10 y la figura 15, (C3), no se evidenció lo mismo, sólo dos grupos expresaron de manera detallada y acertada la mutación genética, factor importante para el desarrollo se evidencia que los grupos tienen una capacidad aceptable de extracción de información como lo indica el criterio 1 (C1), de la misma manera, para expresar las características que competen a la descripción de la enfermedad fue demarcada en su mayoría por un desempeño alto-superior expresado en el criterio 2 (C2), sin embargo, para el criterio 3 de la temática enmarcado en el dogma central.

Como ejemplo de la evaluación, se toma la infografía realizada por los estudiantes 6, 8 y 13 pertenecientes al grupo 6 y teniendo en cuenta los criterios de evaluación, para el C1 se evidenció gran extracción de información de manera concreta y relevante, de la misma manera para el C2, se puede observar en la figura 16 que resaltaron aspectos importantes como la definición, historia, etiología, síntomas, tratamientos, entre otros de la enfermedad de Huntington, sin embargo, el aspecto con mayor relevancia está asociada al tópico del material genético y la estructuración de los ácidos nucleicos ya que cumplía con la intencionalidad de introducción a la temática con la EH, cabe resaltar que lo mostrado en la figura 16 es una fracción de la infografía presentada por el grupo.

Figura 13 Infografía grupo 6



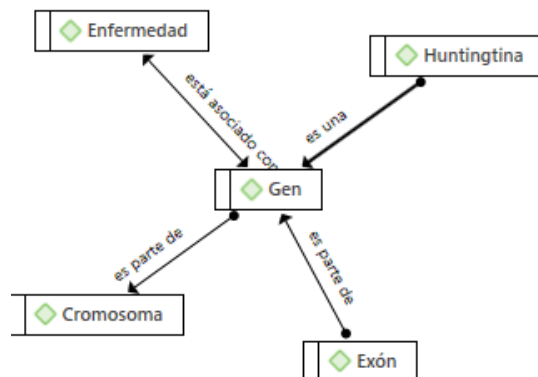
Fuente: Estudiantes 6, 8 y 13 conformado grupo 6.

Ahora, haciendo un análisis más específico del contenido de la infografía presentada por el grupo 6, se tomó la información textual y se empleó el software Atlas.ti, donde se pudo evidenciar que la mayor frecuencia de palabras fue *enfermedad*, la tripleta *CAG* y *Huntington*, como se puede evidenciar en la figura 17.

Figura 14 Resultados exploratorios actividad 1

Sin embargo, se encontró una irregularidad con una concurrencia, relacionada al gen, proteína y huntingtina, ya que los estudiantes afirman que la huntingtina es un gen, lo cual es incorrecto, ya que lo indicado por los autores, esta sustancia hace referencia a una proteína codificada por el gen. Dicho error se evidencia en la figura 19.

Figura 16 Concurrencias infografía grupo 6 enfoque "gen"



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de Atlas.ti.

Actividad 2

Para esta actividad se inicia con el uso de las herramientas bioinformáticas, más específicamente, la base de datos NCBI (National Center for Biotechnology Information), el cual se les solicitó a los estudiantes con los mismos grupos de trabajo buscar el gen IT15 encargado de la codificación de la proteína huntingtina, posteriormente, se les solicitó tomar una región específica que comprendía un poco más del primer exón para 1) completar la cadena complementaria de la región especificada; 2) realizar el proceso de transcripción de la hebra 5' – 3'; 3) identificación del Exón e intrón y 4) responder a un caso comparando la información genética con el artículo de Rodríguez et al. (2013), todo con el objeto que los estudiantes desarrollaran el proceso del dogma central de la biología molecular, es decir, la transcripción y traducción del código genético para la producción de proteína. Es importante mencionar que uno de los siete grupos no entregó la actividad, por lo tanto, en el análisis estadístico se denominará como un valor "perdido" y bajo los seis grupos se hará el respectivo proceso estadístico.

Para el proceso de evaluación, al igual que la actividad 1, para esta actividad se dispuso de la rúbrica de evaluación 2 (Anexo D) que comprende para los tres primeros criterios de evaluación (identificar la estructura secundaria del ADN, comprende el proceso

de transcripción del ADN y la identificación de zonas traducibles, es decir, los exones e intrones) los desempeños de evaluación son respuesta acertada y repuesta no acertada; para el último criterio de evaluación referente a la comprensión del dogma central bajo un caso particular sobre la enfermedad de Huntington se establecen los desempeños cualitativos Superior (S), alto (A), Básico (B) y bajo (BJ).

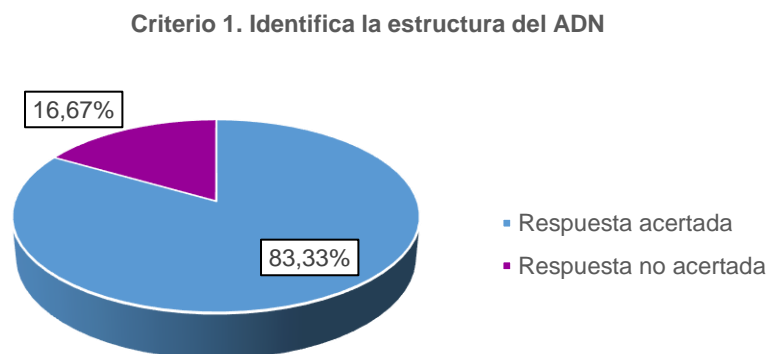
Tabla 11 Resultados criterio de evaluación 1. Actividad 2

Criterio 1. Identifica la estructura del ADN			
Desempeño	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
Respuesta acertada	5	71.4	83.3
Respuesta no acertada	1	14.3	16.7
perdido	1	14.3	-
Total	7	100.0	100.0

Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS

Figura 17 Resultados criterio de evaluación 1. Actividad 2



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS

Con relación al primer criterio de evaluación, los estudiantes debían completar la cadena complementaria 3´-5´ con los correspondientes nucleótidos, es decir la base nitrogenada complementaria Adenina – Timina, Citosina – Guanina, de tal manera, se evidenció que el 83.33% de los estudiantes realizaron el ejercicio adecuadamente y el 16.67% no interpretaron las indicaciones adecuadamente.

Como se puede detallar en la figura 21 que corresponde a la respuesta de los estudiantes 11 y 20 pertenecientes al grupo 2, el seguimiento de instrucciones fue de manera adecuada, ya que la secuencia de nucleótidos copiada y pegada de la base de datos correspondía las primeras 6 líneas del gen IT15, de la misma manera, para el desarrollo de la cadena complementaria fue estructurada asertivamente, esto porque se detalló la colocación adecuada de los nucleótidos complementarios.

Figura 18 Respuesta grupo 2

1. Copie y pegue las seis (6) primeras líneas de la secuencia de ADN del archivo descargado desde la base de datos de NCBI del gen IT15. Busque en la base de datos con la siguiente sigla "HTT". Recuerde descargar la secuencia de DNA, RNA y proteína.

```
GCTGCCGGGACGGGTCCAAGATGGACGGCCGCTCAGGTTCTGCTTTTACCTGCGGCCAGAGCCCCATT
ATTGCCCGGTGCTGAGCGGCGCCGAGTCGGCCCGAGGCTCCGGGGACTGCCGTGCCGGGGCGGGAGA
CCGCCATGGCGACCCTGGAAAAGCTGATGAAGGCCCTCGAGTCCCTCAAGTCCTTCAGCAGCAGCAGCA
GCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCCGCCACCCGCCGCCGCCGCC
CCGCCGCCTCCTCAGTTCCTCAGCCGCCGCCGAGGCACAGCCGCTGCTGCCTCAGCCGCAGCCGCCCC
CGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCC
```

2. Realice la secuencia complementaria (3' - 5') del fragmento del punto anterior.

```
CGACGGCCCTGCCAGGTTCTACCTGCCGGCGAGTCCAAGACGAAAATGGACGCCGGGTCTCGGGTAAG
TAACGGGGCCACGACTCGCCGCGGCGCTCAGCCGGGCTCCGGAGGCCCTGACGGCACGGCCCGCCCTCT
GGCGGTACCCTGGGACCTTTTCGACTACTCCGGAAGCTCAGGGAGTTCAGGAAGGTCGTCGTCGTCG
CGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCG
GGCGCGGAGGAGTCGAAGGAGTCGGCGCGGCGTCCGTGTCGGCGACGACGGAGTCGGCGTCGGCGGGG
GCGCGGCGGGGGCGGCGGTGGGCCGGGCCGACACCGACTCCTCGGCGACGTGGCTGGCACTCAAACCCG
```

Fuente: Estudiantes 11 y 20, grupo 2

Tabla 12 Resultados criterio de evaluación 2. Actividad 2

Criterio 2. Comprende el proceso de transcripción de ADN			
Desempeño	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
Respuesta acertada	6	85.7	100.0
Respuesta no acertada	0	14.3	0.0
Perdidos	1	0.0	-
Total	7	100.	100.0

Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS

Figura 19 Resultados criterio de evaluación 2. Actividad 2

gran dificultad porque 2 de los 6 grupos (33.33% de los estudiantes) no pudieron desarrollar esta sección de la actividad.

Tabla 13 Resultados criterio de evaluación 3. Actividad 2

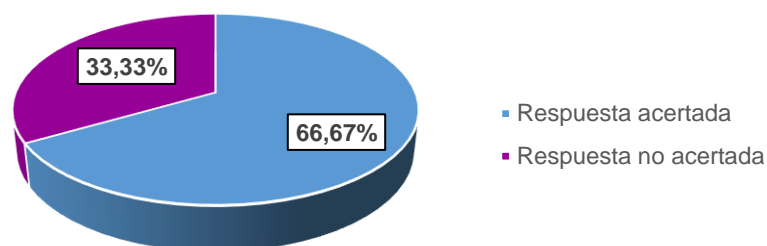
Criterio 3. Identifica las zonas activas de traducción (exones)			
Desempeño	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
Respuesta acertada	4	57.1	66.7
Respuesta no acertada	2	28.6	33.3
perdido	1	14.3	-
Total	7	100.0	100.0

Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS

Figura 21 Resultados criterio de evaluación 3. Actividad 2

Criterio 3. Identifica las zonas activas de traducción (exones)



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS y Excel

Con lo anterior, tomando el grupo 2 como ejemplo, los estudiantes desarrollaron asertivamente el ejercicio indicando el codón de inicio y el codón de terminación, asimismo se muestra la secuencia resaltada tanto para los intrones de color violeta como del exón de color verde, es importante mencionar que este punto tenía un grado de dificultad alto, ya que, mencionado anteriormente, se debía comprender el proceso de transcripción y posteriormente, el proceso de traducción, ya que se debía identificar el codón de inicio que indica el aminoácido inicial (metionina), seguidamente, la traducción de los siguientes nucleótidos con la respectiva comparación de la secuencia proteica ofrecida por NCBI y llegar al codón de corte para finalmente resaltar la región de importancia.

Figura 22 Resultado punto 4. Grupo 2

4. identifique los exones y los intrones de ese fragmento, apóyese del diagrama de traducción para generar la primera línea y parte de la segunda línea (hasta el codón de corte) de la secuencia de proteína. Resalte los exones con verde y los intrones con violeta

```

GCTGCCGGGACGGGTCCAAGATGGACGGCCGCTCAGGTTCTGCTTTACCTGCGGCCAGAGCCCCATTG
ATTGCCCCGGTGCTGAGCGGCGCCGCGAGTCGGCCGAGGCCCTCCGGGGACTGCCGTGCCGGGCGGGAGA
CCGCC (ATG) GCGACCCTGGAAAAGCTGATGAAGGCCTTCGAGTCCCTCAAGTCTTCCAGCAGCAGCAGCA
GCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAGCCGCCACCCGCCGCCGCCG
CCGCCGCTCCTCAGCTTCTCAGCCGCCGCCAGGCACAGCCGCTGCTGCCTCAGCCGAGCCGCCCC
CGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCTGTGGCTGAGGAGCCGCTGCACCCGCCG (TGA)
GTTTGGGC
  
```

Fuente: Estudiantes 11 y 20, grupo 2.

En esta última parte se le presentó a los estudiantes un caso particular donde se establecía un contexto, el cual les asignaban el rol de analistas de laboratorio genético y tenían que reportar el resultado indicando la mutación o no del gen IT15 por medio del conteo de tripletas CAG, como lo menciona Rodríguez et al. (2013), las repeticiones mayores a 26 indican mutación en el gen y su respectivo diagnóstico de portador de la enfermedad, sin embargo, la secuencia aportada no superaba los niveles de mutación para expresar la enfermedad.

Para realizar la evaluación se destinaron los desempeños superior, alto, básico y bajo. El 33.33% de los estudiantes que entregaron la actividad no comprendieron o no respondieron esta sección de la actividad, el resto de los estudiantes comprendieron y generaron una respuesta muy somera, a excepción de dos grupos que indicaron una justificación detallada. En la tabla 14 y la figura 26 muestra la evaluación.

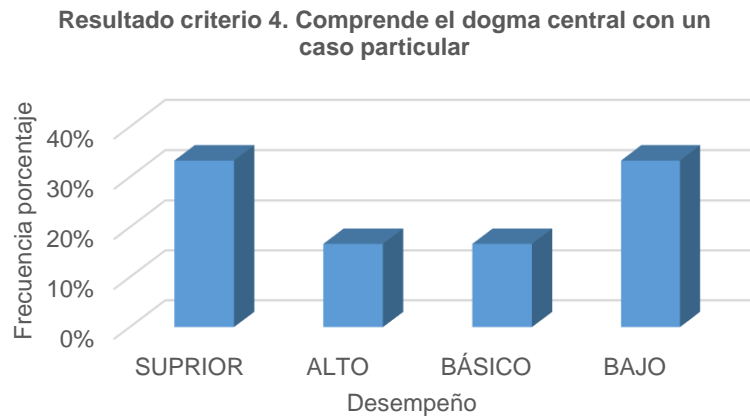
Tabla 14 Resultados criterio de evaluación 4. Actividad 2

Criterio 4. Comprende el dogma central con un caso particular			
Desempeño	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
Bajo	2	28.6	33.3
Básico	1	14.3	16.7
Alto	1	14.3	16.7
Superior	2	28.6	33.3
Perdido	1	14,3	-
Total	7	100.0	100.0

Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS

Figura 23 Resultados Criterio de evaluación 4. Actividad 2



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS y Excel

Nuevamente a modo de ejemplo, se tomó el grupo 2 donde se muestra la respuesta del caso particular presentado para el análisis de la secuencia de nucleótidos y su respectiva secuencia de aminoácidos para la proteína huntingtina, los estudiantes manifiestan que ese paciente no debería presentar la enfermedad porque el número de glutaminas es de 21, por lo que no supera la cantidad establecida en el artículo de Rodríguez Et, al (2013) no supera el máximo de repeticiones para un gen normal, asimismo, hacen la articulación de la traducción indicando que cada "Q" glutamina corresponde a una repetición del codón "CAG".

Figura 24 Respuesta punto 6. Grupo 2

6. Suponga que usted es un genetista de una clínica reconocida donde un neurólogo le envía una muestra para que usted realice la secuenciación del gen 4p16.3 de un paciente que ha venido presentando síntomas relacionados a la enfermedad de Huntington, suponga también que los resultados obtenidos son las secuencias que descargó de la base de datos NCBI, ahora Teniendo en cuenta dichas secuencias genética y proteica ¿Cuál sería el resultado emitido por usted para el informe de resultados del paciente?

R: La enfermedad de Huntington se caracteriza por generar una repetición mayor de 26 aminoácidos, en el caso de la secuencia estudiada se observa una repetición de 21 Glutaminas "Q", como se observa a continuación donde cada una corresponde una repetición de "CAG"

LMKAFESLKSF "QQQQQQQQQQQQQQQQQQQQ" PPPPPPP

Partiendo de esto, el paciente no debería presentar la enfermedad Huntington debido a que no supera el límite de aminoácidos

Fuente: Estudiantes 11 y 20, grupo 2.

Actividad 3

Para dar una mayor claridad al desempeño correspondiente de esta actividad, desde el semillero de investigación χημεία (Chimeía), se planteó trabajar con subproductos de la industria alimentaria, es decir, desechos de producción, dentro de ellos se encuentran las semillas y pieles de frutas. Por lo tanto, se contempló trabajar con la semilla de papaya (*Carica papaya L.*) porque a la fecha no se encontraba gran información en cuanto a su caracterización, no obstante, según un informe del DANE publicado en el 2016 hay una producción anual de más de 100.000 toneladas, lo que indica una gran cantidad de subproductos desperdiciados con posibles potenciales aprovechables a nivel industrial o farmacológico.

Se realizó la caracterización física y química de la semilla de papaya (los resultados detallados están en los anexos L, M, y N) donde se identificó la presencia de alcaloides por medio de las pruebas cualitativas de Dragendorff, Mayer y Wagner. Los alcaloides con una amplia gama de moléculas, denominadas metanolitos secundarios, es decir, son sustancias sintetizadas por los organismos vivos a partir de nutrientes principales, sin embargo, no hacen parte de procesos primarios como el crecimiento y desarrollo de los mismo (De-La-cruz, et. Al, 2012). En la medicina moderna se han venido empleando opioides con naturaleza alcaloide como la morfina que interactúa con el sistema nervioso central para aliviar el dolor, de tal manera que las investigaciones realizadas por Cuellar et al. (2012), Rodríguez (2015) y Paternina (2020) identificaron la carpaína (figura 12), cotinina (figura 13) y nicotina (figura 14) en la semilla.

Figura 25 Estructura Carpaína

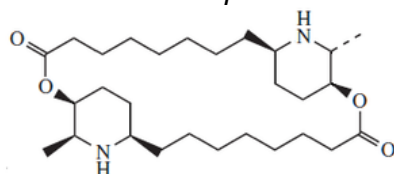


Figura 26 Estructura Cotinina

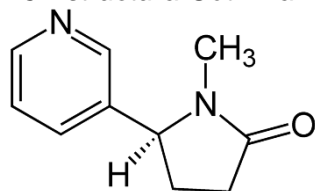
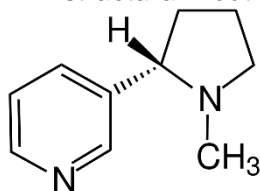


Figura 27 Estructura Nicotina



Por medio de la investigación realizada por Jena et al. (2014), el cual analizan el acoplamiento molecular del medicamento Tetrabenazina con la pre proteína alfa isoforma caspasa-6 para el tratamiento de la EH, esto debido a que hasta el momento no se ha encontrado el mecanismo de acción de la proteína huntingtina, lo que imposibilita una solución específica a la enfermedad, de tal manera que una de las soluciones va dirigida a la inhibición de la pre proteína caspasa-6 encargada de la ejecución de la apoptosis de las células, dicha inactividad de la enzima ayudaría a evitar la disminución en la población de células neuronales localizadas generando los problemas de movilidad (corea) y las condiciones psicológicas y conductuales.

Por tal razón, se tomó como ejemplo el estudio realizado por Jena et al., (2014) para desarrollar el docking molecular en la actividad tres (3), sin embargo, la actividad no iba dirigida a la replicación del acoplamiento molecular entre la caspasa-6 sino a la homologación de resultados con las moléculas de naturaleza alcaloide presentes en la semilla de papaya (carpaína, nicotina y cotinina) y de esta manera comparar los resultados de ubicación y energía de afinidad entre las moléculas alcaloide – enzima y la tetrabenazina – enzima, siendo este último el punto de comparación.

En el de diseño de la actividad, se realizó el proceso de docking con las moléculas pertenecientes a la semilla de papaya y la tetrabenazina, por medio del software Python Prescription para identificar ese potencial de acoplamiento de los ligandos a la enzima, en la tabla _ se pueden observar las menores energías de afinidad de cada una de las moléculas y los valores altos y bajos de los cálculos de derivadas en el acoplamiento (RMSD Root Mean Square Deviation) para la identificación de las conformaciones.

Tabla 15 Resultados Docking molecular diseño actividad 3

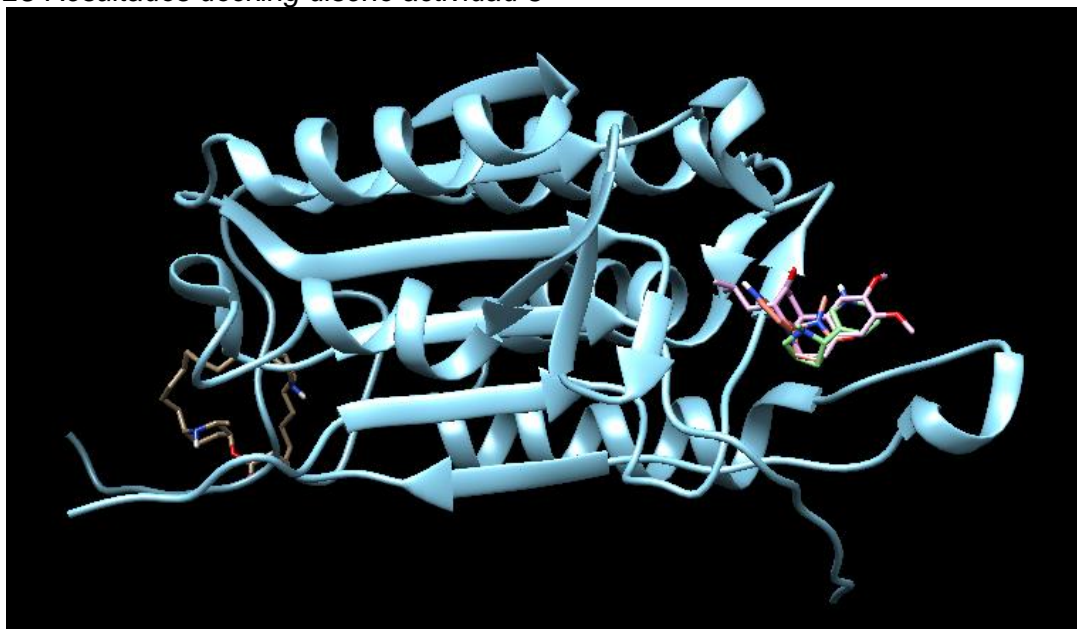
Molécula	Energía de afinidad (Kcal/mol)	RMSD lower bound	RMSD upper bound
Tetrabenazina	-6.5	0.0	0.0

Carpaína	-8.4	0.0	0.0
Nicotina	-5.3	0.0	0.0
Cotinina	-5.3	0.0	0.0

Fuente: Elaboración propia. Nota: realizado por medio de SPSS

A simple vista con los resultados del acoplamiento molecular, la carpaína parece tener una estabilidad energética mayor que el blanco (tetrabenazina), sin embargo, visualizado la ubicación del acoplamiento de la carpaína, se sitúa al otro lado del sitio activo, es decir, según la figura 28 se observa en el lado izquierdo, por el contrario, la nicotina y la cotinina se sitúan junto a la tetrabenazina y consecuentemente con lo que mencionan Jena et al. (2014) en el estudio, el lugar donde se ubica el medicamento es el sitio activo de la enzima calculado por los autores empleando del software INSIGHT II, lo que indica que la molécula no generaría una inhibición a la acción de la apoptosis celular, es importante mencionar que los estudiantes no realizaron el cálculo sitio activo de la proteína. Por otro lado, las moléculas nicotina y cotinina tendrían el potencial para excluir de la función a la caspasa-6.

Figura 28 Resultados docking diseño actividad 3



Fuente: Elaboración propia Nota: realizado por medio de Chimera

Con lo anterior, se les indicó a los estudiantes las condiciones iniciales necesarias para la realización del docking molecular, al igual del funcionamiento del programa Python Prescription para generar el cálculo y obtener los resultados de las conformaciones. El

objetivo de esta actividad iba orientado en el funcionamiento del programa y la importancia de la estabilización energética para obtener resultados confiables.

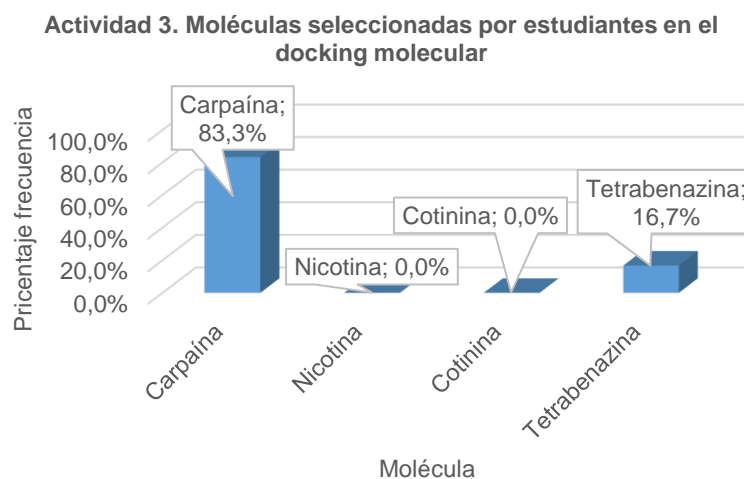
Tabla 16 Resultado Actividad 3 Docking molecular

Molécula	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
Carpaína	4	57.1	66.7
Nicotina	0	0.0	0.0
Cotinina	0	0.0	0.0
Tetrabenazina	2	28.6	33.3
Perdido	1	14.3	-

Fuete: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS.

