

¿Debe incorporarse la epigenética al currículum de la educación secundaria?

TRABAJO FIN DE MÁSTER

**MÁSTER UNIVERSITARIO EN PROFESORADO DE EDUCACIÓN
SECUNDARIA**

Curso 2015/2016

Autora: María Isabel Zudaire

Directora: María Napal

RESUMEN

Los trabajos de investigación en didáctica de la genética han puesto de manifiesto que el conocimiento popular y escolar sobre genética se mantiene anclado a ciertos dogmas: la herencia de determinados caracteres y la susceptibilidad a padecer enfermedades está sólo determinada por el código genético; un gen codifica para una proteína y determina un solo fenotipo.

Dado que los conocimientos básicos de genética se adquieren principalmente durante la educación secundaria, en este trabajo nos hemos planteado si es posible incluir en la enseñanza de este ciclo las nociones de regulación génica y la influencia del ambiente en cambios que no implican alteraciones de la secuencia del ADN, y en última instancia, la epigenética. Para ello hemos comprobado en primer lugar, que los contenidos curriculares no incluyen la regulación de la expresión y se presenta la mutación como único agente de variabilidad. En los libros de texto, se describe la posibilidad de regulación y la influencia del ambiente, pero con breves frases descontextualizadas. Tras el análisis de las ideas alternativas que presentan los alumnos hemos constatado las dificultades que presentan para entender la organización del material genético y la relación entre el fenotipo y el genotipo.

En segundo lugar, tras una intervención en el aula presentando la epigenética, hemos comprobado que los conceptos relativos a ella pueden ser asimilados por los alumnos, preferentemente de Bachiller. Consideramos que su introducción en la enseñanza secundaria es posible, siendo su presencia muy necesaria por su importante papel en la salud y el comportamiento humano.

TABLAS

TABLA 1: CURSO, ASIGNATURA Y CONTENIDOS DE GENÉTICA EN EL CURRÍCULO DE LA LOE. MODIFICADO DE DF 25/2007 Y DF 49/2008	16
TABLA 2: <i>CURSO, ASIGNATURA Y CONTENIDOS DE GENÉTICA EN EL CURRÍCULO DE LA LOMCE</i> . MODIFICADO DE DF 24/2015 Y DF 25/2015	18
TABLA 3. LIBROS DE TEXTO ANALIZADOS	21
TABLA 4: REVISIÓN DE LOS LIBROS DE TEXTO DE 2º DE BACHILLER	24
TABLA 5. RESUMEN DE LA PUNTUACIÓN OBTENIDA TRAS EL ANÁLISIS DE LOS DIBUJOS.	32
TABLA 6. PORCENTAJES DE ALUMNOS DE 4º DE ESO QUE IDENTIFICA LA PRESENCIA DE ELEMENTOS EN CADA TIPO CELULAR. 33	
TABLA 7. PORCENTAJES DE ALUMNOS DE 2º DE BACHILLER QUE IDENTIFICA LA PRESENCIA DE ELEMENTOS EN CADA TIPO CELULAR.....	34
TABLA 8. PORCENTAJE DE ALUMNOS QUE SELECCIONA CADA RESPUESTA.	37
TABLA 9: DIFERENCIAS EN LA CHARLA ENTRE LOS DOS CURSOS.....	42
TABLA 10: ESCALA DE GUTTMAN PARA LOS ÍTEMS CONSIDERADOS EN LAS PREGUNTAS.	45

FIGURAS

FIGURA 1. MODIFICACIÓN DE LA CITOSINA PARA FORMAR 5-METILCITOSINA.	6
FIGURA 2. MECANISMOS DE REPRESIÓN DE LA TRANSCRIPCIÓN MEDIADOS POR LA METILACIÓN DE LA CITOSINAS.	7
FIGURA 3: EFECTO DE LA UNIÓN DEL GRUPO ACETILO (-CO-CH ₃) AL EXTREMO N-TERMINAL DE LAS HISTONAS	8
FIGURA 4. EL EPIGENOMA EN EL CICLO DE LA VIDA	9
FIGURA 5. LA PROTEÍNA MGMT PROTEGE A LA CÉLULA DEL DAÑO EN EL ADN.	11
FIGURA 6. RED SISTÉMICA PARA EL ANÁLISIS DE LOS DIBUJOS DE GENES Y CROMOSOMAS EN LA CÉLULA	30
FIGURA 7. DIBUJO DE UN ALUMNO DE 2º DE BACHILLER.....	31
FIGURA 8. DIBUJO DE UNA ALUMNA DE 2º DE BACHILLER.	31
FIGURA 9. DIBUJO DE UNA ALUMNA DE 4º DE ESO.	31
FIGURA 10. PORCENTAJE DE ALUMNOS PARA CADA CURSO EN FUNCIÓN DE LAS PUNTUACIONES OBTENIDAS.	33
FIGURA 11. PORCENTAJE DE ALUMNOS QUE CONSIDERAN QUE LOS ELEMENTOS ANALIZADOS TIENEN LOS 4 RASGOS GENÉTICOS.	35
FIGURA 12. CORRELACIÓN ENTRE LA PUNTUACIÓN OBTENIDA EN LOS DIBUJOS Y EL GRADO DE SEGURIDAD EN LA RESPUESTA. 35	
FIGURA 13. CORRELACIÓN ENTRE LA PUNTUACIÓN OBTENIDA EN LA PREGUNTA 2 Y EL GRADO DE SEGURIDAD EN LA RESPUESTA	36
FIGURA 14. RESPUESTA AL EJERCICIO DE EVALUACIÓN FINAL DE UN ALUMNO DE 4º DE LA ESO.	44
FIGURA 15. NIVELES CONCEPTUALES EN LA EXPLICACIÓN DE UN FENÓMENO MEDIANTE LA EPIGENÉTICA.	46

ÍNDICE

I. INTRODUCCIÓN	5
II. ANÁLISIS DEL CURRÍCULUM DE SECUNDARIA Y DE LOS LIBROS DE TEXTO EN RELACIÓN A LA EPIGENÉTICA.....	14
a) <i>Curriculum de Secundaria</i>	<i>14</i>
b) <i>Libros de texto.....</i>	<i>21</i>
III. DIFICULTADES GENERALES DE LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA EN SECUNDARIA	25
PARTICIPANTES Y METODOLOGÍA.....	29
RESULTADOS	30
1. <i>Representación de los genes y los cromosomas, y su localización en la célula.....</i>	<i>30</i>
2. <i>Qué células contienen información hereditaria, cromosomas, cromosomas sexuales y genes.....</i>	<i>33</i>
3. <i>Grado de seguridad en la respuesta.</i>	<i>35</i>
4. <i>Definición de epigenética.....</i>	<i>36</i>
5. <i>Constancia de la secuencia genética y cambios en su expresión.....</i>	<i>37</i>
ANÁLISIS.....	38
IV. INTRODUCCIÓN DE LA EPIGENÉTICA EN EL AULA.....	41
PARTICIPANTES Y METODOLOGÍA	41
a) <i>Clase expositiva.....</i>	<i>41</i>
b) <i>Evaluación final.....</i>	<i>43</i>
RESULTADOS.....	43
ANÁLISIS	46
V. DISCUSIÓN.....	48
VI. BIBLIOGRAFÍA.....	50
VII. ANEXOS	56
ANEXO I: CUESTIONARIO DE IDEAS PREVIAS	57
ANEXO II. DIAPOSITIVAS DE LA CHARLA DE 4º DE LA ESO	59
ANEXO III. DIAPOSITIVAS DE LA CHARLA DE 2º DE BACHILLER.....	64

I. Introducción

En los medios de comunicación aparecen con mucha frecuencia noticias relacionadas con la genética: clonaciones de organismos, descubrimiento de nuevas mutaciones, alimentos transgénicos, epigenética, etc. (Rubio, 2016) Además, en la sociedad del siglo XXI, los ciudadanos se encuentran a menudo con situaciones que ponen a prueba sus conocimientos en esta disciplina: enfermedades genéticas y hereditarias, tratamientos personalizados de biología molecular, biotecnología aplicada a problemas de fertilidad, alimentación, belleza etc.

Este panorama y el ritmo vertiginoso de aparición de nuevos avances científicos en este campo, inducen a plantearse la cuestión acerca de si los ciudadanos poseen los conocimientos suficientes para poder tomar decisiones libremente respecto a los asuntos relacionados con la genética (Iñiguez & Puigcerver, 2013; Shea, 2015) y los nuevos campos de conocimiento como la epigenética.

EPIGENÉTICA

La epigenética es hoy en día uno de los campos de la investigación biomédica más prometedores y en mayor expansión. El número de artículos de investigación publicados en la última década ha crecido de manera exponencial desde las 1000 publicaciones en el año 2012 hasta las más de 11.000 en el año 2013 (Razvi, 2013). Existen ya en la práctica clínica fármacos y test diagnósticos fundamentados en esta disciplina (Rodríguez-Paredes & Esteller, 2011). Se define epigenética como el *“conjunto de procesos de regulación de la expresión génica no dependientes del código genético, reversibles y heredables.”*

El término fue acuñado por Conrad Waddington en el año 1942 (Waddington, 1942) para definir *“el estudio de los mecanismos causales por los que los genes de un genotipo dan lugar a un efecto fenotípico”*. La raíz griega “epi” significa “por encima” o “sobre” por lo que epigenética ha pasado a representar la herencia de variación por encima y más allá de diferencias en la secuencia del ADN (Pierce, 2016).

Los efectos epigenéticos son a menudo causados por cambios en la expresión de los genes, consecuencia de cambios en la estructura de la cromatina, de la estructura del ADN o la síntesis de ARNs no codificantes. Estos cambios son a menudo estables y transmisibles de generación en generación; pero también es cierto que pueden verse modificados por factores ambientales como la alimentación, o la exposición a tóxicos.

Estos mecanismos moleculares están implicados en multitud de procesos biológicos. Uno de los más importantes es el proceso de diferenciación celular. Todas las células de un organismo con reproducción sexual contienen exactamente la misma información genética puesto que provienen de la división mitótica de una única célula: el cigoto. Sin embargo las células de los diferentes tejidos muestran fenotipos muy diversos en consonancia con su función, debido al proceso de diferenciación celular que sufren. Existen varios mecanismos por los que una célula va diferenciándose, expresando unos genes e inactivando otros; entre estos mecanismos se encuentra la metilación del ADN y los cambios de estructura de la cromatina (Pierce, 2016).

Además de la diferenciación celular, los procesos epigenéticos son responsables también del mecanismo de la impronta. Los organismos diploides (con dos cromosomas de cada tipo)

poseen dos formas alélicas para cada gen: uno heredado de la madre y otro del padre. La transcripción de los genes se realiza habitualmente a partir de las dos formas alélicas, y el efecto en el fenotipo es independiente de si una forma determinada está presente en el cromosoma que proviene del padre o de la madre. Sin embargo para un número importante de genes, la expresión está condicionada por el origen del cromosoma: para unos genes se expresa el alelo de origen paterno y se silencia el materno, y para otros genes el proceso es al revés. Son mecanismos epigenéticos como la metilación, que pasamos a explicar a continuación, los responsables de ese silenciamiento (Eggermann et al., 2015).

I. MECANISMOS MOLECULARES EPIGENÉTICOS

Son tres los mecanismos moleculares principales que son la base de fenotipos epigenéticos:

1. cambios en el patrón de metilación del ADN
2. los cambios en la estructura de la cromatina por modificaciones de las histonas
3. síntesis de moléculas de ARN no codificantes.

Metilación del ADN

Uno de los mecanismos claves de la epigenética es la adición de un grupo metilo (-CH₃) a alguna de las bases del ADN. Se pueden presentar metiladas la adenina y la citosina, pero hasta el momento, la de mayor importancia biológica es la metilación de la citosina en el oxígeno de la posición 5 (Figura 1). Tal es su importancia que se le ha denominado la 5ª base del ADN (Heyn & Esteller, 2015).

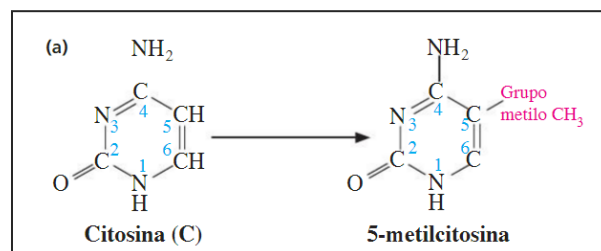


Figura 1. Modificación de la citosina para formar 5-metilcitosina (Pierce, 2016).

La metilación de la citosina se produce principalmente en lo que se denominan “islas CpG” (secuencias de entre 500 a 5.500 pares de bases con un contenido de CG de al menos un 55%) presentes en la región promotora de los genes. Esta metilación es responsable del silenciamiento de entre el 60 a 90 % de los genes humanos mediante mecanismos diversos como:

- impidiendo la unión de factores de activación al promotor (Figura 2.1). Determinados factores de transcripción se unen a las regiones promotoras si éstas están desmetiladas.
- el reclutamiento de factores de represión de la transcripción (Figura 2.2). Algunos factores que reprimen la transcripción como la proteína MeCP-1 se unen al ADN si este está metilado. Su presencia impide la unión de factores de transcripción y la ARN polimerasa, impidiendo la transcripción.
- alterando la estructura de la cromatina hacia una configuración más empaquetada, lo que de nuevo impide la unión de factores promotores de la transcripción.

DNA Methylation and Transcriptional Repression

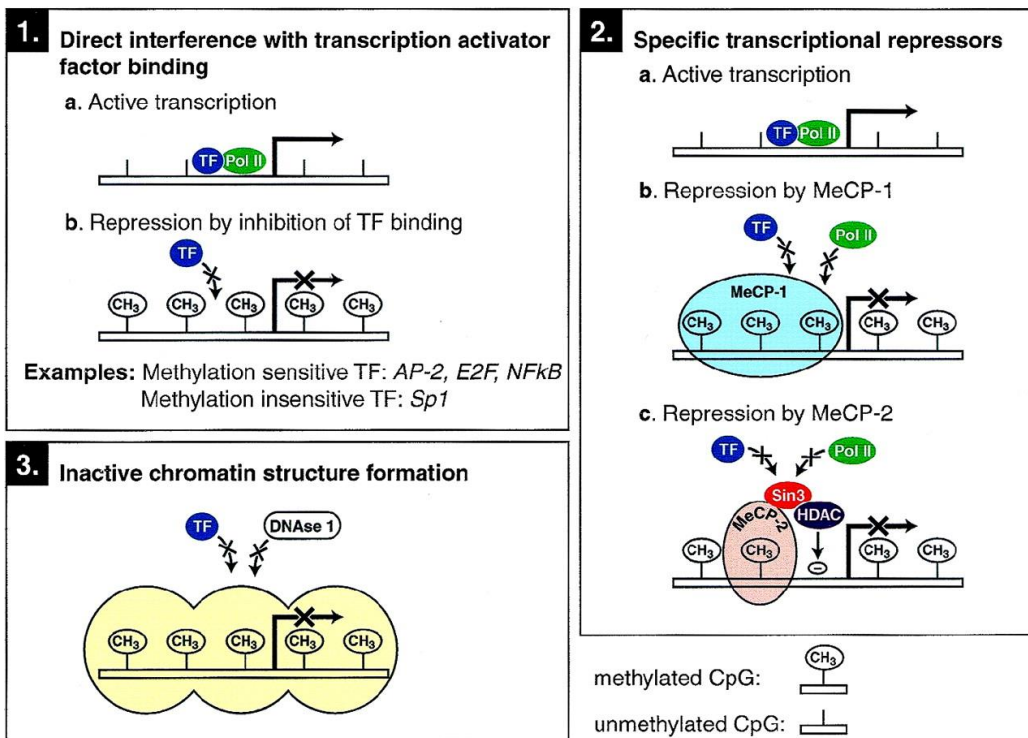


Figura 2. Mecanismos de represión de la transcripción mediados por la metilación de la citosinas. TF: factor de transcripción. Pol II: ARN polimerasa II. (Singal & Ginder, 1999).

Modificación de histonas

El ADN de todos los organismos eucariotas se localiza en el interior del núcleo de las células. La molécula lineal de ADN, tomando como referencia el ADN humano, tiene una longitud de algo más de 1 m y debe entrar en un núcleo de un tamaño medio de 5 μm . Esto implica que el ADN debe sufrir un proceso de empaquetamiento para poder alojarse dentro de este núcleo. En la mayor parte de los organismos esto tiene lugar mediante la unión del ADN a distintas proteínas formando la estructura denominada cromatina (Novo, 2011)

Las proteínas más importantes que constituyen la cromatina son las histonas. Existen cinco histonas que se unen entre sí formando un octámero, alrededor del cual se enrolla la hebra de ADN. En general, este enrollamiento del ADN supone un estado de represión de la transcripción puesto que las distintas secuencias de ADN no se encuentran así accesibles a las enzimas y factores de transcripción. Para activarla, es necesario que la cromatina de cada región esté algo descondensada (Figura 3). Esta relajación se consigue porque las histonas contienen una serie de aminoácidos en su extremo N-terminal que pueden sufrir modificaciones químicas de tipo acetilación, metilación o fosforilación (Arrowsmith, Bountra, Fish, Lee, & Schapira, 2012)

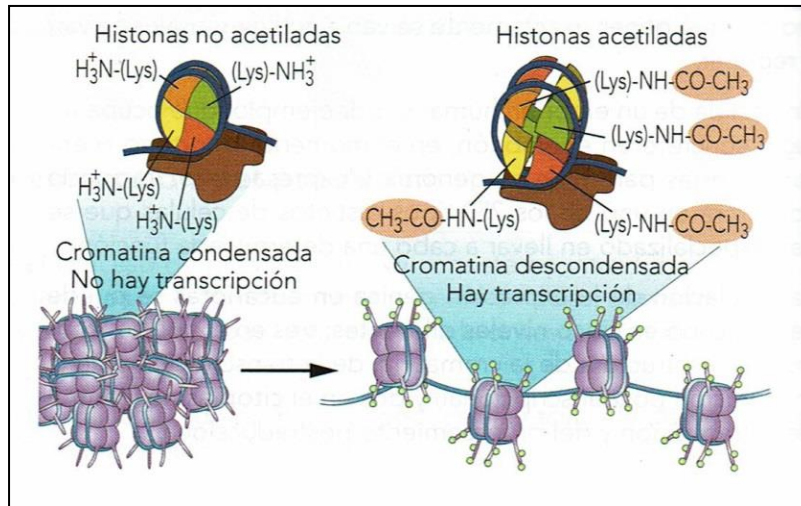


Figura 3: Efecto de la unión del grupo acetilo (-CO-CH₃) al extremo N-terminal de las histonas (Bruño, 2014)

Dado que estas modificaciones suponen cambios en la expresión de genes que no son consecuencia de cambios en la secuencia de ADN, se consideran modificaciones epigenéticas de la expresión.

ARN interferentes

Además del ARN mensajero, el ARN ribosómico y el ARN de transferencia, existen en la célula un número importante de ARNs pequeños involucrados en los diversos procesos biológicos. De entre ellos podemos señalar los ARN interferentes y los microARNs. Aunque difieren en su origen tienen funciones muy similares (Pierce, 2016). Los microARN son ARNs pequeños de 22 nucleótidos de longitud que regulan la expresión de los genes uniéndose a la región 3' no codificante de ARN mensajeros con los que presentan complementariedad de bases. Como resultado de este emparejamiento o se degrada dicho ARN mensajero o se interrumpe la traducción.

Además de ARNs pequeños, ARNs largos no codificantes participan en mecanismos epigenéticos. Posiblemente el ejemplo más conocido es la inactivación del cromosoma X en las hembras de mamíferos: un ARN largo denominado Xist cubre uno de los cromosomas X, lo que atrae una metiltransferasa encargada de metilar las lisinas de las histonas de esa región (Pierce, 2016)

II. HEREDABILIDAD DEL EPIGENOMA

Las marcas epigenéticas se transmiten de una célula a otra durante la mitosis. Esto implica que se mantienen durante la replicación del ADN. Para el caso de la metilación, esto ocurre de la siguiente forma: durante la replicación semiconservativa del ADN, en regiones con islas CpG, la cadena que actúa como molde posee sus citosinas metiladas, no así la cadena de nueva síntesis. Existen en la célula enzimas metiltransferasas que reconocen el estado hemimetilado de esas islas CpG y son capaces de incorporar un grupo metilo a estas bases (Pierce, 2016).

No está tan claro cómo las marcas epigenéticas dependientes de ARNs se transmiten de célula a célula, aunque parece que involucran a ARNs que se transmiten mediante el citoplasma.

Cuando la transmisión de las marcas epigenéticas involucra a las células germinales, estas se pueden transmitir de generación en generación. En los individuos con reproducción sexual, tiene lugar un proceso de reprogramación en las etapas iniciales del desarrollo del embrión que consiste en la eliminación de las marcas epigenómicas presentes en los gametos que han formado cigoto (Tolosa, 2015). Este proceso es imprescindible, puesto que los gametos son células especializadas, por tanto con su propia marca epigenómica que les lleva a expresar unos genes y no otros, y sin embargo el cigoto debe dar lugar a todos los tipos celulares en el nuevo individuo (Figura 4). Pero esta reprogramación no ocurre en el 100% de las marcas; algunas de estas se transmiten a la siguiente generación (Youngson & Whitelaw, 2008).

