

# Guía didáctica para Biomodel-3

## Presentación y objetivos

Biomodel-3 se ha diseñado como una herramienta de apoyo en el estudio de la estructura de biomoléculas, adecuada a los contenidos y objetivos de la asignatura Biología, en 2.º de Bachillerato, Ciencias de la Naturaleza y de la Salud.

La comprensión de la estructura tridimensional de las biomoléculas puede resultar difícil según el método clásico, a base de esquemas, fórmulas o dibujos en la representación bidimensional, impuesta por el medio impreso. Es bien conocida la dificultad de algunas personas para interpretar información espacial expresada en un esquema plano. En esta tarea es de gran ayuda la manipulación de modelos moleculares tridimensionales, de madera o plástico, pero su disponibilidad en el aula suele ser limitada o inexistente. Los medios informáticos nos ofrecen una alternativa, si no equivalente, sí aceptable y más asequible, además de aportar algunas ventajas que en seguida se comentarán.

El uso de un software adecuado permite la visualización en un ordenador de un modelo molecular que, al moverse, permite apreciar su aspecto tridimensional. Con este auxilio, es posible con mayor rapidez y mucho menor esfuerzo de imaginación asimilar las características espaciales, de las que dependen tantos aspectos de la función de estas biomoléculas. Estos modelos virtuales resultan más baratos, en ellos las piezas (átomos y enlaces) nunca se agotan y es posible mostrar el mismo modelo simultáneamente a una audiencia amplia. Adicionalmente, se puede alternar entre distintos tipos de representación, como varillas, bolas y varillas, esferas y esquemáticos para macromoléculas.

El material elaborado, Biomodel-3, proporciona un conjunto de modelos moleculares virtuales que pueden ser examinados en 3 dimensiones gracias a efectos de iluminación y de giro en el espacio. Además de facilitar la percepción tridimensional e ilustrar la estereoquímica, los modelos ofrecen la valiosa posibilidad de ser manipulados, tanto mediante un guión predefinido como a voluntad por parte del usuario; esta manipulación incluye no sólo su movimiento, sino otras operaciones imposibles con los modelos físicos, como cambiar el patrón de coloreado de los átomos, aumentar o reducir su tamaño, ocultar parte de la molécula, o emplear representaciones esquemáticas para macromoléculas, en las que se suprime el detalle de cada átomo y enlace en favor de la trayectoria del esqueleto, ilustrando así la estructura secundaria y el plegamiento de la proteína o el ácido nucleico.

Este material pretende ser un complemento, por lo que no incluye una descripción exhaustiva de las biomoléculas, sus propiedades, su estructura química o su clasificación; todos estos aspectos están convenientemente descritos e ilustrados en los libros de texto. Biomodel-3 aporta los aspectos

tridimensionales, difíciles de captar en los medios impresos. Por otra parte, su extensión se ha mantenido suficientemente reducida como para permitir su uso en periodos de tiempo breves, dictados previsiblemente por la disponibilidad de tiempo frente al ordenador.

A continuación, se detallan los puntos de correspondencia de este material con los objetivos didácticos correspondientes a la asignatura (**Biología**, 2.º de Bachillerato, Ciencias de la Naturaleza y de la Salud; sección: **Base fisicoquímica de la vida**).