Figura 29 Resultados actividad 3. Docking molecular



Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS y Excel.

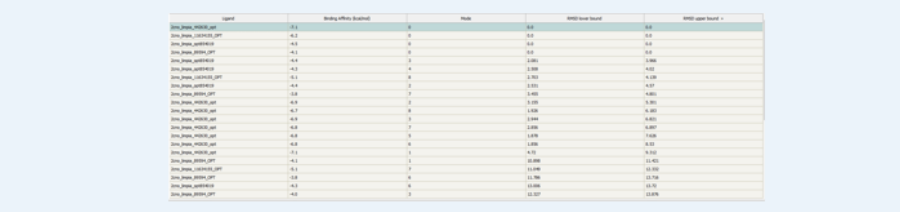
Teniendo en cuenta los resultados de los estudiantes, se pudo identificar que el 83.3 por ciento de los estudiantes llegaron al mismo resultado donde la mejor afinidad energética es entre la carpaína y la enzima caspasa-6 y el 16.7 % restante indican que es la tetrabenazina, lo cual se evidencia que ese grupo no comprendió las indicaciones sobre la comparación del medicamento con las moléculas de estudio.

En el ejercicio de la retroalimentación, se le solicitó al grupo 1 conformado por los estudiantes 4, 7 y 9 que presentaran los resultados obtenidos en el docking molecular, de

tal manera que se evidenció que realizaron de manera adecuada la preparación de la enzima y de los ligandos para el desarrollo del cálculo, esto porque el ligando con menor energía de afinidad obtenida fue la carpaína como se muestra en la figura 30.

Figura 30 Respuesta Grupo 1. Actividad 3

3. Coloquen un pantallazo de los resultados de su docking molecular:



¿Cuál fue el ligando de menor energía?
El ligando con menor energía es el 442630

Ligand	Binding Affinity (kcal/mol)	Mode	RMSD (lower bound)	RMSD (upper bound)
Carpaína (Compound CID: 442630)	-7.1	0	0.0	0.0

¿Coincide con su propuesta de efectividad del reto 2?
Si coincide su efectividad de acuerdo con el reto 2, el cual era Carpaína (Compound CID: 442630)

Fuente: estudiantes 7, 10, 12, grupo 1

Sin embargo, para el proceso de retroalimentación, se hizo la mención a todo el grupo la intencionalidad de la actividad y una posible interpretación de resultados donde identificaron que la molécula que mejor se acoplaba era la carpaína pero que no se situaba en el sitio activo de esta, por lo tanto, dicho principio activo no tendría un buen funcionamiento para la inhibición de la caspasa-6 para evitar la muerte celular.

Actividad 4

Esta actividad tenía como objeto dar continuidad con la búsqueda del potencial farmacológico de las moléculas de naturaleza alcaloide por medio del software libre DruLiTo Drug Likeness Tool, el cual se enfocó el análisis únicamente en la regla de Lipinski donde se contempla la masa molecular menor a 500, la lipofilicidad de la molécula como logP sea menos a 5, los enlaces de hidrógeno donadores sean menor a 5 y los enlaces de hidrogeno aceptores sea menor a 10.

De la misma manera que en la actividad tres (3), la tetrabenazina como medicamento sería el blanco o molécula de referencia para las moléculas de estudio, de tal manera que la nicotina y la cotinina cumplen con la regla de Lipinski, sin embargo, carpaína no cumple con el parámetro de la lipofilicidad, ese valor es mayor a 5.

Revisando las actividades entregadas por los estudiantes, dos grupos no hicieron entrega, dos grupos hicieron la comparación de las cuatro moléculas indicando que la nicotina y la cotinina cumplen con la regla de Lipinski y que la carpaína no cumple con uno de los parámetros; dos grupos ratificaron solamente el potencial farmacológico del medicamento tetrabenazina y un grupo no comprendió la finalidad del taller.

Con lo anterior, el grupo 2 conformado por los estudiantes 11 y 20 realizaron el cálculo con todas las moléculas de trabajo demostrando el entendimiento en el manejo del aplicativo DruLiTo, de la misma manera, se evidencia que los estudiantes tienen la capacidad para analizar los resultados y dar un punto de vista frente a los cálculos emitidos por el software, lo mencionado se corrobora en la figura 31.

Figura 31 Respuesta Grupo 2 DruLiTo

- Carpaina (Compound CID: 442630)

Sr.No	Title	MW	logP	HBA	HBD
1	442630	478.38	6.592	6	2

C:\Users\Ruben Gomez\Downloads\Conformer3D_CID_442630 (1).sdf

Molecules completed(1)

Según los parámetros y lo explicado tanto en clase como en el video la que mejor tiene potencial farmacológico es la nicotina

- Nicotina (Compound CID: 89594)

Sr.No	Title	MW	logP	HBA	HBD
1	89594	162.12	0.274	2	0

Fuente: Estudiantes 11 y 20 del grupo 2.

Como segundo punto se les solicitó a los estudiantes realizar un mapa conceptual con veintiún (21) conceptos referentes al dogma central de la biología molecular, para realizar la respectiva evaluación de los mapas conceptuales, se tomó como base la rúbrica propuesta por Rodríguez (2017) en su tesis doctoral. Los criterios de evaluación van dirigidos a la cantidad de conceptos empleados, la cantidad de conceptos ubicados adecuadamente, las ramificaciones, el nivel de profundidad en el desarrollo del concepto, la estructuración jerárquica, las frasees conectoras entre conceptos y el número de

conceptos nuevos que pueden aportar al desarrollo de la explicación de la temática central, dogma central de la biología molecular. Anexo E

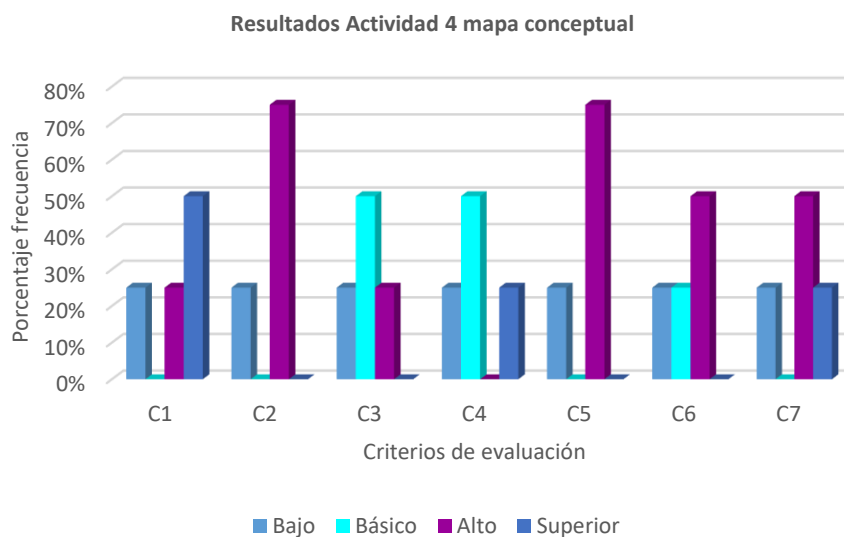
Tabla 17 Resultados Actividad 4 mapa conceptual

Criterio 1. Número de conceptos utilizados			
Desempeño	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
Bajo	1	14.3	25.0
Alto	1	14.3	25.0
Superior	2	28.6	50.0
Perdido	3	42.9	-
Criterio 2. Número de conceptos válidos			
Bajo	1	14.3	25.0
Alto	3	42.9	75.0
Perdido	3	42.9	-
Criterio 3. Ramificaciones			
Bajo	1	14.3	25.0
Básico	2	28.6	50.0
Alto	1	14.3	25.0
Perdido	3	42.9	-
Criterio 4. Nivel de profundidad			
Bajo	1	14.3	25.0
Básico	2	28.6	50.0
Superior	1	14.3	25.0
Perdido	3	42.9	-
Criterio 5. Estructura jerárquica			
Bajo	1	14.3	25.0
Alto	3	42.9	75.0
Perdido	3	42.9	-
Criterio 6. Freses de enlace			
Bajo	1	14.3	25.0
Básico	1	14.3	25.0
Alto	2	28.6	50.0
Perdido	3	42.9	-
Criterio 7. Numero de conceptos nuevos			

Bajo	1	14.3	25.0
Alto	2	28.6	50.0
Superior	1	14.3	25.0
Perdido	3	42.9	-

Fuente: Elaboración propia. Nota: realizado por medio de SPSS

Figura 32 Resultados actividad 4. Mapa conceptual

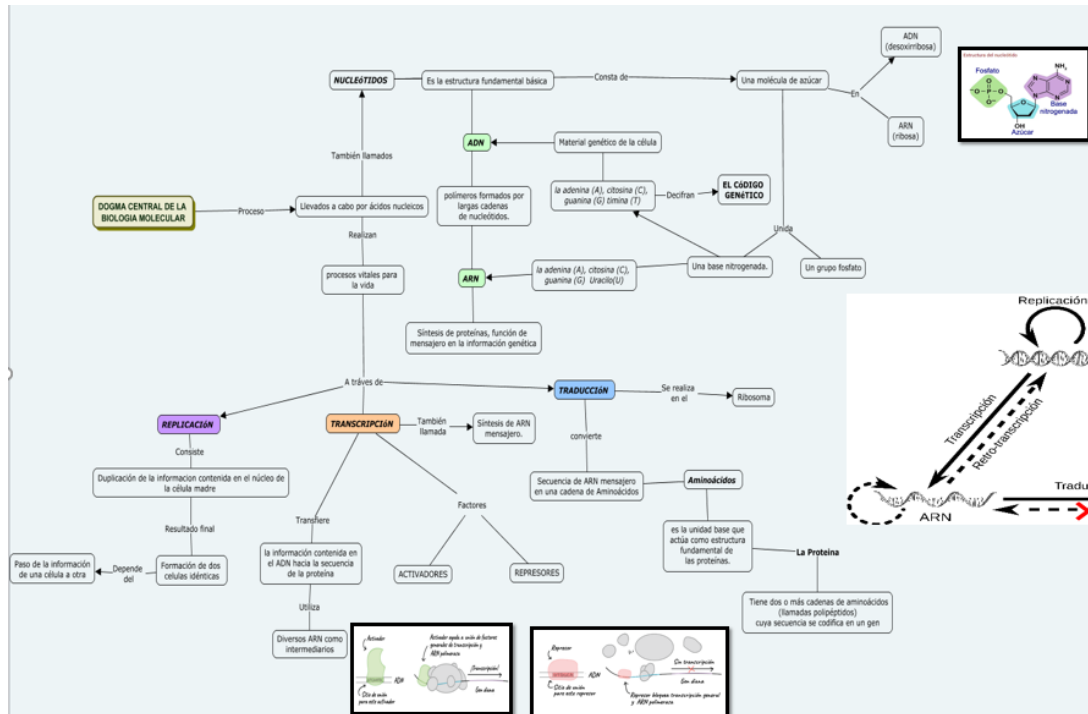


Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS y Excel

En la tabla 17 y en la figura 32 se muestran los resultados de evaluación del mapa conceptual donde se evidencia poca uniformidad en cuanto a los desempeños de los criterios de evaluación, esto porque sólo 4 grupos de estudiantes entregaron el mapa y de estos cuatro grupos se realizó el proceso estadístico. Con lo anterior, con el fin de justificar la poca uniformidad de las evaluaciones, en la figura 33, los estudiantes 4, 7 y 9 del grupo 1 detallaron todos los conceptos aportados y la buena conexión, de la misma manera, las frases conectoras ofrecían un buen sentido y relevancia a la profundidad y explicación de la temática dogma central, también se evidenció el uso de otros conceptos aparte de los establecidos y la buena ubicación de los mismo, además del apoyo visual con las distintas imágenes explicativas del proceso de transcripción y traducción del código genético.

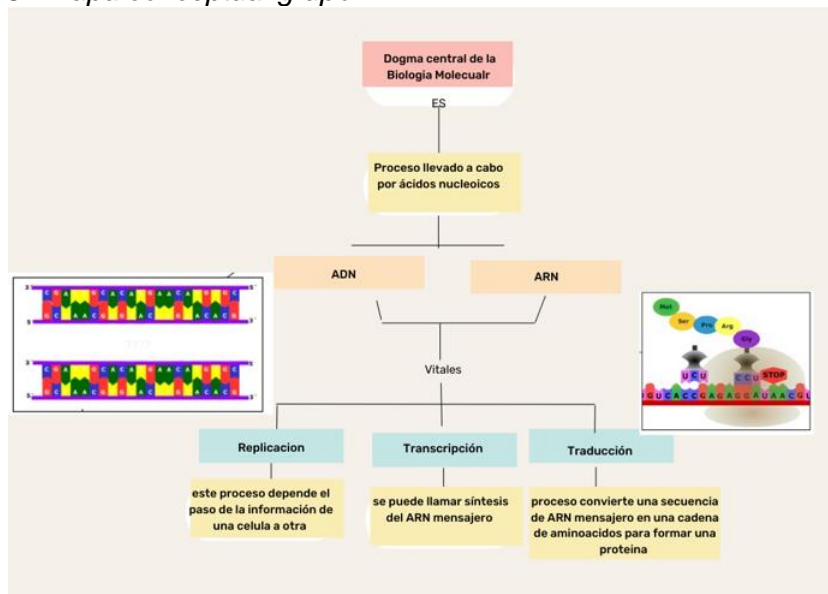
Figura 33 Mapa conceptual Grupo 1



Fuente: estudiantes 4, 7 y 9 del grupo 1.

Por otro lado, los estudiantes 11 y 20 del grupo 2 desarrollaron un mapa poco estructurado y detallado como se presenta en la figura 34, donde no emplean la totalidad de los conceptos presentados, tampoco se evidencian frases conectoras, profundidad o desarrollo del tema central.

Figura 34 Mapa conceptual grupo 2



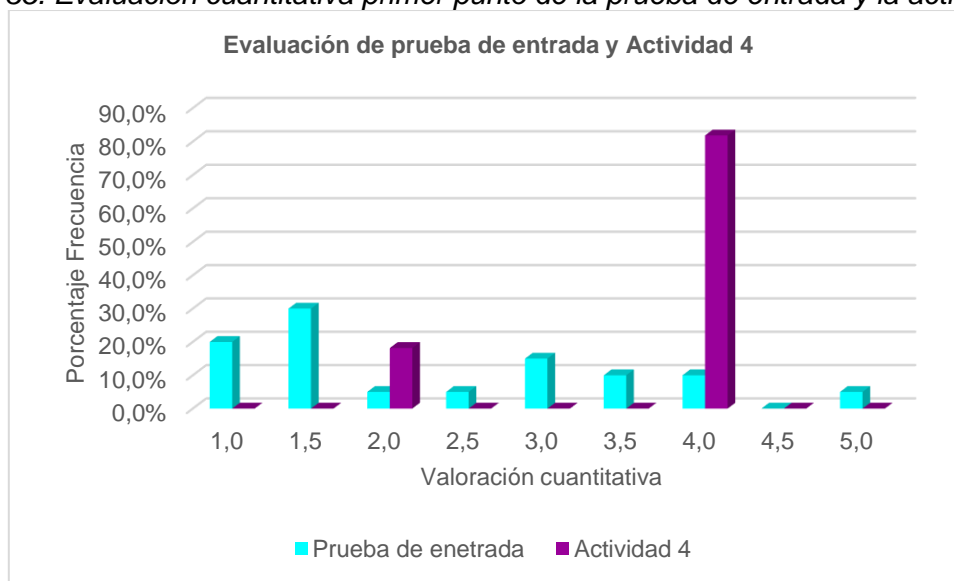
Fuente: Estudiantes 11 y 20 del grupo 2

8.3. Fase 3. Implicaciones didácticas

Para evaluar el impacto y las implicaciones didácticas en la aplicación del programa guía de actividades, el análisis se realizó con base en las variables e hipótesis planteadas para este trabajo de grado, el cual contemplaban, de manera general, el reconocer el proceso de comprensión del dogma central de la biología molecular por medio del uso de las herramientas bioinformáticas. Es importante mencionar que a lo largo del capítulo de resultados el análisis fue por medio de valoraciones cualitativas, sin embargo, para esta sección, se interpolaron las valoraciones cualitativas a un valor numérico en una escala de 1 a 5, establecido en las rúbricas de evaluación (Anexo D y E), donde permitirá hacer una comparación entre evaluación de la prueba de entrada y la actividad 2 en conjunto con el mapa conceptual de la actividad 4.

Inicialmente, se hizo la comparación de las evaluaciones del primero punto de la prueba de entrada con el último punto del taller cuatro (4) que corresponde al desarrollo de la definición del concepto de dogma central de la biología molecular. Para la asignación de la evaluación cuantitativa, se tomó como punto de partida lo mencionado por Patiño y Ramírez (2006), asimismo, para los estudiantes que expresaron no saber el concepto se les asignó la valoración de 1.

Figura 35. Evaluación cuantitativa primer punto de la prueba de entrada y la actividad 4



Fuente: Elaboración propia

Tabla 18. Evaluación cuantitativa primer punto prueba de entrada y actividad 4

Valoración	Prueba de entrada		Actividad 4		
	Frecuencia	Porcentaje	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
1,0	4	20,0	0	0,0	0,0
1,5	6	30,0	0	0,0	0,0
2,0	1	5,0	2	10,0	18,2
2,5	1	5,0	0	0,0	0,0
3,0	3	15,0	0	0,0	0,0
3,5	2	10,0	0	0,0	0,0
4,0	2	10,0	9	45,0	81,8
4,5	0	0,0	0	0,0	0,0
5,0	1	5,0	0	0,0	0,0
Perdido	-	-	2	45,0	-
Total	20	100	20	100,0	100,0
Media	2.33		3.82		
Mediana	1.75		4.25		
Moda	1.5		4.43		

Fuente: Elaboración propia.

Tabla 19 primera correlación

Correlaciones				
			Prueba de entrada	Actividad 4
			Tau b de kendall	Prueba de entrada
Sig. (bilateral)	.	0,355		
N	20	11		
Actividad 4	Coeficiente de correlación	0,244		1,000
	Sig. (bilateral)	0,355		.
	N	11		11
Rho de Spearman	Prueba de entrada	Coeficiente de correlación	1,000	0,250

		Sig. (bilateral)	.	0,458
		N	20	11
	Actividad 4	Coeficiente de correlación	0,250	1,000
		Sig. (bilateral)	0,458	.
			11	11

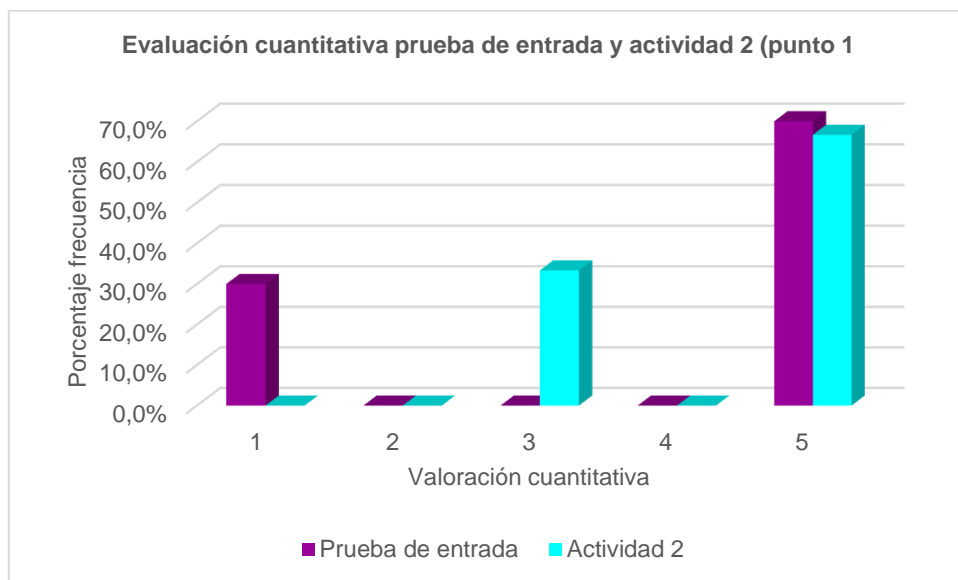
Fuente: Elaboración propia.

Nota: realizado por medio de SPSS statistics

En la tabla 18 se pueden evidenciar las valoraciones cualitativas de los estudiantes, tanto del primer punto de la prueba de entrada como de la actividad 4, es importante mencionar que, de la muestra poblacional total de 20 estudiantes, solo 11 estudiantes entregaron la actividad de cierre (actividad 4), debido a que se asignó un tiempo límite de entrega y algunos estudiantes se encontraban en salida de campo, por lo tanto, al hacer uso de la herramienta estadística SPSS statistics, la correlación entre las variables se hace con base en los 11 estudiantes, por lo tanto, evidenciando los resultados de correlación de Spearman y Kendall, que se muestran en la tabla 19, indican que hubo una correlación positiva de 0.250 y 0.244 respectivamente, queriendo decir que hubo una significancia parcial, sin embargo, es importante mencionar que alrededor del 50% de los estudiantes no lograron entregar la actividad 4, lo cual influiría significativamente en el coeficiente de correlación.

La segunda comparación se realizó con base en el segundo punto de la prueba de entrada y los tres primeros puntos de la actividad dos (2), el cual corresponden al reconocimiento del material genético y el proceso de transcripción, por lo tanto, para el proceso de evaluación, en el caso de la prueba de entrada, los estudiantes que respondieron de manera acertada tienen una valoración de 5.0, por el contrario, para los estudiantes que no respondieron acertadamente o mencionaron que no tenían conocimiento obtuvieron un valor de 1.0. Para la valoración de la actividad 2, se contempló el criterio de evaluación uno (1) y dos (2) de la respectiva rúbrica de evaluación (Anexo C) tomando el promedio de los dos criterios de evaluación para el correspondiente análisis. Las evaluaciones se pueden detallar en el anexo H.

Figura 36. Evaluación Cualitativa de prueba de entrada y puntos 1, 2 y 3 de la actividad 2



Fuente: elaboración propia

Tabla 20. Evaluación cualitativa de prueba de entrada y puntos 1, 2, y 3 de actividad 2

Valoración	Prueba de entrada		Actividad 2 (punto 1, 2 y 3)		
	Frecuencia	Porcentaje	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
1.0	6	30,0	0	0,0	0,0
2.0	0	0,0	0	0,0	0,0
3.0	0	0,0	6	30,0	33,3
4.0	0	0,0	0	0,0	0,0
5.0	14	70,0	12	60,0	66,7
Perdido	-	-	2	10,0	-
Total	20	100	20	100,0	100,0
Media	3.8		4.33		
Mediana	5.0		5.0		
Moda	5.0		5.0		

Fuente: elaboración propia.