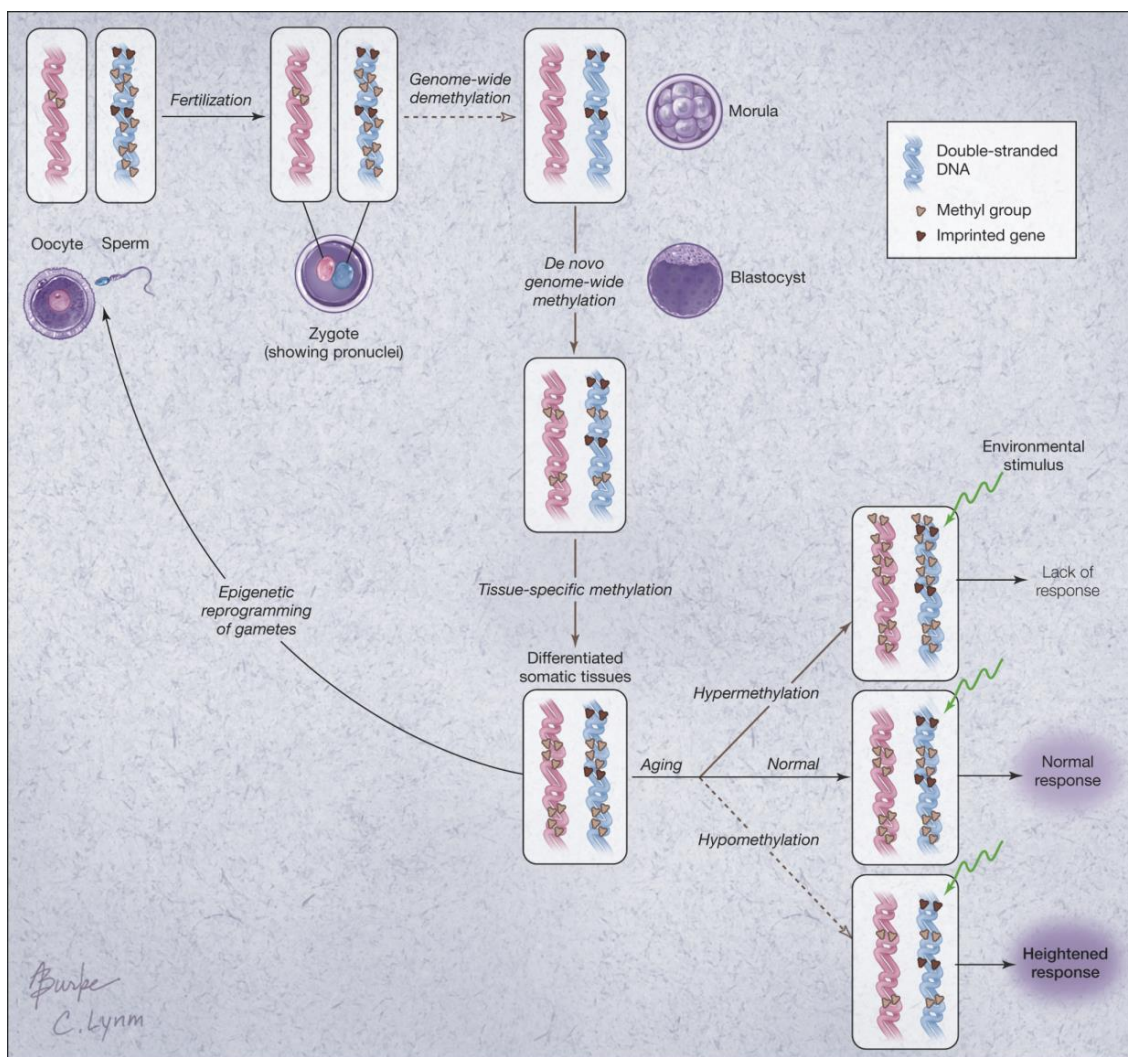


Figura 4. El epigenoma en el ciclo de la vida (Feinberg, 2008).

En un trabajo de investigación llevado a cabo en células germinales y estudiando la preimplantación de embriones se observó que un 5% de las regiones del genoma eran resistentes a la reprogramación. Son regiones con secuencias de genes que se expresan principalmente en cerebro y relacionados con enfermedades como obesidad, esquizofrenia, o esclerosis (Tang et al., 2015).

La heredabilidad del epigenoma, supone un cambio importante en nuestra idea de herencia porque implica que no solo heredamos el código genético de nuestros padres, sino que además, podemos heredar parte de su epigenoma.

III. FACTORES QUE INCIDEN EN LA REGULACIÓN.

Probablemente uno de los campos más sorprendentes del estudio de la epigenómica sea la influencia del ambiente en las marcas epigenéticas. Los cambios epigenéticos que genera el ambiente pueden ser heredables, de forma que el ambiente al que se han expuesto las generaciones anteriores puede influir en las generaciones futuras, aunque esos factores hayan desaparecido. Los estudios más recientes están orientados al estudio de la influencia de la alimentación, la exposición a tóxicos, la exposición al estrés y el envejecimiento (Lindroth, Park, Yoo, & Park, 2015). Con respecto a la alimentación, uno de los trabajos más reveladores ha sido el llevado a cabo en poblaciones que sufrieron el denominado Inverno del Hambre Holandés (*Dutch Hunger Winter, 1944-1945*) Las mujeres que estaban embarazadas en aquellos años se vieron privadas de proteínas de forma severa y dieron a luz niños pequeños con problemas cardiovasculares. Lo que fue sorprendente es encontrar que los hijos y nietos de aquellos holandeses heredaron los mismos problemas aunque cuando ellos no habían padecido la hambruna. Los análisis genéticos en estos individuos mostraron sobre todo cambios en el patrón de metilación de determinadas regiones del genoma consecuencia de la falta de alimentación (Heijmans et al., 2008).

El consumo de tabaco durante el embarazo tiene consecuencias importantes en la *salud* del recién nacido. Son muchas las causas que generan estos problemas y una de ellas son los cambios producidos en el epigenoma. Un metanálisis reciente llevado a cabo en más de 6000 niños ha puesto de manifiesto que más de 6000 islas CpG pueden mostrar un patrón de metilación diferente como consecuencia del consumo de tabaco de la madre durante el embarazo (Joubert et al., 2016).

Se han realizado menos trabajos con otros tóxicos, pero también se ha descrito hipometilación en secuencias repetidas tipo *Alu* (secuencias móviles del ADN de unos 250 a 280 nucleótidos de longitud, ricas en guaninas y citosinas, (Novo, 2011) en individuos expuestos a altas concentraciones de COP (Contaminantes Orgánicos Persistentes, aquellos resistentes a las formas habituales de degradación, y por tanto perdurables en el ambiente)(Goodrich & Dolinoy, 2016)

IV. EFECTOS SUJETOS A LA REGULACIÓN EPIGENÉTICA

Epigenética y cáncer

El cáncer es probablemente la enfermedad en la que más se ha estudiado la epigenética. (Pickersgill, Niewöhner, Müller, Martin, & Cunningham-Burley, 2013) Uno de los primeros descubrimientos fue encontrar bajos niveles de metilación en tumores con respecto a los

niveles de las células del tejido normal (Esteller, 2008) Esta hipometilación ocurre principalmente en regiones con secuencias repetidas y en regiones codificantes e intrones, provocando inestabilidad genómica (Rodríguez-Paredes & Esteller, 2011). Además, se ha descrito la hipermetilación de las regiones promotoras de genes cruciales como genes supresores de tumores, generando su inactivación. Un ejemplo de ello se muestra en la Figura 5: el efecto de la hipermetilación del gen *MGMT*. A la izquierda, en el tejido sano, el gen se transcribe y traduce, y la proteína actúa eliminando agentes que dañan al ADN (cuadros rojos). A la derecha en una célula tumoral, las islas CpG de la región del promotor (la región que regula la transcripción) están hipermetiladas (círculos rojos). Eso impide la transcripción y por tanto la producción de proteína. En ausencia de *MGMT*, el daño en el ADN no se repara.

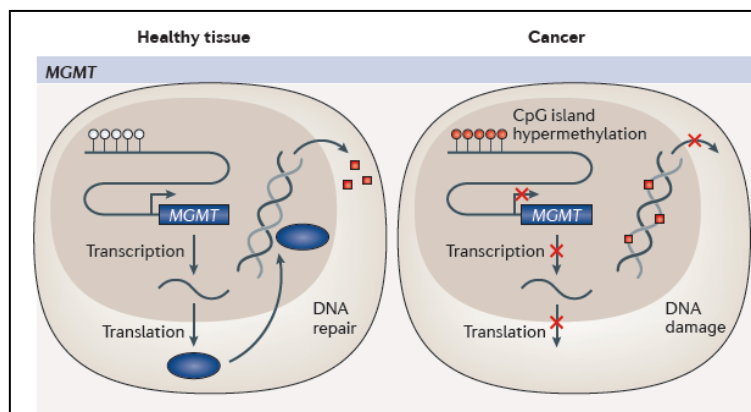


Figura 5. La proteína *MGMT* protege a la célula del daño en el ADN. Modificado de (Heyn & Esteller, 2012)

De igual manera se han descrito alteraciones en los patrones de expresión de microARN en tumores. Así por ejemplo, en cáncer de pulmón se han descrito siete microARNs distintos que se presentan sobreexpresados y ocho microARNs que presentan niveles de expresión menores que en tejido pulmonar normal (Inamura & Ishikawa, 2016).

Estos trabajos de investigación han permitido no solo conocer los mecanismos epigenéticos involucrados en la carcinogénesis, si no también, el desarrollo de herramientas diagnósticas, marcadores de pronóstico y el diseño de nuevos tratamientos, constituyendo lo que se ha denominado la farmacoepigénica (Rodríguez-Paredes & Esteller, 2011). Los fármacos utilizados son habitualmente pequeñas moléculas inhibitoras de las enzimas responsables de los procesos epigenéticos como deacetilasas y demetilinas de histonas, así como metiltransferasas (Arrowsmith et al., 2012) Muchos de estos fármacos están siendo ya utilizados en la práctica clínica para el tratamiento de neoplasias hematológicas y tumores sólidos (Nervi, De Marinis, & Codacci-Pisanelli, 2015).

Epigenética y enfermedades autoinmunes

Existen múltiples factores que condicionan la aparición de las enfermedades autoinmunes desde la presencia de autoanticuerpos, la activación o desactivación de células reguladoras del sistema inmune y la activación e inhibición de determinados genes. Como mecanismo de regulación de la expresión de estos genes se han descrito modificaciones epigenéticas

asociadas a estas enfermedades (Chang, 2015). Así, por ejemplo, en el lupus eritematoso sistémico se han descrito patrones de metilación en los linfocitos T C4⁺ que correlacionan con los distintos fenotipos de la enfermedad (solo lesiones en la piel, o lesiones y afectación renal, etc.)(Zhao et al., 2014)

Epigenética y el cerebro humano

Los cambios epigenéticos condicionan multitud de procesos en los que está involucrado el cerebro humano: la memoria (Heyward & Sweatt, 2015), las emociones (Gaudi, Guffanti, Fallon, & Macciardi, 2015), las enfermedades mentales como la esquizofrenia o el trastorno bipolar (Lee & Avramopoulos, 2014) y procesos de adicción (Kumar et al., 2005) entre otros. La investigación en este campo está siendo extensa, sobre todo porque entender los mecanismos que regulan estos procesos permitiría poder actuar sobre las enfermedades mentales. Como ejemplo, en un estudio piloto se han estudiado los niveles de metilación del gen *FKBP51* en excombatientes con síndrome postraumático, antes y después de una intervención terapéutica de psicoterapia. Los resultados preliminares mostraron una disminución en la metilación del gen tras el tratamiento (Yehuda et al., 2013).

Epigenética y evolución

Los estudios acerca de la implicación del epigenoma en la evolución de las especies son más escasos, principalmente debido a los problemas técnicos que conlleva su estudio. Sin embargo, con el desarrollo de las nuevas tecnologías, algunas preguntas están empezando a ser respondidas (Hernando-Herraez, Garcia-Perez, Sharp, & Marques-Bonet, 2015). Por ejemplo, se ha descrito que el 90% de las regiones asociadas a promotores que no están metiladas, están muy conservadas en todos los vertebrados, desde el zebrafish hasta el hombre.

Las investigaciones llevadas a cabo en plantas muestran que son capaces de mantener un recuerdo de la exposición al estrés (por ejemplo al calor) y transmitirlo a las siguientes generaciones, porque en las plantas especialmente, existen marcas epigenéticas capaces de escapar a la reprogramación que ocurre durante la gametogénesis (Bilichak & Kovalchuk, 2016)

La heredabilidad del epigenoma da otra dimensión a la evolución. Mientras la evolución generada por mutaciones es lenta y es necesario el paso de varias generaciones para que esa mutación sea común en la población, los cambios epigenéticos pueden generar procesos de evolución mucho más rápidos, afectando simultáneamente a varios individuos. Aún más, si las condiciones ambientales se modifican, esos procesos pueden revertirse (Genetic Science Learning Center, 2016). Esta relación entre ambiente, epigenoma y la heredabilidad de los cambios epigenéticos ha reabierto el debate evolutivo, resurgiendo de nuevo las teorías Lamarckianas (Handel & Ramagopalan, 2010).

OBJETIVOS

Por todo lo descrito anteriormente es evidente el interés que tiene que la población adquiera conocimientos de epigenética. Los conocimientos básicos de genética se adquieren principalmente durante la educación secundaria. Por ello, el objetivo principal de nuestro trabajo ha sido: ***Valorar si es posible la introducción de la epigenética en el curriculum de la educación secundaria.***

Para ello hemos llevado a cabo el análisis valorando tres aspectos:

1º Estudiar la presencia de la epigenética en el curriculum de este nivel educativo y los libros de texto utilizados. El objetivo fue no solo analizar la descripción de esta disciplina y sus mecanismos moleculares si no también, la descripción de conceptos básicos esenciales para comprenderla como:

- La regulación de la expresión génica.
- La influencia del ambiente en la determinación de genotipo.
- La participación de la epigenética en la diferenciación celular.
- Su papel en los procesos de evolución.

2º Evaluar las ideas previas que los alumnos tienen sobre genética considerando:

- La organización del material genético.
- La constancia de la secuencia genética y los cambios en su expresión.

3º Presentar en el aula la epigenética, desde sus conceptos más básicos hasta su implicación en salud, incluyendo los procesos moleculares involucrados, y evaluar si los alumnos han sido capaces de asimilar los conceptos presentados.

II. Análisis del currículum de secundaria y de los libros de texto en relación a la epigenética

a) Currículum de Secundaria

I. Análisis del currículum

La enseñanza de la genética forma parte del currículum en el Sistema Educativo Español. En las dos últimas leyes educativas (Ley Orgánica 2/2003 de Educación, del 3 de mayo (LOE), y Ley Orgánica 8/2013, de 9 de diciembre, para la mejora de la calidad educativa (LOMCE), la genética se encuentra presente en el currículum de los cursos de 4º de la Educación Secundaria Obligatoria (ESO) y 2º de Bachiller.

Hemos llevado a cabo el análisis en los Decretos Forales que desarrollan los contenidos de las dos leyes vigentes: LOE (DF 25/2007, de 19 de marzo; DF 49/2008, de 12 de mayo) y LOMCE (DF 24/2015, de 22 de abril; DF 25/2015, de 22 de abril)

Los objetivos trazados por la LOE en el currículum de la asignatura de Biología en 4º de la ESO apuestan por un conocimiento de la herencia biológica y la transmisión de la información genética, con las aplicaciones e implicaciones de gran alcance social que esto conlleva. Por ello pretenden que el alumno sea capaz de “elaborar criterios personales y razonados sobre cuestiones científicas y tecnológicas básicas de nuestra época” y que conozca “las interacciones de la ciencia y la tecnología con la sociedad y el medio ambiente”. En Bachiller se añaden dos objetivos muy relacionados con este trabajo: Comprender las leyes y mecanismos moleculares y celulares de la herencia y ser capaz de interpretar los descubrimientos más recientes sobre el genoma humano, y por otra parte, saber valorar los profundos cambios producidos a lo largo del tiempo en la ciencia percibiendo el trabajo científico como una actividad en constante construcción. En el currículum de la LOMCE, en la misma dirección, se hace hincapié en que “los alumnos y alumnas deben identificarse como agentes activos, y reconocer que de sus actuaciones y conocimientos dependerá el desarrollo de su entorno”.

Dada la novedad de la epigenética, su implicación en la salud, su relación con el ambiente, y el cambio que puede suponer en nuestra forma de ver la herencia de algunos caracteres y la evolución, la epigenética podría encajar perfectamente en los objetivos trazados. Su ausencia priva de criterio para poder interpretar adecuadamente ciertas cuestiones científicas de actualidad, e incluso embarcarse en estudios posteriores.

En los currículums se ha analizado si se prevé la regulación de la expresión genética, si se identifica la epigenética, y si se tratan los mecanismos moleculares relacionados con ella (metilación, configuración de histonas y ARNs no codificantes).

II. Resultados

En la LOE, la genética no aparece como tal hasta el 4º curso de la Educación Secundaria Obligatoria (ESO) (Tabla 1), aunque se nombra ligeramente en 3º al presentar los tipos de enfermedades humanas, entre las que se citan las enfermedades genéticas. La genética en cuarto de la ESO se presenta en el **bloque 3** (La evolución de la vida) en la unidad “Herencia y transmisión de los caracteres”. Los criterios de evaluación introducen el ADN, el concepto de diversidad genética, las mutaciones y se valora la necesidad de desarrollar un sentido crítico

hacia los nuevos avances en el conocimiento del genoma, pero no se introduce el concepto de Epigenética. En el currículum no aparece ni siquiera descrito el proceso de transcripción, las histonas y tampoco se nombran los posibles tipos de ARN o los términos metilación, o acetilación.

En la asignatura de Ciencias para el Mundo contemporáneo, dentro del bloque dos, *Nuestro lugar en el Universo*, se marcan como contenidos, la selección natural darwiniana y su explicación genética actual y los cambios genéticos condicionantes de la especificidad humana. En el bloque tres, *Vivir más, Vivir mejor*, se pretende que el alumno conozca las nuevas técnicas de biotecnología, sus aplicaciones y limitaciones y puedan analizar los nuevos avances con juicio crítico. Además se pretende que conozca las enfermedades más frecuentes, y lo que puede estar relacionado con lo que hemos mostrado en el capítulo de la epigenética, se pretende que el alumno conozca los diversos factores que influyen en la salud humana, considerando no solo las causas genéticas, sino también los factores ambientales.

En la modalidad de Ciencias y Tecnología, en la asignatura de Biología, se incluye la Genética en el bloque 3, *Herencia. Genética Molecular*. De nuevo no se nombra el término epigenética ni en los contenidos ni en los criterios de evaluación. Si consideramos los contenidos relativos a la regulación de la expresión génica, el decreto foral solo indica que se debe explicar la “Transcripción y traducción génica en procariontes y eucariontes” sin especificar el nivel de profundidad que se debe explicar y por tanto su regulación”. Considerando los criterios de evaluación requeridos, también la exigencia es ambigua indicando únicamente que el alumno “Debe ser capaz de señalar las diferentes características del proceso de expresión génica en procariontes y eucariontes”

A diferencia de la epigenética, se le otorga a la mutación un papel fundamental en la variabilidad. Se pide que el alumno sea capaz de “describir el concepto de mutación génica, sus causas y su trascendental influencia en la diversidad y en la evolución de los seres vivos, valorando los riesgos que implican algunos agentes mutagénicos”. En los bloques anteriores, (La base molecular y fisicoquímica de la vida, y morfología, estructura y funciones celulares), no se indica si se deben explicar modificaciones en el ADN, o el proceso de diferenciación celular, donde cabría introducir la epigenética.

En general podemos decir que el tratamiento de los aspectos que estamos considerando es ambiguo puesto que no solo no aparece el término epigenética, y sus mecanismos moleculares, si no que ni siquiera se valora la posibilidad de la regulación de la expresión génica y se presentan las mutaciones como agente único de cambio. Se introduce el ambiente como factor modulador de la salud, pero sin explicar los mecanismos.

Tabla 1: Curso, asignatura y contenidos de Genética en el curriculum de la LOE. Modificado de DF 25/2007 y DF 49/2008

Curso	Asignatura	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación
4 ° ESO	Biología y Geología	Bloque 3: La evolución de la vida	<ul style="list-style-type: none"> • Mendelismo. Genética humana. • Concepto de gen. • Ingeniería genética. Avances en biotecnología • Origen y evolución de los seres vivos. 	<ul style="list-style-type: none"> • Resolver problemas prácticos de genética. utilizando las leyes de Mendel. • Conocer que los genes están constituidos por ADN y ubicados en los cromosomas. • Conocer las distintas teorías evolucionistas.
1° BAC.	Ciencias para el mundo contemporáneo	<p>Bloque 2: Nuestro lugar en el universo.</p> <p>Bloque 3: Vivir más, vivir mejor.</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Del fijismo al evolucionismo. La selección natural darwiniana y su explicación genética actual. • Salud y factores genéticos, personales, ambientales y sociales. • El genoma humano. Ingeniería genética. • La reproducción asistida. La clonación. 	<ul style="list-style-type: none"> • Discernir las explicaciones científicas que se ha planteado sobre el origen de la humanidad de aquellas que no lo son. • Comprender la contribución de la ciencia e identificar sus limitaciones. • Diferenciar las enfermedades más frecuentes, valorando la influencia en la salud de los factores ambientales del entorno. • Conocer las bases científicas de la manipulación génica y valorar los pros y contras de sus aplicaciones.
2 ° BAC Modalidad de Ciencias y Tecnología	Biología	Bloque 3: La herencia. Genética molecular	<ul style="list-style-type: none"> • Mendel • Genética humana. • La teoría cromosómica de la herencia • Genética molecular, ADN y concepto de gen. • Transcripción, traducción • Genómica, proteómica • Mutaciones 	<ul style="list-style-type: none"> • Analizar el carácter abierto de la biología. • Diferenciar síntesis de degradación. • Explicar el papel del ADN como portador de la información genética. • Ser capaz de señalar las diferentes características del proceso de expresión génica en procariotas y eucariotas. • Explicar las mutaciones y su repercusión en la variabilidad de los seres vivos, en la evolución y en la salud de las personas.