Contenidos en Biomodel-3	Objetivos relacionados
<p>1. <b>Estructura de glúcidos</b></p> <p>a. <b>Monosacáridos.</b> Glucosa y fructosa. Aldosas/cetosas. Piranosas/furanosas. Carbono anomérico. Conformación en silla.</p> <p>b. <b>Disacáridos.</b> Sacarosa. Enlace glicosídico.</p> <p>c. <b>Polisacáridos.</b> Celulosa, amilosa, amilopectina, glucógeno, sulfato de queratano, agarosa. Estructura alargada o espiral, lineal o ramificada. Tipos de enlace glicosídico.</p> <p>Evaluación:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• reconocimiento de los glúcidos;</li> <li>• identificación del número de unidades monosacárido;</li> <li>• conocimiento e identificación de furanosas frente a piranosas;</li> <li>• reconocimiento de polisacáridos comunes.</li> </ul>	<p><b>Los glúcidos</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Objetivos didácticos: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Conocer las características, propiedades y funciones de los glúcidos.</li> <li>○ Conocer los principales polisacáridos de reserva y estructurales.</li> </ul> </li> <li>• Conceptos: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Los monosacáridos: estructura.</li> <li>○ Formas cíclicas de los monosacáridos.</li> <li>○ El enlace O-glicosídico. Disacáridos.</li> <li>○ Polisacáridos: estructura.</li> </ul> </li> <li>• Procedimientos: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Modelo tridimensional.</li> <li>○ Ciclación.</li> <li>○ Enlace entre dos monosacáridos.</li> </ul> </li> </ul>
<p>2. <b>Estructura de lípidos.</b></p> <p>a. <b>Ácidos grasos.</b> Palmítico, oleico, linoleico y linolénico. Saturados/insaturados. Nomenclatura. Restricción estructural por los dobles enlaces.</p> <p>b. <b>Triacilgliceroles.</b> 1-palmitil-2-oleil-3-estearilglicerol. Elementos componentes.</p> <p>c. <b>Fosfolípidos.</b> Dilaurilfosfatidiletanolamina. Elementos componentes. Regiones hidrófoba e hidrófila.</p> <p>d. <b>Esteroides.</b> Colesterol. Partes de la molécula. Regiones hidrófoba e hidrófila.</p>	<p><b>Los lípidos</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Objetivos didácticos: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Estructura, clasificación, reconocimiento.</li> <li>○ Estructura de las membranas.</li> </ul> </li> <li>• Conceptos: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Los ácidos grasos. Estructura.</li> <li>○ Acilglicéridos o grasas neutras. Estructura química.</li> <li>○ Fosfolípidos. Estructura.</li> <li>○ Terpenos y esteroides. Estructura.</li> <li>○ Los lípidos y las membranas biológicas.</li> </ul> </li> </ul>

- e. **Bicapa lipídica.** Porción de bicapa de palmitoleilfosfatidilcolina, rodeada de agua.

Evaluación:

- reconocimiento de las insaturaciones en ácidos grasos;
- identificación de los tipos de lípidos.

3. **Vitaminas.** Vitamina A, o retinol, y vitamina B<sub>2</sub>, o riboflavina.

### Las vitaminas

4. **Proteínas.**

- **Estructura primaria.**
  - a. **Aminoácidos.** Estructura común. Estructura de los 20 aminoácidos proteicos clasificados por las propiedades de su cadena lateral.
  - b. **Péptidos.** Enlace peptídico. Ejemplo de tripéptido. Esqueleto y cadenas laterales.
- **Estructura secundaria.**
  - c. **Hélice alfa.** Disposición de esqueleto y cadenas laterales. Helicidad. Puentes de hidrógeno. Giro dextrorso. Representaciones esquemáticas en cinta y en cilindro.
  - d. **Hebra beta.** Disposición de esqueleto y cadenas laterales. Puentes de hidrógeno en láminas beta. Representaciones esquemáticas en cinta.
- **Estructura terciaria.**
  - e. **Lisozima.** Combinación de hélices alfa y hebras beta. Representaciones esquemáticas.
- **Estructura cuaternaria.**
  - f. **Hemoglobina.** Subunidades. Estructura del grupo hemo. Coordinación con oxígeno molecular y con la histidina proximal.

### Las proteínas

- Objetivos didácticos:
  - Macromoléculas y monómeros.
  - Estructura tridimensional.
- Conceptos:
  - Los aminoácidos. Propiedades y clasificación.
  - El enlace peptídico. Formación de un péptido.
  - Estructura de las proteínas. Conformación.
- Procedimientos:
  - Unión de monómeros.

Evaluación:

- reconocimiento de las familias de aminoácidos (según propiedades

- de la cadena lateral);
- reconocimiento de las estructuras secundarias hélice alfa y hebra beta en una proteína.

### Los nucleótidos y los ácidos nucleicos

#### 5. Ácidos nucleicos.

- Bases nitrogenadas.** Adenina. Punto de unión de la pentosa. Guanina, citosina, uracilo y timina.
- Nucleósidos.** Adenosina.
- Nucleótidos.** AMP, ADP y ATP.
- ADN.** Estructura en doble hélice. Esqueleto de fosfatos y helicidad.
- ARN.** ARN de transferencia. Plegamiento de la cadena.

Evaluación:

- identificación de las bases nitrogenadas;
- diferenciación entre ADN y ARN.