Tabla 21. Segunda correlación

Correlaciones			
Tau b de kendall		Prueba de entrada	Actividad 2

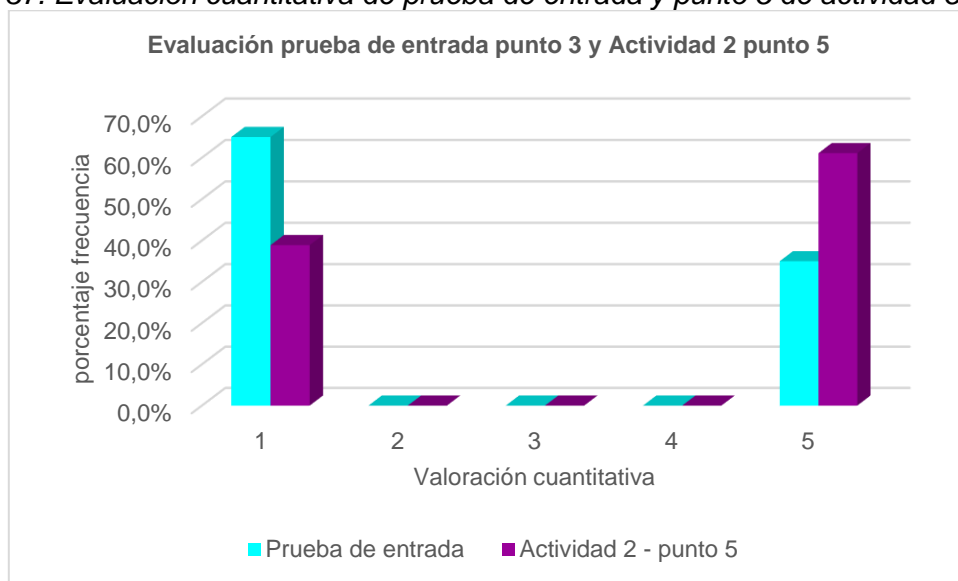
	Prueba de entrada	Coeficiente de correlación	1,000	0,500*
		Sig. (bilateral)	.	0,039
		N	20	18
	Actividad 2	Coeficiente de correlación	0,500*	1,000
		Sig. (bilateral)	0,039	.
		N	18	18
Rho de Spearman	Prueba de entrada	Coeficiente de correlación	1,000	0,500*
		Sig. (bilateral)	.	0,035
		N	20	18
	Actividad 2	Coeficiente de correlación	0,500*	1,000
		Sig. (bilateral)	0,035	.
			18	18
*La correlación es significativa en el nivel 0.05 (bilateral)				

Fuente: elaboración propia. Nota: realizado por medio del software SPSS Statistics

Como se puede evidenciar en la tabla 21 donde expresa la correlación de Kendall y Spearman, se identificó una correlación positiva significativa de 0.500 para ambos casos con un nivel de confianza de 95% indicando que el uso de herramientas bioinformáticas influyó significativamente en la comprensión de los estudiantes, de la misma manera, las valoraciones cuantitativas de los estudiantes se pueden visualizar en la tabla 20.

Para la tercera comparación se tomó la tercera pregunta de la prueba de entrada y el punto cuatro (4) de la actividad dos (2), ya que esta sección corresponde al proceso de traducción del código genético, es decir, pasar del lenguaje de ácidos nucleicos a lenguaje de aminoácidos; al igual que en el cotejo anterior para el proceso de evaluación, los estudiantes que obtuvieron una respuesta acertada se asigna la valoración de 5.0 y por el contrario, si los estudiantes no respondieron adecuadamente o mencionaron no saber la respuesta, la asignación valorativa es 1.0. por otro lado, la evaluación del punto 4 de la actividad 2 está determinado por el criterio 3 de la rúbrica de evaluación 2 (Anexo C).

Figura 37. Evaluación cuantitativa de prueba de entrada y punto 5 de actividad 5



Fuente: elaboración propia

Tabla 22. Evaluación cuantitativa de prueba de entrada y punto 5 de actividad 2

Valoración	Prueba de entrada		Actividad 2 (punto 5)		
	Frecuencia	Porcentaje	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje válido
1.0	13	65,0	7	35,0	38,9
2.0	0	0,0	0	0,0	0,0
3.0	0	0,0	0	0,0	0,0
4.0	0	0,0	0	0,0	0,0
5.0	7	35,0	11	55,0	61,1
Perdido	-	-	2	10,0	-
Total	20	100	20	100,0	100,0
Media	2.4		3.44		
Mediana	1.0		5.0		
Moda	1.0		5.0		

Fuente: elaboración propia.

Tabla 23. Tercera correlación

Correlaciones			
Tau b de kendall		Prueba de entrada	Actividad 2

	Prueba de entrada	Coeficiente de correlación	1,000	0,495*
		Sig. (bilateral)	.	0,41
		N	20	18
	Actividad 2	Coeficiente de correlación	0,495*	1,000
		Sig. (bilateral)	0,041	.
		N	18	18
Rho de Spearman	Prueba de entrada	Coeficiente de correlación	1,000	0,495*
		Sig. (bilateral)	.	0,037
		N	20	18
	Actividad 2	Coeficiente de correlación	0,495*	1,000
		Sig. (bilateral)	0,037	.
			18	18
*La correlación es significativa en el nivel 0.05 (bilateral)				

Fuente: elaboración propia. Nota: realizado por medio del software SPSS Statidistics

De la misma manera que en la correlación dos, en la tabla 23 indica que tanto coeficiente de Kendall como el de Spearman obtuvo un valor positivo significativo de 0.495 y un nivel de confianza del 95%, lo que indica que las herramientas bioinformáticas influyeron significativamente en el proceso de aprendizaje de los estudiantes sobre el proceso del dogma central de la biología molecular.

Teniendo en cuenta los coeficientes de correlación en la comparación de la prueba de entrada con la actividad 2, perteneciente al proceso de traducción y transcripción del código genético fue positivo y significativo, lo cual se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alternativa, ya que se evidenció que las herramientas bioinformáticas sí influyen significativamente en el proceso de enseñanza de la temática del dogma central de la biología molecular en los estudiantes del curso de bioquímica de la Licenciatura en Química de la Universidad Pedagógica Nacional.

Con lo anterior y bajo la perspectiva del diccionario de la real academia española, el termino implicación es la repercusión o consecuencia a algo, por tal razón este espacio

está dirigido al análisis general de los resultados y actitudes de los estudiantes frente al desarrollo de la temática *dogma central de la biología molecular* en el espacio académico sistemas bioquímicos y las consecuencias perceptibles en la propuesta metodológica.

Inicialmente, se reconoce que los estudiantes poseían una noción sobre la estructura del material genético y el proceso correspondiente de la transcripción y traducción del código genético, sin embargo, uno de los aspectos principales que se pudo percibir y también fue mencionado en el planteamiento del problema es que es un aprendizaje meramente memorístico y no se evidenció que los estudiantes pudiesen contextualizar ese conocimiento en una temática de la vida real, es decir, se observa un simple seguimiento de instrucciones sin sentido.

Otra de las apreciaciones que se pudo identificar es que el tema fue llamativo para los estudiantes, ya que al mostrar el material genético en la base de datos NCBI donde se encontraba un sinfín de secuencias genética y fracciones del genoma humano los estudiantes podrían entrar en un contexto específico e identificar la ubicación de un gen en particular, lo que genera motivación, por el contrario dentro de las clases habituales para la enseñanza del ADN se emplean secuencias de nucleótidos sin sentido, lo que promueve un pensamiento de memoria y poco comprensible para asimilarlo en la vida real.

De la misma manera, la interacción de los estudiantes con las distintas plataformas y software influyó en las competencias investigativas debido a que por parte de ellos consultaron información para poder dar explicación a ciertos resultados obtenidos en el docking molecular y en la clasificación de sustancias como fármacos para optar como posible tratamiento a enfermedades.

9. CONCLUSIONES.

Se identificó el nivel de comprensión del dogma central por medio de la adaptación de un instrumento validado donde la mayoría de los estudiantes tienen conocimiento de la estructura del material genético y el proceso de transcripción, sin embargo, se notó que menos del 50% de los estudiantes no relacionan el proceso de traducción para la producción de polipéptidos, de la misma manera, el 80% de los estudiantes manifestaron no tener conocimiento de bioinformática, indicando esto último, una oportunidad para llamar la atención y el interés de los estudiantes.

Se estructuró y aplicó un programa guía de actividades enfocado en la enfermedad de Huntington utilizando herramientas bioinformáticas para dar lugar a la comprensión del dogma central de la biología molecular, lo cual estaba constituido por tres metas de comprensión organizadas de la siguiente manera; estructura del material genético, transcripción y traducción del código genético; manejo de las herramientas bioinformáticas; identificación del potencial farmacológico de moléculas para el tratamiento de la enfermedad de Huntington.

Se evaluó el nivel de eficacia del programa guía de actividades obteniendo un resultado positivo bajo el coeficiente de correlación de Spearman y Kendall con valores oscilantes entre 0.25 y 0.50 indicando que el uso de las herramientas bioinformáticas como variable independiente sí influye significativamente en el proceso de comprensión del dogma central de la biología molecular, siendo esta última la variable dependiente.

Con lo anterior, se realizó una retroalimentación donde se identificaron las implicaciones didácticas en el desarrollo e implementación del programa guía de actividades por lo que 1) el uso de herramientas bioinformáticas contribuyen en el interés de los estudiantes ya que tienen información más específica y detallada sobre secuencias genéticas y proteicas; 2) el abordar la temática del dogma central de la biología molecular desde el tópico generativo de la enfermedad de Huntington aporta un contexto para el proceso de enseñanza aprendizaje y apoya a las competencias investigativas para el desarrollo de fármacos.

Por lo tanto, las implicaciones didácticas identificadas en la implementación del programa guía de actividades va dirigido a la metodología en que se desarrollan las clases y el enfoque que el profesor desee trabajar, de la misma manera, el uso de distintas herramientas apoya y potencia el interés y desarrollo educativo de los estudiantes por el

aprendizaje de la bioquímica y, por último, la actitud e intereses del profesor influyen significativamente en lo que aprenden o no los estudiantes.

10. RECOMENDACIONES

A lo largo del desarrollo de la primera sesión se pudo observar que la estructuración inicial de las sesiones no fue el más adecuado por falta de visualizar y repartir el tiempo adecuadamente, lo que generó que los estudiantes se percibieran confundidos, por lo tanto, es claro que la estructuración de los tiempos para el desarrollo de actividades y explicaciones es importante para procurar un buen proceso de enseñanza aprendizaje y de la misma manera los estudiantes tengan la oportunidad de asimilar la información.

11. REFERENCIAS

- Altschul, S., & Lipman, D. (1990). Protein database searches for multiple alignments. *Proceedings of the National Academy of sciences*, 5509-5513.
- Ávila, M. (2021). Dogma central. *LOGOS*, 13-16.
- Castañeda, D. (2014). Aportes a la enseñanza de la lengua castellana y el desarrollo de habilidades comunicativas desde el modelo enseñanza para la comprensión en niños con TEA un estudio de caso. Bogotá, Colombia: Trabajo de grado especialización en Pedagógica de la Universidad Pedagógica Nacional.
- Cuéllar, A., Scull-Lezama, R., Martínez, Y., Fernández, A., & Monzote, L. (2012). EVALUACIÓN PRELIMINAR DE LA COMPOSICIÓN QUÍMICA DE LAS HOJAS DE Carica papaya L Y DEL EFECTO ANTIPROTOZOARIO EN UN EXTRACTO ENRIQUECIDO EN ALCALOIDES A PARTIR DE LA MISMA. *Colombiana Cien. Anim.*, 364-376.
- DANE. (mayo de 2016). *Boletín mensual: INSUMOS Y FACTORES ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN AGROPECUARIA*. Obtenido de El cultivo de papaya (Carica papaya L.) y sus principales enfermedades en época de lluvia: https://www.dane.gov.co/files/investigaciones/agropecuario/sipsa/Bol_Insumos_may_2016.pdf
- Del Toro, D. (2009). La malaltia de Huntington. *Omnis cellula*, 34-39.
- De-La-Cruz, I., González, A., & Riley, C. (2012). Biosíntesis de alcaloides bencilisoquinolínicos. *Scielo*.
- Duque, W. (2021). Bioinformática: una herramienta didáctica para la enseñanza de la inhibición enzimática desde los estilos de aprendizaje. Bogotá, Colombia: Proyecto de Grado Lic. Química UPN.
- Escobar, C., Murillo, L., & Soto, J. (2011). Tecnologías bioinformáticas para el análisis de secuencias de AND. *Scientia et technica*, 116-121.
- Fernández, C., & Baptista, P. (2014). *Metodología de la investigación*. México: McGRAW W-HILL/INTERAMERICANA EDITORES S.A.

- Guillén, P. (2010). Organizador de unidad de enseñanza para la comprensión en el aprendizaje de matemática en alumnas de 5° de secundaria del distrito de Bellavista. La Molina, Perú: Proyecto de grado Universidad San Ignacio de Loyola.
- Herispe, F., Arriola, M., López, M., & Noel, M. (2018). *Profesorado semipresencial*. Obtenido de El Dogma Central de la Biología Molecular... ¿es un dogma?: <http://repositorio.cfe.edu.uy/bitstream/handle/123456789/749/El%20Dogma%20Central%20de%20la%20Biolog%c3%ada%20Molecular.pdf?sequence=2&isAllowed=y>
- Jena, R., Das, L., Aich, S., Pradhan, N., & Das, B. (2014). Comparative Structural Modeling and Docking studies between Caspase-6 Isoform Alpha Preprotein and Tetrabenazine for Huntington's Disease. *ResearchGate*, 535-550.
- KhanAcademy. (s.f.). *Resumen de la transcripción*. Obtenido de <https://es.khanacademy.org/science/ap-biology/gene-expression-and-regulation/transcription-and-rna-processing/a/overview-of-transcription>
- Magnarelli, G., Quintana, M., García, L., Villagrán, E., & Cabrera, L. (2009). El trabajo en pequeños grupos facilita la enseñanza-aprendizaje de Bioquímica. *Scielo*.
- Martínez, A., & A, R. (2002). Anatomía patológica de la enfermedad de Huntington. *ESPATOL*, 517-528.
- Mosquera, M. (2015). Propuesta didáctica para la enseñanza de las funciones de segundo grado de variable real en el marco de la enseñanza para la comprensión para fortalecer el pensamiento vectorial en el grado 9 e la IER. Medellín, Colombia: Tesis de maestría Universidad Nacional de Colombia.
- Olaya, a., & Cejas, M. (2018). Bioinformática como recurso educativo: proyecto de ingeniería genética. *Revista de Educación Mediática TIC. EDMETC*, 174-195.
- Orjuela, S. (2018). Enseñanza para la comprensión (EpC): contaminantes emergentes una problemática ambiental. Bogotá, Colombia: Trabajo de grado Universidad Pedagógica Nacional.
- Paternina, A. (2020). Propiedades químicas de la semilla y el aceite de papaya (*Carica papaya* linn) y su incidencia en el medio ambiente. Córdoba, Colombia: Trabajo de grado de la Universidad de Córdoba.

- Patiño, P., & Robinson, J. (2006). EL DOGMA CENTRAL DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR. *udea*, 107-118.
- Patiño, S. (2018). La enseñanza para la comprensión (EpC): propuesta metodológica centrada en el aprendizaje del estudiante. *Humanizarte*.
- Pérez, J. (2019). Sistematización de la implementación del modelo pedagógico de enseñanza para la comprensión (EpC), en el nivel de preescolar del Instituto Caldas. . Bucaramanga, Colombia: Teses de maestría de la Universidad Autónoma de Bucaramanga.
- Perkins, D. (1999). *Canaverales*. Obtenido de <https://www.canaverales.edu.co/wp-content/uploads/2020/08/LA-ENSE%C3%91ANZA-PARA-LA-COMPREENSI%C3%93N-15.pdf>
- Piñeros, Y., & Diana, P. (2014). Caracterización de los contenidos curriculares contextualizados para la enseñanza de la química. *Tecné, Episteme y Didaxis: TED*, 775-762.
- Pogré, P. (2001). Enseñanza para la comprensión. Un marco para innovar en la intervención didáctica. En *Escuelas del futuro II. Cómo planifican las escuelas que innovan*. Argentina: Papers.
- Revelo, L. (2023). M-learning en el aprendizaje del dogma central de la Biología Molecular en Segundo de Bachillerato Genetal Unificado de la Unidad Educativa Municipal "Calderón", D.M. de Quito, 2022-2023. Quito, Ecuador: Trabajo de grado Lic en Pedagogía de las Ciencias Experimentales, Química y biología. UCE.
- Rodríguez, L. (2015). Efecto de extractos metanólicos de semilla de Carica papaya sobre promastigotes de Leishmania mexicana. Caracas, Venezuela: Trabajo de grado de la Universidad Central de Venezuela.
- Rodríguez, J., Díaz, Y., Rodríguez, Y., Rodríguez, Y., & Nuñez, E. (2013). Actualización de la enfermedad de Huntington. *Scielo*.
- Rodríguez, R. (2017). EL APRENDIZAJE SIGNIFICATIVO DE CONCEPTOS QUÍMICOS, UN ESTUDIO EN EL CONTEXTO DE LA RESOLUCIÓN DE PROBLEMAS Y LOS ESTILOS DE APRENDIZAJE. Bogotá, Colombia: Tesis doctoral de la Universidad Pedagógica Nacional.

Salgado, E. (2007). Enseñanza para la comprensión en la educación superior. *Revista Iberoamericana de Educación Superior*, 34-50.

Stone, M. (1999). *La enseñanza para la Comprensión*. Buenos Aires: PAIDÓS.

UAN. (1 de agosto de 2022). *Universidad Antonio Nariño*. Obtenido de Bioquímica: <https://www.uan.edu.co/bioquimica>

UD. (2 de agosto de 2022). *Universidad Distrital Francisco José de Caldas*. Obtenido de Programas de pregrado: https://www.udistrital.edu.co/programas_pregrado

UDCA. (2 de mayo de 2022). *Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales*. Obtenido de Química: <https://www.udca.edu.co/pregrado/quimica/>

UDCA. (5 de abril de 2023). *Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales*. Obtenido de Química Farmacéutica: <https://www.udca.edu.co/pregrado/quimica-farmaceutica/>

ANEXOS

Anexo A. Prueba de entrada

- 1.1. Defina con sus propias palabras lo que entiende por dogma central de la biología molecular:
- 1.2. Lea el siguiente texto y responda las siguientes preguntas:

El concepto de ADN (ácido desoxirribonucleico) tiene que ver con el almacenamiento de datos genéticos que pueden ser determinantes en el comportamiento y rasgos que destacan en los seres humanos y demás organismos, estos heredados de los padres a los hijos, por lo que estos comparten atributos similares. Sin embargo, el ADN no trabaja solo, debido a que el ARN y las proteínas también desempeñan un papel fundamental al momento de determinar el trabajo de las células.

El ADN, es una molécula de doble cadena que codifica las instrucciones genéticas que se utilizan para el desarrollo y funcionamiento de las células en los organismos vivos y muchos virus, siendo una macromolécula especial para la existencia de todos los organismos. La información genética se codifica como una secuencia de cuatro nucleótidos: guanina y adenina (purinas) y timina y citosina (pirimidinas). El ADN tiene como función ser el molde de formación de proteínas y también de almacenar información a largo plazo.

La columna vertebral del ADN se compone de azúcar (desoxirribosa) y un grupo fosfato, del cual el ADN recibe su nombre. Los nucleótidos están unidos al azúcar en una formación especial, La adenina (A), timina (T), citosina (C), y guanina (G), el cual son nucleótidos que siempre forman pares A-T Y G-C a pesar de que se pueden encontrar en cualquier orden en el ADN. La adenina y timina se emparejan para hacer dos puentes de hidrógeno, mientras que la citosina y guanina hacen tres puentes de hidrógeno.

Por su parte, el ARN (ácido ribonucleico) es una molécula de cadena sencilla que desempeña un papel vital en la codificación, decodificación, la regulación y

expresión de los genes. Su estructura es similar al ADN, conformado por tres de los mismos nucleótidos; sin embargo, la timina es reemplazada por el uracilo, por lo cual se aparean las bases nitrogenadas de la siguiente forma: Adenina (A) – Uracilo (U) y Guanina (G) – Citosina (C).

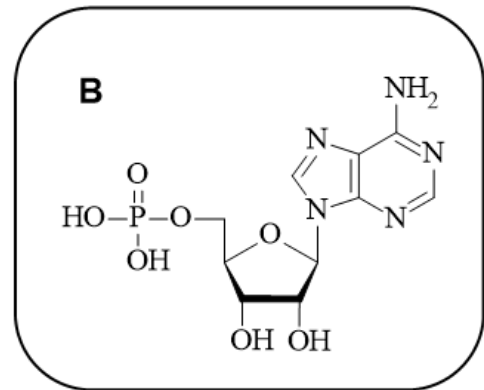
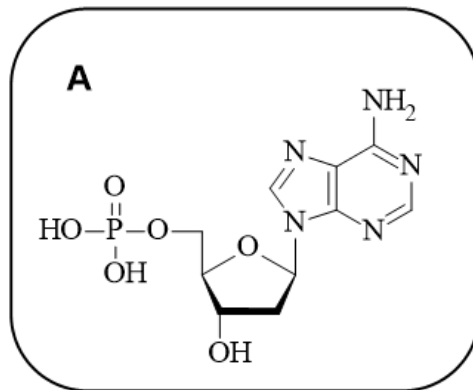
Existen diferentes tipos de ARN: ARN de transferencia (ARNt), ARN mensajero (ARNm), ARN ribosomal (ARNr). Todos realizan funciones diferentes, por ejemplo, el ARNm que utiliza la información del ADN para dirigir como las proteínas deben actuar en el cuerpo. El ARNt es el responsable de la entrega de aminoácidos a los ribosomas, donde el ARNr une los aminoácidos para crear proteínas específicas. Por lo tanto, las proteínas se componen de una combinación de diferentes aminoácidos.

Referencia: "The Genetic Code" de Openstax College

Realice la cadena complementaria de nucleótidos para el siguiente fragmento.

5' GCTGCCGGGACGGGTCCAAGATGGACGGCCGCTCAGG 3'

- 1.3. De las dos siguientes estructuras, identifique cual nucleótido corresponde a la molécula de ARN y la que corresponde al ADN, justifique su respuesta.



- 1.4. Teniendo en cuenta la siguiente tabla, relacione la secuencia de nucleótidos para la obtención de aminoácidos y su respectiva conformación de péptidos o proteínas.

5'GCTGCCGGGACGGGTCCAAGATGGACGGCCGCTCAGGTTCTGCTTTTA
CCTGCGGCCAGAGCCCCATTC3'

Recuerde que la secuencia presentada es de los nucleótidos pertenecientes al ADN, por lo que es necesario generar el respectivo proceso de obtención de ARN.

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

créditos de la imagen: "The Genetic Code" de OpenStax College.

1.5. ¿Tiene conocimientos sobre bioinformática?

Teniendo en cuenta variables como: objeto de estudio, posibles aplicaciones o herramientas.

Si

No

1.6. Si su respuesta a la anterior pregunta fue afirmativa, describa los conocimientos que tiene respecto a la bioinformática. De lo contrario, omita la pregunta.

Anexo B. Respuestas prueba de entrada

ID estudiante	Pregunta 1	Pregunta 2	Pregunta 3	Pregunta 4	Pregunta 5	Pregunta 6
1	Se entiende como biología molecular los procesos microscópicos responsables de la vida y diferentes funciones como verdad absoluta	No sé :(A	No sé	No	
2	Base I centro para que se pueda realizar un estudio	No sé	EI NH2	No sé	No	
3	No tengo la respuesta	3'cgacggccctgccaggtc tacctgccggcgagtcc'5	No se	No se	No	
4	Trabaja lo relacionado con la información genética ADN y ARN	CGACGGCCCTGCCAGGT TCTACCTGCCGGCGAGTCC	No se	No se	Sí	Se utiliza para realizar modelaciones, estructuras, pruebas in vitro, in vivo, in silico
5	Bajo el termino dogma que es única verdad, sería una mirada bajo el cuál se realizan los estudios y/o investigaciones de biología molecular.	No comprendo el valor de los números en la cadena.	A. ADN y B ARN. Cómo el ARN desempeña un papel regular los genes, esto lo puede propiciar la existencia de dos grupos OH en el ciclo, el cuál podría encargarse de las funciones establecidas.	Teniendo en cuenta, que se realiza una transcripción según la secuencia Dada. No sé manejar adecuadamente la tabla para este objetivo	Sí	En clases anteriores utilizamos una herramienta bioinformática la cual brinda la información que se conoce hasta el momento de proteínas descubiertas y sus datos correspondientes.