La nueva ley de educación, la LOMCE (DF 24/2015; DF 25/2015,) tiene más presencia de la genética y de forma más transversal (Tabla 2). Sin embargo, no presenta apenas modificaciones con respecto a la LOE en el tema que estamos tratando.

En 4º de la ESO tampoco la palabra epigenética, ni ninguno de sus procesos es nombrado en el nuevo currículum. La genética también forma parte de los contenidos de la asignatura de Filosofía (asignatura del bloque de asignaturas específicas) presentada en referencia “a lo aprendido y el aprendizaje”, sin citar la epigenética.

En el currículum de Bachillerato de la LOMCE tampoco aparece citado el concepto de epigenética, ni los términos metilación y modificación de histonas. Aunque se especifican con más detalle los contenidos, y los estándares de aprendizaje, no se indica si es preciso conocer los mecanismos de regulación de la expresión génica, aunque se cita que es necesario aprender los procesos de replicación, transcripción y traducción. De nuevo se otorga a la mutación, el papel fundamental en la variabilidad genética humana.

Considerando el resto de itinerarios, hemos analizado las asignaturas de **Cultura científica** de 1º de bachillerato en la modalidad de Artes y **Psicología** para segundo de Bachiller en las Modalidades de Artes y Humanidades y Ciencias Sociales (ambas en el bloque de asignaturas específicas). En cultura científica tampoco se nombran ninguno de los términos relacionados con la epigenética, aunque se incluyen la transcripción y traducción pero no su regulación. En la asignatura de Psicología se aborda la genética desde los Fundamentos biológicos de la conducta humana (bloque 2) y en la Construcción del ser humano (bloque 5). En el primer bloque se incluyen contenidos como genes, mutaciones, alteraciones cromosómicas. En el bloque 5 se busca conocer la influencia de la genética en el desarrollo de la personalidad. En ninguno de los bloques seleccionados se incluye el concepto de epigenética o de los procesos que esta implica.

Tabla 2: Curso, asignatura y contenidos de Genética en el curriculum de la LOMCE. Modificado de DF 24/2015 y DF 25/2015

Curso	Asignatura	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación/Estándares de aprendizaje
4 ° ESO	Biología y Geología	Bloque 1: La evolución de la vida	<ul style="list-style-type: none"> • Los ácidos nucleicos. • ADN y genética molecular. • Concepto de gen. • Expresión de la información genética. • Código genético y mutaciones. • Mendel. • Ingeniería genética, biotecnología. • Evolución. 	<ul style="list-style-type: none"> • Comparar la estructura de los cromosomas y la cromatina • Formular los principales procesos de la mitosis y meiosis • Comparar los tipos y la composición de los ácidos nucleicos • Comprender como se expresa la información genética utilizando el código genético • Comprender la relación entre mutación y evolución. • Formular los principios básicos de Mendel. • • Identificar las técnicas de ingeniería genética • Comprender los mecanismos de la evolución destacando la importancia de las mutaciones y la selección.
	Filosofía	Bloque 2: Identidad personal	La herencia genética y lo aprendido. Herencia genética y aprendizaje	Reflexionar sobre la posible incidencia en la formación de la personalidad, de la herencia genética y de lo adquirido.
		Bloque 6: Transformación	El libre albedrío	El alumno expone sus reflexiones sobre la posibilidad de que exista o no el libre albedrío, teniendo en cuenta los avances en el conocimiento de la genética.

BACHILLERATO MODALIDAD CIENCIAS				
Curso	Asignatura	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación/Estándares de aprendizaje
1 ° BAC.	Biología y Geología	BLOQUE 1. Los seres vivos: composición y función	Macromoléculas. Estructura de los ácidos nucleicos, función y estructura.	Conoce y describe la estructura general y algunas características de los monómeros que componen los ácidos nucleicos.
2 ° BAC.	Biología	BLOQUE 1. La base molecular y fisicoquímica de la vida	Las moléculas orgánicas. Glúcidos, lípidos, prótidos y ácidos nucleicos.	Determinar la composición química y describir la función, localización y ejemplos de las principales biomoléculas orgánicas.
		BLOQUE 3. Genética y evolución.	<ul style="list-style-type: none"> • ADN como portador de la información genética. • ARN, tipos y funciones • Relación ADN-síntesis de proteínas • Interpreta y explica esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción. • Definir el concepto de mutación • Establecer la relación entre mutación y cáncer. • Desarrollar los avances en ingeniería genética. • Formular los principios de la genética mendeliana • Evolución. • Relacionar genotipo y frecuencias génicas con la genética de poblaciones y su influencia en la evolución. • Reconocer la importancia de la mutación y la recombinación. • Analizar los factores que incrementan la biodiversidad 	<ul style="list-style-type: none"> • Establece la relación del ADN con el proceso de la síntesis de proteínas. • Diferencia los tipos de ARN, así como la función de cada uno de ellos en los procesos de transcripción y traducción. • Reconoce las características fundamentales del código genético aplicando dicho conocimiento a la resolución de problemas de genética molecular. • Interpreta y explica esquemas de los procesos de replicación, transcripción y traducción. • Ilustra la relación entre mutación y recombinación, el aumento de la diversidad y su influencia en la evolución de los seres vivos.

BACHILLERATO MODALIDAD ARTES				
Curso	Asignatura	Bloque	Contenidos	Criterios de evaluación/Estándares de aprendizaje
1º BAC	Cultura científica	BLOQUE 4. La revolución genética	<ul style="list-style-type: none"> • Mendel • ADN portador de la información genética. • Un gen - una enzima/ Nuevo concepto de gen. • Replicación, transcripción y traducción. • Ingeniería genética. • Obtención de células madre. Aplicaciones en el campo de la medicina. • Proyecto genoma humano. • Implicaciones ecológicas, sanitarias, sociales, éticas y legales de la ingeniería genética. 	<ul style="list-style-type: none"> • Conocer los hechos históricos de la genética. • Obtener, seleccionar y valorar informaciones sobre el ADN, el código genético, la ingeniería genética y sus aplicaciones médicas. • Conocer los proyectos consecuencia de descifrar el genoma humano • Evaluar las aplicaciones de la ingeniería genética en la obtención de fármacos, transgénicos y terapias génicas. • Analizar los posibles usos de la clonación. • Establecer el método de obtención de los distintos tipos de células madre, así como su potencialidad, para generar tejidos, órganos e incluso organismos completos.
		Bloque 2. Fundamentos biológicos de la conducta	<ul style="list-style-type: none"> • Genes y conducta • Mutaciones 	<ul style="list-style-type: none"> • El alumno explica la influencia de los componentes genéticos que intervienen en la conducta • El alumno relaciona la importancia de las alteraciones genéticas con las anomalías en la conducta, utilizando el vocabulario técnico preciso: mutación, trisomía, monosomía, deleción, etc
		Bloque 5. La construcción del ser humano	<ul style="list-style-type: none"> • Naturaleza de la personalidad 	<ul style="list-style-type: none"> • Comprender qué es la personalidad, analizando las influencias genéticas, medioambientales y culturales sobre las que se edifica

b) Libros de texto

Con el fin de comprobar si la epigenética aparece en los libros de textos de secundaria, se han analizado nueve libros de Bachillerato y cinco libros de 4º de la ESO (Tabla 3). Dado que la epigenética es una disciplina relativamente nueva, sólo se han analizado los libros de texto posteriores al año 2000.

Tabla 3. Libros de texto analizados

2º Bachiller			4º ESO		
Editorial	ISBN	Año	Editorial	ISBN	Año
Bruño	978-84-216-6443-8	2014	Santillana	978-84-680-0028-2	2011
Everest	978-84-241-9094-1	2011	Bruño	978-84-216-7106-1	2012
SM	978-84-675-3471-9	2011	Oxford	978-84-8104-534-9	2004
AKAL	978-84-460-2625-9	2009	Vicens Vives	978-84-682-0798-8	2012
Oxford Educación	978-84-673-5055-5	2011	Anaya	84-207-7652-1	2000
Santillana	978-84-294-0979-6	2009			
Anaya	978-84-667-8257-9	2011			
Editex	978-84-9771-545-4	2010			
McGraw-Hill	978-84-481-6708-0	2009			

Cinco libros de Bachiller (Tabla 4) presentan algún aspecto de la epigenética y no aparece descrito en ninguno de los de cinco de la ESO analizados. Los libros que mejor lo incluyen son los libros de la editorial Bruño (2014) y Everest (2011). Los dos presentan la epigenética principalmente en el capítulo del control de la regulación de la expresión génica, y con bastante detalle. Se describe la metilación, la modificación de las histonas (incluso nombran otros mecanismos de modificación distintos al clásico de la acetilación, como la adición de grupos metilo, fosfato etc.; Bruño, 2014). Los dos muestran los procesos de formación de (microARNs) con imágenes de bastante detalle similares a las que nos podríamos encontrar en libros de texto de nivel universitario.

Sólo el libro de Bruño define el concepto de epigenética: *“la epigenética es el conjunto de cambios del ADN, reversibles y heredables que no afecta a la secuencia de nucleótidos de los genes, pero si son capaces de alterar su expresión, haciendo que unos genes se expresen y otros no en función de las condiciones medioambientales”*. Esta definición es bastante completa y muy acertada, similar a la que nos podemos encontrar en libros de texto de nivel universitario o artículos de investigación.

“Hoy en día epigenética suele hacer referencia a los procesos y fenotipos que se transmiten a otras células y, a veces, a generaciones futuras, pero que no se deben a diferencias de las

secuencia de bases del DNA. A menudo, los efectos epigenéticos son causados por cambios en la expresión génica que se deben a alteraciones en la estructura de la cromatina o a otros aspectos de la estructura del DNA, como la metilación del DNA (Pierce, 2016)

Initially relating to developmental programming, today the designation of epigenetics is more focused and can be defined as the study of the mitotic and/or meiotic heritability of gene expression triggered through a transient initiating event that occurs in the absence of change to the DNA sequence (Chadwick, 2015)

El libro de la editorial SM (2011), incluye la epigenética en un apartado que se denomina “Retos de la biología moderna”. Describe la metilación indicando que:

- La metilación puede ser controlada por el ambiente al que un individuo es sometido: alimentación, toxinas, radiación.
- El patrón de metilación supondría un mecanismo esencial para el control y la génesis de tumores.
- A diferencia del carácter permanente de la secuencia génica, la metilación es un proceso dinámico.
- Las diferencias epigenéticas entre dos sujetos podrían explicar el que a pesar de que dos sujetos tengan la misma mutación en un gen, uno desarrolle la enfermedad y otro no.

En aquellos que no aparece el término epigenética, en ocasiones se nombra a los microARNs y siARNs en la clasificación de los distintos tipos de ARN (AKAL, 2009) indicando que inhiben la traducción o inducen la degradación del ARNm. En este mismo libro se cita en la regulación de la expresión génica que *“se puede regular el inicio de la transcripción por remodelaciones de la cromatina, permitiendo o impidiendo la accesibilidad de la maquinaria de la transcripción a los genes”* De igual manera, en el libro de la editorial Oxford, se comenta que *“uno de los factores que condicionan la actividad de la ARN polimerasa es la separación de las histonas del ADN en los nucleosomas para permitir el acceso de la enzima”*

Del resto de los libros presentamos algunos comentarios que podrían estar relacionados con la epigenética aunque no la nombran:

- El libro de la editorial Editex, únicamente nombra en el capítulo de enfermedades genéticas que: *“algunas enfermedades también pueden estar influidas por factores ambientales”*
- El libro de Mac Graw Hill (2009), al explicar el dogma central de la biología (DNA-RNA-proteína) comenta que aunque todas las células tienen las mismas secuencias, no necesariamente se expresan todas y todas al mismo tiempo.
- El libro de Santillana, en el capítulo de regulación de la transcripción de eucariotas dice que la activación de la transcripción está asociada con múltiples cambios en la estructura de la cromatina de la región que se va a transcribir.

En ninguno de los libros analizados se incluye la epigenética en los capítulos de biotecnología, a pesar de que algunos de ellos profundizan en la genómica y la proteómica

**Aunque inicialmente se utilizó el término de epigenética en el ámbito de la programación del desarrollo, hoy en día se denomina epigenética al estudio de la heredabilidad mitótica o meiótica de la expresión de un gen desencadenada por un evento que ocurre en ausencia de cambios en la secuencia del ADN.*

(Bruño, Everest). En el libro de la editorial Oxford, en el capítulo de ingeniería genética comenta que “puede cambiarse las pautas de expresión génica”.

Considerando los aspectos de la epigenética presentados en la introducción podemos decir que todos los libros de Bachiller asocian la evolución exclusivamente a las mutaciones, sin hablar de procesos epigenéticos, y que el proceso de diferenciación celular se presenta únicamente en un libro, el mismo que presenta en detalle la epigenética (Bruño, 2014)

En ninguno de los libros de texto de 4º de la ESO analizados aparece el término epigenética, ni ninguno de sus procesos relacionados: metilación, modificación de histonas, o ARN interferente. Ni siquiera se presenta la posibilidad de regulación de la expresión génica puesto que el tema de la transcripción se presenta muy brevemente.

Lo único que aparece en alguno de los libros de 4º es la presentación de la influencia del ambiente en el fenotipo.

- En el libro de la editorial Bruño, en el análisis de los conceptos de genotipo y fenotipo, se dice: “heredamos los genes, lo cual no significa que se manifiesten automáticamente los caracteres regulados por esos genes; para que eso ocurra se precisa su expresión y aquí es donde interviene la capacidad moduladora del ambiente”.

- El libro de Vicens Vicens (2012), en el mismo capítulo explicando la relación genotipo-fenotipo dice: “el fenotipo de un individuo depende principalmente de su genotipo, es decir de los genes que poseen sus células. Sin embargo existen factores ambientales a los que están expuestos los individuos, que influyen en su fenotipo como la nutrición y las enfermedades, así como la temperatura, la luz a los agentes químicos y otros factores ambientales”

- Otros introducen esta misma idea para explicar la variabilidad humana: tu masa depende de tus genes pero también de tu dieta (Oxford; 2004)

La epigenética no aparece citada en los capítulos de evolución ni en los libros en los que se trata con mayor profundidad. Con respecto a la diferenciación, de nuevo la única editorial que la presenta y además de forma gráfica, es la editorial Bruño, en la misma línea que el libro de Bachiller.

En resumen podemos decir, que si bien la epigenética como tal no aparece en muchos libros de texto, son frecuentes las referencias a la regulación de la expresión génica y la interacción del ambiente con el genotipo, presentándose de forma muy breve en 4º de la ESO y con mayor profundidad en 2º de Bachiller.

Tabla 4: Revisión de los libros de texto de 2º de Bachiller

Editorial	Fenotipo = Genotipo + Ambiente	Evolución	Diferenciación	Regulación de la expresión	Mecanismos que se citan		
					Metilación del ADN	Acetilación de histonas	ARN no codificantes
Bruño	Sí. Ejemplo: color hortensia=genotipo+pH del suelo.	no	Sí. Con imágenes	si	Si	Si + fosforilación y metilación	
				Control de la traducción			ARN interferente: siARN y miARN
Everest	Sí. Ejemplo: altura= genes+ alimentación	no	no	si	si	si	ncARN y rasiARN. siARNs y microARNs
SM	no	Sólo mutaciones	no	Anexo: Documentos de Biología	si, muy breve	no	si, muy breve
Akal	no	Sólo mutaciones	no	Sí, sin entrar en detalle	no	no	siRNA y miRNA (en una tabla)
Santillana	Si, sin ejemplos	Sólo mutaciones	no	Sí, sin detalle	no	no	siARN
Oxford Educación	Si (ambiente es citoplasma, otros genes, etc.)	Sólo mutaciones	no	Sí, sin detalle	no	no	solo citados en un capítulo introductorio
Anaya	no	no	no	no	no	no	no
Editex	no	no	no	no	no	no	Muy brevemente
Mc Graw Hill	Sí. Ejemplo: altura= genes+ alimentación	Sólo mutaciones	no	Si, sin detalle	no	no	no

ncARN: ARN no codificante. rasiARN: silenciamiento con ARN asociado a secuencias repetidas. siARN: ARN interferente pequeño.

III. DIFICULTADES GENERALES DE LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA EN SECUNDARIA

Para valorar la incorporación de la epigenética en el currículum de secundaria, hemos de analizar también cómo tiene lugar la enseñanza de la genética en este nivel educativo.

La Genética es una de las disciplinas que más dificultades de aprendizaje genera en los alumnos de secundaria. Así, existen múltiples publicaciones de didáctica orientadas al estudio de los problemas a los que se enfrentan los alumnos de estos niveles para la comprensión de los conceptos de genética (Ayuso, Banet, & Abellant, 1996; Banet & Ayuso, 1995; Bugallo, 1995; Íñiguez, 2005; Lewis & Wood-Robinson, 2000) Las causas descritas pueden agruparse en:

- La complejidad intrínseca de la genética que implica a diversos niveles organizativos desde el macro al micro. Considerando otros aspectos procedimentales, la genética presenta dificultades debido al contenido matemático de las tareas de genética mendeliana y al empleo de vocabulario y terminología muy específica.
- La ausencia del desarrollo de las capacidades cognitivas suficientes en los alumnos.
- La enseñanza en el aula, considerando tanto el modelo de enseñanza, la secuencia de contenidos, como la preparación de los profesores.
- Los errores conceptuales e ideas previas presentes en los alumnos al llegar a estos niveles educativos.

a) Complejidad de la enseñanza de la genética

Uno de los problemas principales para el aprendizaje de la genética surge de la necesidad de unir conceptos pertenecientes a distintos niveles organizativos: los genes y la molécula de ADN pertenecen al mundo submicroscópico, la célula y sus orgánulos al mundo microscópico y los caracteres fenotípicos explicados en los procesos de la herencia al nivel macroscópico (Lewis & Wood-Robinson, 2000; Tibell & Rundgren, 2010). El nivel macroscópico (color de ojos, una enfermedad, etc.) es algo observable y tangible, mientras que los genes y el ADN se representan utilizando simbologías o letras. Para algunos autores, este salto entre los niveles sería más fácil subsanable si en las clases de genética se hiciera más hincapié en la función de las proteínas en la determinación de los fenotipos (Thörne & Gericke, 2014). Ellos resaltan que el problema puede nacer en el hecho de que los alumnos reciben el mensaje de que el ADN tiene la información necesaria para sintetizar proteínas, no para determinar un fenotipo. El salto entre la proteína y el fenotipo está obviado en la mayor parte de las clases de genética. Consideran que no es necesario profundizar en detalle acerca de las funciones proteínas, pero algunos ejemplos ayudarían a dar ese paso (Thörne & Gericke, 2014).

Una vez alcanzado el conocimiento de la relación entre el gen y el fenotipo, sería necesario evitar un modelo de enseñanza demasiado determinista que atribuye exclusivamente a los genes la presencia o ausencia de determinadas características fenotípicas (Jiménez-Aleixandre, 2014). Porque, tal y como indican las investigaciones científicas, en la mayor parte de los casos una característica fenotípica no es solo resultado de un único genotipo, si no resultado de las interacciones de múltiples factores genéticos y ambientales.

Como mostramos en el análisis de los libros de texto, especialmente en 4º de la ESO donde se dedica un capítulo a explicar la relación entre el fenotipo y el genotipo, la mayor parte de los libros de texto mencionan que el fenotipo es resultado de la interacción del ambiente y el genotipo. Sin embargo, en ninguno de los libros analizados por nosotros se muestran ejemplos de esta interacción. Como afirman Puig y colaboradores, sería necesario que los libros textos presentaran más ejemplos concretos y tareas que permitieran al alumno comprender la influencia del ambiente en la expresión de los genes (Puig & Aleixandre, 2015).

La genética presenta también dificultades debido al lenguaje específico que utiliza. Se emplean metáforas, símiles, abreviaturas, símbolos, expresiones matemáticas y jerga científica. Aunque las metáforas y los símiles pueden ayudar a comprender procesos complejos también es cierto que puede causar problemas en el aprendizaje debido a la tendencia a un antropomorfismo (describir procesos biológicos en términos únicamente humanos) o teleológicos (existe una intención en los componentes celulares de realizar esa acción) (Tibell & Rundgren, 2010)

b) Desarrollo de las capacidades cognitivas del alumnado de secundaria

Los alumnos que se enfrentan por primera vez a la genética pueden no haber desarrollado las capacidades cognitivas suficientes que les permita entender esta disciplina, por su aspecto más hipotético-deductivo. Como hemos visto, la genética se presenta por primera vez en el curriculum de secundaria en 4º de la ESO (15-16 años). Según las teorías Piagetianas los alumnos de esta edad deberían encontrarse en un estado de operaciones formales que les permitiera comprender diversos aspectos de la genética. Sin embargo, no todos los alumnos alcanzan a la vez este estado y muchos se encuentran aún la parte de desarrollo de operaciones concretas (Íñiguez, 2005). Para ellos, resulta problemático la utilización de la simbología utilizada en genética ya que no llegan a establecer el puente entre realidad y simbología.