- Objetivos didácticos:
  - Macromoléculas y monómeros.
  - Estructura tridimensional.
- Conceptos:
  - Componentes de los ácidos nucleicos. Pentosas y bases nitrogenadas.
  - Nucleósidos y nucleótidos. Estructura.
  - Tipos de ácidos nucleicos.
  - Estructura secundaria del ADN. El modelo de Watson y Crick.
  - Tipos de ARN.
- Procedimientos:
  - Unión de monómeros.

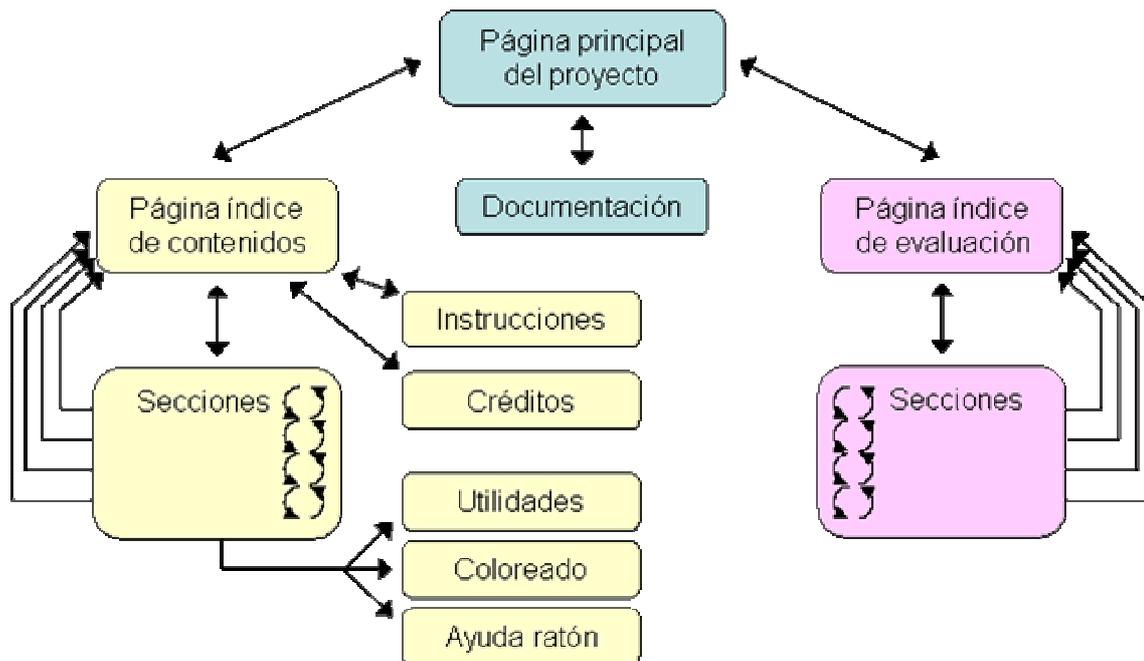
## Criterios didácticos en el diseño

### Organización de contenidos

En la construcción del material se ha seguido el propósito de facilitar el uso autónomo: gracias a la naturaleza multimedia inherente al formato web, se proporcionan texto e imágenes que acompañan y dirigen el estudio de los modelos, explicando lo que aportan éstos y dirigiendo la atención del usuario/alumno hacia los aspectos deseables según los objetivos didácticos. Un único documento proporciona los contenidos junto con todas las instrucciones y orientaciones necesarias.

Los contenidos se dividen en secciones y subsecciones, empleando unidades de información breves para facilitar su lectura en pantalla. Asimismo, la subdivisión, junto a los hiperenlaces, facilita la consulta rápida de un punto concreto, sin necesidad de recorrer mucho material. El texto es escueto, pues se dirige simplemente a resaltar las características concretas que son ilustradas con los modelos moleculares y una descripción extensa estará disponible en el libro de texto o en el material utilizado en clase.

Este esquema recoge la estructura con la que se ha organizado el conjunto del material, indicando las conexiones de navegación entre ellas:



En cada uno de los módulos (contenidos y evaluación) se sigue una misma estructura: una página de índice, desde la que se puede acceder a cada sección o bien regresar a la página principal del material. Cada sección se compone de varias páginas, enlazadas secuencialmente mediante iconos dispuestos siempre a pie de página. Al terminar una sección, se debe regresar al índice; se evita así que el alumno recorra sucesivamente todas las páginas y pierda la percepción de en qué sección se encuentra. En la zona común de pie de página se sitúan también enlaces a la página índice del módulo y, si la hubiera, a la de la sección, así como a tres páginas de "utilidades", cuyo uso no es necesario pero proporciona recursos si se quiere realizar un análisis más profundo de los modelos.