6	La estructura de la proteína de ADN y ARN	GGACTCGCCGGACGGAT GAACCTGGGCAGGCCGTCG	B ARN y A ADN	Nosé	No	
7	Información genética en relación del ADN Y ARN	CGACGGCCCTGCCAGGT TCTACCTGCCGGCGAGTCC	A ADN base nitrogenado y fosfato y B ARN	No sé.	Sí	Análisis y difusión de datos biológicos, aplicación de herramientas computacionales
8	Dogma hace referencia a una idea o principio del cual parte todo, en este sentido podría decir que es el principio o idea central de la biología molecular	Cgacggccctgccaggtt ctacctgccggcgagtcc	no se, lo siento	no se, lo siento	No	
9	Un problema de investigación	No entiendo la pregunta	A)ADN , B) ARB	No recuerdo	No	
10	Entiendo que debe ser algo por lo que está regida la biología molecular, como una molécula, que rige las formas en esta ciencia	CGAGGCC TGGCCAGG TTCTACCTGC CGGCGAGTCC	B	No entendi	No	
11	Hace referencia a la información genética, la cuál es transmitida y fluye del ADN al ARN	CGACGGCCC TGCCAGGT TCTACCTGCC GGCGAGTCC	No sé	ala, ala, Gly,Thr,Gly,Pro,Arg,trp.... Y lo que sigue	No	Que no
12	No sé	3'CGACGGCC CTGCCAGG TTCTACCTGCC GGCGAGTCC5'	A ADN B ARN	Ala-Ala-Gly-Thr-Gly-Pro- Arg-Arg-Thr-Ala-Ala-Gln- Glu- Gln-Gln-X--Pro- Ala-Ala-Ala-Gln-Ser-Pro-Gln	No	
13	Se refiere al estudio micro y macromolecular de las biomoléculas orgánicas e inorgánicas	CCTTGCCG GACGGTCCC	La primera es ADN puesto que le falta un grupo funcional OH y tiene una	No se	Sí	Herramientas bioinformáticas como psipred y desde la

			base nitrogenada diferente a Uracilo y en el caso del B es el ARN puelto que tiene dos grupos funcionales OH, y la base nitrogenada es un Uracilo			química computacional Avogadro y Gabedit
14	Entiendo que es un principio bajo el cual se rige la biología molecular, quizás algún principio que siempre se deba tener en cuenta en los análisis.	CGACGGCCC TGCCCAGGTT CTACCTGCC GGCGAGTCC	B) nucleotido del ARN y A) nucleotido del ADN	Ala,Ala,Gly, Thr, Gly, Pro,Arg,Try,Thr, Ala,Ala,Gln,Val, Leu,Leu,Leu,Pro ,Ala,Ala,Gln,Ser,Pro,His,Phe	No	
15	Rama principal o principio de la biología.	CGACGGCCC TGCCCAGGT TCTCCTGCC GGCGAGTCC	No estoy segura.	Ala,Ala,Gly,Thr,Gly,Pro, Arg,Try,Thr, Ala, Ala,Gln,Val,Leu, Leu,Leu,Pro,Ala,Ala, Gln,Ser,Pro,His,Phe	No	
16	La biología molecular tiene un diverso campo de estudio, pero su base fundamental es entender y proponer modelos que permitan la comprensión de tópicos sobre las bases nitrogenadas y sus respectivos ácidos ribonucleico y desoxirribonucleico.	5' CGACGGC CCTGCCCAGG TTCTACCTGCC GGCGAGTCC 3'	La forma de identificarlos es mediante el azúcar respectivo, para el caso del ADN, el azúcar respectivo es la desoxirribosa (A) y la ribosa (B) en el caso del ARN	Ala - Ala - Gly - Thr – Gly - Pro - Lys - Met – Asp - Gly - Ala - Ala - Leu – Ser - Gly - Leu – Leu - Tyr - Pro – Ala - Pro – Gln - Ser – Pro - His - Phe	No	
17	La biología molecular es una rama de la biología enfocada en el estudio de las moléculas que conforman los seres vivos y cómo éstas interactúan para	5' CGACGGC CCTGCCCAGGT TCTACCTGCCG GCGAGTCC 3'	B	Ala - Ala - Gly - Thr - Gly – Pro - Lys - Met – Asp - Gly - Ala - Ala - Leu – Ser - Gly - Leu –	No	

	<p>realizar las funciones biológicas. En esta disciplina existen varios dogmas centrales que son fundamentales para comprender los procesos biológicos a nivel molecular:</p> <p>1. El dogma central establece que la información genética fluye del ADN al ARN y luego a las proteínas. Esto significa que el ADN es transcrito en ARN mensajero, que a su vez es traducido a proteínas.</p> <p>2. La replicación del ADN es semiconservativa, es decir, cada hebra de la molécula nueva contiene una hebra original y una recién sintetizada.</p> <p>3. El código genético es universal, lo que significa que el mismo conjunto de codones de tres bases en el ARN mensajero codifica los mismos aminoácidos en todas las especies.</p> <p>4. La traducción del ARN mensajero a proteínas requiere una maquinaria molecular compleja que involucra ribosomas, ARN de transferencia y</p>			<p>Leu - Tyr - Pro - Ala - Pro – Gln - Ser - Pro - His - Phe</p>		
--	--	--	--	--	--	--

	factores de elongación. 5. La regulación génica es esencial para la expresión adecuada de los genes en las células y se lleva a cabo mediante diversos mecanismos, como la regulación transcripcional y post-transcripcional. Estos dogmas centrales han sido establecidos a lo largo de décadas de investigación y son vitales para entender cómo se realizan los procesos biológicos a nivel molecular.					
18	No estoy segura del concepto	3'CGACGGCCTGCCCA GGTTCTACCTGCCG GCGAGTCC 5'	La A corresponde a la molécula de ADN y la B a ARN	3' CGACGGCCCU GCCCAGGUUC UACCUGCCGGCT AGUCCAAGACG AAAAUGGACG CCGGGUCUC GGGGUAAG 5'	No	
19	El dogma central de la biología molecular nos dice que la duplicación de ADN se presenta en siguiendo una serie de procesos organizados que llevan hasta la síntesis de proteínas	3'CGACGGCCTGCCAG GTTCTACCTGCCG GCGAGTCC 5'	A pertenece al ADN ya que como lo indica su nombre (desoxirribosa) solo tiene un grupo hidróxido. Por lo tanto, la opción B corresponde a la ribosa del ARN con sus dos hidroxilos	CGACGGCCCU GCCCAGGUUCUAC CUGCCGGCGAG UCCAAGACGAAA AUGGCCGCCGGG UCUCGGGGUAAG	No	

20	No comprendo	CGACGGCCCTGCCC AGGTTCTACCTGCC GGCGAGTCC	A es ARN y B es ADN	Ala-Ala-Gly-Thr-Gly-Pro- Arg-Trp-Thr-Ala-Ala-Gln- Val- Leu-Leu-Leu-Pro-Ala-Ala- Gln- Ser-Pro-Phe	No	
----	--------------	---	---------------------	---	----	--

Anexo C. Rúbrica de evaluación 1 (actividad 1)

Desempeño		Superior (4.8 - 5.0)	Alto (4.0 - 4.7)	Básico (3.0 - 3.9)	Bajo (1.0 – 2.9)
Criterios	C1	Demuestra coherencia en la extracción de la información.	Demuestra parcialmente coherencia en la extracción de la información.	Casi no demuestra coherencia en la extracción de la información.	No demuestra coherencia en la extracción de la información.
	C2	Describe los síntomas y manifestaciones de la enfermedad de Huntington.	Describe parcialmente los síntomas y manifestaciones de la enfermedad de Huntington.	Describe muy básicamente los síntomas y expresiones de la enfermedad de Huntington.	No describe los síntomas y manifestaciones de la enfermedad de Huntington.
	C3	Identifica detalladamente la mutación genética encargada de la expresión de la enfermedad de Huntington.	Identifica la mutación genética encargada de la expresión de la enfermedad de Huntington.	Demuestra muy someramente la información de la mutación genética encargada de la expresión genética.	No identifica la información relevante a la mutación genética encargada de la expresión de la enfermedad de Huntington.

Anexo D. Rúbrica de evaluación 2 (actividad 2)

Desempeño		Respuesta acertada (5.0)		Respuesta no acertada (1.0)	
Criterio	C1	Identifica la naturaleza de la estructura secundaria de los ácidos nucleicos teniendo en cuenta la base nitrogenada complementaria.		No identifica la naturaleza de la estructura secundaria de los ácidos nucleicos teniendo en cuenta la base nitrogenada complementaria	
	C2	Comprende el proceso de transcripción del ADN generando el ARN correspondiente		No comprende el proceso de transcripción del ADN generando el ARN correspondiente	
	C3	Identifica las zonas activas de traducción del código genético (exón e intrón)		No identifica las zonas activas de traducción del código genético (exón e intrón)	
Desempeño		Superior (4.8 - 5.0)	Alto (4.0 - 4.7)	Básico (3.0 - 3.9)	Bajo (1.0 – 2.9)
Criterio	C4	Comprende el proceso de transcripción y traducción del código genético aplicado en un caso de la vida real con la enfermedad de Huntington	Comprende parcialmente el proceso de transcripción y traducción del código genético aplicado a un caso de la vida real	Casi no comprende el proceso de transcripción y traducción del código genético aplicado a un caso de la vida real con la enfermedad de Huntington	No comprende el proceso de transcripción y traducción del código genético aplicado a un caso de la vida real con la enfermedad de Huntington.

Anexo E. Rúbrica de evaluación 3 (actividad 4)

Desempeño		Superior (4.8 - 5.0)	Alto (4.0 - 4.7)	Básico (3.0 - 3.9)	Bajo (1.0 – 2.9)
Número de conceptos utilizados	C1	Utiliza los 21 conceptos para la realización del mapa conceptual	Utiliza de 18 a 20 conceptos para realizar el mapa conceptual	Utiliza de 12 a 17 conceptos para realizar el mapa conceptual	Utiliza menos de 12 conceptos para realizar el mapa conceptual
Numero de conceptos validos	C2	Sitúa de manera adecuada los 21 conceptos en el mapa conceptual	Sitúa de manera adecuada los 18 a 20 conceptos para realizar el mapa conceptual	Sitúa de manera adecuada los 12 a 17 conceptos para realizar el mapa conceptual	Sitúa de manera adecuada menos de 12 conceptos en el mapa conceptual
Ramificaciones	C3	Se evidencia una ramificación muy alta	Se evidencia una ramificación alta	Se evidencia parcialmente una ramificación coherente	Presenta una ramificación muy baja
Nivel de profundidad	C4	Presenta una muy buena profundidad	Presenta una profundidad aceptable	Casi no presenta profundidad	No presenta profundidad
Estructura jerárquica	C5	El mapa presenta una estructura organizada y clara	Se evidencia parcialmente una jerarquía y orden	Casi no se presenta una jerarquía y orden de los conceptos	No se presenta jerarquía ni orden de los conceptos
Frases de enlace	C6	presenta frase conectora en cada par de conceptos y poseen coherencia	Presenta frase conectora en casi todos los conceptos	Casi no presenta frase conectora entre los conceptos	No presenta frase conectora entre los conceptos

Número de conceptos nuevos	C7	Se evidencia la presencia de al menos 2 conceptos nuevos y se ubican coherentemente	Se evidencia la presencia de al menos 1 concepto nuevo y se encuentra ubicado coherentemente	Se evidencia la presencia de 1 concepto nuevo ubicado en un lugar no adecuado	No se evidencia la presencia de conceptos nuevos
----------------------------	-----------	---	--	---	--

Anexo F. Rúbrica de evaluación prueba de entrada

Desempeño	Superior (4.8 - 5.0)	Alto (4.0 - 4.7)	Básico (3.0 - 3.9)	Bajo (1.0 – 2.9)
Criterio	Menciona el proceso de transcripción y traducción del código genético indicando el inicio desde el ADN, pasando por el ARN y producción de proteína	Menciona el proceso de traducción y transcripción del código genético	Relaciona los conceptos de ADN, AEN y proteína	No reconoce los conceptos relacionados con el proceso de transcripción y traducción del código genético.
Desempeño	Respuesta acertada (5.0)		Respuesta no acertada (1.0)	
Criterio	Identifica la naturaleza de la estructura secundaria de los ácidos nucleicos teniendo en cuenta la base nitrogenada complementaria.		No identifica la naturaleza de la estructura secundaria de los ácidos nucleicos teniendo en cuenta la base nitrogenada complementaria	
	Comprende el proceso de transcripción del ADN generando el ARN correspondiente		No comprende el proceso de transcripción del ADN generando el ARN correspondiente	

Anexo G. Evaluación prueba de entrada

Estudiante	Criterio 1	Criterio 2	Criterio 3
1	3,5	1	1
2	2,5	1	1
3	1	5	1
4	3	5	1
5	3,5	1	1
6	1,5	1	1
7	3	5	1
8	3	5	1
9	1,5	1	1
10	1,5	5	1
11	4	5	5
12	1	5	5
13	1,5	1	1
14	2	5	5
15	1,5	5	5
16	1,5	5	5
17	5	5	5
18	1	5	1
19	4	5	1
20	1	5	5

Anexo H. Evaluación actividad 1

ESTUDIANTE	Grupo	C1	C2	C3
7	1	SUPERIOR	SUPERIOR	SUPERIOR
10				
12				
18	2	ALTO	BÁSICO	BAJO
34				
26	3	BÁSICO	ALTO	BAJO

28				
4	4	BÁSICO	BÁSICO	BAJO
13				
8	5	SUPERIOR	SUPERIOR	BÁSICO
1				
2				
11	6	SUPERIOR	SUPERIOR	SUPERIOR
9				
22				
32	7	-	-	-
29				
24	8	ALTO	ALTO	BAJO
25				
19				

Anexo I. Evaluación actividad 2

GRUPO	ESTUDIANTE	Valoración cualitativa				Valoración cuantitativa			
		C1	C2	C3	C4	C1	C2	C3	C4
1	4	NO	SI	NO	BAJO	1.0	5.0	1.0	2.5
	7								
	9								
2	11	SI	SI	SI	SUPERIOR	5.0	5.0	5.0	5.0
	20								
3	16	-	-	-	-	-	-	-	-
	17								
4	3	SI	SI	NO	BAJO	5.0	5.0	1.0	1.0
	10								
5	5	NO	SI	SI	ALTO	1.0	5.0	5.0	4.7
	1								
	2								

6	8	SI	SI	SI	BÁSICO	5.0	5.0	5.0	1.5
	6								
	13								
7	19	SI	SI	NO	BAJO	5.0	5.0	1.0	1.0
	18								
8	14	SI	SI	SI	SUPERIOR	5.0	5.0	5.0	2.5
	15								
	12								

Anexo J. Evaluación actividad 3

Estudiante	Grupo	respuesta
4	1	carpaína
7		
9		
11	2	carpaína
20		
16	3	-
17		
3	4	Carpaína
10		
5	5	Tetrabenazina
1		
2		
8	6	Carpaína
6		
13		
19	7	-
18		
14	8	Carpaína
15		

12		
----	--	--

Anexo K. Evaluación actividad 4.

Estudiante	Grupo	VALORACIÓN CUALITATIVA							VALORACIÓN CUANTITATIVA PONDERADA
		C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	
4	1	ALTO	ALTO	ALTO	SUPERIOR	ALTO	ALTO	ALTO	4.43
7									4.43
9									4.43
11	2	BAJO	BAJO	BAJO	BAJO	BAJO	BAJO	BAJO	1.95
20									1.95
16	3	-	-	-	-	-	-	-	-
17									-
3	4	-	-	-	-	-	-	-	-
10									-
5	5	-	-	-	-	-	-	-	-
1									-
2									-
8	6	SUPERIOR	ALTO	BÁSICO	BÁSICO	ALTO	ALTO	SUPERIOR	4.25
6									4.25
13									4.25
19	7	-	-	-	-	-	-	-	-
18									-
14	8	SUPERIOR	ALTO	BÁSICO	BÁSICO	ALTO	BÁSICO	ALTO	4.04
15									4.04
12									4.04

Anexo L. Caracterización cuantitativa de la semilla de papaya (Carica papaya L.)

Parámetro	Porcentaje %
Humedad	4.05
Cenizas	7.00

Hierro	0.00
--------	------

Anexo M. Rendimiento de extractos

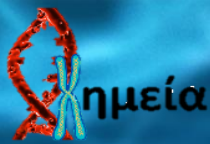
Muestra	Solvente		
	Muestra 1	n-hexano E1	Acetato de etilo E2
27.41%		11.94%	4.61%
Muestra 2	Acetato de etilo E4	Etanol E5	-
	25.59%	14.3%	-

Anexo N. Caracterización fitoquímica

Metabolito		Resultado	Evidencia
<i>Flavonoides</i>		<i>No detectado</i>	
<i>Alcaloides</i>	<i>Dragendorff</i>	<i>Detectado</i>	
	<i>Mayer</i>	<i>Detectado</i>	
	<i>Wagner</i>	<i>Detectado</i>	
<i>Saponinas</i>		<i>Detectado en extracto polar</i>	
<i>Taninos</i>		<i>No detectado</i>	
<i>Aminoácidos libres</i>		<i>No detectado</i>	
<i>Azucares reductores</i>		<i>No detectado</i>	
<i>Carbohidratos</i>		<i>Detectado</i>	
<i>Cumarinas</i>		<i>No detectado</i>	



ACS
Chemistry for Life®

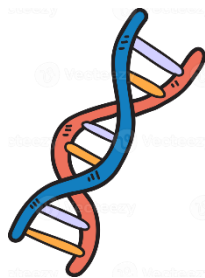


UNIVERSIDAD PEDAGOGICA
NACIONAL
Educadora de educadores

PROGRAMA GUÍA DE ACTIVIDADES

DOGMA CENTRAL DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR Y HERRAMIENTAS BIOINFORMÁTICAS

JEFERSON MORA



Unidad 1

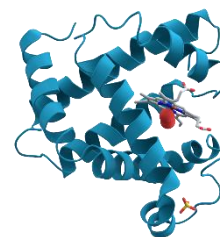
Estructura de los ácidos nucleicos:

- Ácido desoxirribonucleico
- Ácido ribonucleico

Dogma central de la biología molecular:

- Transcripción
- Traducción

Unidad 2



Unidad 3

Bases de datos y herramientas bioinformáticas

- Uso de bases de datos
- Uso de herramientas bioinformáticas

Tratamiento a la enfermedad de Huntington

- Docking molecular
- Propiedades farmacológicas

Unidad 4



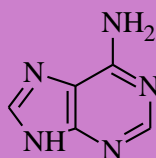
Unidad 1

Ácido desoxirribonucleico ADN

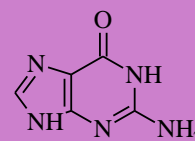
Los ácidos nucleicos Como el ADN son polisacáridos fosforilados en forma de polímeros de nucleótidos, las cuales están unidos por enlaces covalentes de tipo éster.

BASES NITROGENADAS

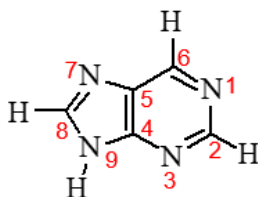
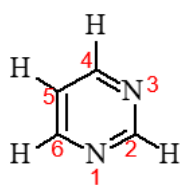
Son moléculas orgánicas constituidas por nitrógeno. En el código genético, estas bases están divididas en dos grupos, el primer grupo hace referencias a las pirimidinas que contienen un solo ciclo y las purinas que contienen dos ciclos contiguos.



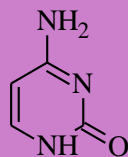
Adenina



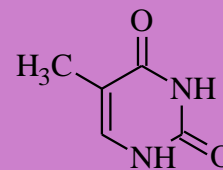
Guanina



PIRIMIDINAS



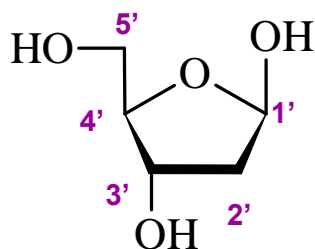
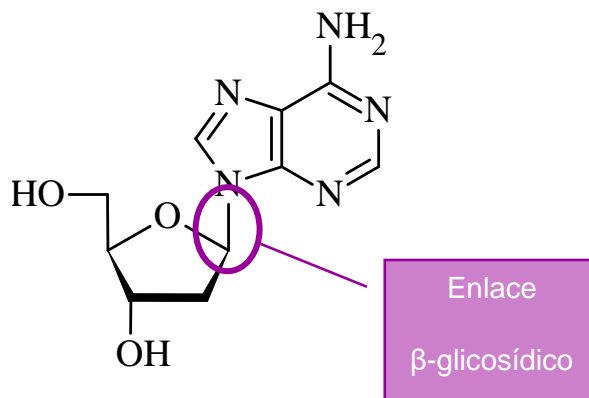
Citosina



Timina

NUCLEOSIDOS

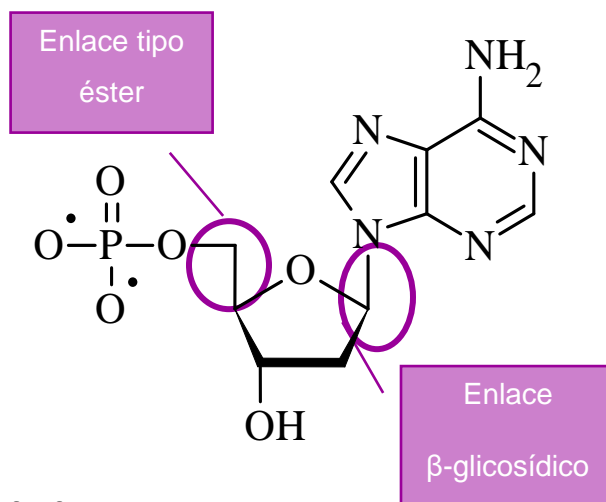
NOMENCLATURA	
BASE	NUNLEÓSIDO
Adenina	Desoxiadenosina
Guanina	Desoxiguanosina
Citosina	Desoxicitidina
Timina	Desoxitimidina



Es una molécula constituida por una desoxirribosa y una base nitrogenada (adenina, Guanina, Timina o Citosina) unidas por un enlace β -glicosídico.

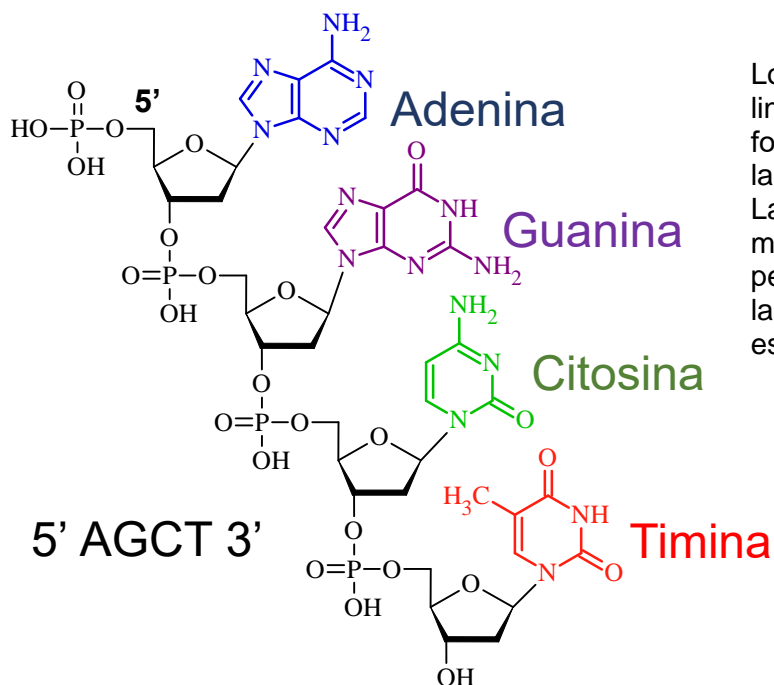
NUCLEÓTIDO

NOMENCLATURA	
BASE	NUCLEÓTIDO
Adenina	Desoxiadenosin (mono, di, tri)fosfato
Guanina	Desoxiguanosin (mono, di, tri)fosfato
Citosina	Desoxicitidin (mono, di, tri)fosfato
Timina	Desoxitimidin (mono, di, tri)fosfato



Es una molécula consolidada por un fosfato unido por un enlace tipo éster con la desoxirribosa y de la misma manera, el azúcar está unida a una base nitrogenada.