Algunos autores afirman que a pesar de las dificultades cognitivas que pueden tener los alumnos menores de 16 años, se pueden introducir en los currículums los conceptos de genética siempre y cuando el proceso de enseñanza-aprendizaje se lleve a cabo en un contexto familiar al alumno (Íñiguez & Puigcerver, 2013). Defienden que con las herramientas didácticas adecuadas se puede conseguir una aceleración cognitiva que consiga que el alumno realice las operaciones más formales que requieren el aprendizaje de la genética (Orcajo, 2003).

c) Enseñanza en el aula

La complejidad de la enseñanza de la genética y los escasos resultados obtenidos en las pruebas de evaluación en relación al aprendizaje de las Ciencias en Secundaria Biología (MECD, 2014), han impulsado la necesidad de llevar a cabo modificaciones en el proceso de aprendizaje de la genética, que pasan por modificar el modelo de enseñanza y la secuencia curricular.

c.1) Modelo de enseñanza

Los modelos de enseñanza de las ciencias han experimentado grandes cambios en las últimas décadas. Intentando abandonar el modelo de enseñanza por transmisión se han propuesto alternativas como el aprendizaje por descubrimiento o el aprendizaje constructivista. Sin embargo, la realidad es que estos nuevos modelos sólo son llevados a cabo en un número muy reducido de colegios, y el modelo de enseñanza tradicional permanece vigente hoy en día en muchos centros (Íñiguez & Puigcerver, 2013).

El modelo de enseñanza tradicional tiene como base los principios derivados de la psicología conductista (Ayuso, 2000). Este modelo de enseñanza, también denominado enseñanza por transmisión, presenta las siguientes características:

- Considera al estudiante un mero receptor de información, una “tábula rasa” que incorpora lo que recibe del exterior y lo acumula a lo aprendido anteriormente.
- El profesor trasmite el conocimiento de forma elaborada, de forma que el alumno no participa en la construcción del conocimiento.
- Toma como material docente principalmente el libro de texto.
- No desarrolla estrategias didácticas para eliminar las ideas previas presentes en los alumnos (Iñiguez & Puigcerver, 2013).

A pesar de que en el modelo tradicional no se suelen considerar los aspectos procedimentales o actitudinales de la enseñanza, lo cierto es que probablemente este sea uno de los aspectos en que más intentos de mejora se han llevado a cabo. Los docentes, incluso aquellos que siguen un proceso de enseñanza tradicional, implementan actividades de contextualización de la materia en sus clases y realizan actividades en el laboratorio con más frecuencia que hace unas décadas. Sin embargo, es evidente que estos esfuerzos no son suficientes, ya que este modelo de enseñanza de tipo memorístico tiene como consecuencia el hecho de que los conocimientos se olvidan pronto y no quedan almacenados en la memoria a largo plazo (González García, 2008).

Estos problemas se subsanan si el aprendizaje es un aprendizaje significativo en lugar de memorístico. El aprendizaje significativo fue desarrollado inicialmente por Ausubel y posteriormente por Novack y Gowin (Guruceaga & González, 2004), basándose en las teorías psicológicas de Piaget y Vigotsky sobre el desarrollo cognitivo. Según Ausubel, el aprendizaje que perdura en el tiempo es aquel que se ha construido a partir de las ideas previas del alumno, que es coherente y que permite interconectar conceptos creando una red de conocimiento. Teniendo en cuenta este modelo de aprendizaje se han propuesto modelos de enseñanza diferentes al tradicional, como el modelo constructivista (Iñiguez & Puigcerver, 2013). Este tiene como características principales considerar que:

- El alumno es parte activa del aprendizaje construyendo su propio aprendizaje
- El profesor ayuda al alumnos partiendo de su nivel de aprendizaje, por lo que,
- es esencial conocer las ideas previas que los alumnos presentan sobre la materia que se va a impartir.
- El alumno debe llevar a cabo un cambio conceptual: aprender no es solo adquirir nuevos conocimientos y añadirlos a los ya existentes, es también llevar a cabo una reorganización mental con los nuevos conocimientos.
- Es necesario contextualizar el proceso de enseñanza-aprendizaje para desarrollar en el alumno competencias que le permitan aplicar los contenidos adquiridos a las situaciones de la vida diaria.
- Es necesario motivar al alumno para la adquisición del conocimiento.

Los trabajos de investigación llevados a cabo en este terreno han mostrado que el modelo constructivista de enseñanza de las ciencias y de la genética en particular, mejora significativamente el aprendizaje (Iñiguez & Puigcerver, 2013).

c.2) Cambios en la secuencia curricular

La mayor parte de los libros de texto de secundaria centran su atención en el aprendizaje de las proporciones mendelianas y la herencia de rasgos monogénicos, excluyendo los procesos más complejos como la penetrancia o la influencia del ambiente en el genotipo (Dougherty, 2009). Aunque este método es una forma sencilla de comenzar la enseñanza de la genética, el aprendizaje no debe terminar aquí. En el momento actual del desarrollo biotecnológico y las aplicaciones clínicas de la genética, es necesario que la visión que se presente a los alumnos de secundaria esté mucho más acorde con la realidad.

Nuevas propuestas se han planteado para modificar el curriculum de la enseñanza de la genética. Las más innovadoras, como las presentadas por Dougherty y colaboradores (Dougherty, 2009) y Smith y colaboradores (Smith & Gericke, 2015) apuestan por comenzar por lo más complejo como la herencia de los rasgos poligénicos para terminar con la herencia más sencilla como Mendel. Otros autores defienden, explicar primero conceptos de biofísica y cómo las proteínas regulan los rasgos, para acabar después con el gen como codificador de la información de la proteína (Duncan, 2009)

c.3) Preparación del profesorado

Como hemos comentado en los capítulos anteriores, la genética es una de las disciplinas de la ciencia que más desarrollo ha experimentado en los últimos años. Un repaso al número de publicaciones científicas en los diversos campos de la Biología, muestra que no solo se ha producido un crecimiento vertiginoso en el campo de la investigación sino también en la aplicación clínica de estas investigaciones; actualmente hay más de 2000 test genéticos disponibles en el mercado (Durmaz et al., 2015). Ante esta situación nos encontramos con la necesidad de que los profesores de secundaria sean formados en los nuevos avances científicos. Se han llevado a cabo muchos trabajos evaluando los modelos de enseñanza puestos en marcha en el aula, como hemos señalado antes. Aunque existen trabajos valorando la actitud de los profesores ante la enseñanza de la ciencia y las dificultades que perciben, para nuestro conocimiento no hay trabajos de investigación realizados para evaluar si los profesores tienen los conocimientos suficientes para llevar al aula una enseñanza actualizada de la Ciencia.

d) Ideas previas de los alumnos con respecto al temario de genética

Como hemos comentado anteriormente, un aprendizaje significativo pasa por el análisis de las concepciones que los alumnos presentan previas al aprendizaje. Son muchos los trabajos que han analizado estas ideas previas dentro del contexto de la genética (Iñiguez & Puigcerver, 2013; León, 2013; Shaw, Van Horne, Zhang, & Boughman, 2008; Tibell & Rundgren, 2010) y aquí resumimos las más importantes:

- no todos los seres vivos están formados por células
- no todos los seres vivos tienen cromosomas y genes. Los alumnos tienen problemas a la hora de conocer la estructura de los cromosomas y cuál es su relación con los genes y con el ADN. Incluso aunque asumen que un determinado individuo pueda tener cromosomas, consideran que algunas células de ese individuo pudieran no tenerlos.
- aunque resulta muy sorprendente, algunos estudiantes llegan a considerar que determinados objetos inanimados contienen ADN
- la información hereditaria solo está presente en las células sexuales

- los cromosomas sexuales sólo están presentes en los gametos
- aunque memorizan la idea de que todas las células del organismo provienen de una sola, el cigoto, luego consideran que cada célula sólo contiene los genes necesarios para realizar su función
- Consideran que el ambiente puede influir en la aparición de un determinado carácter, en algunas ocasiones más que los propios genes.

Por todo lo anteriormente descrito, antes de valorar la incorporación de la epigenética en la educación secundaria, nuestro objetivo fue evaluar los conocimientos previos de los alumnos de 4º de la ESO y 2º de Bachiller relativos a la genética, la expresión de los genes y la influencia del ambiente en el fenotipo.

Participantes y metodología

Participantes

La investigación se llevó a cabo con un total de 84 alumnos, 22 de 2º de Bachiller y 62 de 4º de la ESO de un centro de la comarca de Pamplona, en la Comunidad Foral de Navarra. Durante este curso 2015-2016, en estos dos cursos la enseñanza debe impartirse acorde a la LOE. La implantación de la LOMCE tendrá lugar el curso que viene para los cursos pares (ORDEN FORAL 46/2015, de 15 de mayo)

Según el currículum oficial (DF 25/2007 y 49/2008), los contenidos relacionados con la genética se distribuyen entre las asignaturas de biología de estos dos cursos (Tabla 1). Como vimos en la introducción, en los currículums oficiales y los libros de texto no existe una referencia explícita a la epigenética y es muy escasa a la expresión de genes y su regulación.

Metodología

Para conocer los conocimientos previos de los alumnos se diseñó un test de ideas previas que constaba de 8 preguntas, entre las cuales contaban ítems abiertos, de opción múltiple y de representación (ANEXO 1) Los alumnos dispusieron de 15 minutos al inicio de la clase para responder el cuestionario, y lo hicieron de forma anónima indicando únicamente el curso y su sexo.

La primera parte del cuestionario pretendía indagar en el conocimiento general de la genética celular, para lo que se les pidió, por una parte, que dibujasen los genes, cromosomas y su situación en la célula (pregunta 1-P1); y, por otra, que indicasen qué células (animales: gameto (óvulo), somática (músculo, hueso), vegetales (flor) y estructuras no celulares (prótesis de cadera) contienen, respectivamente, información hereditaria, cromosomas, cromosomas sexuales y genes (P2).

En segundo lugar, se inquirió sobre la regulación de la expresión genética: se les pidió una definición de epigenética (P3), y se hicieron algunas preguntas sobre la constancia en la información genética y de su expresión (P4 a P8).

Para las 2 primeras preguntas se pidió además al alumnado que indicara el grado de seguridad en la respuesta dada, mediante una escala Likert de 4 puntos con el fin de correlacionar la

seguridad en la respuesta con el grado de acierto. El análisis de los datos se llevó a cabo mediante un test de correlación de Spearman.

Siguiendo el modelo de trabajos anteriores similares (Íñiguez, 2005) para llevar a cabo el análisis de los dibujos (P1) se diseñó una red sistémica en la que se puntuaron los diversos conceptos incluidos. La comparación de los resultados entre los dos cursos (4º de la ESO y 2º de Bachiller) se realizó mediante un test de U de Mann-Whitney, previo análisis de la dispersión de las muestras con un test de Levene.

El análisis de las preguntas de opción múltiple (P4-P8) se llevó a cabo mediante un test de contingencia comparando las respuestas acertadas de los alumnos de 2º de bachiller con las de 4º de la ESO para cada pregunta.

Todos los análisis estadísticos se hicieron con el programa SPSS (SPSS for Windows, Version 16.0. Chicago, SPSS Inc.)

RESULTADOS

1. Representación de los genes y los cromosomas, y su localización en la célula.

La red sistémica diseñada para el análisis de los dibujos es la que se presenta en la figura 6.

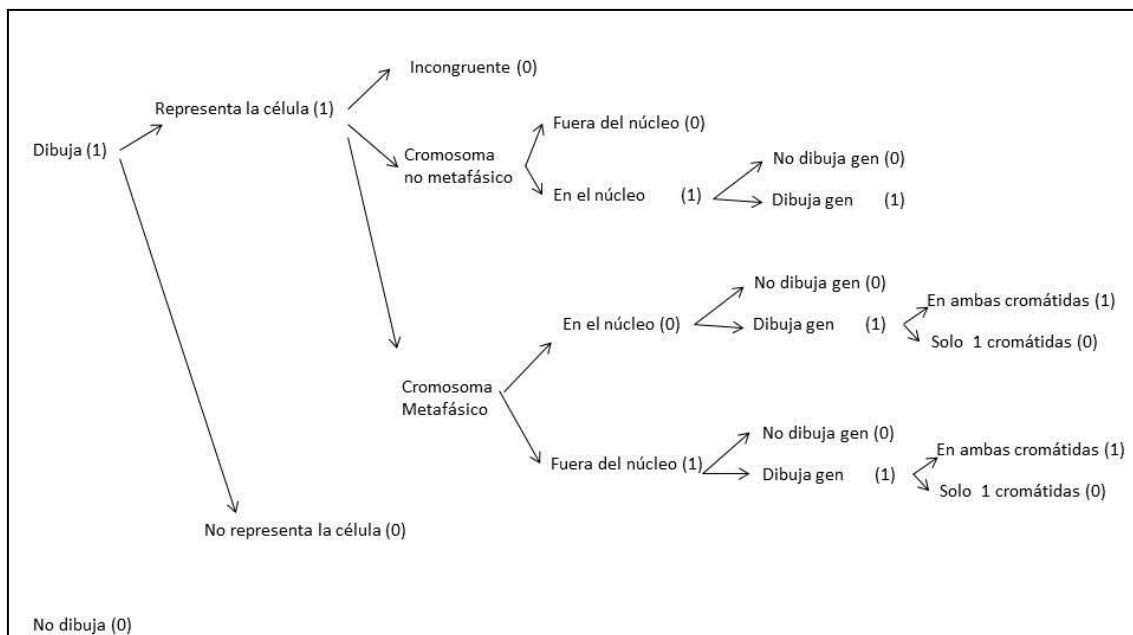


Figura 6. Red sistémica para el análisis de los dibujos de genes y cromosomas en la célula (P1)

En interfase, el ADN no se encuentra condensado. En metafase, para cuando los cromosomas se han condensado, el núcleo ya no está definido. Por ello, se considera correcto dibujar el cromosoma metafásico (con dos cromátidas) en una célula sin núcleo (en división), pero incorrecto dentro del núcleo. De igual forma se considera correcto dibujar el gen en las 2 cromátidas de un cromosoma metafásico porque dibujarlo solo en una implica no entender el proceso de replicación, o lo que es lo mismo, el origen de cada cromátida hermana.

En cada categoría, se asignó un punto si se aparece representado el elemento, y 0 si no aparece o es una respuesta incompleta. Se obtuvo un valor global para cada alumno, como sumatorio de todos los elementos correctos.

Así, quien dibuja una célula, en división, con un cromosoma metafásico, con las dos cromátidas hermanas y dibujando un gen como un fragmento en ambas, obtienen un índice máximo de 5 puntos. En las figuras 7, 8 y 9 se muestran algunos ejemplos.

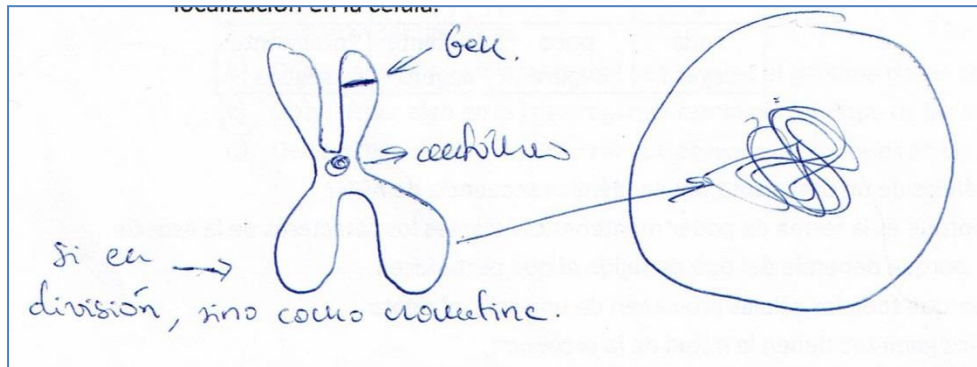


Figura 7. Dibujo de un alumno de 2º de Bachiller. Se le otorgaron 4 puntos a este dibujo debido a que: dibujó (1)-representó la célula (1)-dibujó el cromosoma metafásico fuera del núcleo (1) y el gen como un fragmento del cromosoma (1), aunque sólo lo dibujó en una cromátida (0)

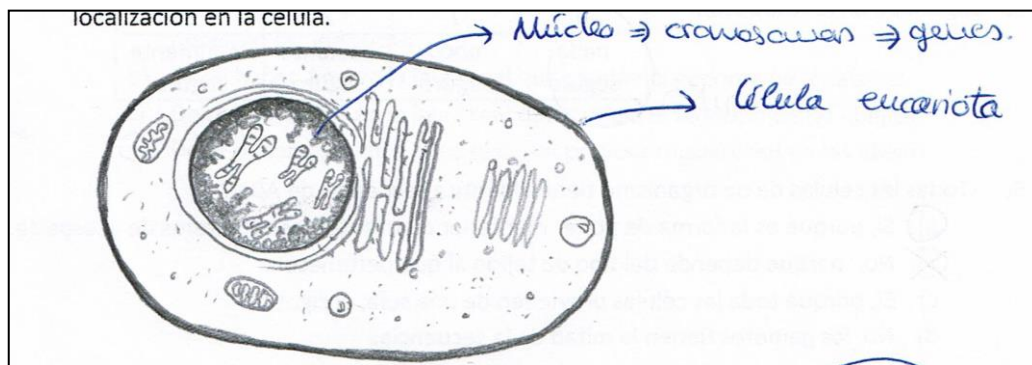


Figura 8. Dibujo de una alumna de 2º de Bachiller. Se le otorgaron 4 puntos a este dibujo debido a que: dibujó (1)-representó la célula (1)- dibuja un cromosoma metafásico dentro del núcleo (0)-dibujó el gen como un fragmento del cromosoma (1) y en las dos cromátidas (1)

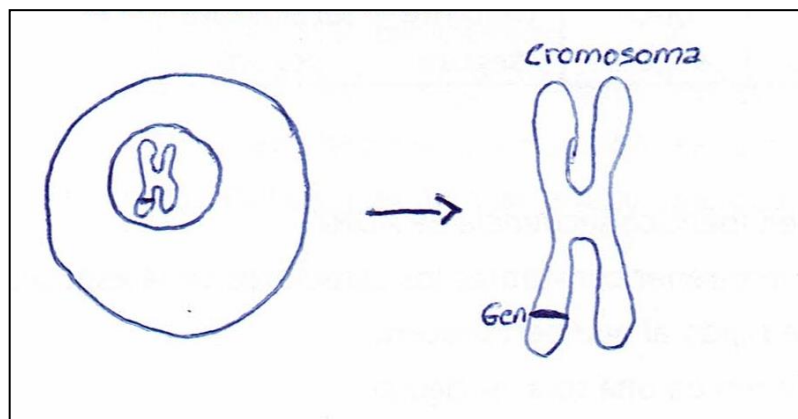


Figura 9. Dibujo de una alumna de 4º de ESO. Se le otorgaron 3 puntos a este dibujo debido a que: dibujó (1)-representó la célula (1)-dibuja un cromosoma metafásico dentro del núcleo (0)-dibujó el gen como un fragmento del cromosoma (1)-pero en única sola cromátida (0)

El 94% de los alumnos presentó algún tipo de dibujo y la mayoría de ellos, el 86%, dibujó la célula (Tabla 5). La mayor parte de los alumnos dibujaron cromosomas con forma de cromosoma

metafásico en el núcleo de las células (76%). Sólo 3 alumnos (4% del total) dibujaron cromosomas metafásicos señalando con palabras que esta estructura está presente en la célula en división, mientras que en interfase lo que se observa en el interior del núcleo es la hebra de cromatina. Estos alumnos cursaban todos 2º de Bachiller.

Tabla 5. Resumen de la puntuación obtenida tras el análisis de los dibujos. Para cada criterio, se indica el porcentaje de alumnos incluidos en esa categoría

Alumno	puntos	ESO	BAC	Total
Dibuja	1	92	100	94
Representa célula	1	82	95	86
Incongruente		6	0	5
Cromosoma no metafásico				
Fuera del núcleo	0	0	0	0
En el núcleo	1	0	5	1
No dibuja el gen	0	0	0	0
Dibuja el gen	1	0	5	1
Cromosoma metafásico				
En el núcleo	0	76	77	76
No dibuja el gen	0	42	5	32
Dibuja el gen	1	34	73	44
En ambas cromátidas	1	2	55	15
Sólo en una cromátida	0	32	18	29
Fuera del núcleo	1	0	14	4
No dibuja el gen	0	0	0	0
Dibuja el gen	1	0	14	4
En ambas cromátidas	1	0	0	0
Sólo en una cromátida	0	0	14	4
No representa célula	0	10	5	8
No dibuja	0	8	0	6

Una sola alumna dibujó cromosomas en el interior del núcleo sin morfología metafásica.

La diferencia principal entre los dos niveles educativos se detectó en que un 42% de los alumnos de 4º de la ESO no dibujaron el gen, frente a un 73% de los de Bachiller que sí lo hizo. Además, el 55% de los alumnos de Bachiller dibujaron el gen en ambas cromátidas, frente al 2% de los de 4º.

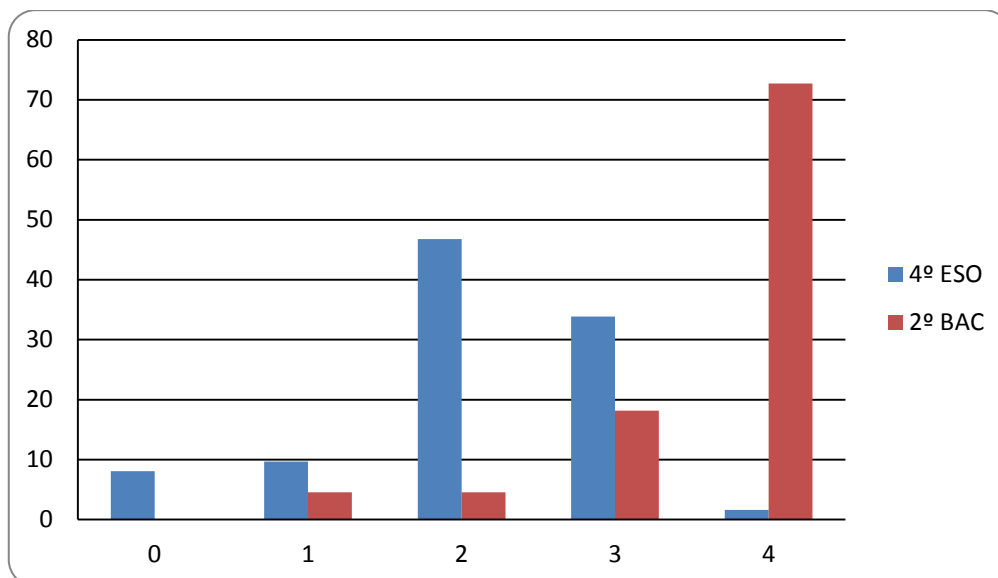


Figura 10. Porcentaje de alumnos para cada curso en función de las puntuaciones obtenidas.