## Interacción con los modelos moleculares

Es bien conocido que el aprendizaje es más efectivo si se convierte en una experiencia personal. Siguiendo esta idea, en Biomodel-3 se utilizan modelos moleculares que el usuario/alumno debe manejar utilizando el ratón. De ese modo, es de esperar que sea más eficaz la percepción de las características tridimensionales de las moléculas. Los modelos responden ágilmente al desplazamiento del ratón, proporcionando la sensación de un modelo real, físico, con el cual el usuario puede verificar las características apuntadas en el texto acompañante.

La mayoría de los modelos aparecen en respuesta a la acción del usuario/alumno, cuando pulsa un botón en la página. Otras acciones (pulsar un botón, marcar una casilla u opción, elegir de una lista) producen una modificación del modelo ya existente pero, en la misma línea de interactividad, se han evitado "películas" o movimientos programados del modelo, debiendo ser el usuario el que activamente gire, mueva, acerque o

aleje,... el modelo. Esta habilidad le permitirá también más tarde resolver las preguntas de evaluación.

## Decisiones técnicas

Un criterio general en la programación del material ha sido no imponer dimensiones o tamaños, sino permitir contenidos flexibles que se adapten a las circunstancias del equipo informático y a las preferencias del usuario, establecidas en la configuración de su navegador. Este principio se ha aplicado, por ejemplo, al tamaño de la ventana, de los paneles en que se divide, de la miniaplicación y de la tipografía.

El material se ha escrito en **lenguaje** HTML. Se usan siempre dimensiones relativas, permitiendo que los contenidos de la página se adapten a cualquier resolución de pantalla y a la presencia de elementos de la interfaz del navegador (barras de botones, paneles laterales, etc.). Igualmente, se han usado tamaños de letra escalables, que se acomodarán sin problema a las preferencias establecidas en el navegador y pueden ser agrandados o reducidos a voluntad usando las opciones del navegador. Se procura evitar también las prestaciones exclusivas de un navegador o un sistema operativo.

El aspecto visual depende todo lo posible de hojas de **estilo** en cascada (CSS), para separar contenido de formato y así facilitar la accesibilidad y la edición futura.

La **interactividad**, siempre deseable en un material de aprendizaje y prácticamente imprescindible para el área temática concreta de este material, se ha programado empleando JavaScript, lo que permite integrarla estrechamente con la página web, mantener un tamaño moderado de los archivos, facilitar futuras modificaciones por parte de cualquier autor y hacer el material ampliamente compatible con varios navegadores y configuraciones, sin depender de *software* adicional.

La necesidad de integrar **modelos moleculares** no puede, sin embargo, satisfacerse con las herramientas anteriores, por lo que ha sido preciso incorporar una miniaplicación (*applet*) escrita en Java; ello impone un requisito de compatibilidad con este lenguaje, externo al navegador, y puede requerir su instalación. Sin embargo, Java es un lenguaje razonablemente habitual en páginas web interactivas, un estándar bien establecido y de amplio soporte entre los navegadores actuales de uso común; su descarga e instalación es sencilla, pues es guiada por el propio navegador, y a fin de cuentas es la forma óptima de conseguir los objetivos deseados. De hecho, casi todas las soluciones actuales para mostrar modelos moleculares en internet se basan en Java, por su independencia de sistemas operativos y navegadores, a diferencia de lo que ocurría con la herramienta favorita anterior, el conector MDL Chime, con excelente rendimiento en la visualización de modelos moleculares pero con reducida compatibilidad. Entre los programas Java disponibles, Jmol tiene la ventaja de ser no sólo

gratuito, sino de código abierto, además de existir como miniaplicación y como programa independiente (para su uso fuera del navegador, durante el desarrollo de materiales) y de ofrecer una funcionalidad muy completa y en expansión.

Las características de **accesibilidad** conseguidas satisfacen los criterios del nivel Triple A de Web Accessibility Initiative del consorcio W3C (evaluados con la herramienta TAW 3.08 de Fundación CTIC), si bien el contenido central, la naturaleza tridimensional e interactiva de los modelos, obviamente no puede ofrecerse en una forma alternativa no gráfica.