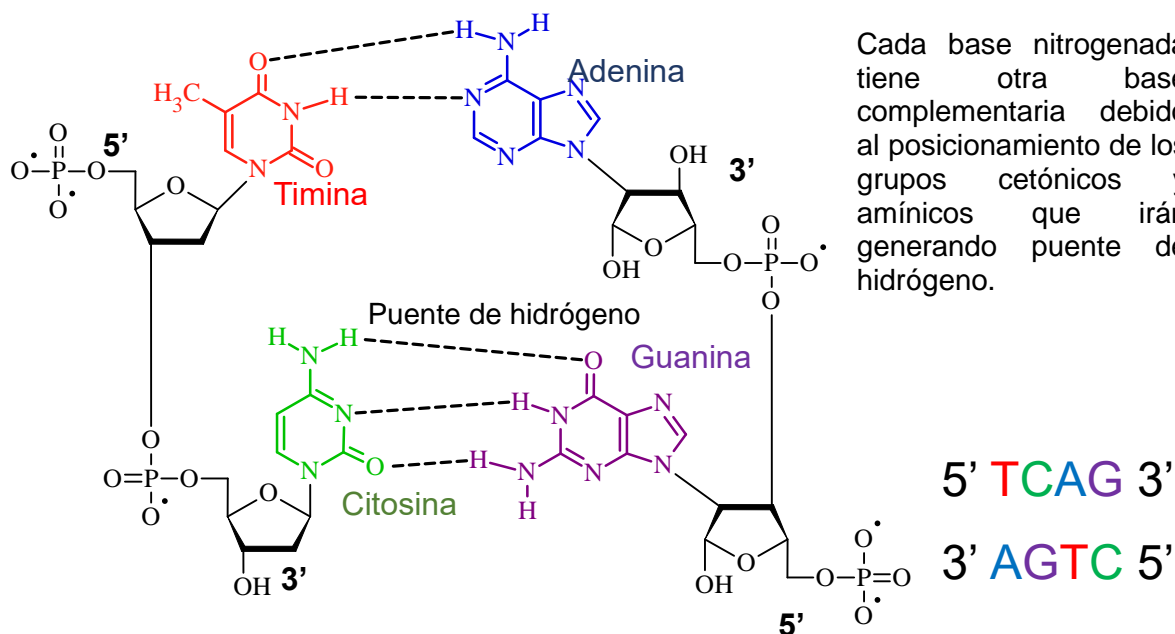
ESTRUCTURA PRIMARIA



Los ácidos nucleicos son polímeros lineales de nucleótidos unidos por enlace fosfodiéster entre las posiciones 3' y 5' de la pentosa.

La columna vertebral de esta macromolécula está centrada en la pentosa y en el grupo fosfato, por otro lado, el orden de las bases nitrogenadas establece la codificación de los genes.

ESTRUCTURA SECUNDARIA

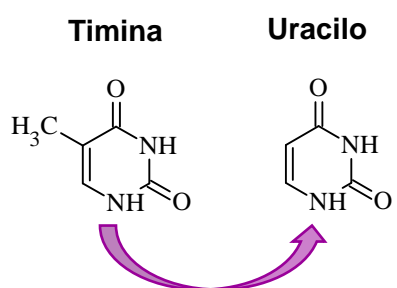


Cada base nitrogenada tiene otra base complementaria debido al posicionamiento de los grupos cetónicos y amínicos que irán generando puente de hidrógeno.

Ácido ribonucleico

Los ácidos nucleicos como el ADN son polisacáridos fosforilados o fofolisacaridos en forma de polímeros de nucleótidos, las cuales están unidos por enlaces covalentes de tipo éster.

BASES NITROGENADAS



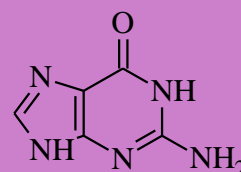
En la molécula de ARN se cambia la timina por el uracilo

Son moléculas orgánicas constituidas por nitrógeno. En el código genético, estas bases están divididas en dos grupos, el primer grupo hace referencias a las pirimidinas que contienen un solo ciclo y las purinas que contienen dos ciclos contiguos.

PURINAS

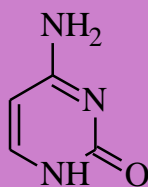


Adenina

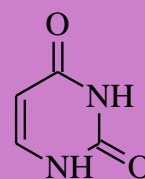


Guanina

PIRIMIDINAS

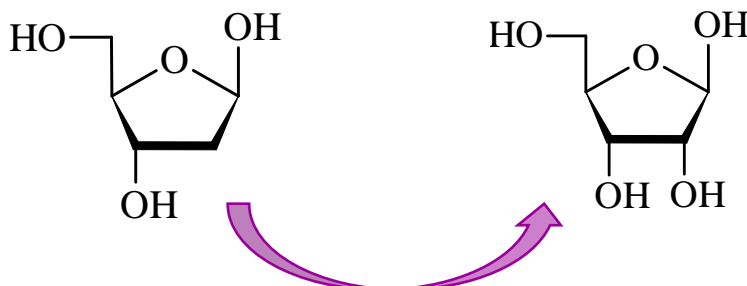


Citosina

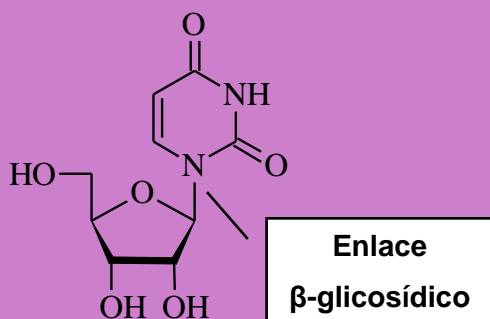


Uracilo

NUCLEÓSIDOS Y NUCLEOTIDOS

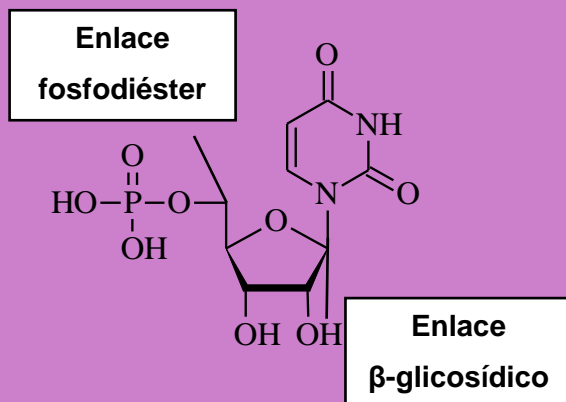


Nucleósido



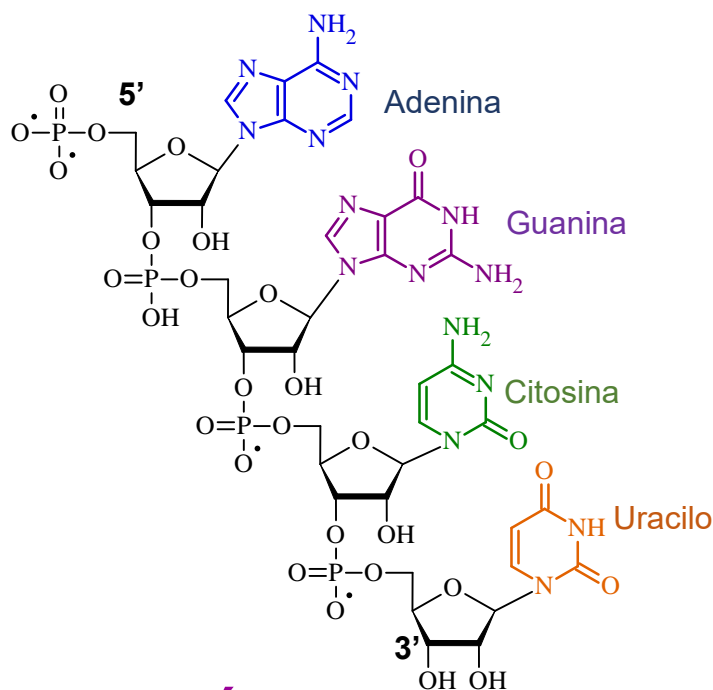
El nucleósido está constituido por una ribosa y una base nitrogenada, ya sea Adenina, Guanina, Citosina o Uracilo y estos unidos por un enlace β -glicosídico.

Nucleótido

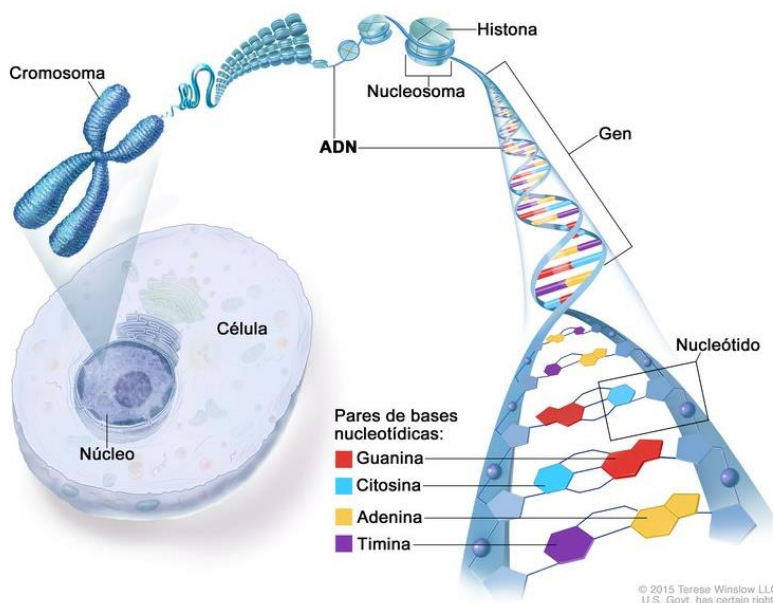


El nucleótido está constituido por una ribosa, una base nitrogenada, ya sea Adenina, Guanina, Citosina o Uracilo, estas dos moléculas unidas por un enlace β -glicosídico, y por grupos fosfatos, estos unidos a la ribosa por enlace fosfodiéster.

NUCLEÓSIDOS Y NUCLEOTIDOS



NUCLEÓSIDOS Y NUCLEOTIDOS

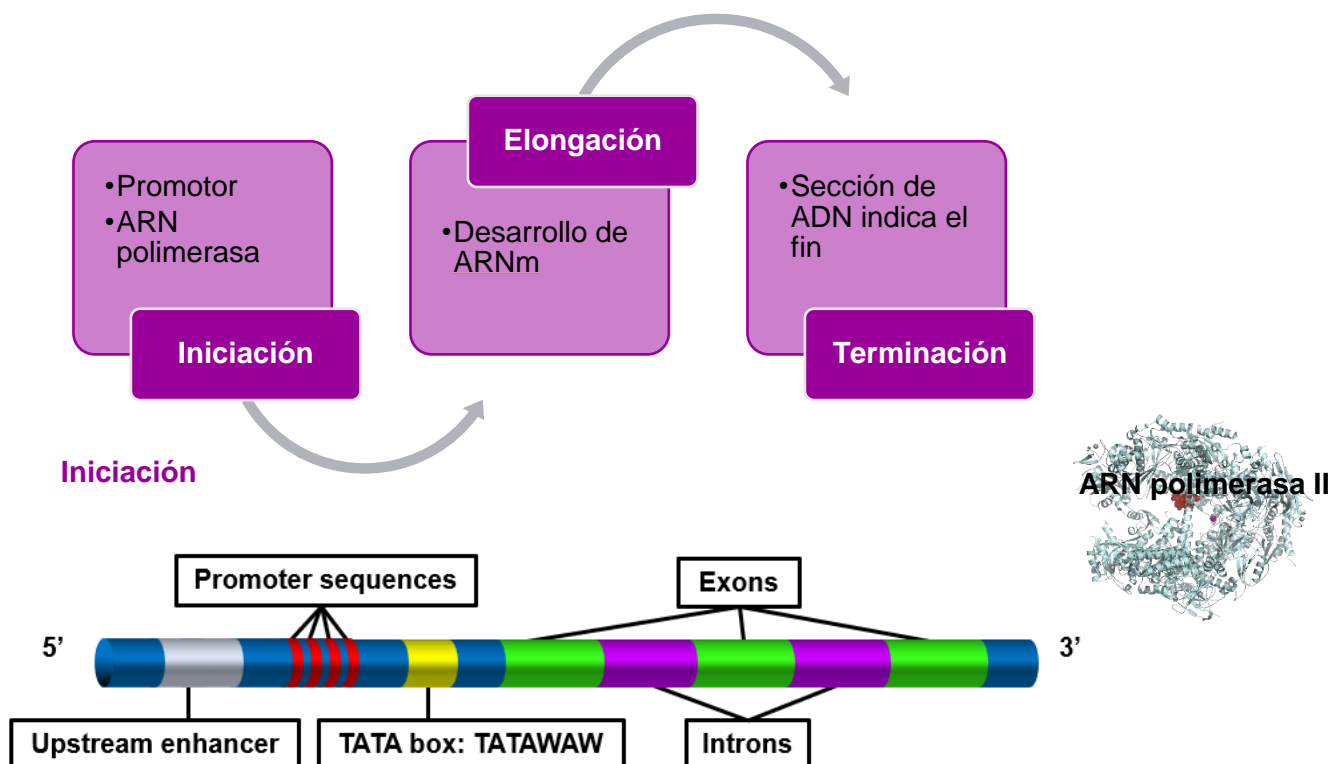


Fuente: NCBI

Unidad 2

TRANSCRIPCIÓN

Es el proceso en el cual un complejo de enzimas y proteínas se establecen en una región específica del ADN (GEN), donde tomará la información genética para ser replicada. Este GEN contiene información que da como producto el ácido ribonucleico mensajero (ARNm), lo que posteriormente en el ribosoma se convertirá en proteína.

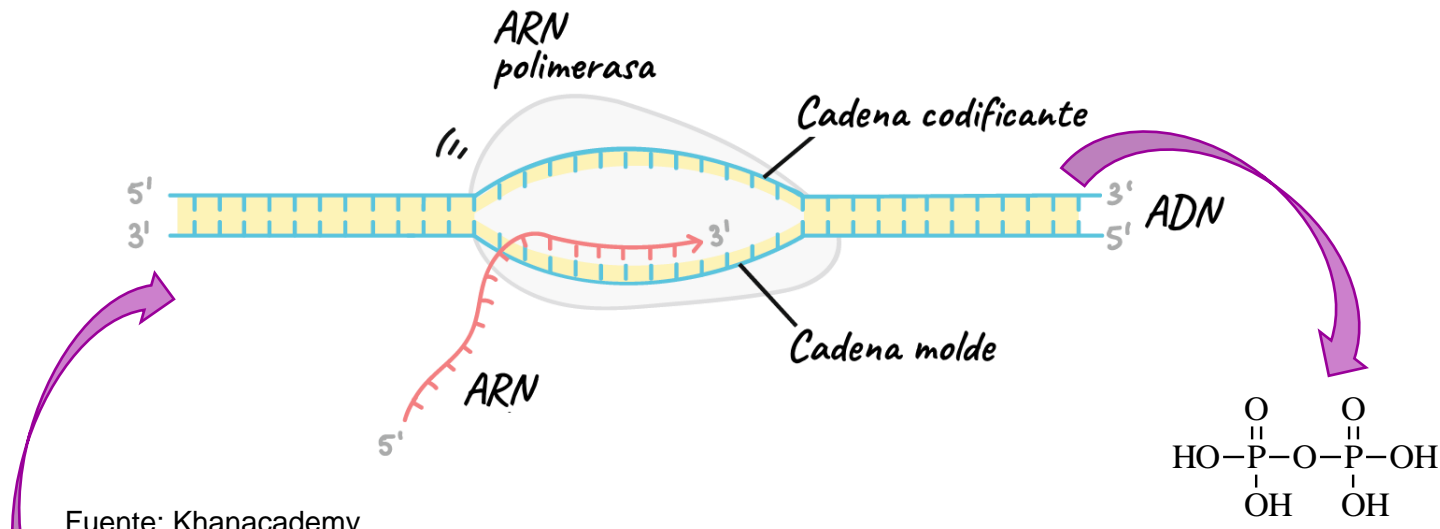


Fuente: Luttysar (2017)

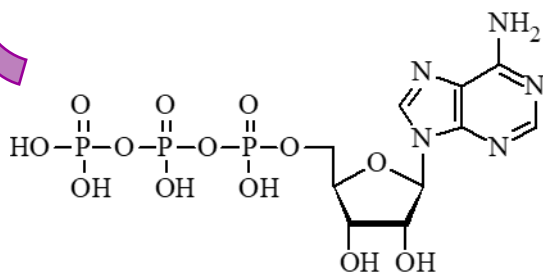
Complejo de iniciación:

Es una serie de enzimas que se encargan de realizar una actividad en particular.
 Helicasa: rompe los puentes de hidrógeno entre los pares de la doble hélice.
 Factores de transcripción como TFIIID (transcription factor II D), TBP (TATA binding protein)

Elongación



Fuente: Khanacademy



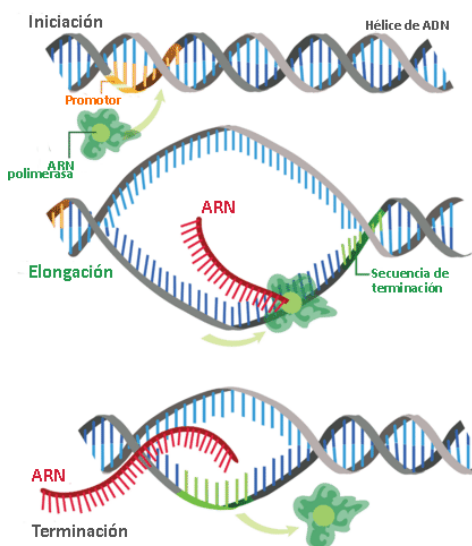
Nucleótidos **ATP**, **GTP**, **CTP** y **UTF**

Se acoplan con ayuda de la ARN polimerasa

Es el acoplamiento de nucleótidos en la cadena complementaria, es decir, la cadena con sentido 3' a 5' generando la molécula de ARN, esto por medio de la enzima ARN polimerasa.

El ARN se forma en el sentido 5' a 3'

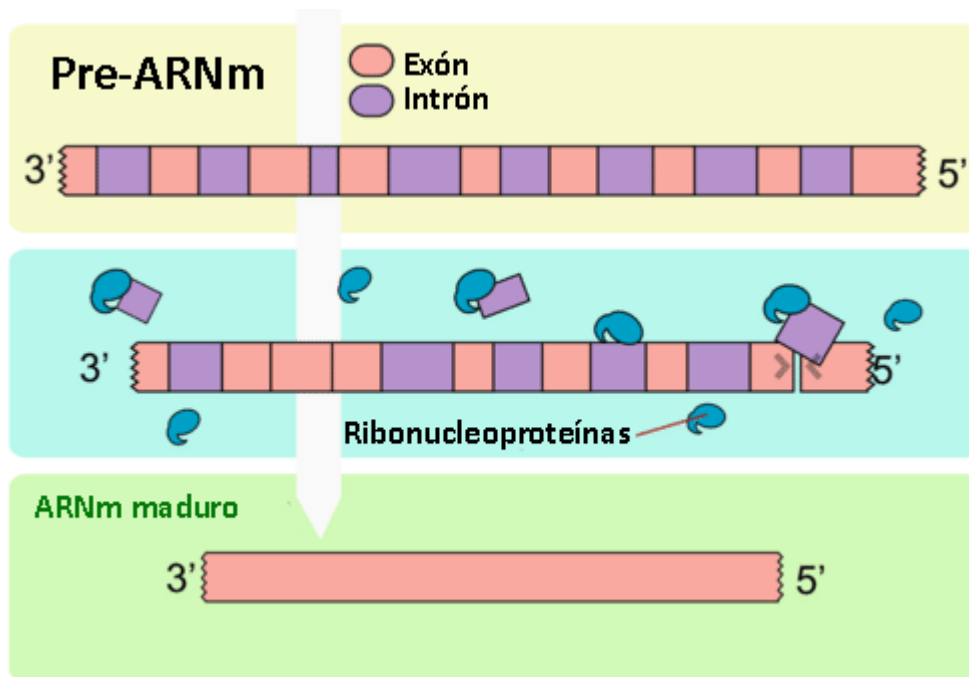
Terminación



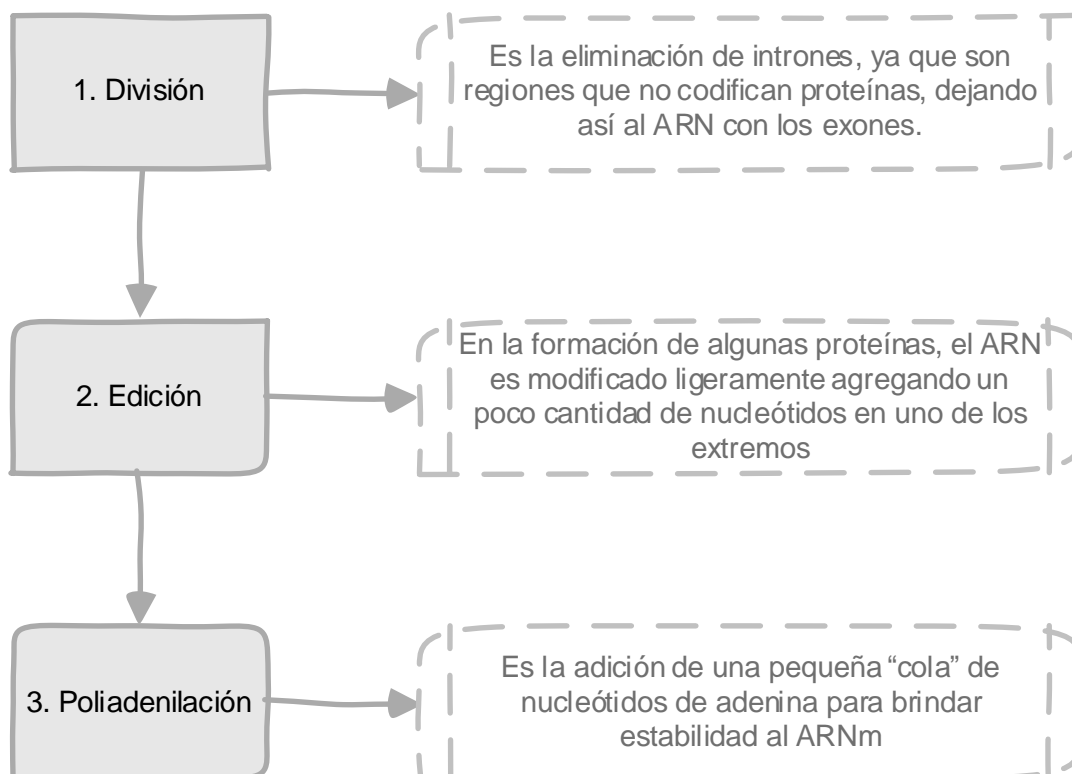
Cuando la ARN polimerasa cruza por una secuencia específica de la cadena de ADN, esta termina el proceso de producción de ARN y separa la hebra desarrollada del ADN.

Fuente: Ruiz M. (2021)

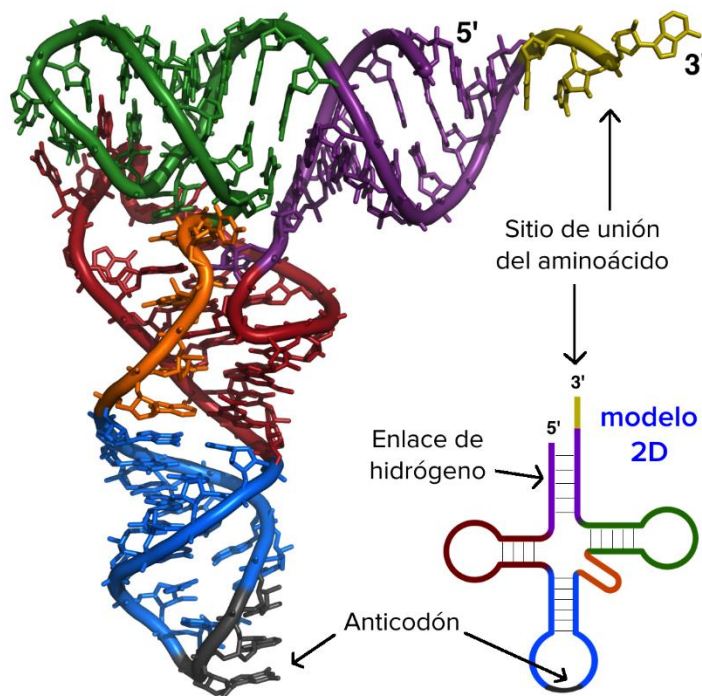
PROCESAMIENTO DEL ARNm



Fuente: Villareal (2015)

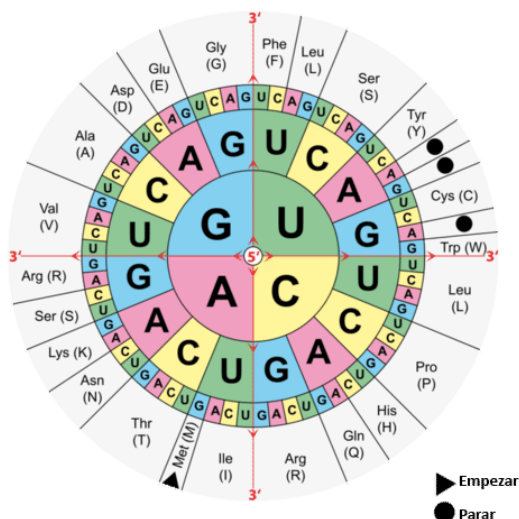
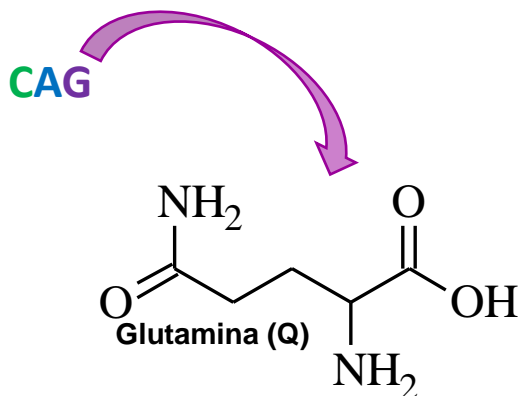
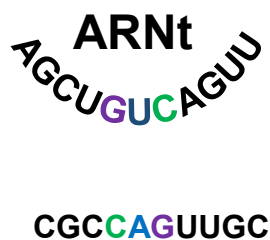


TRADUCCIÓN



El responsable de la codificación o cambio de información tipo base nitrogenada a aminoácidos es el ácido ribonucleico de transferencia (ARNt), el cual es el responsable de identificar las tripletas de bases nitrogenadas (codones) provenientes del ARNm.