Las dos muestras mostraron el mismo grado de dispersión (test de Levene: $F=1.541$; $p=0.642$; $gl=1$). El análisis estadístico de los datos mediante un test no paramétrico de U de Mann-Whitney mostró que existen diferencias muy significativas entre los resultados obtenidos en el grupo de 2º de Bachiller y 4º de la ESO ($U=146.50$; $p<0.001$; $gl=1$). Los alumnos de Bachiller obtienen un índice significativamente mayor que los de 4º (mediana 2 vs 4, respectivamente).

2. Qué células contienen información hereditaria, cromosomas, cromosomas sexuales y genes.

En las tablas 6 y 7 indicamos el porcentaje de alumnos que han considerado que los distintos elementos/tipos celulares contienen información hereditaria, cromosomas, cromosomas sexuales y genes.

Tabla 6. Porcentajes de alumnos de 4º de ESO que identifica la presencia de elementos en cada tipo celular.

4º ESO	Información hereditaria	Cromosomas	Cromosomas sexuales	Genes
Sangre	64,5	43,6	9,7	54,8
Óvulo	54,8	35,5	96,8	45,2
Músculo	6,5	50,0	9,7	40,3
Hueso	22,6	46,8	3,2	32,3
Prótesis de cadera	9,7	25,8	4,8	19,4
Pétalos de una flor	29,0	45,2	48,4	17,7
Bacteria	35,5	54,8	12,9	54,8

Tabla 7. Porcentajes de alumnos de 2º de Bachiller que identifica la presencia de elementos en cada tipo celular.

2º Bachiller	Información hereditaria	Cromosomas	Cromosomas sexuales	Genes
Sangre	50,0	36,4	9,1	63,6
Óvulo	68,2	40,9	95,5	59,1
Músculo	45,5	63,6	9,1	63,6
Hueso	45,5	45,5	9,1	63,6
Prótesis de cadera	9,1	4,6	0,0	13,6
Pétalos de una flor	45,5	45,5	13,6	54,6
Bacteria	63,6	72,7	9,1	72,7

La práctica totalidad de los alumnos asocia los cromosomas sexuales únicamente con el óvulo (célula de la línea germinal), pero solo alrededor de un 10% los relaciona con el resto de tipos celulares. Llama la atención que en 4º de la ESO casi la mitad de la clase afirma que las células de los pétalos de la flor tienen cromosomas sexuales, pero sólo un 3% los sitúan el hueso o un 10% en el músculo.

Tanto en 4º de la ESO como en 2º de Bachiller, alrededor de un 10% de los alumnos consideran que las bacterias tienen cromosomas sexuales. En segundo, el porcentaje de alumnos que marca como positiva la presencia de cromosomas y genes es mayor para la bacteria que para cualquiera de los otros tipos celulares, y similar cuando consideramos la información genética.

Es evidente que la prótesis de cadera, como elemento artificial no contiene ninguno de los 4 elementos de la tabla. Sin embargo, salvo para los cromosomas sexuales en 2º de Bachiller, siempre algún alumno (porcentaje entre el 4.6%-25.8%) consideran que tienen alguno de estos elementos.

El concepto información hereditaria es el que menos porcentaje obtiene para todos los tipos celulares menos para la sangre en los alumnos de 4º de la ESO. Los porcentajes son algo mayores para los cromosomas en 4º y para los genes en 2º de Bachiller.

Los alumnos consideran principalmente que el óvulo es portador de los 4 elementos, curiosamente seguido de las bacterias, antes que otros tipos celulares como las células sanguíneas o el músculo (Figura 11)

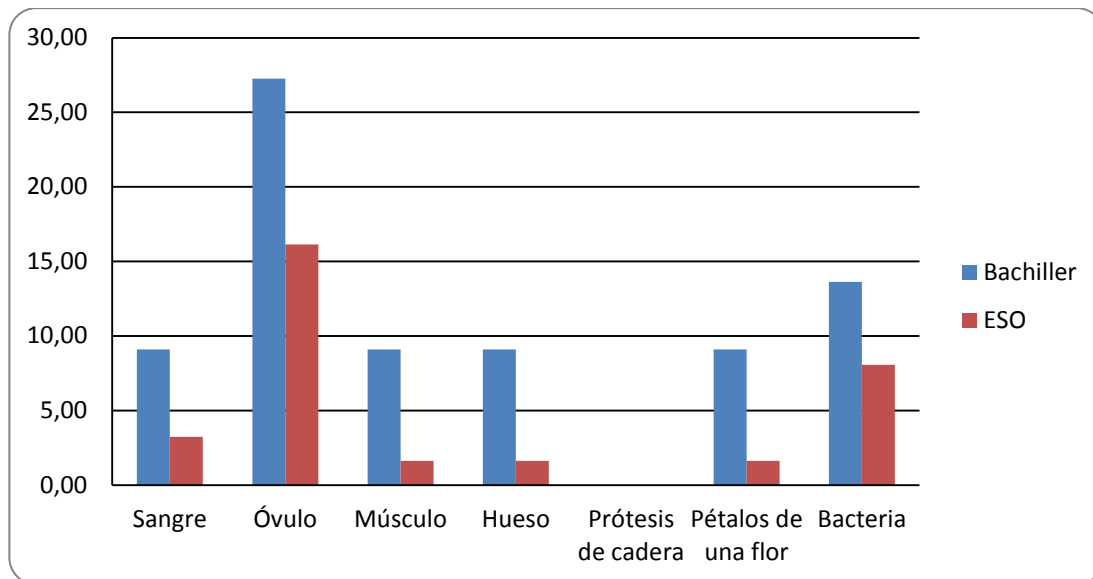


Figura 11. Porcentaje de alumnos que consideran que los elementos analizados tienen los 4 rasgos genéticos.

3. Grado de seguridad en la respuesta.

Teniendo en cuenta la puntuación obtenida en la red sistémica y el grado de seguridad en la respuesta encontramos que no hay correlación entre las dos variables para 2º de Bachiller pero sí para 4º de la ESO ($r_s=0.397$; $p=0.003$; $g_l=1$)(Figura 12)

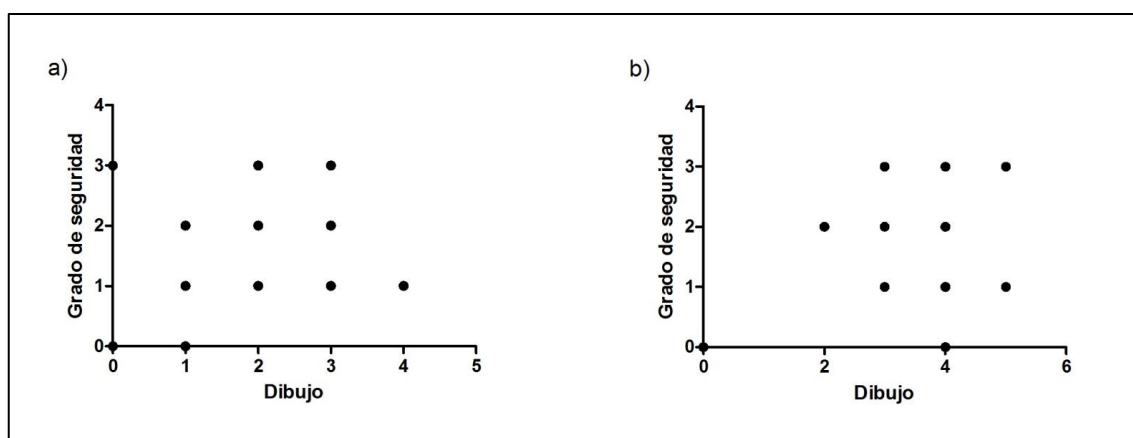


Figura 12. Correlación entre la puntuación obtenida en los dibujos y el grado de seguridad en la respuesta para 4º ESO (a) y 2º de Bachiller (b)

De igual forma se analizó la correlación entre las respuestas a la pregunta 2 y el grado de seguridad. Para ello, se consideró en cada alumno, el número de respuestas acertadas, es decir si habían marcado los 3 componentes (información hereditaria, cromosomas y genes) para el caso de la bacteria, los 4 componentes para resto de los tipos celulares y ninguno para el caso de la prótesis de cadera. En este caso se obtuvo una correlación significativa positiva entre el grado de acierto y el grado de seguridad para los dos cursos ($r_s=0.379$; $p=0.004$; $g_l=1$ para 4º ESO y ($r_s=0.644$; $p=0.004$; $g_l=1$)(para 2º de Bachiller)(Figura 13)

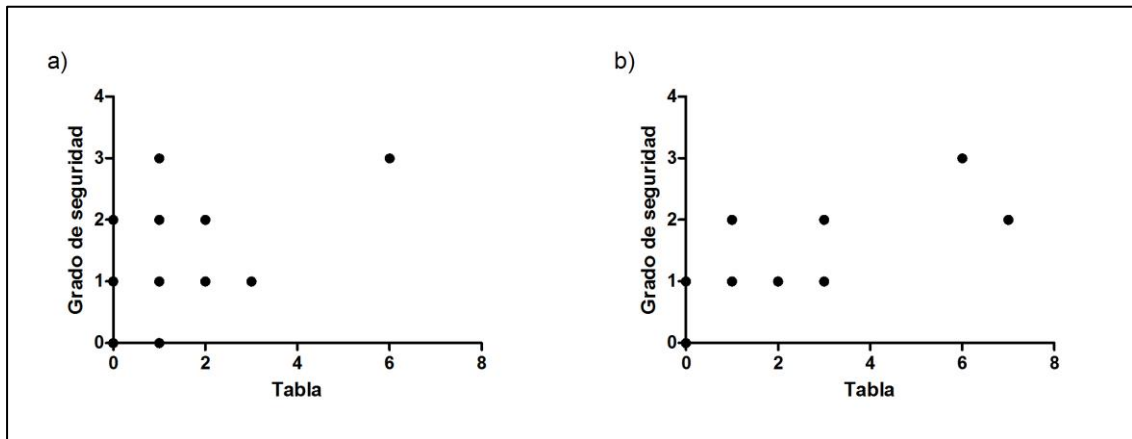


Figura 13. Correlación entre la puntuación obtenida en la pregunta 2 y el grado de seguridad en la respuesta para 4º ESO (a) y 2º de Bachiller (b)

Cuando se realiza un test de preguntas objetivas como el que hemos realizado nosotros se puede responder correctamente porque se conoce la respuesta o porque se ha tenido suerte a la hora de responder la pregunta al azar. Esto nos preocupaba especialmente en el caso de la pregunta 2 donde la respuesta consiste en marcar diversas casillas de la tabla. Para evaluar objetivamente los resultados de este tipo de test algunos autores han sugerido el estudio de la seguridad en la respuesta de los alumnos (Vallejo, 2010). En nuestro trabajo la correlación entre el acierto y el grado de seguridad fue positiva.

4. Definición de epigenética

Se pidió a los alumnos que definieran el término epigenética antes de dar la charla. 8 de los 22 alumnos de bachiller y 13 de los 62 de la ESO, dieron algún tipo de respuesta, distinta al “No se qué es la epigenética”. Ninguno de ellos sabía qué era la epigenética pero dieron respuestas analizando la morfología de la palabra. Así, algunas de las respuestas citaron la piel, probablemente porque lo relacionaron con el término epidermis:

- “Es el campo de la genética que se centra en la piel o tejidos diferenciados” (2º BAC.)
- “La genética de la piel” (4º ESO)

Algunos lo relacionaron con el exterior:

- “Es la genética que determina el aspecto externo de un organismo” (2º BAC.)
- “Epi me parece superficie. Pero no tengo ni idea” (2º BAC.)

Un par de alumnos se acercaron bastante a la definición de epigenética.

- “Es el estudio que nos dice cómo serán las células y cómo van a funcionar” (4º ESO)
- “Parte de la genética que estudia la manifestación externa de los genes/factores externos que pueden afectar a la genética y cómo” (2º BAC.)

Y algún alumno respondió con ideas ingeniosas:

- “La genética de barrio sésamo” (4º ESO)

5. Constancia de la secuencia genética y cambios en su expresión

Analizadas las preguntas 4 a 8 del test de ideas previas vimos que los porcentajes de acierto fueron siempre superiores en los alumnos de 2º de Bachiller, salvo en la pregunta 6 (Tabla 8). El análisis de contingencia comparando los porcentajes de acierto de los dos cursos mostró para la pregunta número 4 diferencias significativas ($X^2=5.62$, $gl=1$, $p=0.029$): a la pregunta *¿Todas las células de un organismo tienen idéntica secuencia de ADN?* El 50% de los alumnos de Bachiller contesta correctamente que *“Sí, porque toda las células provienen de una sola, el cigoto”*. Sin embargo un porcentaje importante de alumnos de 4º de la ESO (33.9%) afirma que no todas las células tienen la misma secuencia, porque *“los gametos tienen la mitad de la secuencia”*.

Para la pregunta 5, *¿Todas las células de un organismo expresan los mismos genes?* La mayor parte de los alumnos de 2º de Bachiller responden que *“No, depende del tipo de tejido al que pertenecen”*, pero hay más de un tercio de los alumnos de segundo y de cuarto que consideran que todas las células somáticas expresan los mismos genes pero los gametos expresarán la mitad de los ellos ($X^2=3.42$, $gl=1$, $p=0.06$)

La respuesta 6 es la de mayor porcentaje de acierto, con un 63, 6% de alumnos de Bachiller y un 72,6% de los de cuarto que afirman que dos gemelos monocigóticos tienen la misma información genética porque provienen de la división del mismo cigoto (opción d) ($X^2=0.62$, $gl=1$, $p=0.431$)

En la pregunta 7, *¿Los gemelos monocigóticos padecen siempre las mismas enfermedades?* los alumnos de los dos grupos eligieron como opciones válidas las respuestas b y c, con casi un 50% para cada opción ($X^2=0.09$, $gl=1$, $p=0.805$):

- b) No, si son enfermedades infecciosas. Pero sí, si se trata de una enfermedad genética.
- c) No necesariamente, porque algunas enfermedades dependerán de sus hábitos de vida

Para la pregunta 8 (una dieta diferente hace que las abejas hembras sean reinas u obreras) se observa que, mientras los alumnos de Bachiller se inclinan más por la opción c (*Debe haber algo en la jalea real que cambia el fenotipo de las abejas*), en el caso de los alumnos de 4º de la ESO los porcentajes se invierten, siendo más los que consideran que *Debe haber algo en la jalea real que provoca mutaciones en las abejas* (opción d) ($X^2=2.82$, $gl=1$, $p=0.132$).

Tabla 8. Porcentaje de alumnos que selecciona cada respuesta.

pregunta	4º ESO					2ºBachillerato			
	a	b	c	d	blanco	a	b	c	d
4	14,5	27,4	22,6	33,9	1,6	18,2	31,8	50	0
5	14,5	33,9	8,1	37,1	6,5	4,5	59,1	0	36,4
6	22,6	3,2	1,6	72,6	0	31,8	4,5	0	63,6
7	6,5	48,4	40,3	1,6	3,2	0	50	45,5	4,5
8	0	14,5	37,1	45,2	3,2	0	13,6	59,1	27,3

En rojo se marcan las respuestas correctas

ANÁLISIS

El objetivo principal de este trabajo es valorar si debe incorporarse la epigenética al currículum de secundaria. Para ello en esta sección del trabajo hemos evaluado el nivel de conocimientos previos que tienen los alumnos relacionados con la genética celular, la constancia en la información genética y la regulación de la expresión de los genes. Con este fin llevamos a cabo cuestionario de ideas previas a los alumnos de niveles de 4º de la ESO y 2º de Bachiller.

Los resultados del test acerca de las concepciones previas de los alumnos fueron en general mejor en los alumnos de 2º de Bachiller que en 4º de la ESO. Hay que considerar una variable importante en los resultados, que es que mientras los alumnos de Bachiller estaban recibiendo las clases relativas al temario de genética en el mismo momento en el que se impartió la charla de epigenética, los alumnos de 4º de la ESO, habían visto su temario correspondiente unos 3 meses antes.

A. Organización genética

Como comentamos en la introducción, una de las ideas alternativas más persistentes es dificultad en describir la organización celular.

Las preguntas 1ª y 2ª del cuestionario pretendían indagar sobre los conocimientos de los alumnos acerca de la organización genética: dónde se localizan los cromosomas y los genes (pregunta 1) y qué tipos celulares u organismos contienen información hereditaria, genes y cromosomas (pregunta 2).

Cuestionarios similares han sido realizados por otros autores con anterioridad (Ayuso et al., 1996; Iñiguez Porras, 2013; Lewis, Leach, & Wood-Robinson, 2000; Lewis & Wood-Robinson, 2000). Nuestros resultados son muy similares en lo que respecta a estas concepciones de los alumnos:

- la mayor parte de los alumnos dibuja el ADN y los cromosoma en el interior de la célula.
- al igual que se ha citado en trabajos anteriores, más de un 65% de los alumnos dibujan los cromosomas en el interior del núcleo, pero con morfología de cromosoma metafásico.
- Sin embargo encontramos una diferencia importante con respecto a los trabajos anteriormente citados. Un 44 % de los alumnos encuestados han situado los genes en los cromosomas; Este porcentaje es mayor que el obtenido por otros estudios previos, donde solo entre un 13-20% sitúan correctamente los genes en los cromosomas. Tenemos que señalar sin embargo que entre aquellos alumnos que pintan un gen como un fragmento del cromosoma no todos lo han representado como un fragmento presente en ambas cromátidas hermanas cuando se representa un cromosoma metafásico. En este aspecto hay una gran diferencia entre los alumnos de la ESO y Bachiller: mientras que el 75% de los alumnos de Bachiller que han pintado genes, lo hacen en ambas cromátidas, solo el 2 % de los de la ESO lo hacen. Si analizamos los libros de texto de ambos niveles, vemos que habitualmente no hay errores al respecto, y que de hecho muchas de las ilustraciones utilizadas para explicar los distintos procesos de herencia (dominante, recesiva, ligada al X, etc.) dibujan cromosomas metafásicos y dibujan el mismo alelo en cada cromátida hermana. Sin embargo, esta representación no perdura en la memoria de los alumnos de 4º, que por otra parte, no reciben instrucciones acerca del proceso de replicación del ADN (a diferencia de los alumnos de Bachiller). Esto demuestra que por encima de las

representaciones gráficas, es necesario una comprensión de los procesos para conseguir un aprendizaje significativo (Perales, 2006).

Con respecto a la segunda cuestión, si los alumnos identifican qué tipos celulares contienen información genética, cromosomas y genes podemos decir que:

- igual que se ha publicado en trabajos previos (Caballero, 2008)(Ayuso, 2000), la mayor parte de los alumnos atribuye la presencia de cromosomas sexuales únicamente al gameto (alrededor del 96% de todo el alumnado tanto de Bachiller como de la ESO) y un 48% del alumnado de 4º de la ESO señala que también las células de los pétalos de la flor tienen cromosomas sexuales. Esto muestra que los alumnos tienen un concepto del cromosoma muy determinista: las células tienen únicamente los cromosomas que necesitan: como el óvulo y la flor son los encargados de la reproducción, son los portadores de los cromosomas sexuales.
- A diferencia de otras publicaciones, los alumnos de nuestro trabajo consideran en un alto porcentaje que las bacterias contienen cromosomas y genes (72%), especialmente en Bachiller, en porcentajes mayores incluso que los otorgados a otros tipos celulares eucarióticos.

Es llamativo el hecho de que aunque un 50% de los alumnos de Bachiller responden correctamente a la pregunta número 4 del cuestionario (*¿Todas las células de un organismo tienen idéntica secuencia de ADN? Sí, porque todas las células provienen de una sola, el cigoto*), sin embargo, sólo el 10% indican en la tabla anterior que las células del músculo contienen información hereditaria. De igual manera, los alumnos de 4º con un porcentaje mejor de aciertos en la pregunta 4 (23%), apenas reconocen la presencia de información hereditaria en el músculo. Las discrepancias entre estas dos preguntas, pueden ser debidas a:

- los alumnos llevan a cabo un estudio fragmentado de los conceptos de genética sin establecer ninguna relación entre ellos. Para algunos autores este problema es más importante que las ideas previas que puedan tener los alumnos sobre el tema (Tibell & Rundgren, 2010). Esto explicaría las discrepancias entre las dos preguntas.
- el método por el que se hace la pregunta predispone la respuesta (Todd & Kenyon, 2015). Los alumnos se sintieron muy sorprendidos con la tabla, y mostraron muchas dudas en la respuesta.

La pregunta 6 del cuestionario (dos gemelos monocigóticos tienen la misma información genética porque provienen de la división del mismo cigoto) es la que consigue el mayor número de aciertos. De nuevo vemos incongruencias entre esta pregunta y la número 4; los alumnos han memorizado que los gemelos monocigóticos provienen del mismo cigoto, y por tanto tienen la misma información, pero luego no saben aplicar esa misma idea al hecho de que todas las células de un organismo tienen el mismo ADN porque provienen de una misma célula, de nuevo el cigoto (pregunta 4). Esto manifiesta un aprendizaje memorístico. Es cierto, por otra parte que el tema de la diferenciación celular está poco explicado en los libros de texto y nada presente en el curriculum (Tablas 1 y 2). De entre todos los libros analizados en este trabajo, solo hemos encontrado una representación gráfica y una breve explicación sobre la diferenciación en los libros de la editorial Bruño, tanto para la ESO como Bachiller.