Al dividir la pantalla en dos **paneles**, la miniaplicación Jmol, que contiene los modelos moleculares, se ha situado en el izquierdo; el contenido HTML de este panel se mantiene para todas las páginas del material; al evitar su recarga en cada sección y cada página se agiliza la navegación y se reducen las posibilidades de bloqueo de la miniaplicación o de cierre del navegador, cosa que tiene lugar ocasionalmente si se recarga repetidamente la miniaplicación. En la navegación sólo se cambian las páginas de contenidos o de preguntas de evaluación, así como los modelos que se van cargando en la miniaplicación, pero no ésta.

En el módulo de contenidos, el panel de modelos se ha diseñado con un tamaño grande (60% del ancho de pantalla y 100% del alto). Esto, junto a su posición a la izquierda, centra la atención en el modelo, que es lo interesante didácticamente; además, un tamaño grande facilita el estudio detallado de las estructuras de macromoléculas y en particular está pensado para facilitar la visualización si se proyecta el material en el aula.

Intencionadamente se ha mantenido la posibilidad de redimensionar los paneles arrastrando con el puntero del ratón la barra vertical separadora, de modo que se pueda conseguir mayor espacio para el texto o bien para el modelo, según interese en circunstancias particulares como la proyección. El redimensionamiento de la miniaplicación no es automático, por lo que en caso de cambiar el tamaño del panel es preciso actualizar o recargar la página para que el modelo se adapte a las nuevas dimensiones.

## Orientaciones de uso

El material puede servir para el profesor como apoyo visual durante la clase, ilustrando su explicación de la estructura de las diferentes biomoléculas, pero también puede ser utilizado por los alumnos en una sesión de trabajo conjunta bajo la orientación del profesor, o bien individualmente durante su estudio personal. En nuestra experiencia, para el alumno es gratificante poder trabajar en casa con el mismo material que se le ha mostrado en el aula.

Dada la naturaleza complementaria de este recurso, lo ideal es que su seguimiento se realice con una consulta paralela del libro de texto, donde las

explicaciones son más extensas y donde puede contrastar las fórmulas químicas con las estructuras tridimensionales observadas en Biomodel-3.

Finalmente, se puede utilizar en una única sesión, recorriendo secuencialmente todos los apartados en el orden en que están encadenados, u optar por ir trabajando las secciones por separado, por ejemplo al tiempo que los temas se vayan tratando en el aula. La estructura modular del material se presta sin problemas a ambos planteamientos. Por la misma razón, la evaluación también se ha dividido en las correspondientes secciones.

## Evaluación

Para completar la utilidad del material, se ha incluido una serie de preguntas, dirigidas a evaluar la asimilación de los contenidos y la capacidad para obtener información mediante el examen de los modelos moleculares. El módulo de evaluación, accesible desde la página principal, se ha dividido en secciones iguales a las de contenidos, permitiendo así el trabajo con una sola de las unidades temáticas si así se desea.

El formato elegido para la evaluación se basa en preguntas de opción múltiple e incorpora internamente las respuestas correctas, para poder proporcionar una corrección automática de las respuestas cuando el alumno/usuario así lo solicite. De ese modo se mantiene la línea ya comentada de autonomía del material, y se satisface el habitual deseo del alumno de conocer su rendimiento.

Las preguntas seleccionadas son, intencionadamente, reducidas en número y no muy complejas. Esto ha sido así, por una parte, pensando en que en algunos cursos quizá no sea posible profundizar mucho en el tema. Por otro lado, nos parece que más interesante que obtener una calificación es complementar el material con una retroalimentación, siempre bienvenida por el alumno y que se convierte en una herramienta más de aprendizaje. En la misma línea, en lugar de calcular una calificación numérica al terminar el conjunto de la evaluación, se ha preferido proporcionar una corrección directa de cada pregunta según se va contestando, aunque para los que lo prefieran se acumula también una puntuación mostrada en continuo. Para estimular su uso como parte del proceso de aprendizaje, se ha optado por permitir reintentos en las respuestas falladas, pero se reduce la puntuación obtenida.

Con respecto al contenido de las preguntas, se ha centrado en los aspectos directamente apoyados por el uso de los modelos e ilustrados en el módulo de contenidos, así como aquéllos cuya resolución requiere la manipulación del modelo. Se evitan otras que pueden formularse en el contexto de una clase habitual, con pizarra y libro de texto.