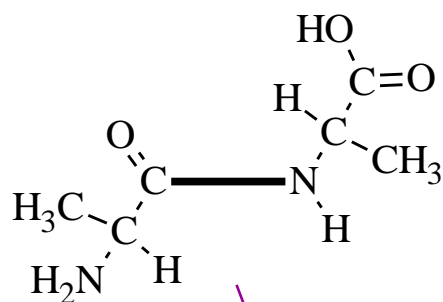
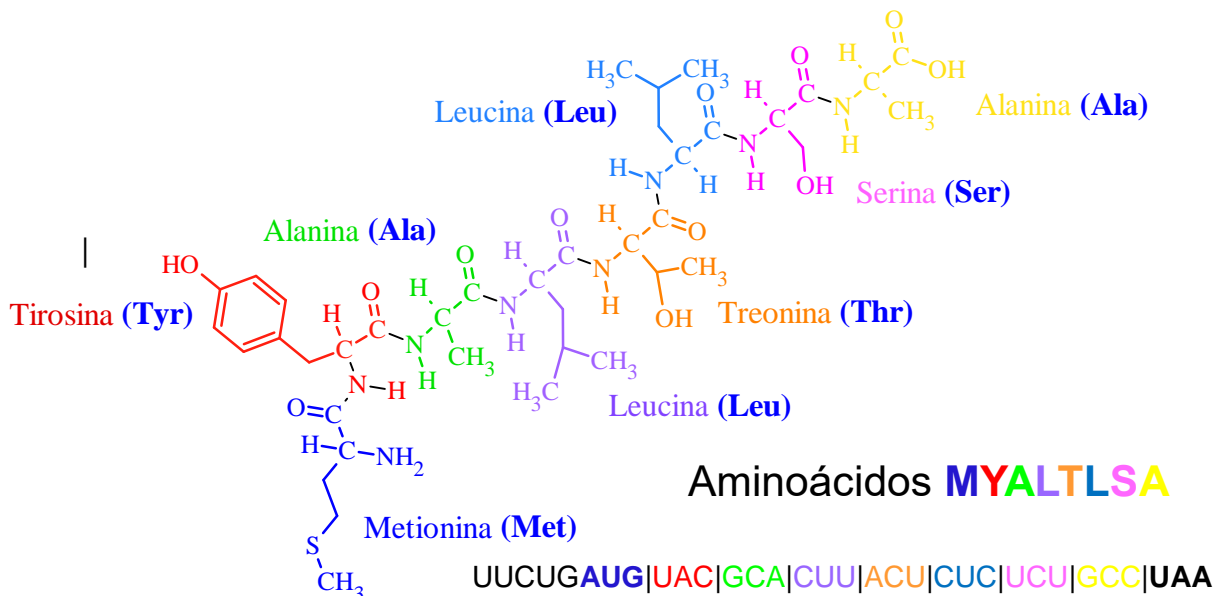
Existen distintos tipos de ARNt, dependiendo del codón, este trae en el Extremo 3' el aminoácido.



El codón de inicio siempre será AUG y hay 3 codones que identifican la terminación del proceso de tracción.

La lectura del esquema es desde el centro hacia la periferia.

Ejemplo de traducción

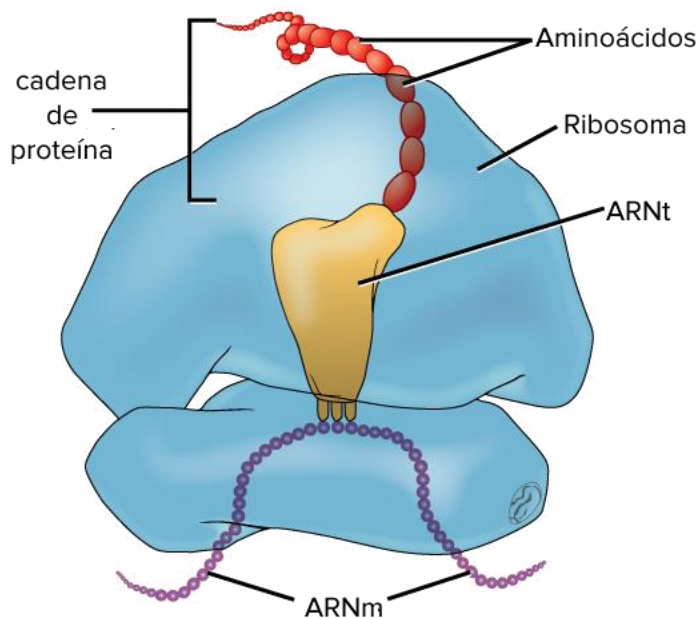


Enlace
peptídico

El ARNr se encarga de generar el enlace peptídico permitiendo la unión de los aminoácidos formando los polipéptidos

ARNr

R: ribosomal

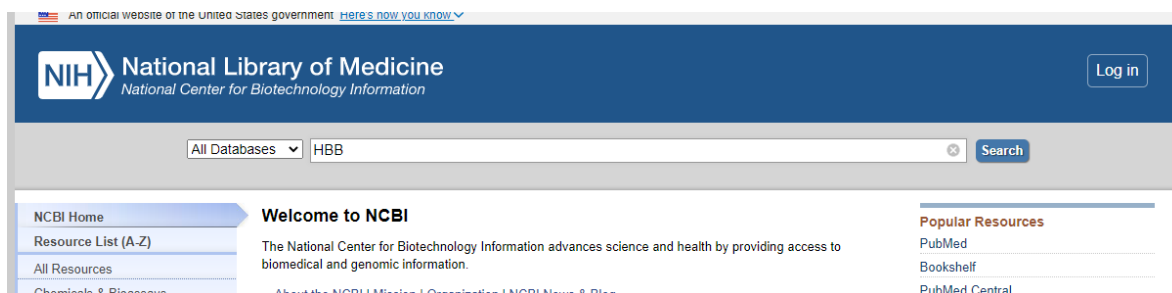
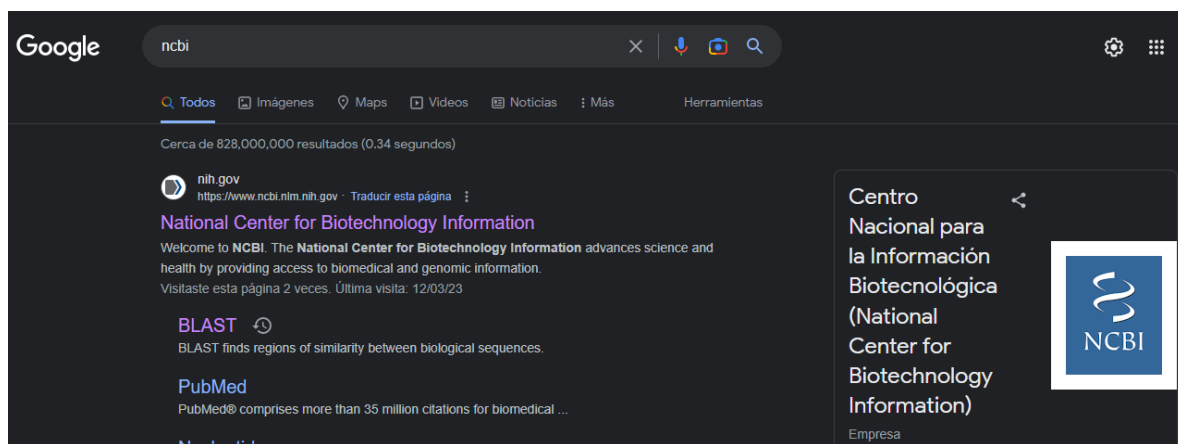


Unidad 3

Uso base de datos NCBI (National Center for Biotechnology Information)

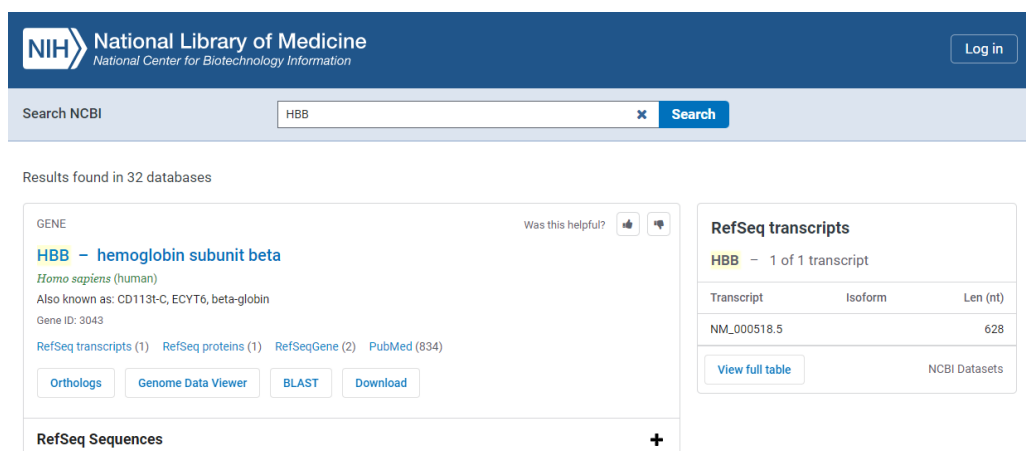
ES una plataforma enfocada en la recolección y almacenamiento de datos de origen biológico y químico, en este sitio web se pueden encontrar secuencias de nucleótidos pertenecientes a los ácidos nucleicos; aminoácidos pertenecientes a formación de proteínas y una extensión llamada Pubchem encargada del almacenamiento de moléculas orgánicas.

Escribir en el buscador “ncbi” e ingresar en la primera página.



Escribir en la sección dispuesta para buscar el gen o tema de interés, en este caso, buscaremos la proteína hemoglobina subunidad beta (HBB) y le damos en “Search”

Como respuesta, la base de datos indica que encontró la secuencia del gen que codifica la proteína Hemoglobina. Ingresamos en la opción “HBB-hemoglobin subunit beta”.



HBB hemoglobin subunit beta [*Homo sapiens* (human)]

Gene ID: 3043, updated on 29-Mar-2023

Summary

Official Symbol HBB provided by HGNC
Official Full Name hemoglobin subunit beta provided by HGNC
Primary source HGNC:HGNC:4827
See related [Ensembl:ENSG00000244734](#) [MIM:141900](#) [AllianceGenome:HGNC:4827](#)
Gene type protein coding
RefSeq status REVIEWED
Organism [Homo sapiens](#)
Lineage Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontariida; Hominidae; Homo; Homininae; Hominini; Catarrhini; Hominidae; Homo
Also known as ECTY6; CD113t-C; beta-globin
Summary The alpha (HBA) and beta (HBB) loci determine the structure of the 2 types of polypeptide chains in adult hemoglobin, Hb A. The normal adult hemoglobin tetramer consists of two alpha chains and two beta chains. Mutant beta globin causes sickle cell anemia. Absence of beta chain causes beta-zero-thalassemia. Reduced amounts of detectable beta globin causes beta-plus-thalassemia. The order of the genes in the beta-globin cluster is 5'-epsilon - gamma-G - gamma-A - delta - beta-3'. [provided by RefSeq, Jul 2008]

Orthologs

[Try the new Gene table](#)
[Try the new Transcript table](#)

Location: 11p15.4
 HBB_datasets (1).zip

Download Datasets

Gene Sequences (FASTA)
 Transcript sequences (FASTA)
 Protein sequences (FASTA)

In addition, your package will include a detailed data report in both TSV and JSONL formats.

File name

Table of contents

Summary

En la parte inicial se encuentra toda la información relevante a la secuencia de la secuencia del gen, la procedencia, entre otras. **Vamos a descargar la secuencia de ADN, ARN y proteína para ser usada más adelante.**

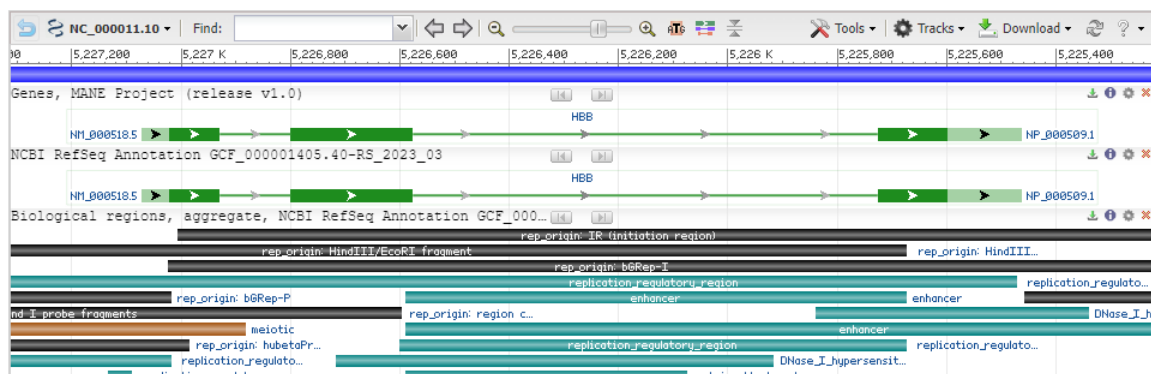
La sección que será de mayor importancia para el desarrollo de actividades “genomic region, transcript, and products”, ya que es la sección donde se podrá visualizar la secuencia de nucleótidos.

Genomic regions, transcripts, and products

Go to [reference sequence details](#)

Genomic Sequence: [NC_000011.10](#) [Chromosome 11 Reference GRCh38.p14 Primary Assembly](#)

Go to nucleotide: [Graphics](#) [FASTA](#) [GenBank](#)



Genomic context

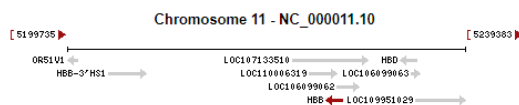
Location: 11p15.4

Exon count: 3

Annotation release	Status	Assembly	Chr	Location
RS_2023_03	current	GRCh38.p14 (GCF_000001405.40)	11	NC_000011.10 (5225464..5227071, complement)
RS_2023_03	current	T2T-CHM13v2.0 (GCF_009914755.1)	11	NC_060935.1 (5284832..5286439, complement)
105.20220307	previous assembly	GRCh37.p13 (GCF_000001405.25)	11	NC_000011.9 (5246694..5248301, complement)

[See HBB in Genome Data Viewer](#)

Vamos a ingresar al visualizador del genoma. En esta sección se encuentra información importante de ubicación y código del gen





Genome Data Viewer

Homo sapiens (human)

Assembly: GRCh38.p14 (GCF_000001405.40) • Chr 11 (NC_000011.10)

Search assembly: Location, gene or phenotype

NC_000011.10: 5,226,245 - 5,226,289

Gene: HBB Transcript: NM_000518.5

Region: HBB

5,226,250 5,226,260 5,226,270 5,226,280

A T G T A C T A G G C A G A C T G T G T A A A G T T T T T T A A G T T A C T T A C T T A A T

T A C A T G T A C C G T C T G A C A C A T T T C A A A A A A A A A T T C A A T G A A T T A

Genes, MANE Project (release v1.0)

NCBI RefSeq Annotation GCF_000001405.40-RS_2023_03

Biological regions, aggregate, NCBI RefSeq Annotation GCF_000001405...

rep_origin: IS limitation_region
rep_origin: HindIII/EcoRI fragment
rep_origin: bRep-1
replication:regulatory_region
enhancer
replication:regulatory_region
enhancer
DNase_I_hypersensitive_site
matrix:attachment_region
replication:regulato... replication:regulatory_region

Nombre	Fecha de modificación	Tipo	Tamaño
data_report.jsonl	5/04/2023 12:56 a. m.	Archivo JSONL	3 KB
data_table.tsv	5/04/2023 12:56 a. m.	Archivo TSV	1 KB
dataset_catalog.json	5/04/2023 12:56 a. m.	Archivo JSON	1 KB
gene.fna	5/04/2023 12:56 a. m.	Archivo FNA	4 KB
protein.faa	5/04/2023 12:56 a. m.	Archivo FAA	1 KB
rna.fna	5/04/2023 12:56 a. m.	Archivo FNA	1 KB

Ahora, vamos a trabajar con las secuencias de la base de datos NCBI, nos dirigimos a la carpeta de descargas del computador, posteriormente, extraemos el archivo con la opción "extraer aquí".

El archivo que será de nuestro interés es la carpeta con el nombre "ncbi_dataset", por lo tanto, abrimos tal carpeta, seguido abrimos la siguiente carpeta con el nombre "data" y por último aparecerán todas las secuencias.

gene.fna: Bloc de notas

Archivo Edición Formato Ver Ayuda

```
>NC_000011.10:c5227071-5225464 HBB [organism=Homo sapiens] [GeneID=3043] [chromosome=11]
ACATTTGCTTCGACACAACGTGTTCTACAGCAACCTCAAACAGACACCATGGTGCATCTGACTCCTGA
GGAGAAGCTCGCCGTACTGCCCTGTGGGCAAGGTGAACGTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGC
AGGTTGGTATCAAGGTTACAAGACAGGTTAAGGAGACCAATAGAAACTGGGCATGTGGAGACAGAGAAG
ACTCTTGGGTTTCGATAGGCACCTGACTCTCTCGCCTATTGGTCTATTTCCACCCTTAGGCTGCTGG
TGGTCTACCTTGGACCAGAGGTTCTTGGAGTCTTTGGGATCTGTCCACTCCTGATGCTGTTATGGG
CAACCTCAAGGTGAAGGCTCATGGCAAGAAAGTGCCTGGTGCCTTTAGTGATGGCTGGCTCACCCTGGAC
AACCTCAAGGGCACCTTGGCCACACTGAGTGAGCTGCACTGTGACAAGCTGCACGTGGATCCTGAGAACT
TCAGGGTGAGCTATGGGACGCTTATGATGTTTTCTTTCCCTTCTTTTATGGTTAAGTTCATGTCATAG
GAAGGGGATAAGTAACAGGGTACAGTTAGAATGGGAAACAGACGAATGATTCATCAGTGTGGAAAGTCT
CAGGATCGTTTTGATTTCTTTATTTGCTGTTCAACAATGTTTTCTTTGTTAATTCTTGCTTTCT
TTTTTTTCTCTCCGCAATTTTACTATTATACCTAATGCCTTAACATTTGATGATAACAAAAGGAATA
TCTCTGAGATACATTAAGTAACTTAAAAAAAACCTTACACAGTCTGCCAGTACACTATTGGAAT
ATATGTGCTCTATTGTCATATCATAATCTCCCTACTTTATTTCTTTTATTTTAAATGATACATAAT
CATTATACATATTTATGGTTAAAGTGAATGTTTAAATATGTGACACATATTGACCAATCAGGGTAA|
TTTTGCAATTTGAATTTAAAAAATGCTTTCTTTTAAATATACTTTTTGTTATCTTATTTCTAATA
CTTTCCCTAATCTCTTTCTTCAGGCAATAATGATAAATGATCATGCCTTTTGCACCATTCTAAG
AATAACAGTGATAATTTCTGGGTTAAGGCAATAGCAATATCTCGATATAAATATTTCTCATATAAAT
TGTAAGTGAATGAAGAGTTTCATATGCTAATAGCAGCTACAATCCAGCTACCATTCTGCTTTATTTT
ATGCTTGGGATAAGGCTGATTATTTCTGAGTCCAAGCTAGGCCCTTTTGCCTAATCATGTTCAACTCTT
ATCTTCTCCACAGCTCCTGGCAACGTGCTGGTCTGTGTGCTGGCCATCATCTTTGGCAAAGAAATCA
CCCACCAAGTGCAGGCTGCCTATCAGAAAGTGGTGGCTGGTGGCTAATGCCCTGGCCACAAGTATCA
CTAAGCTCGCTTCTGCTGCAATTTCTATTAAGGTTCTTTGTTCCCTAAGTCCAACACTACTAACT
GGGGATATTTAAGGGCCTTGAACATCTGGATTCGCCTAATAAAAAACATTTATTTTCAATTCAGAA
>NC_060935.1:c5286439-5284832 HBB [organism=Homo sapiens] [GeneID=3043] [chromosome=11]
ACATTTGCTTCGACACAACGTGTTCTACAGCAACCTCAAACAGACACCATGGTGCATCTGACTCCTGA
GGAGAAGCTCGCCGTACTGCCCTGTGGGCAAGGTGAACGTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGC
AGGTTGGTATCAAGGTTACAAGACAGGTTAAGGAGACCAATAGAAACTGGGCATGTGGAGACAGAGAAG
ACTCTTGGGTTTCGATAGGCACCTGACTCTCTCGCCTATTGGTCTATTTCCACCCTTAGGCTGCTGG
```



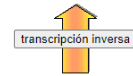
Herramienta de Transcripción y Traducción

Convierte secuencias de DNA a RNA y de éste a proteína.

DNA (deoxyribonucleic acid;
ácido desoxirribonucleico o ADN)

- copia permanente de la información genética
- usa "T" en lugar de "U"
- sin grupo 2' OH
- más estable que el RNA
- menor frecuencia de error durante la replicación que el RNA

secuencia de DNA:



RNA (ribonucleic acid;
ácido ribonucleico o ARN)

- el RNA mensajero (mRNA) es una copia temporal de la secuencia del gen en la cual está codificada la proteína.

secuencia de RNA:

Vamos a copiar y pegar el código genético de la base de datos en la sección de "Secuencia de DNA" en la herramienta y le damos en "Transcripción".