B. GENOTIPO Y FENOTIPO

La pregunta final (8) acerca de cómo la alimentación con jalea real modifica el fenotipo de las abejas pone de manifiesto las claras diferencias entre los dos niveles educativos. Los alumnos de Bachiller son más proclives a admitir un cambio en el fenotipo, manteniendo un genotipo constante. Mientras que los alumnos de 4º de la ESO solo otorgan a los cambios en la secuencia (las mutaciones) los posibles cambios fenotípicos. Recordando el estudio realizado en el currículum y los libros de texto, en el currículum el único mecanismo de cambio que se sugiere son las mutaciones (Tabla 1 y 2). Aunque en los libros de texto se menciona la influencia del ambiente en el fenotipo, los ejemplos son escasos y la presentación habitual en los libros es una simple fórmula (Fenotipo = genotipo + ambiente) que los alumnos no comprenden porque luego no aplican a los casos prácticos que se les proponen como es la pregunta número 8 formulada.

En resumen, los alumnos que han participado en nuestro estudio, presentan en general los mismos errores conceptuales descritos por trabajos previos. Cabe destacar, que el nivel de errores es menor en Bachiller, donde la posibilidad de regulación de la expresión génica y la influencia del ambiente está más presente que en 4º curso de la ESO.

C. EPIGENÉTICA:

El objetivo de introducir en el cuestionario la pregunta “sabes qué es la epigenética” era doble; por un lado, nuestro trabajo nace de la idea de que los alumnos de secundaria no conocen qué es la epigenética, ni es un tema incorporado en los libros de texto y el currículum. Hubo únicamente dos personas (una de cada nivel) que se acercaron bastante a la definición original de la epigenética. Estos alumnos mostraron una definición bastante académica por lo que deducimos que no estaban manifestando alguna experiencia personal con respecto a esta disciplina, sino que probablemente se hubieran informado con anterioridad a la charla. Por otra parte, el objetivo de la pregunta era enseñar a los alumnos a ser capaces de entender la compleja terminología genética. Como señalamos en la introducción, este es un aspecto importante a tener en cuenta cuando se evalúa la dificultad del aprendizaje de la Genética (Tibell & Rundgren, 2010). Al aplicar un método únicamente memorístico, los alumnos pueden confundir la ADN polimerasa, con la primasa, con la topoisomerasa, etc. y no relacionan la terminología con la función de los diversos componentes o procesos genéticos. Se les pidió durante el cuestionario que analizaran la palabra *Epigenética* y dedujeran su significado a partir de ese análisis. Algunos alumnos hablaron de superficie y otros lo relacionaron con la piel, probablemente evocando a la epidermis.

IV. INTRODUCCIÓN DE LA EPIGENÉTICA EN EL AULA

En los trabajos orientados a la didáctica de la genética más recientes ya aparecen algunas publicaciones remarcando la necesidad de hacer hincapié en aspectos relacionados con la regulación génica (Domènech-Casal, 2016; Puig & Aleixandre, 2015).

Tras nuestro análisis del curriculum, los libros de texto y las ideas previas de los alumnos nos propusimos llevar a cabo una intervención en el aula que nos permitiera valorar si los alumnos están preparados para aprender conceptos relacionados con la epigenética, como la regulación génica, y la influencia del ambiente.

Participantes y metodología

En los cursos mostrados en el capítulo anterior se impartió una clase expositiva relacionada con la epigenética y se realizó un ejercicio posterior que permitiera evaluar el grado de asimilación de los alumnos de los conceptos impartidos en dicha clase.

a) Clase expositiva

La charla se llevó a cabo mediante la proyección del video *Epigenetics* (NovaScienceNow, 2016) y una serie de diapositivas de apoyo a los conceptos contenidos en el video (Anexo 2). Cuando era necesario se detenía el vídeo para ampliar ciertos conceptos. El video está publicado como un curso oercommons (<http://www.oercommons.org/>) para alumnos de entre 9-13 años.

Los conceptos expuestos en la charla fueron los siguientes: los gemelos monocigóticos poseen idéntica información genética. Sin embargo pueden padecer enfermedades distintas, incluso, enfermedades de carácter genético. Esto ocurre porque existen una serie de modificaciones en la estructura del ADN que condicionan la expresión de los genes. Esas modificaciones constituyen la epigenética. A nivel molecular, estas marcas epigenéticas son, entre otros procesos, adiciones de un grupo metilo a las citosinas del ADN, y adiciones de grupos acetilo a las histonas de la hebra de cromatina. En el video, esta regulación de la expresión de genes se simula mediante una animación que muestra como los genes pueden “encenderse” o “apagarse”.

El video además explica cómo el patrón epigenético de cada individuo está condicionado por factores ambientales como nuestra dieta, lo que bebemos o si fumamos. Además, es un patrón heredable pero modificable según nuestro propio estilo de vida.

Se presentó además la epigenética como la responsable de la diferenciación celular, de algunas enfermedades y se presentaron algunos tratamientos disponibles en el mercado frente a procesos de alteración del patrón epigenético.

Dado que en el video aparecen imágenes de laboratorio y procesos de extracción del ADN, se aprovechó la charla para mostrar a los alumnos procedimientos científicos habituales.

La charla fue muy similar para los dos cursos; solo se modificaron algunas diapositivas para adaptarla a los dos niveles (Tabla 9):

Tabla 9: Diferencias en la charla entre los dos cursos.

	4º ESO	2º Bachiller
Mecanismos moleculares de regulación	<p>Simbología utilizada en el vídeo: algo unido al ADN (diap. 3)</p> <p>Simbología utilizada en el vídeo: algo unido a las histonas (diap. 4)</p>	<p>Citosina metilada (diap. 2)</p> <p>Configuración B y Z de la hélice de ADN (diap. 3)</p> <p>Grupo acetilo unido a las histonas (diap. 5)</p> <p>ARN polimerasa unida al promotor (diap. 4)</p>
Transcripción	Esquema que utilizó la profesora en su clase con anterioridad (diap. 2)	Regulación en eucariotas (diap. 7)
Ejemplos de regulación	<p>Alimentación: Imágenes de alimentos (diap. 6)</p> <p>Tabaco y embarazo (diap. 7 y 8)</p>	<p>Alimentación: Se incluye la fórmula de la SAM (S-adenosilmetionina) (diap. 8)</p> <p>ARN interferentes (diap. 11)</p>

La serie completa de diapositivas a que hace referencia se encuentran en los anexos II (4º ESO) y III (2º Bachiller).

Para hacer entender a los alumnos la diferencia entre el genoma y el epigenoma se utilizó el siguiente símil, adaptado del descrito por Thomas Jenuwein (Citado por Giménez, 2013) :

- Todos los alumnos tienen una copia del libro de texto. Y todos ellos son exactamente iguales. De igual forma que todas las células de un organismo tienen el mismo ADN.
- Sin embargo, cada uno puede subrayar como quiera el libro, incluso colocar separadores, en función de lo que necesita estudiar en cada momento. De igual forma, cada célula de cada tipo celular, en cada momento del desarrollo, tiene sus propias marcas epigenéticas. Las células expresan únicamente los genes que necesitan en cada momento como mecanismo de ahorro de energía.
- Los alumnos heredan el libro de sus familiares, igual que se pueden heredar las marcas epigenéticas.
- Una vez heredados, esas marcas pueden quitarse y volverse a poner, si yo quiero leer otro capítulo del libro.
- En todo este proceso, el libro sigue siendo el mismo.

b) Evaluación final

Para evaluar si los alumnos han sido capaces de comprender que no toda la herencia está determinada en la secuencia génica, y que esa herencia puede ser modificada por el ambiente, se les proporcionó un texto donde se relatan las investigaciones llevadas a cabo con habitantes de una región del norte de Suecia. El texto es el siguiente:

El distrito Överkalix, al norte de Suecia, tiene un clima inhóspito caracterizado por inviernos largos y fríos. Durante el siglo XIX y comienzos del XX había muy pocos caminos en la región y el transporte durante el invierno estaba limitado por la nieve y el hielo. Por ello, en algunos años los habitantes de la zona sufrieron verdaderas hambrunas. En la década de 1980 algunos investigadores estudiaron el efecto de la dieta en esos habitantes y sus descendientes, centrados en tres grupos de personas: las nacidas en 1890, 1905 y 1920. Examinaron sus expectativas de vida y el riesgo de padecer enfermedades cardiovasculares y diabetes.

Encontraron unos resultados sorprendentes: los individuos cuyos padres y abuelos habían sufrido escasez de alimentos durante la infancia, tenían mayor expectativa de vida que aquellos que eran hijos y nietos de habitantes que habían vivido su infancia con exceso de alimentos. ¿Puedes explicar este hecho con lo que has visto en la charla? Utiliza los términos que se han trabajado como cromatina, genoma, expresión de genes, etc.

Lo que las investigaciones concluyeron fue que, la hambruna sufrida por los abuelos a comienzos del siglo XX, pudo modificar el patrón de herencia de algunos genes, y ese patrón fue heredado por los hijos y nietos, de forma que se observa que los nietos de aquellos que pasaron hambre, poseen menor riesgo de enfermedades cardiovasculares que los descendientes de abuelos que vivieron en épocas con mayor cantidad de alimentos. Los investigadores postularon que este efecto se debía a modificaciones de la cromatina y el ADN sin cambios en la secuencia (Kaati, Bygren, & Edvinsson, 2002)

Resultados

Se recogieron un total de 53 ejercicios de evaluación de los 84 alumnos incluidos en el estudio (63,1%). Lamentablemente, por tratarse de algo no evaluable, muchos de los alumnos de Bachiller, con los exámenes finales cerca y la selectividad, no entregaron el ejercicio (45,5%). Posteriormente, en 4º de la ESO se insistió en la necesidad de entregar el trabajo y el porcentaje de ejercicios fue mayor (69,4%).

Hay que añadir que 10 alumnos entregaron el ejercicio en blanco y 3 presentaron respuestas idénticas a las de algunos compañeros, por lo que estos últimos ejercicios se consideraron nulos.

Diez alumnos respondieron con cuestiones que no tienen nada que ver con la epigenética o incluso la genética.

En total por tanto se evaluaron un total de 30 ejercicios.

Siete de los treinta alumnos, contestaron que la alimentación produciría cambios en el genoma o en el ADN. Solo un alumno incluyó el término metilación, ninguno habló de la acetilación de histonas y ninguno consideró que los cambios epigenéticos pueden generar cambios en la estructura de la cromatina. En la Figura 14 se muestra una respuesta representativa.

Este hecho ha surgido, ya que ha habido modificaciones en la expresión de genes que no obedecen a una alteración de la secuencia de ADN que son heredables. Una de las fuentes de modificaciones de los genes son los factores ambientales, que pueden afectar a uno o varios genes con múltiples genes. La adaptación al medio ambiente dada por la plasticidad del genoma. Se obtiene como resultado la formación de distintos genotipos según el medio ambiente al que se ha expuesto el organismo.

Figura 14. Respuesta al ejercicio de evaluación final de un alumno de 4º de la ESO. Se presentan subrayados los ítems valorados.

Para evaluar las respuestas a esta pregunta de respuesta abierta se identificaron una serie de conceptos elementales, cruciales para entender el concepto global de epigenética. Los ítems se definieron a partir de la estructura disciplinar, pero también a partir de las dificultades que se podía esperar que los estudiantes poseyesen. Así, se propusieron los siguientes ítems, en orden creciente de complejidad conceptual (Stevens, Delgado, & Krajcik, 2010) (Tabla 10).

Tabla 10. Ideas cruciales para comprender el concepto de epigenética

Conceptos elementales	
1	REGULACIÓN. Existe una expresión diferencial de los genes. Admitimos en el mismo nivel que indiquen que los genes se activan-inactivan o se apagan-se encienden.
2	FACTORES DE REGULACIÓN. Los factores externos o hábitos de vida modifican esa expresión.
3	NO OCURRE UN CAMBIO EN LA SECUENCIA GÉNICA.
4	SE VE INVOLUCRADO EL EPIGENOMA.
5	HAY UN CAMBIO EN EL EPIGENOMA
6	LA ESTRUCTURA DE LA CROMATINA SE VE ALTERADA.
7	HEREDABILIDAD DE LA REGULACIÓN. Ese cambio es heredable.
8	MECANISMOS MOLECULARES. Se citan los procesos de acetilación de histonas y metilación.

Posteriormente, se corrigió la respuesta a la pregunta de respuesta abierta utilizando esta clave. Cada uno de los conceptos que aparecen reflejados en la respuesta se consignan con un “1”. En ausencia del concepto se codifica con un “0”. Esta forma de actuar ayuda a acomodar mejor las respuestas de los alumnos, y no verse limitado por modelos prefijados (Stevens, Delgado, & Krajcik, 2009). No se consideró válida la respuesta “cambios en el genoma”, ya que durante la charla se hizo bastante hincapié en la diferencia entre el genoma y el epigenoma. El genoma sería el libro impreso tal cual sale de la editorial, el epigenoma serían las marcas personales que nosotros le hacemos al libro.

Para cada uno de los conceptos, los datos registrados se ordenaron de acuerdo a una escala de Guttman (Tabla 11). Esta escala indica una progresión de ideas, de modo que los estudiantes que se sitúan en un determinado nivel conceptual dominan ese y los inferiores, pero no necesariamente lo superiores.

Tabla 11: Escala de Guttman para los ítems considerados en las preguntas.

Expresión diferencial	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Factores externos	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Epigenoma	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cambio heredable	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
No cambio en secuencia génica	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Alteración del epigenoma	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Metilación, acetilación, etc.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Estructura cromatina alterada	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Para valorar el nivel de significación de cada paso entre conceptos se llevó a cabo un test de McNemar para tablas de 2x2 entre niveles consecutivos utilizando SPSSv16.0. Un valor no significativo en el test implica que los dos conceptos forman parte del mismo nivel de conocimiento.

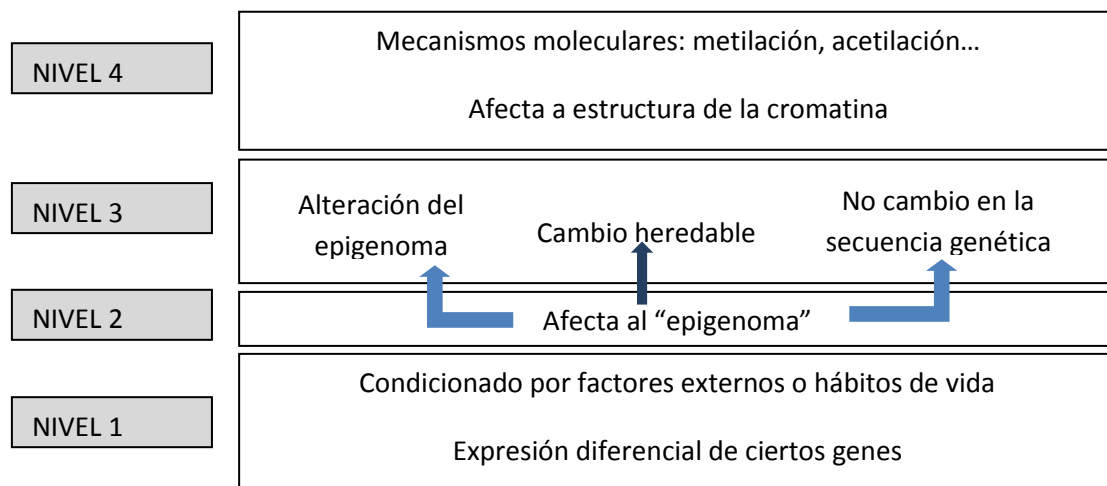


Figura 15. Niveles conceptuales en la explicación de un fenómeno mediante la epigenética.

Las respuestas de los alumnos se pueden clasificar en 3 niveles conceptuales (Figura 15). El 4º nivel posible, que hace referencia a los mecanismos moleculares de la regulación epigenética, no se consideró ya que solo lo presentó una alumna pero sin citar los niveles anteriores (Tabla 11).

Esto indica que hay un grupo de alumnos que es capaz de reconocer en el problema planteado que ocurre un cambio de expresión de los genes, provocado por un efecto ambiental, que implica al epigenoma. Sin embargo son muchos menos los alumnos que identifican además que este cambio es heredable y no implican cambios en la secuencia de ADN.

Tabla 12. Número de alumnos en cada nivel

	4º ESO (n=24)	2º bach (n=6)
Nivel 0	8	0
Nivel 1	12	2
Nivel 2	1	3
Nivel 3	3	1
Nivel 4	0	0

Se observan diferencias significativas entre cursos ($\chi^2= 9,9107$, $gl=3$, $p= 0.019$). Un tercio de los alumnos de 4º de ESO no dieron una respuesta coherente, o se situaron en el nivel 1 de competencia, que implica aceptar la posibilidad de regulación de la expresión genética, mientras que en 2º de Bachiller un 60% de los de Bachiller superan el nivel 1 (Tabla 12).

Análisis

La presentación del video fue aceptada con interés por los alumnos, puesto que al tratarse de una actividad no evaluable, lo recibieron como una charla divulgativa. Durante la exposición, se hizo referencia a algunas de las preguntas del cuestionario, respondiéndolas, con el fin de subsanar los posibles errores que los alumnos hubieran podido cometer. Se permitió unos minutos finales para que los alumnos plantearan dudas, que en general no

estuvieron relacionadas tanto con la epigenética como con los procedimientos de investigación que se observan en el video como la extracción de ADN.

Tras la presentación, se repartió a los alumnos el ejercicio de evaluación a posteriori que respondieron en casa.

El ejercicio de evaluación mostró que los alumnos han interiorizado los conceptos de expresión diferencial de los genes e influencia del ambiente y no los de herencia de esos cambios de expresión, y los mecanismos moleculares que se ven afectados. Así, un 63.3% de los alumnos que respondieron indicaron que existe una expresión diferencial de los genes, que pueden ser activados o desactivados y el 57 % justifica esta regulación por la intervención del ambiente o factores externos (como la dieta en el caso planteado). Si comparamos estos resultados con las preguntas previas de forma independiente para cada curso podemos ver que, mientras que el 60% por cierto de los alumnos de Bachiller admitieron que las distintas células pueden expresar distintos genes, luego un 80% de los que respondieron consideraron también la expresión diferencial mostrando una mejora tras la intervención. Con respecto a la influencia del ambiente, un 60 % de los alumnos relacionaron el ambiente con un cambio en el fenotipo antes y de la intervención y un 100 % tras la intervención. Estas mejoras deben ser tomadas con cautela dado el bajo número de alumnos que respondieron al test a posteriori en bachiller. Para las mismas cuestiones podemos decir que las mejoras fueron similares en 4º de la ESO (34% vs 58% para la expresión diferencial de genes; 37% vs 46% para la influencia del ambiente).

Considerando niveles superiores de conocimiento, solo 5 alumnos citan la heredabilidad, los cambios producidos y únicamente una alumna mencionó la metilación como uno de los mecanismos moleculares implicados.

La intervención que hemos llevado a cabo para introducir la epigenética en el aula es sin duda muy escasa. Una actuación más adecuada pasaría por el diseño de una unidad didáctica completa y una modificación de la enseñanza de los conceptos previos de genética, como ya ha sido llevado a cabo en algunas escuelas con bastante éxito (Domènech-Casal, 2016). Existe ya disponible material didáctico para el estudio de la epigenética en diversas plataformas educativas lo que muestra el interés por introducir la docencia de esta materia en la educación secundaria (NovaScienceNow, 2007; Sengupta, 2013; Stark, 2010)

V. DISCUSIÓN

Sin duda parece sensato pensar que podríamos introducir la epigenética en Bachillerato, donde los alumnos conocen en profundidad el mecanismo de la transcripción y la traducción, y la estructura del ADN y la cromatina (Tablas 1 y 2). En el curriculum de Bachiller, la epigenética tendría cabida en los capítulos de transcripción y traducción que se explican con detalle. Sin embargo, a pesar de que como hemos visto, las modificaciones en la regulación de la expresión son procesos esenciales que generan enfermedades tan importantes como el cáncer, el capítulo de regulación de la expresión de los genes se presenta todavía muy brevemente en Bachiller.

Además, tal y como hemos mostrado en la introducción de este trabajo, deberían introducirse algunos ejemplos de epigenética en el estudio de la evolución. Los libros de texto de Bachiller no dedican un capítulo muy extenso a la evolución, ya que las diversas teorías evolutivas se presentan con detalle en 4º de la ESO y habitualmente el capítulo de evolución en Bachiller queda relegado a la explicación del papel de la mutación.

Con respecto al nivel de 4º de la ESO, consideramos prematuro introducir la epigenética como disciplina. Sin embargo, conceptos tan esenciales como que cada célula expresa en cada momento los genes que precisa para realizar su función, por lo que esa expresión está regulada, y que hay factores ambientales que pueden modificar esa expresión deberían plantearse sin duda alguna en el nivel de 4º de la ESO. Tal y como ya han señalado algunos autores, primero sería necesario establecer mejor el vínculo entre genotipo-proteínas y fenotipo (Thörne & Gericke, 2014). Además se debería huir de la visión determinista de gen (Puig & Aleixandre, 2015), introduciendo en la enseñanza ejemplos sencillos de la influencia del ambiente y la interacción de varios genes en la determinación de un fenotipo y así poder introducir los conceptos epigenéticos mencionados antes.