<https://biomodel.uah.es/lab/cibertorio/analysis/trans.htm>

```

ACATTTGCTTCTGACACAACCTGTGTTCACTAGCAACCTCAAACAGACACCATGGTGCATCTGACTCCTGAGGAGAAGTCTGCCGTT
ACTGCCCTGTGGGGCAAGGTGAACGTGGATGAAGTTGGTGGTGAGGCCCTGGGCAGGTTGGTATCAAGGTTACAAGACAGGTTT
AAGGAGACCAATAGAAACTGGGCATGTGGAGACAGAGAAGACTCTTGGGTTTCTGATAGGCACTGACTCTCTCTGCCTATTGGTC
TATTTTCCACCCCTTAGGCTGCTGGTGGTCTACCCCTGGACCCAGAGGTTCTTTGAGTCCCTTTGGGGATCTGTCCACTCCTGATG
CTGTTATGGGCAACCCTAAGGTGAAGGCTCATGGCAAGAAAGTCTCGGTGCCTTTAGTGATGGCTCACCTACCTGGACAACC
TCAAGGGCACCTTTGCCACACTGAGTGAGCTGCATGTGACAAGCTGCACGTGGATCCTGAGAACCTCAGGGTGAGTCTATGGG
ACGCTTGATGTTTTCTTTCCCTTCTTTTCTATGGTTAAGTTCATGTGCATAGGAAGGGGATAAGTAACAGGGGTACAGTTTAGAATGG
GAAACAGACGAATGATTGCATCAGTGTGGAAGTCTCAGGATCGTTTTAGTTTCTTTTATTTGCTGTTTATAACAATTGTTTTCTTTG
TTTAATTCTTGCTTTCTTTTTTTTTCTTCTCCGCAATTTTTACTATTATACTTAATGCCTTAACATTGTGTATAACAAAAGGAAATATCT
CTGAGATACATTAAGTAACHTAAAAAAAACHTTTACACAGTCTGCCTAGTACATTACTATTTGGAATATATGTGTGCTTATTTGCATA
TTCATAATCTCCCTACTTTATTTTTCTTTTATTTTTAATTGATACATAATCATTATACATATTTATGGGTTAAAGTGTAATGTTTTAATAT
GTGTACACATATTGACCAAACTCAGGGTAATTTGCATTTGTAATTTAAAAAATGCTTCTTCTTTTAAATATACTTTTTGTTTTATCTTA
TTTTAATACTTTCCCTAATCTCTTTTTCAGGGCAATAATGATAAATGTATCATGCCTCTTTGACCACTTTAAAGAATAACAGT
GATAATTTCTGGGTTAAGGCAATAGCAATATCTCTGCATATAAATATTTCTGCATATAAATTGTAACCTGATGTAAGAGGTTTCATATT
GCTAATAGCAGCTACAATCCAGCTACCATTCTGCTTTTTATTTTATGGTTGGGATAAGGCTGGATTATTCTGAGTCCAAGCTAGGCC
CTTTTGCTAATCATGTTTACACCTCTTATCTTCTCCACAGCTCCTGGGCAACGTGCTGGTCTGTGTGCTGGCCCATCACTTTGG
CAAAGAATTCACCCACAGTGCAGGCTGCCTATCAGAAAGTGGTGGCTGGTGTGGCTAATGCCCTGGCCACAAGTATCACTAA
GCTCGCTTTCTTGCTGTCCAATTTCTATTAAGGTTCTTTGTTCCCTAAGTCCAACHTAAACTGGGGGATATTATGAAGGGCCT
TGAGCATCTGGATTCTGCCTAATAAAAAACATTTATTTTCATTGCAA

```

```

ACAUUUGCUUCUGACACAACUGUGUUCACUAGCAACCUCAAACAGACACCAUGGUGCAUCUGACUCCUGAGGAGAAGUCUGCC
GUUACUGCCCUGUGGGGCAAGGUGAACGUGGAUGAAGUUGGUGGUGAGGCCUUGGGCAGGUUGGUAUCAAGGUUACAAGAC
AGGUUUAAGGAGACCAAUAGAAACUGGGCAUGUGGAGACAGAGAAGACUCUUGGUUUUCUGAUAGGCACUGACUCUCUCUGC
CUAUUGGUCUAUUUCCACCCUAGGCUUGGUGUCUACCCUUGGACCCAGAGGUUCUUUGAGUCCUUUGGGGAUCUG
UCCACUCCUGAUGCUGUUUUGGGCAACCCUAAGGUGAAGGCUCAUGGCAAGAAAGUCUCGGUGCCUUUAGUGAUGGCCUG
GCUCACUUGGACAACCUAAGGGCACCUUUGCCACACUGAGCUGACUGGACAGCUGGACAGCUGGUAUCCUGGAGUCCUGAGAACU
UCAGGGUGAGUCUAUGGGACGCUUAGUUGUUUUUCCCUUUUUUUUUCUUAUGGUUAAGUUAUGUCAUAGGAAGGGGAUAG
UAAACAGGGUACAGUUUAGAAUGGGAAACAGACGAAUGAUUGCAUCAGUGUGGAAGUCUCAGGAUCGUUUUAGUUUCUUUUU
UUGCUGUUAACAUAUUGUUUUUCUUUUUGUUUUAUUUCUUGCUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUU
AUGCCUUAAUAUUGUUAUAAACAAAAGGAAUAUCUCUGAGAUACAUAUUAAGUAACUUAUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUU
GUACAUUACUUAUUUGAAUAUUGUGUCUUAUUUGCAUUAUUAUUAUUCUCCUACUUUAUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUU
CAUAAUCAUUAUACAUAUUUUAUGGGUUAAGUGUAUUGUUUUUAUUAUGUGUACACAUUAUUGACCAAAUCAGGGUAAUUUUUGCA
UUUGUAAUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUU
UCAGGGCAUUAUUAUACAUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU
GCAAUAUCUCUGCAUUAUAAUUAUUUCUGCAUUAUAAUUGUAACUGAUGAAGAGGUUUCAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU
CAGCUACCAUUCUGCUUUUUUUUUUUGGUUGGUAUAGGCUUGGAUUAUUCUGAGUCCAAGCUAGGCCUUUUUGCUAAUUAUUAU
UUCAUACCUCUUAUCUCCUCCACAGCUCCUGGGCAACGUCUGGUCUGUGUGCUGGCCAUACAUUUUGCAAAGAAUUAUUA
CCCCACAGUGCAGGCUGCCUAUCAGAAAGUGGUGGUGGUGGCUAAUGCCUUGGCCACAAGUAUCACUAAGCUCGCUU
UCUUGCUGUCCAUAUUUCUAUUAAGGUUCCUUUGUUCUUUAAGUCCAACUACUAAACUGGGGGAUUAUUAUGAAGGGCCUUGA
GCAUCUGGAUUCUGCCUAUUAUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUUU

```

ADN 5' - 3'

ARN



ACS
Chemistry for Life®



UNIVERSIDAD PEDAGOGICA
NACIONAL
Educadora de educadores

All official website of the United States government [here's how you know](#) ▼

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastx

blastn | blastp | **blastx** | tblastn | tblastx

Translated BLAST: blastx

BLASTX search protein databases using a translated nucleotide query

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#) Clear

Query subrange [?](#)

From

To

Or, upload file Ninguno archivo selec. [?](#)

Genetic code

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

Search database nr using Blastx (search protein databases using a translated nucleotide query)

Show results in a new window

[+ Algorithm parameters](#)

En el buscador vamos a escribir “ncbi blastx” y nos direccionará a esta página. Es una de las herramientas de la base de datos.

Vamos a buscar el archivo nombrado “rna.fna” que nos descargó el comprimido y al final de la página le damos en el botón “BLAST”. Esperar unos minutos.

En la parte inferior de la información general del resultado, se encuentran las distintas proteínas acordes a la secuencia de ARN suministrada

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastx » results for RID-2ZD2BM9F01N [Home](#) [Recent Results](#) [Saved Str](#)

[< Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary ▼](#) [How to read this report?](#) [BLAST Help Videos](#) [Back to Traditiona](#)

Job Title **NM_000518.5 HBB [organism=Homo sapiens]**

RID [2ZD2BM9F01N](#) Search expires on 04-08 14:12 pm [Download All ▼](#)

Program **BLASTX** [?](#) [Citation ▼](#)

Database **nr** [See details ▼](#)

Query ID **lcl|Query_789278**

Description **NM_000518.5 HBB [organism=Homo sapiens] [GeneID=3043]**

Molecule type **dna**

Query Length **628**

Other reports [?](#)

Filter Results

Organism *only top 20 will appear*

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity to E value to Query Cover to

Sequences producing significant alignments [Download ▼](#) [Select columns ▼](#) Show [?](#)

select all *100 sequences selected* [GenPept](#) [Graphics](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin beta [synthetic construct]	synthetic construct	301	301	70%	6e-102	100.00%	148	AAX37051.1
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin beta [synthetic construct]	synthetic construct	301	301	70%	7e-102	100.00%	148	AAX29557.1
<input checked="" type="checkbox"/> hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]	Homo sapiens	301	301	70%	9e-102	100.00%	147	NP_000509.1

Seleccionamos la respuesta con el porcentaje de similitud más alta



Download ▾ GenPept Graphics ▾ Next ▲ Previous ◀ Descriptions

hemoglobin subunit beta [Homo sapiens]

Sequence ID: [NP_000509.1](#) Length: 147 Number of Matches: 1

[See 34 more title\(s\)](#) ▾ [See all Identical Proteins\(IPG\)](#)

Range 1: 1 to 147 [GenPept](#) [Graphics](#)

▾ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps	Frame
301 bits(770)	9e-102	Compositional matrix adjust.	147/147(100%)	147/147(100%)	0/147(0%)	+3
Query 51	MVHLTPEEKSAVTALWGKVIN	DEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLSTPD	AVMGNPK		230	
Sbjct 1	MVHLTPEEKSAVTALWGKVIN	DEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLSTPD	AVMGNPK		60	
Query 231	VKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGT	FATLSELHCDKLVDPENFRLLGNVLV	CVLAHFFG		410	
Sbjct 61	VKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGT	FATLSELHCDKLVDPENFRLLGNVLV	CVLAHFFG		120	
Query 411	KEFTPPVQAAAYQKVVAGVANALAHKYH		491			
Sbjct 121	KEFTPPVQAAAYQKVVAGVANALAHKYH		147			

Related Information

[Gene](#) - associated gene details
[AlphaFold Structure](#) - 3D structure displays
[Genome Data Viewer](#) - aligned genomic context
[Identical Proteins](#) - Identical proteins to NP_000509.1

Para poder ver la estructura en 3D de la proteína, buscamos la opción AlphaFold - 3D e ingresamos al visualizador.

En este visualizador podrá realizar distintas opciones, dentro de ellas analizar las distintas estructuras de la proteína y sus distintas disposiciones de los aminoácidos, ya sea en cola, en hoja beta o en hebra alfa.

ACTIVIDAD 2.

Nombres: _____

1. Copie y pegue las seis (6) primeras líneas de la secuencia de ADN del archivo descargado desde la base de datos de NCBI del gen IT15. Busque en la base de datos con la siguiente sigla "HTT". Recuerde descargar la secuencia de DNA, RNA y proteína.

2. Realice la secuencia complementaria (3' - 5') del fragmento del punto anterior.

3. Genere el ARN del fragmento 5' – 3' con ayuda de la herramienta virtual Biomodel. <https://biomodel.uah.es/lab/cibertorio/analysis/trans.htm>

4. identifique los exones y los intrones de ese fragmento, apóyese del diagrama de traducción para generar la primera línea y parte de la segunda línea (hasta el codón de corte) de la secuencia de proteína. Resalte los exones con verde y los intrones con violeta

5. adjunte foto de la proteína obtenida, al igual que Genome Data Viwer donde se evidencie el cromosoma.

6. Suponga que usted es un genetista de una clínica reconocida donde un neurólogo le envía una muestra para que usted realice la secuenciación del gen 4p16.3 de un paciente que ha venido presentando síntomas relacionados a la enfermedad de Huntington, suponga también que los

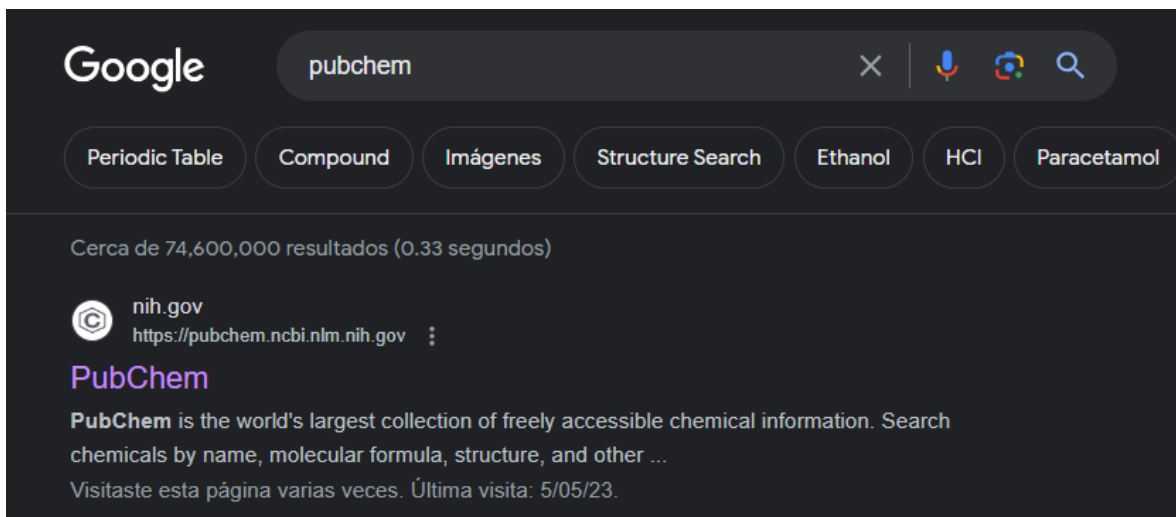


Para la retroalimentación de la actividad 2, revisar el video en la plataforma de YouTube

Uso de base de datos PDB (Protein Data Base) y Pubchem

Para poder hacer el uso de las moléculas en las herramientas bioinformáticas, hay que realizar una preparación tanto de las proteínas como de los ligandos. Inicialmente hay que buscar los ligandos en la base de datos de PubChem.

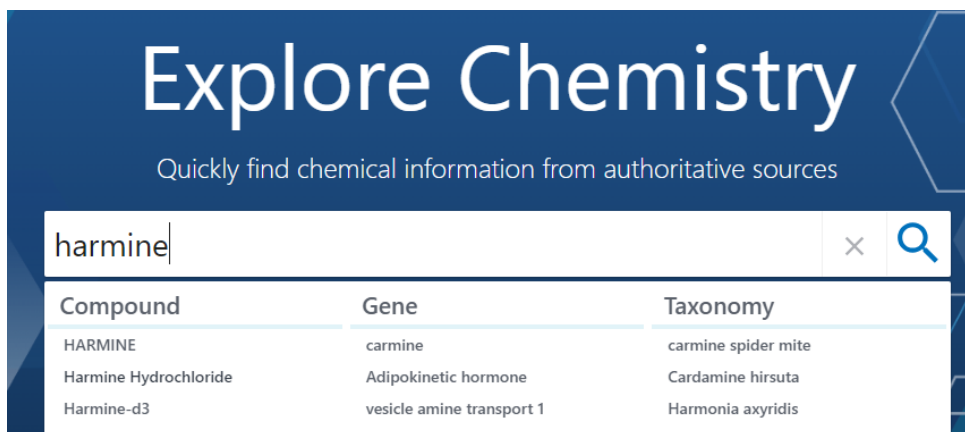
Búsqueda de ligandos con PubChem



Google search for "pubchem" showing search filters: Periodic Table, Compound, Imágenes, Structure Search, Ethanol, HCl, Paracetamol. Results: Cerca de 74,600,000 resultados (0.33 segundos). First result: nih.gov, https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov, PubChem. PubChem is the world's largest collection of freely accessible chemical information. Search chemicals by name, molecular formula, structure, and other ... Visitaste esta página varias veces. Última visita: 5/05/23.

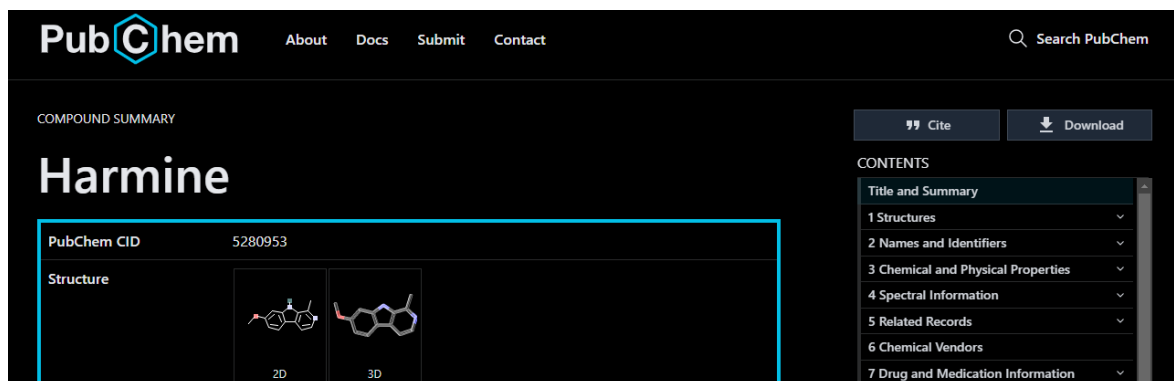
En el buscador escribir "PubChem" y seleccionar el primer resultado de búsqueda.

En el campo del buscador, escriba el nombre de la molécula. para este caso se buscará la hermina que actúa como inhibidor de la enzima mono amina oxidasa (MAO).



Explore Chemistry. Quickly find chemical information from authoritative sources. Search: harmine. Results table:

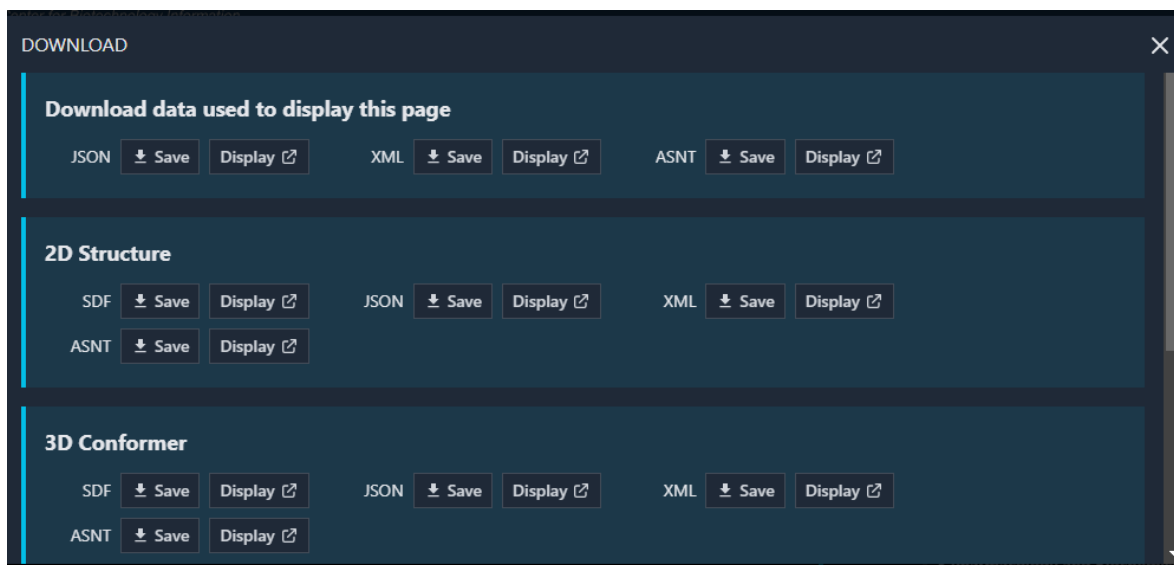
Compound	Gene	Taxonomy
HARMINE	carmine	carmine spider mite
Harmine Hydrochloride	Adipokinetic hormone	Cardamine hirsuta
Harmine-d3	vesicle amine transport 1	Harmonia axyridis



PubChem Compound Summary for Harmine (CID: 5280953). Structure shown in 2D and 3D. Table of Contents:

- Title and Summary
- 1 Structures
- 2 Names and Identifiers
- 3 Chemical and Physical Properties
- 4 Spectral Information
- 5 Related Records
- 6 Chemical Vendors
- 7 Drug and Medication Information

Seleccionamos el primer resultado de búsqueda y descargamos la molécula.

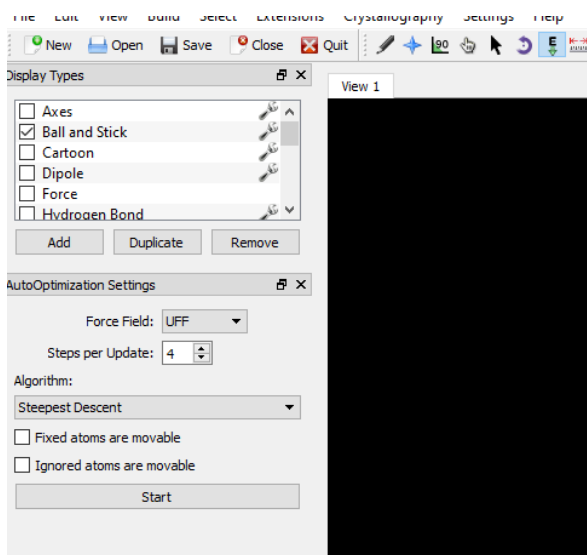
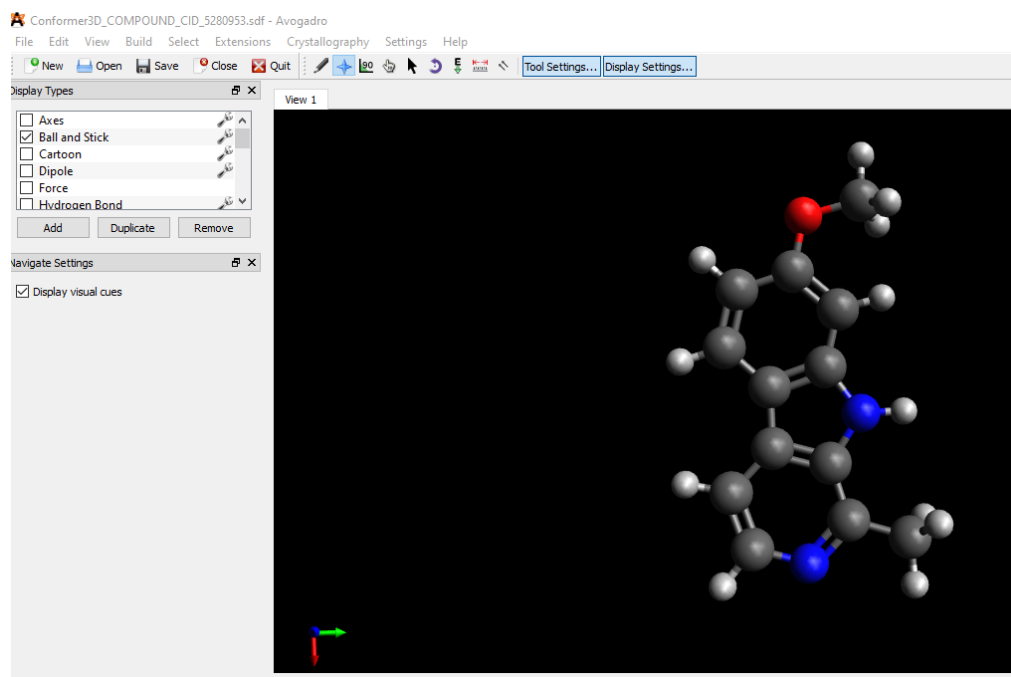


Seleccionar la opción 3D conformer SDF.

Para el siguiente paso, es importante tener el programa “Avogadro” para realizar la optimización geométrica y convertir el formato.

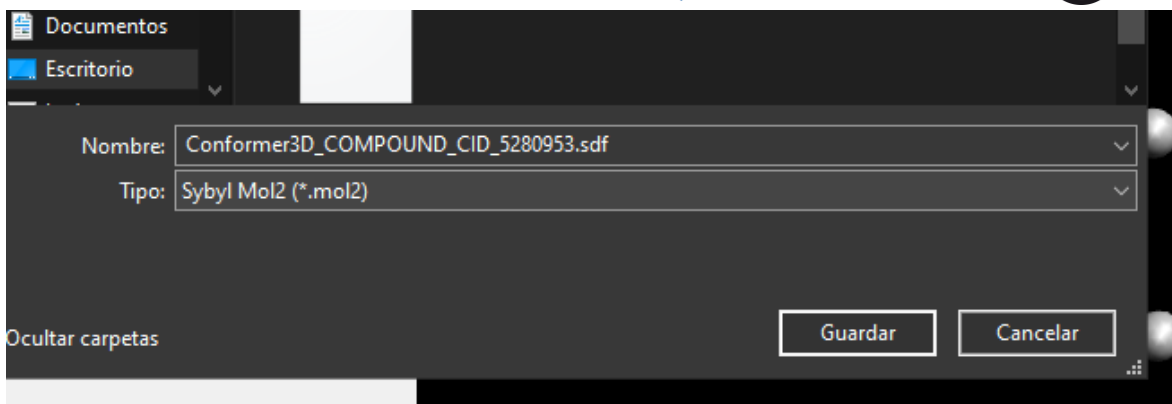
Abrimos la aplicación Avogadro, posteriormente, en la sección de la pestaña “open” buscamos el archivo descargado que usualmente se encuentra en la carpeta “Descargas”.

El archivo siempre se descarga con el nombre “conformer3D_CONPOUND_CID_...” y el respectivo código de la molécula.



Seleccionamos la herramienta Auto optimization tool que se representa con la “E”. dejamos las opciones predeterminadas e iniciamos el proceso seleccionando “Start”.