Encontramos dos dificultades importantes para la incorporación de la epigenética en el curriculum de secundaria. Con los resultados obtenidos en los cuestionarios previos a la intervención queda claro de nuevo que es necesario un cambio sustancial en los modelos de enseñanza que permitan al alumno asimilar de forma significativa los conceptos de genética. Es evidente que para ello es necesario en primer lugar, que el profesorado de ciencias se involucre en este cambio de modelo de enseñanza. Es cierto que existe una tendencia a la innovación cada vez mayor entre el profesorado docente. Sin embargo esta innovación queda reservada en la mayor parte de las ocasiones a una innovación en nuevas tecnologías. Utilizando el símil de la silla de Ángel Fidalgo (Fidalgo, 2010) la innovación ha de tener cuatro pilares: personas, procesos (o metodologías), contenidos y tecnologías. Para lograr una innovación eficaz, no puede faltar ninguno de ellos. Incorporar al aula ordenadores, permitir el uso de apps en los móviles o pizarras digitales no implica necesariamente una mejora de la calidad de enseñanza si no va acompañada de al menos un cambio de metodología. Los trabajos realizados al respecto muestran como los profesores que desean llevar a cabo innovaciones en el aula se encuentran con dificultades que incluyen su escasa formación en didáctica educativa, la falta de tiempo y el escaso apoyo institucional para llevarlo a cabo (Oliva, 2011).

En segundo lugar, es imprescindible la formación del profesorado en los nuevos descubrimientos científicos. Se han llevado a cabo un número importante de trabajos de investigación valorando la formación del profesorado en didáctica de las ciencias, y en nuevas tecnologías (Guisasola, Barragués, & Garmendia, 2013; Howes, 2002; Jiménez-Tenorio & Oliva, 2016; Ussa, 2008), pero hay pocos trabajos valorando el nivel de conocimiento de los profesores de Ciencias, sobre todo referente a los nuevos avances científicos (Mellado, 2000).

Para aquellos alumnos que continúen sus estudios en ciencias en el ámbito universitario, la ausencia de la epigenética en la formación secundaria supondría afrontar el nuevo nivel de enseñanza con grandes dificultades, porque adquirir los nuevos conceptos supondría replantearse lo aprendido con anterioridad. Pero lo que es aún más importante, para aquellos alumnos que no continúan su formación en ciencias, la ausencia de la epigenética supondría generar una sociedad sin los conocimientos necesarios para enfrentarse a la toma de decisiones personales y comunitarias frente a la aceptación de nuevos fármacos, nuevas tecnologías de manipulación genética etc. que ya son una realidad en la sociedad del siglo XXI.

VI. Bibliografía

- Arrowsmith, C. H., Bountra, C., Fish, P. V, Lee, K., & Schapira, M. (2012). Epigenetic protein families: a new frontier for drug discovery. *Nature Reviews. Drug Discovery*, 11(5), 384–400.
- Ayuso, G. E. (2000). *La enseñanza de la herencia biológica y la evolución de los seres vivos: Fundamentación, planificación, aplicación y evaluación de una propuesta didáctica para la Educación Secundaria Obligatoria*. Tesis Doctoral.
- Ayuso, G. E., Banet, E., & Abellant, T. (1996). Introducción a la genética en la enseñanza secundaria y el bachillerato: II. ¿Resolución de problemas o realización de ejercicios? *Enseñanza de Las Ciencias*, 14(2), 127–142.
- Banet, E., & Ayuso, G. E. (1995). Introducción a la genética en la enseñanza secundaria y bachillerato : I. Contenidos de enseñanza y conocimientos de los alumnos. *Enseñanza de Las Ciencias*, 13(2), 137–153.
- Bilichak, A., & Kovalchuk, I. (2016). Transgenerational response to stress in plants and its application for breeding. *J Exp Bot.*, 67(7), 2081–92.
- Bugallo, A. (1995). La didáctica de la genética: revisión bibliográfica. *Enseñanza de Las Ciencias*, 13(3), 379 – 385.
- Caballero, M. (2008). Algunas ideas del alumnado de secundaria sobre conceptos básicos de genética. *Enseñanza de Las Ciencias*, 26(2), 227–244.
- Chadwick, B. (2015). *Epigenetics : Current Research and Emerging Trends*. (C. A. Press., Ed.).
- Chang, C. (2015). *Managing Autoimmune Disorders through Personalized Epigenetic Approaches*. *Personalized Epigenetics*. Elsevier Inc.
- DECRETO FORAL 25/2007, de 19 de marzo, por el que se establece el currículo de las enseñanzas de la Educación Secundaria Obligatoria en la Comunidad Foral de Navarra. Boletín Oficial de Navarra número 65, de 25 de mayo de 2007.
- DECRETO FORAL 49/2008, de 12 de mayo, por el que se establecen la estructura y el currículo de las enseñanzas del bachillerato en la Comunidad Foral de Navarra. Boletín Oficial de Navarra número 70, de 6 de junio de 2008
- DECRETO FORAL 24/2015, de 22 de abril, por el que se establece el currículo de las enseñanzas de Educación Secundaria Obligatoria en la Comunidad Foral de Navarra. Boletín Oficial de Navarra número 127, de 2 de julio de 2015
- DECRETO FORAL 25/2015, de 22 de abril, del Gobierno de Navarra, por el que se establece el currículo de las enseñanzas del Bachillerato en la Comunidad Foral de Navarra. Boletín Oficial de Navarra número 127, de 2 de julio de 2015
- Domènech-Casal, J. (2016). Gene Hunting: una secuencia contextualizada de indagación alrededor de la expresión génica, la investigación in silico y la ética en la comunicación biomédica. *Revista Eureka Enseñanza y Divulgación de las Ciencias*, 13(2) 342-358
- Dougherty, M. J. (2009). Closing the Gap: Inverting the Genetics Curriculum to Ensure an Informed Public. *American Journal of Human Genetics*, 85(1), 6–12.

- Duncan, R. G. (2009). Learning progressions: Aligning curriculum, instruction, and assessment. *Journal of Research in Science Teaching*, 46(6), 606–609.
- Durmaz, A. A., Karaca, E., Demkow, U., Toruner, G., Schoumans, J., & Cogulu, O. (2015). Evolution of genetic techniques: Past, present, and beyond. *BioMed Research International*, 2015.
- Eggermann, T., Perez de Nanclares, G., Maher, E. R., Temple, I. K., Tümer, Z., Monk, D., ... Netchine, I. (2015). Imprinting disorders: a group of congenital disorders with overlapping patterns of molecular changes affecting imprinted loci. *Clinical Epigenetics*, 7(1), 123.
- Esteller, M. (2008). Epigenetics in Cancer. *The New England Journal of Medicine*, 358 (11)1148-1159.
- Feinberg, A. P. (2008). Epigenetics at the epicenter of modern medicine. *JAMA : The Journal of the American Medical Association*, 299(11), 1345–1350.
- Fidalgo, A. (2010). el-simil-de-la-silla-para-entender-que-es-la-innovacion-educativa-y-como-aplicarla/. Retrieved from <https://innovacioneducativa.wordpress.com/2010/10/17/el-simil-de-la-silla-para-entender-que-es-la-innovacion-educativa-y-como-aplicarla/>
- Gaudi, S., Guffanti, G., Fallon, J., & Macciardi, F. (2015). Epigenetic mechanisms and associated brain circuits in the regulation of positive emotions: a role for Transposable Elements. *Journal of Comparative Neurology*, [Epub ahead].
- Genetic Science Learning Center. (2016). Epigenetics and Inheritance. Learn.Genetics. Retrieved from <http://learn.genetics.utah.edu/content/epigenetics/inheritance/>
- Giménez, O. (2013). Epigenética : Una nueva frontera. *El Farmacéutico*, (493), 14–22.
- González García, F. M. (2008). *El Mapa Conceptual y el Diagrama V. Recursos para la Enseñanza Superior en el Siglo XXI*. (Narcea Ediciones, Ed.).
- Goodrich, J. M., & Dolinoy, D. C. (2016). Environmental Exposures: Impact on the Epigenome. In *Epigenetics:current research and emerging trends* (pp. 327–348).
- Guisasola, J., Barragués, J. I., & Garmendia, M. (2013). El Máster de Formación Inicial del Profesorado de Secundaria y el conocimiento práctico profesional del futuro profesorado de Ciencias Experimentales , Matemáticas y Tecnología, 10, 568–581.
- Guruceaga, A., & González, F. M. (2004). Aprendizaje Significativo y Educación Ambiental: Análisis de los Resultados de una Práctica Fundamentada Teóricamente. *Enseñanza de Las Ciencias*, 22(1), 115–136.
- Handel, A. E., & Ramagopalan, S. V. (2010). Is Lamarckian evolution relevant to medicine? *BMC Medical Genetics*, 11, 73.
- Heijmans, B. T., Tobi, E. W., Stein, A. D., Putter, H., Blauw, G. J., Susser, E. S., ... Lumey, L. H. (2008). Persistent epigenetic differences associated with prenatal exposure to famine in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105(44), 17046–9.
- Hernando-Herraez, I., Garcia-Perez, R., Sharp, A. J., & Marques-Bonet, T. (2015). DNA Methylation: Insights into Human Evolution. *PLoS Genetics*, 11(12), 1–12.
- Heyn, H., & Esteller, M. (2012). DNA methylation profiling in the clinic: applications and

- challenges. *Nature Reviews Genetics*, 13(10), 679–692.
- Heyn, H., & Esteller, M. (2015). An Adenine Code for DNA: A Second Life for N6-Methyladenine. *Cell*, 161(4), 710–713.
- Heyward, F., & Sweatt, J. (2015). DNA Methylation in Memory Formation: Emerging Insights. *Neuroscientist.*, 21(5), 475–89.
- Howes, E. V. (2002). Learning to teach science for all in the elementary grades: What do preservice teachers bring? *Journal of Research in Science Teaching*, 39(9), 845–869.
- Inamura, K., & Ishikawa, Y. (2016). MicroRNA In Lung Cancer: Novel Biomarkers and Potential Tools for Treatment. *Journal of Clinical Medicine*, 5(3), 36.
- Íñiguez, F. J. P. (2005). La enseñanza de la genética: Una propuesta didáctica para la educación secundaria obligatoria desde una perspectiva constructivista. Universidad de Barcelona. Tesis doctoral.
- Íñiguez, F., & Puigcerver, M. (2013). Una propuesta didáctica para la enseñanza de la genética en la Educación Secundaria. *Revista Eureka Sobre Enseñanza Y Divulgación de Las Ciencias*, 10 (3), 307–327.
- Jiménez-Aleixandre, M. P. (2014). Determinism and Underdetermination in Genetics: Implications for Students' Engagement in Argumentation and Epistemic Practices. *Science and Education*, 23(2), 465–484.
- Jiménez-Tenorio, N., & Oliva, J. M. (2016). Aproximación al estudio de las estrategias didácticas en ciencias experimentales en formación inicial del profesorado de Educación Secundaria: descripción de una experiencia, 13(1), 121–136.
- Joubert BR, Felix JF, Yousefi P, Bakulski KM, Just AC, et al. (2016). DNA Methylation in Newborns and Maternal Smoking in Pregnancy: Genome-wide Consortium Meta-analysis. *The American Journal of Human Genetics*, 98(4), 680–696.
- Kaati, G., Bygren, L. O., & Edvinsson, S. (2002). Cardiovascular and diabetes mortality determined by nutrition during parents' and grandparents' slow growth period. *European Journal of Human Genetics : EJHG*, 10(11), 682–688.
- Kumar, A., Choi, K. H., Renthal, W., Tsankova, N. M., Theobald, D. E. H., Truong, H. T., ... Nestler, E. J. (2005). Chromatin remodeling is a key mechanism underlying cocaine-induced plasticity in striatum. *Neuron*, 48(2), 303–314.
- Lee, R., & Avramopoulos, D. (2014). *Introduction to Epigenetics in Psychiatry*. *Epigenetics in Psychiatry*. Elsevier Inc.
- León, P. C. de. (2013). Introducción a la monografía: enseñar y aprender sobre la célula viva. *ALAMBIQUE. Didáctica de Las Ciencias Experimentales*, (073), 5–14.
- Lewis, J., Leach, J., & Wood-Robinson, C. (2000). All in the genes? Young people's understanding of the nature of genes. *Journal of Biological Education*, 34(2), 74–79.
- Lewis, J., & Wood-Robinson, C. (2000). Genes, chromosomes, cell division and inheritance: do students see any relationship? I. *International Journal of Science Education*, 22 (2), 17(2), 177–195.
- Ley Orgánica 2/2003 de Educación, del 3 de mayo . Boletín Oficial del Estado núm. 106, de 04

de mayo de 2006, páginas 17158-17207

Ley Orgánica 8/2013, de 9 de diciembre, para la mejora de la calidad educativa Boletín Oficial del Estado núm. 295, de 10 de diciembre de 2013, páginas 97858 a 97921

Lindroth, A. M., Park, J. H., Yoo, Y., & Park, Y. J. (2015). *Nutrieigenomics: Personalized Nutrition Meets Epigenetics*. *Personalized Epigenetics*. Elsevier Inc.

MECD. (2014). *Pisa 2012. Programa para la evaluación internacional de los alumnos. Informe español*.

Mellado, V. (2000). ¿Es adecuada la formación científica del profesorado de ciencias de secundaria para sus necesidades profesionales? *REVISTA ALAMBIQUE. Didáctica de Las Ciencias Experimentales*, (24).Abril-Mayo

Nervi, C., De Marinis, E., & Codacci-Pisanelli, G. (2015). Epigenetic treatment of solid tumours: a review of clinical trials. *Clinical Epigenetics*, 7(1), 127.

NovaScienceNow. (2007). Epigenetics. PBS documents.

NovaScienceNow. (2016). Epigenetics. Retrieved from <http://www.oercommons.org/courses/epigenetics/view>

Novo, F. (2011). Human Molecular Genetics.Opencourseware. Retrieved from <http://www.unav.es/ocw/genetica/default.html>

Oliva, J. M. (2011). Dificultades para la implicación del profesorado de educación secundaria en la lectura, innovación e investigación en didáctica de las ciencias (I): el problema de la inmersión. *Revista Eureka Sobre Enseñanza Y Divulgación de Las Ciencias*, 8 (1)(1), 41–53.

Orcajo, M. T. I. (2003). *Investigación Para El Desarrollo De Un Enfoque Ciencia-Tecnología*-Tesis doctoral. Universidad Complutense de Madrid.

Perales, F. J. (2006). Uso (y abuso) de la imagen en la enseñanza de las ciencias. *Enseñanza de Las Ciencias*, 24(1), 013–30.

Pickersgill, M., Niewöhner, J., Müller, R., Martin, P., & Cunningham-Burley, S. (2013). Mapping the new molecular landscape: social dimensions of epigenetics. *New Genetics and Society*, 32(4), 429–447.

Pierce, B. A. (2016). *Genética [Recurso electrónico]: un enfoque conceptual*. Buenos Aires: Editorial Médica Panamericana, cop.

Puig, B., & Aleixandre, M. P. J. (2015). El modelo de expresión de los genes y el determinismo en los libros de texto de ciencias. *Revista Eureka*, 12(1), 55–65.

Razvi, E. (2013). Epigenetic Research Classes and Assay Trends im Genengnews.com

Rodríguez-Paredes, M., & Esteller, M. (2011). Cancer epigenetics reaches mainstream oncology. *Nature Medicine*, 17(3), 330–339.

Rubio, J. (2016). El secreto de los gemelos diferentes. *Diario de Navarra*, 13 de abril de 2016. 76–77.

Sengupta, S. (2013). Bringing RNA Interference (RNAi) into the High School Classroom. *The American Biology Teacher*, 75(9), 698–703.

- Shaw, K., Van Horne, K., Zhang, H., & Boughman, J. (2008). Essay contest reveals misconceptions of high school students in genetics content. *Genetics*, *178*(3), 1157–1168.
- Shea, N. A. (2015). Examining the nexus of science communication and science education: A content analysis of genetics news articles. *Journal of Research in Science Teaching*, *52*(3), 397–409.
- Singal, R., & Ginder, G. D. (1999). DNA Methylation. *Blood*, *93*(12), 4059–4070.
- Smith, M., & Gericke, N. (2015). Mendel in the Modern Classroom. *Science & Education*, *24*(1), 151–172.
- Stark, L. A. (2010). Epigenetics Online: Multimedia Teaching Resources. *CBE—Life Sciences Education*, *9*, 6–9.
- Stevens, S. Y., Delgado, C., & Krajcik, J. S. (2009). Developing a hypothetical multi-dimensional learning progression for the nature of matter. *Journal of Research in Science Teaching*, *47*(6), 687–715.
- Stevens, S. Y., Delgado, C., & Krajcik, J. S. (2010). Developing a hypothetical multi-dimensional learning progression for the nature of matter. *Journal of Research in Science Teaching*, *47*(6), 687–715.
- Tang, W. W. C., Dietmann, S., Irie, N., Leitch, H. G., Floros, V. I., Bradshaw, C. R., ... Surani, M. A. (2015). A unique gene regulatory network resets the human germline epigenome for development. *Cell*, *161*(6), 1453–1467.
- Thörne, K., & Gericke, N. (2014). Teaching Genetics in Secondary Classrooms: A Linguistic Analysis of Teachers' Talk About Proteins. *Research in Science Education*, *44*(1), 81–108.
- Tibell, L. A., & Rundgren, C. (2010). Educational Challenges of Molecular Life Science: Characteristics and Implications for Education and Research. *CBE Life Sci Educ.*, *9*(1), 25–33.
- Todd, A., & Kenyon, L. (2015). Empirical refinements of a molecular genetics learning progression: The molecular constructs. *Journal of Research in Science Teaching*. doi: 10.1002/tea.21262
- Tolosa, A. (2015). Reprogramación del epigenoma en las células germinales, 2015–2016. *Revistamedica.com* 2015/06/13
- Ussa, E. V. (2008). El conocimiento didáctico del contenido biológico: estudio de las concepciones disciplinares y didácticas de futuros docentes de la Universidad Pedagógica Nacional (Colombia). Tesis doctoral.
- Vallejo, P. M. (2010). Corrección de las pruebas objetivas teniendo en cuenta el nivel de seguridad en las respuestas. *Universidad Pontificia Comillas, Madrid*, 1–8.
- Venville Treagust, D. F., G. J. (2002). Teaching about the gene in the genetic information age. *Australian Science Teachers' Journal*. *48*(2)(20-24)
- Waddington, C. H. (1942). *The epigenotype* (Vol. 1).
- Yehuda, R., Daskalakis, N. P., Desarnaud, F., Makotkine, I., Lehrner, A. L., et al. (2013). Epigenetic biomarkers as predictors and correlates of symptom improvement following psychotherapy in combat veterans with PTSD. *Frontiers in Psychiatry*, *4*(SEP), 1–14.

Youngson, N. a, & Whitelaw, E. (2008). Transgenerational epigenetic effects. *Annual Review of Genomics and Human Genetics, 9*, 233–257.

Zhao, M., Liu, S., Luo, S., Wu, H., Tang, M., Cheng, W., et al. (2014). DNA methylation and mRNA and microRNA expression of SLE CD4+ T cells correlate with disease phenotype. *Journal of Autoimmunity, 54*, 127–136.

VII. ANEXOS

ANEXO I: Cuestionario de ideas previas

1. Realiza un esquema o dibujo donde se representen los genes y los cromosomas, y su localización en la célula.

Seguridad en la respuesta:

0	1	2	3
nada seguro	poco seguro	bastante seguro	totalmente seguro

2. Indica con una X, qué elementos de los presentados en la primera columna poseen: información hereditaria, cromosomas, cromosomas sexuales y genes.

	Información hereditaria	Cromosomas	Cromosomas sexuales	Genes
Sangre				
Óvulo				
Músculo				
Hueso				
Prótesis de cadera				
Pétalos de una flor				
Bacteria				

Seguridad en la respuesta:

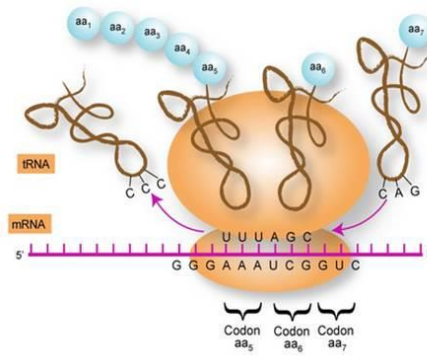
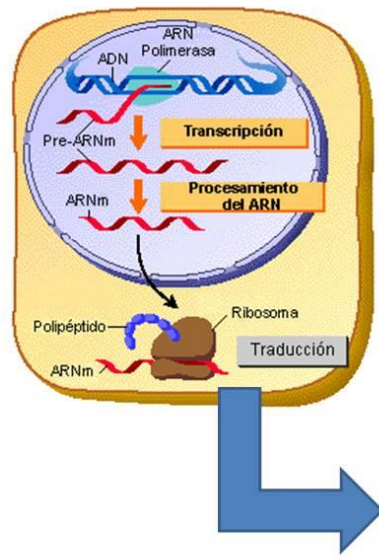
0	1	2	3
nada seguro	poco seguro	bastante seguro	totalmente seguro

3. ¿Sabes qué es la epigenética?