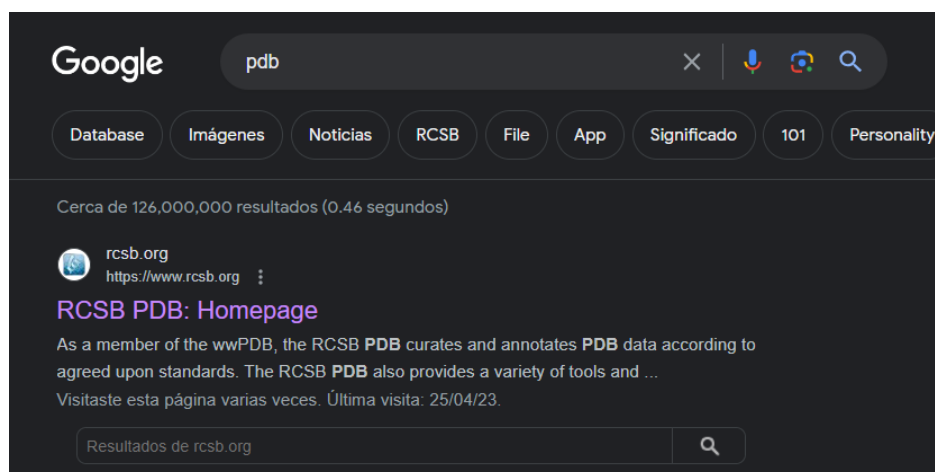
La optimización finaliza cuando la derivada de la energía es cero



Para guardar la molécula optimizada, seleccionamos el lugar de destino y cambiamos el tipo de archivo a “.mol2”.

Búsqueda y limpieza de proteína

En el buscador escribir las siglas “PDB” y seleccionar el primer resultado.



En la sección de búsqueda, escribimos el nombre de la proteína o el código si lo conoce, en este caso, buscaremos la proteína MAO

2XFU

Human monoamine oxidase B with tranlycypromine

PDB DOI: <https://doi.org/10.2210/pdb2XFU/pdb> Entry: 2XFU supersedes:

Classification: **OXIDOREDUCTASE**

Organism(s): Homo sapiens

Expression System: Komagataella pastoris

Mutation(s): No

Membrane Protein: Yes **PDBTM**

Deposited: 2010-05-26 Released: 2010-06-09

Deposition Author(s): Binda, C., Li, M., Hubalek, F., Restelli, N., Edmondson

Experimental Data Snapshot

Method: X-RAY DIFFRACTION

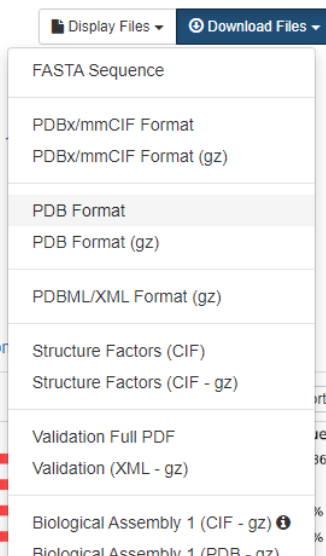
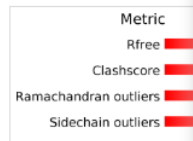
Resolution: 2.20 Å

R-Value Free: 0.239

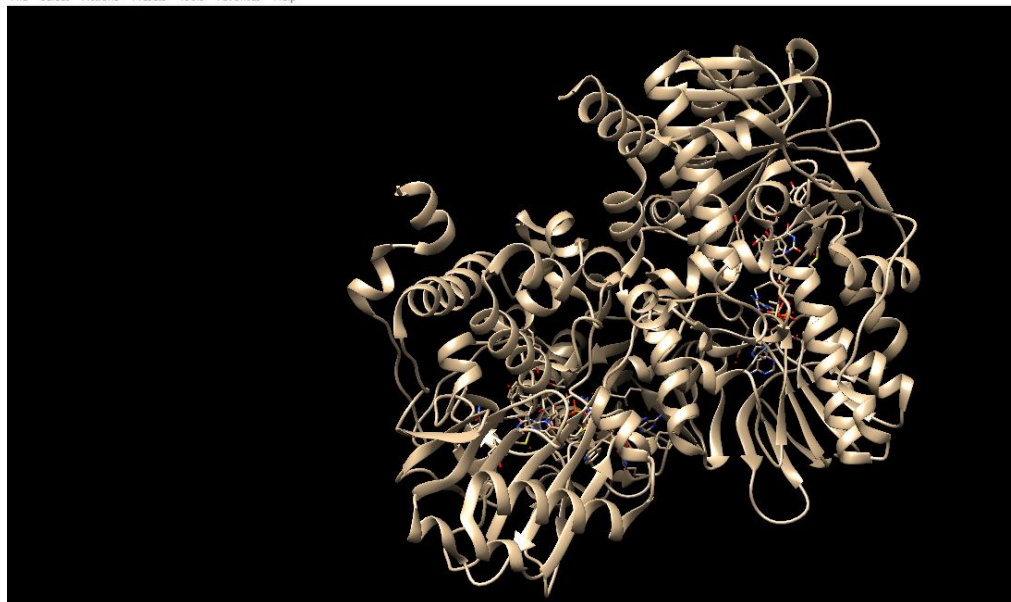
R-Value Work: 0.188

R-Value Observed: 0.189

wwPDB Validation

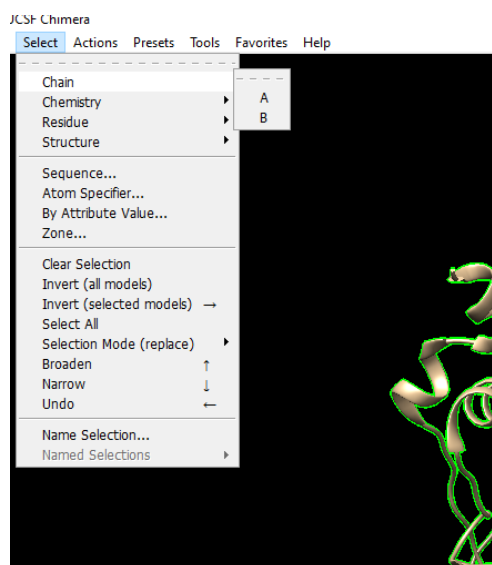


Seleccionamos la mejor opción de proteína y la descargamos en la sección de Download Files y en formato PDB



Abrimos la aplicación Chimera y buscamos la proteína descargada de PDB.

Vamos a seleccionar la cadena con mejor calidad, para este caso, la cadena "A" tiene mejor calidad, por lo tanto en la ventana "select", opción "Chain" y seleccionamos la cadena "B".



Posteriormente, vamos a la pestaña "Actions", luego en Atoms/Bonds y por último en "delete" para eliminar la cadena de menor calidad.



Realizamos lo mismo con los residuos de cristalización de la proteína, para ellos, nos vamos a la pestaña "Select", luego a la sección de "residue" y seleccionamos las aguas y moléculas.

Recuerde que, para eliminar los residuos, debe seleccionar uno por uno de los residuos y eliminarlos.

Por ultimo guardamos la proteína limpia para ser usada en el Docking molecular en formato PDB



Actividad 3. Docking molecular

Teniendo en cuenta la proteína seleccionada en el reto 2:

1. Coloquen un pantallazo de las cadenas de su proteína e identifiquen la mejor cadena para limpiar a su proteína en Chimera UCSF.

Escriba la letra de la cadena seleccionada:

2. Coloque un pantallazo de su proteína limpia:

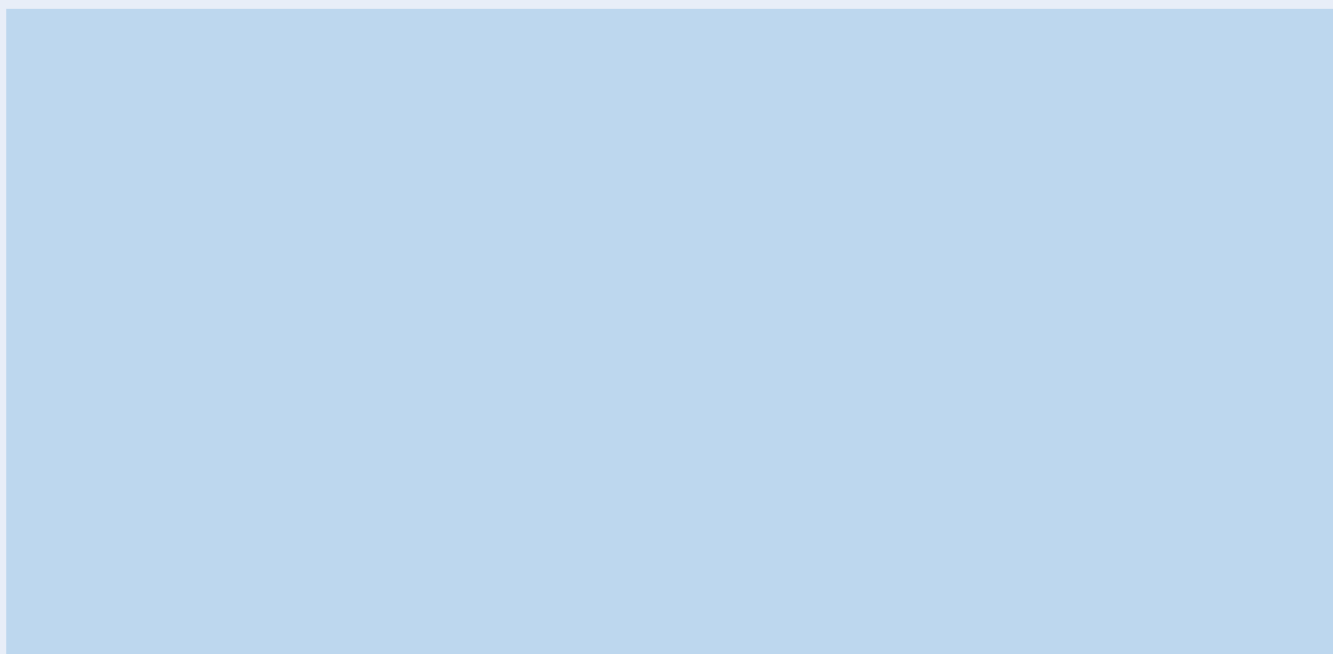


ACS
Chemistry for Life®



UNIVERSIDAD PEDAGOGICA
NACIONAL
Educadora de educadores

3. Coloquen un pantallazo de los resultados de su docking molecular:

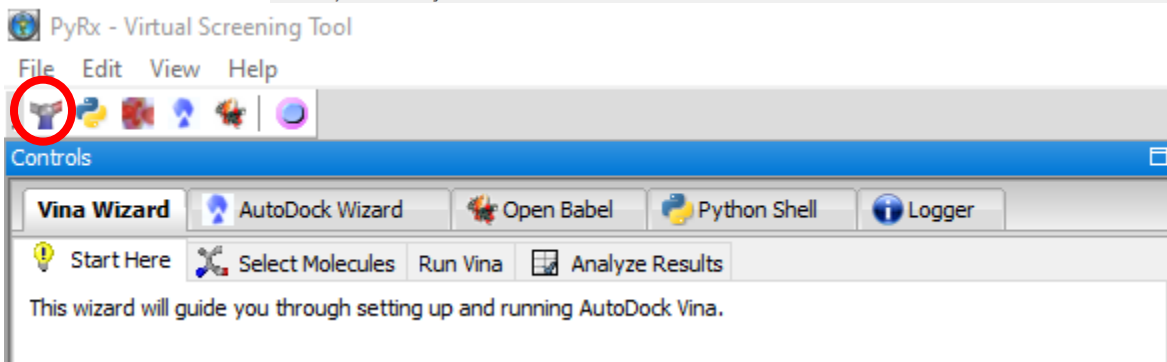
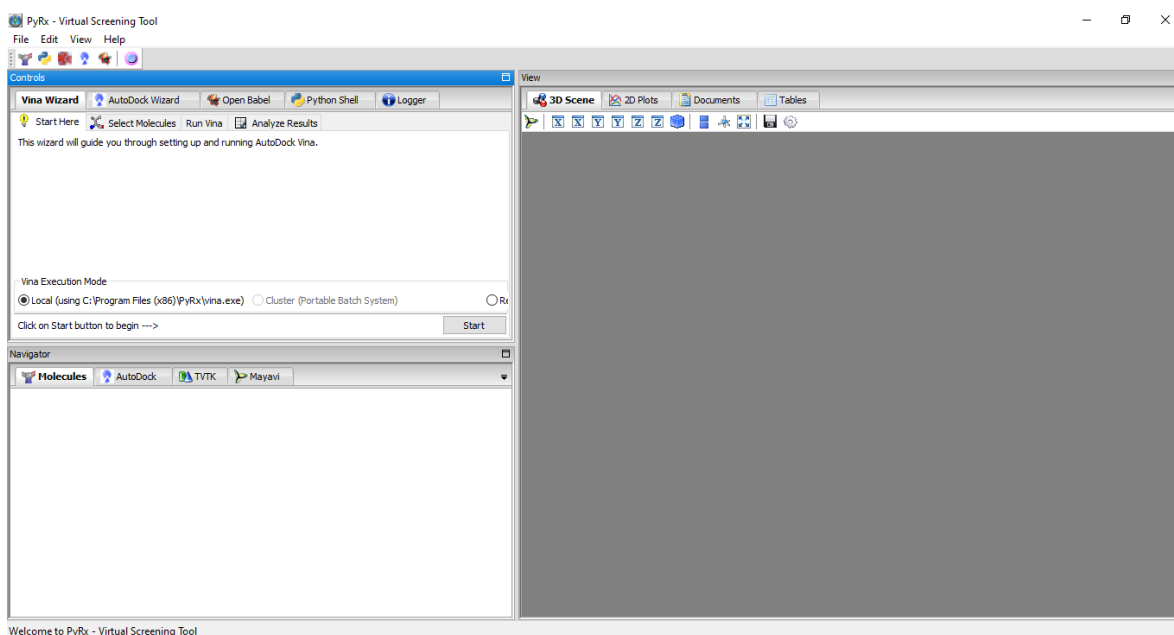


¿Cuál fue el ligando de menor energía?

Unidad 4

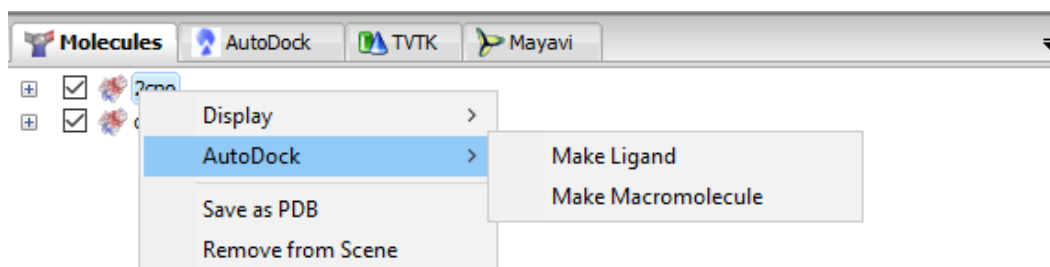
Docking molecular

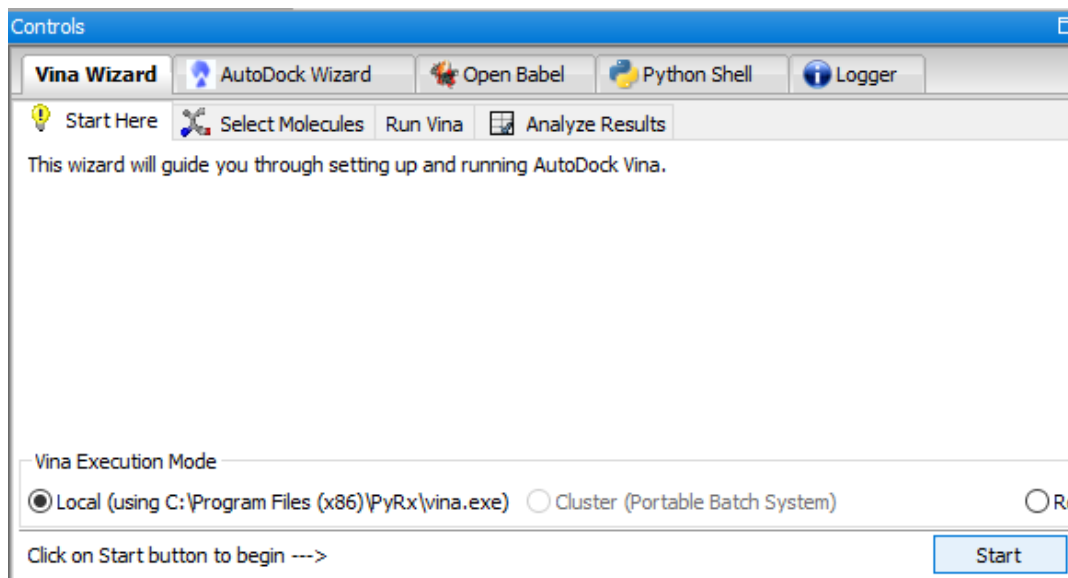
Interface de PyRx



Para agregar los ligandos y la proteína seleccionamos la herramienta “load molecule”

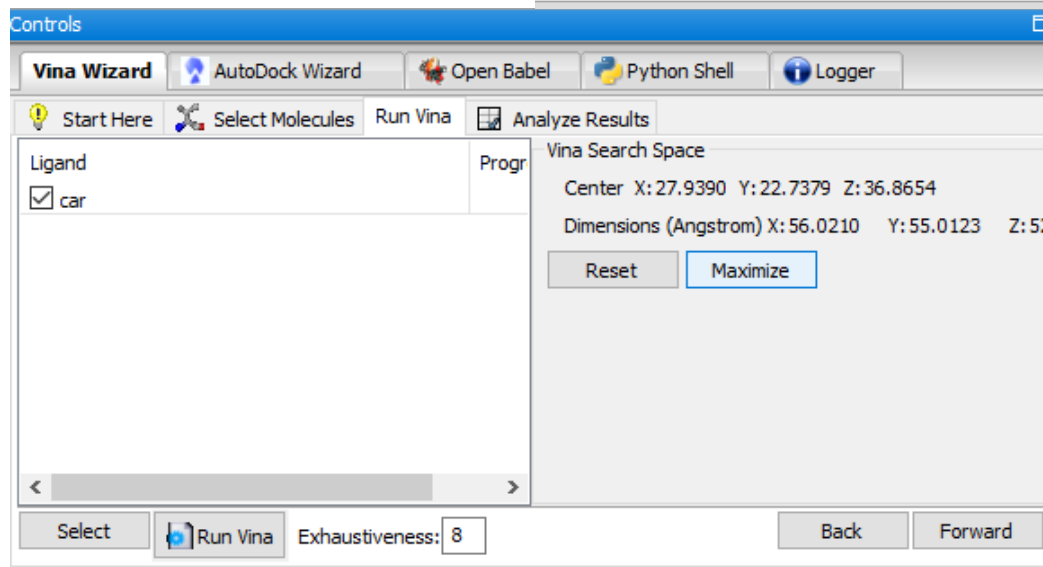
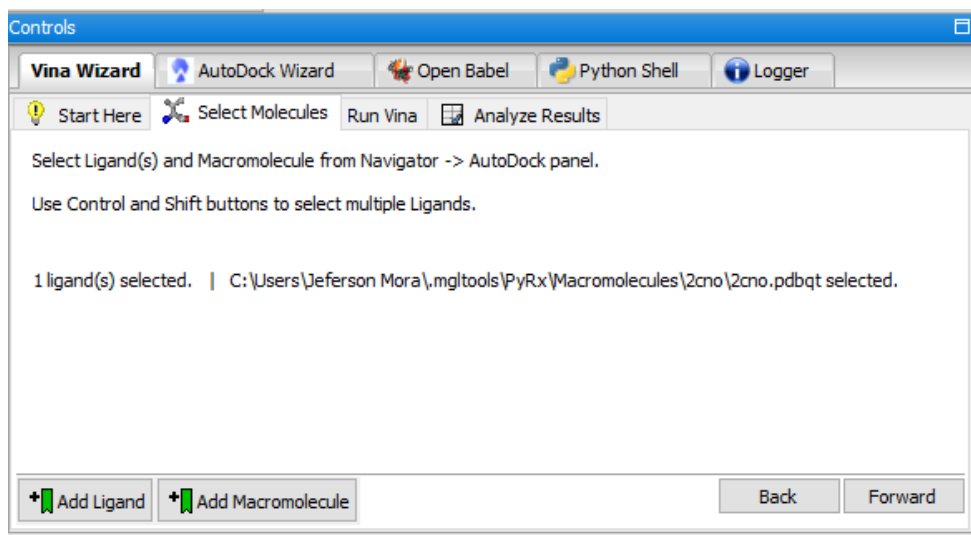
Una vez cargadas las moléculas, le damos click derecho a cada una de ellas y le damos el rol respectivo, es decir, a la proteína la vamos a hacer macromolécula y a los ligandos, los hacemos ligandos.





Nos dirigimos a la sección “controls” y verificamos que se encuentre en la pestaña “Vina Wizard”, en la parte inferior de la pestaña seleccionamos “start”

Ya iniciado el proceso de Docking, el software solicita confirmar las moléculas y de trabajo y seleccionamos “Forward”



Ya cargado y seleccionado en la base de cálculo las moléculas a trabajar, seleccionamos “Maximize” para seleccionar toda la proteína como área de cálculo.

Por último seleccionar "Forward" y aparecerán los resultados de las conformaciones más estables entre los ligandos y la proteína.

Ligand	Binding Affinity (kcal/mol)	Mode	RMSD lower bound	RMSD upper bound
2cno_car	-8.5	0	0.0	0.0
2cno_car	-8.1	1	2.486	6.135
2cno_car	-7.9	2	1.862	2.682
2cno_car	-7.8	3	2.804	6.606
2cno_car	-7.6	4	2.81	4.682
2cno_car	-7.4	5	45.422	48.826
2cno_car	-7.3	6	47.012	48.794
2cno_car	-7.3	7	44.473	48.88

Uso del software DruLiTo

Para verificar el potencial farmacológico de las moléculas, se emplea el software Drug Likeness Tools para generar el cálculo de similitud con distintos fármacos y de esta manera ser comparado con normas específicas como la regla de Lipinski. Para conocer el uso del software, dentro del semillero se realizó el vídeo explicativo



SEMILLERO DE INVESTIGACIÓN

Χημεία

SOBRE LA ENSEÑANZA - APRENDIZAJE DE LA QUÍMICA Y BIOQUÍMICA EN CONTEXTO

INTERNATIONAL STUDENT CHAPTER

0:02 / 5:21

ACS Chemistry for Life

UNIVERSIDAD PEDAGÓGICA NACIONAL

Manejo herramienta DruLiTo | semillero de investigación χημεία | UPN

Actividad 4.

1. Describa cuál de las moléculas tiene mejor potencial farmacológico según lo visto en clase y utilizando la aplicación DruLito y coloque su resultado. Para esto deben:
2. Realice un mapa conceptual sobre lo que comprende por dogma central de la biología molecular con los siguientes conceptos: ADN, ARN, traducción, transcripción, proteína, Factores de transcripción, nucleótidos, aminoácidos, ARNm, ARNt, ARNr, bases nitrogenadas, ribosa, deoxirribosa, codón, fosfato, puentes de hidrógeno, código genético, exón, intrón, Huntingtón. Agregue los conceptos que sean necesarios.

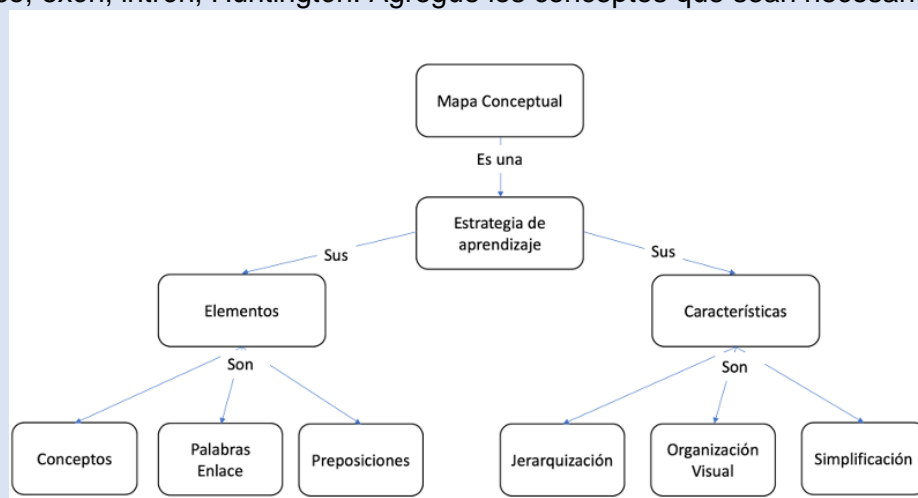


Figura 38 Figure 1 ejemplo tomado de: Bermúdez y Ortega (2019)