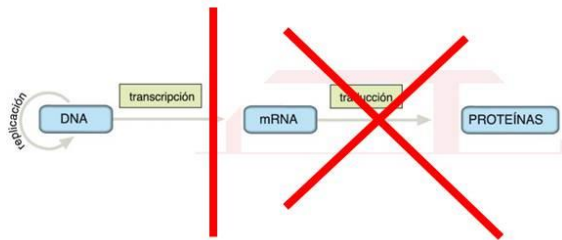
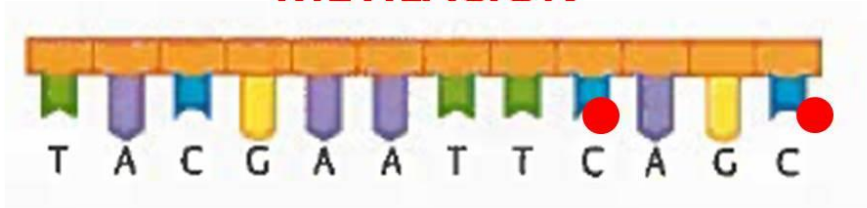
4. ¿Todas las células de un organismo tienen idéntica secuencia de ADN?
- a) Sí, porque es la forma de poder mantener constantes los caracteres de la especie.
 - b) No, porque depende del tipo de tejido al que pertenecen.
 - c) Sí, porque todas las células provienen de una sola, el cigoto.
 - d) No, los gametos tienen la mitad de la secuencia.
5. ¿Todas las células de un organismo expresan los mismos genes?
- a) Sí, porque todas tienen la misma información genética.
 - b) No, depende del tipo de tejido al que pertenecen.
 - c) Sí, porque todas pertenecen al mismo organismo.
 - d) Las células somáticas sí; los gametos expresarán la mitad de los genes.
6. ¿Dos gemelos monocigóticos tienen la misma información genética?
- a) No, la información genética de cada individuo es única e irrepetible.
 - b) No, aunque son gemelos, se parecen lo mismo que dos hermanos.
 - c) Sí, porque han nacido a la vez de la misma madre.
 - d) Sí, porque provienen de la división mitótica de una sola célula, el cigoto.
7. ¿Los gemelos monocigóticos padecen siempre las mismas enfermedades?
- a. Sí, porque comparten la misma genética.
 - b. No, si son enfermedades infecciosas. Pero sí, si se trata de una enfermedad genética.
 - c. No necesariamente, porque algunas enfermedades dependerán de sus hábitos de vida.
 - d. Sí, aunque sea una enfermedad infecciosa, porque tienen la misma predisposición.
8. Las abejas reinas y las obreras son hembras. Las reinas son más grandes y pasan toda su vida reproduciéndose. Las obreras son estériles y más pequeñas. Obreras y reinas son iguales genéticamente, pero reciben una dieta diferente. Las larvas alimentadas con jalea real, se desarrollan como reinas; las que reciben una alimentación normal, se desarrollan como obreras. ¿Qué explicación puede tener este fenómeno?
- a) Ninguna. Si son genéticamente iguales, como los gemelos monocigóticos, deberían ser idénticas.
 - b) Debe haber algo en la jalea real que cambie el genoma de las abejas.
 - c) Debe haber algo en la jalea real que cambia el fenotipo de las abejas.
 - d) Debe haber algo en la jalea real que provoca mutaciones en las abejas.

ANEXO II. Diapositivas de la charla de 4º de la ESO

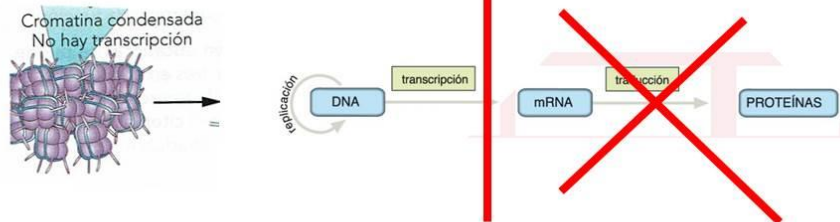
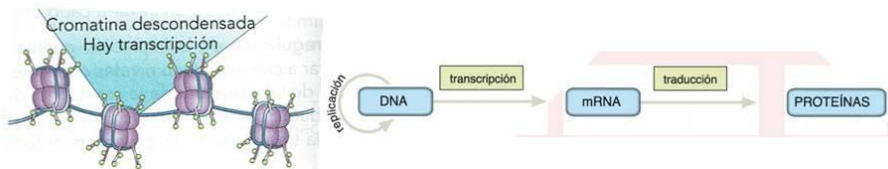
EPIGENETICA

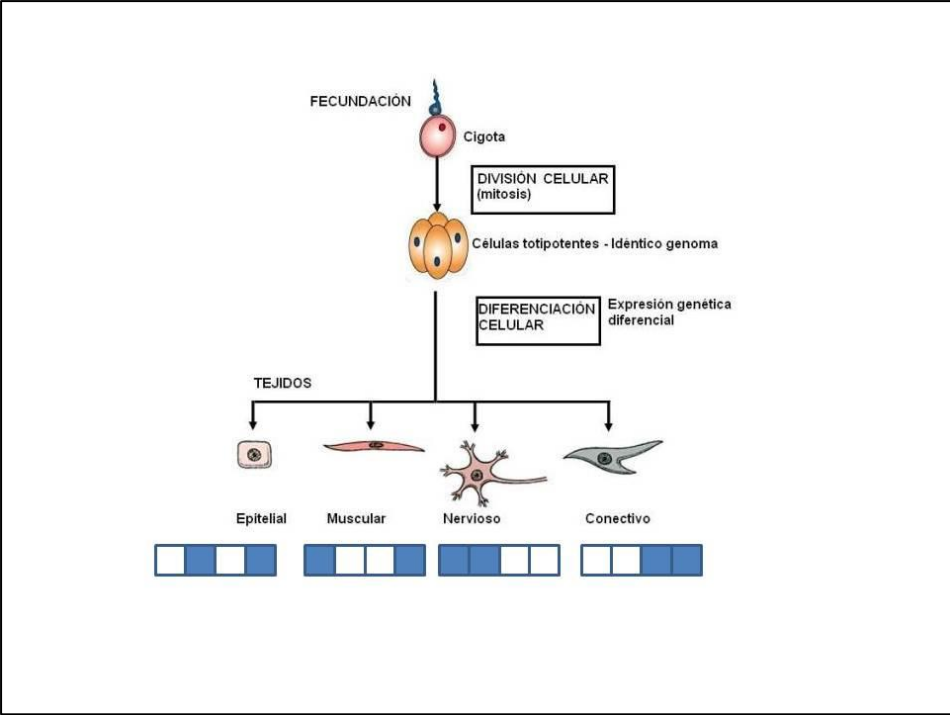


METILACIÓN

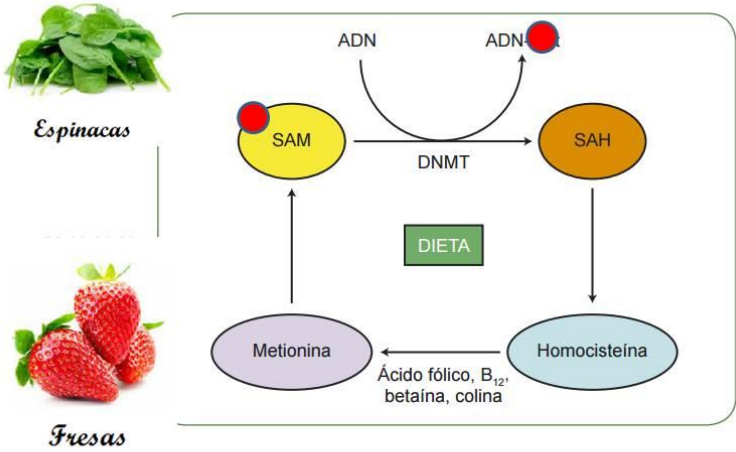


ACETILACIÓN Y METILACIÓN DE HISTONAS





Dieta y metilación



Tabaco y metilación

Fumar durante el embarazo altera el ADN del feto

Un nuevo estudio muestra cómo los hijos de madres fumadoras presentan modificaciones genéticas capaces de entorpecer la salud del niño.

Por SINC | 31 de marzo de 2016 |



<http://www.healthline.com/>



<http://pregnancybirthandparenting.com>



<https://pixabay.com/es/photos/pregnancy/>

ACGGCCTTAACGTTCTTAACGC

No fumadora

ACGGCCTTAACGTTCTTAACGC

fumadora

3.000 posiciones alteradas

Tabaco y metilación

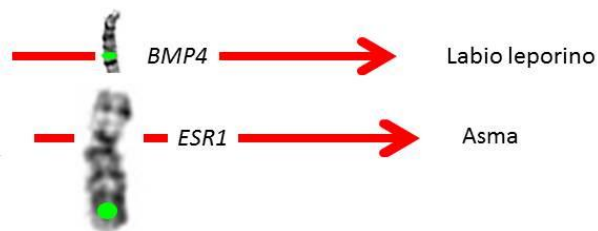
Fumar durante el embarazo altera el ADN del feto

Un nuevo estudio muestra cómo los hijos de madres fumadoras presentan modificaciones genéticas capaces de entorpecer la salud del niño.

Por SINC | 31 de marzo de 2016 |



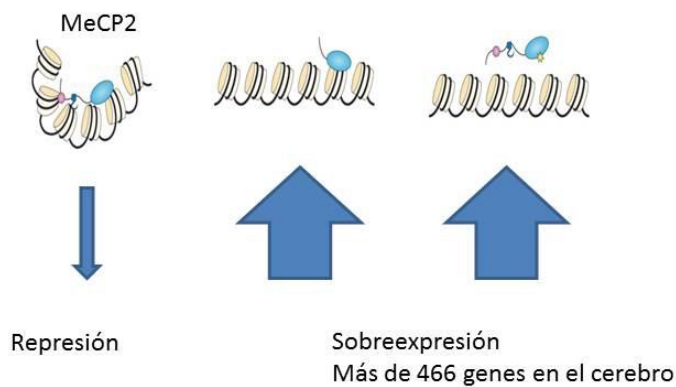
<http://www.healthline.com/>



Componentes epigenéticos pueden sufrir cambios

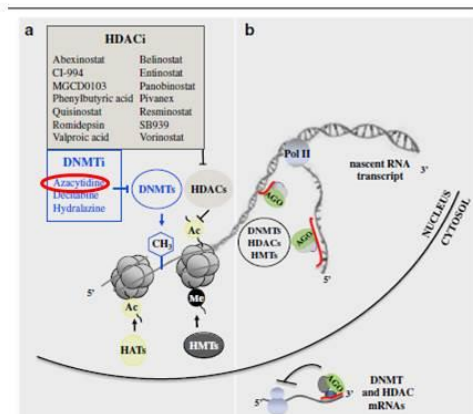
- Estilo de vida:
- Enfermedades:

Síndrome de Rett



El estudio de la epigenética permite

- Diagnosticar enfermedades
- Tratar enfermedades
- Estudios forenses
- Estudios toxicológicos



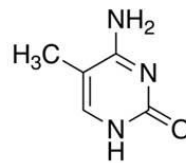
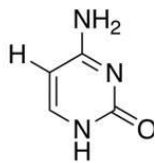
Clinical Epigenetics (2015) 7:127

ANEXO III. Diapositivas de la harla de 2º de Bachiller

EPIGENETICA

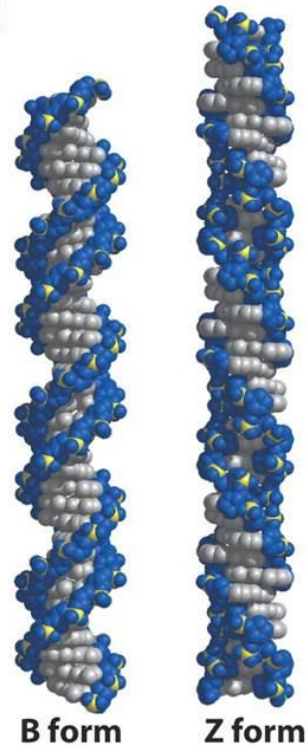
METILACIÓN

- Adición de un grupo metilo (-CH₃)
- Principalmente citosinas de secuencias 5'-GC-3'

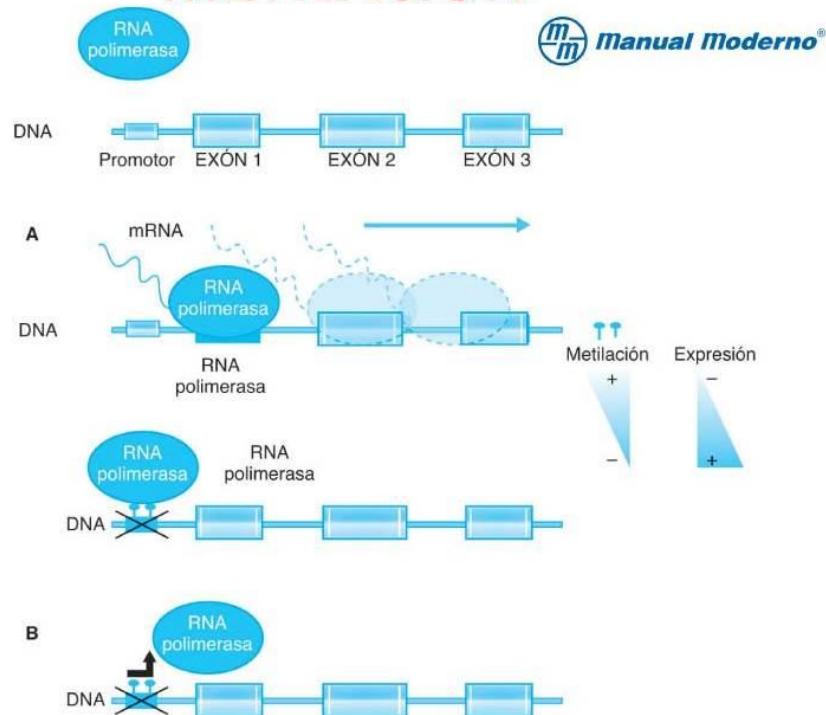


METILACIÓN

- **Silencia** la expresión génica porque cambio de conformación a Z
- La ARN polimerasa no puede unirse para comenzar la transcripción.

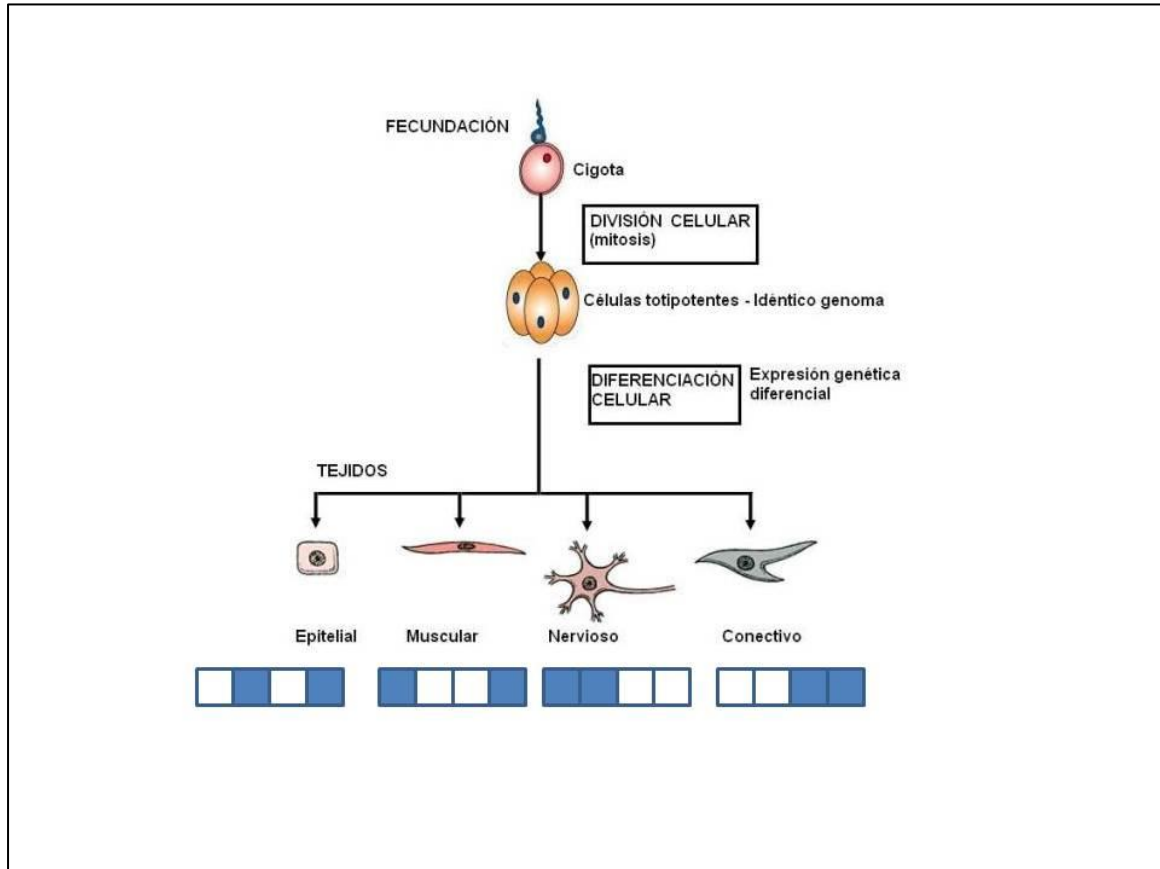
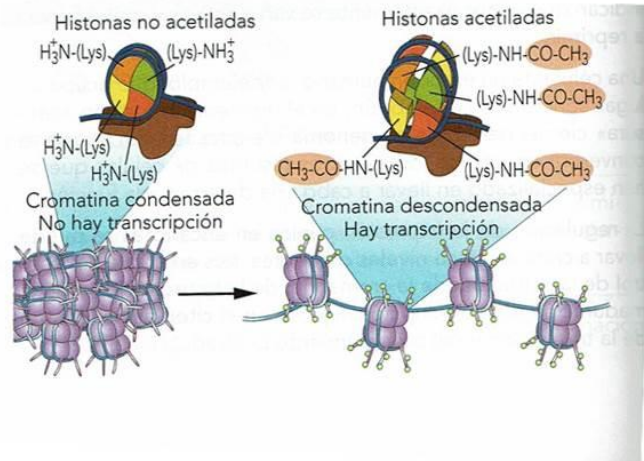


METILACIÓN

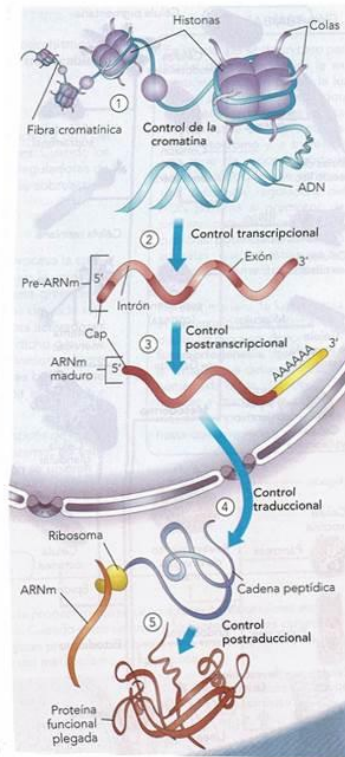


ACETILACIÓN Y METILACIÓN DE HISTONAS

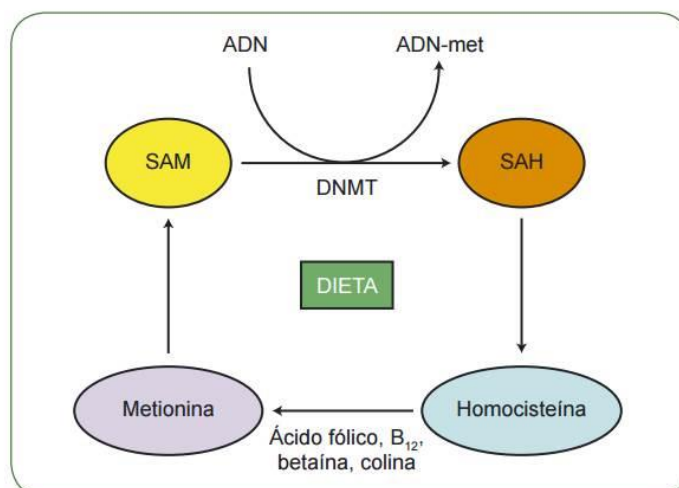
- Adición de grupos acetilo



REGULACIÓN EXPRESIÓN GÉNICA EUCARIOTAS



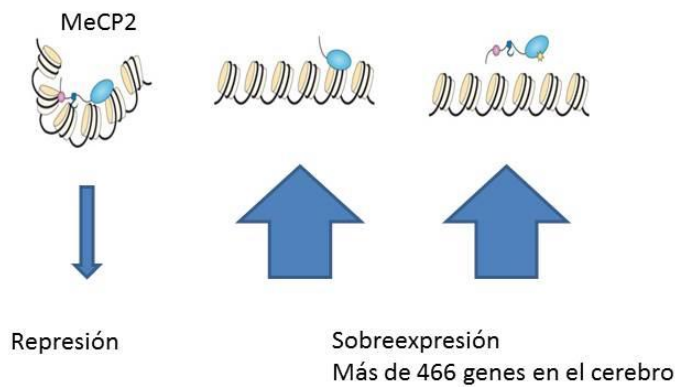
Dieta y metilación



Componentes epigenéticos pueden sufrir cambios

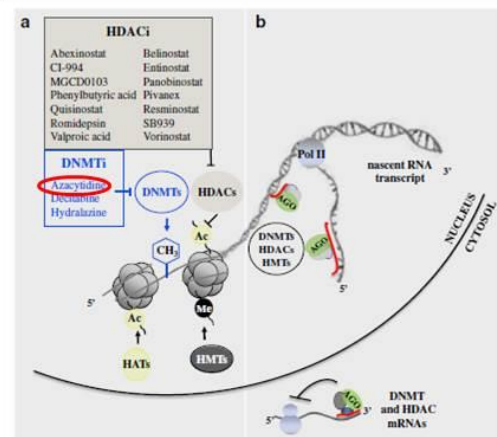
- Estilo de vida:
- Enfermedades:

Síndrome de Rett



El estudio de la epigenética permite

- Diagnosticar enfermedades
- Tratar enfermedades
- Estudios forenses
- Estudios toxicológicos



Clinical Epigenetics (2015) 7:127

ARNs interferentes

- Degradan el ARNm
- Inhiben la traducción

