



DOCUMENTACIÓN DEL CONCURSO DE ACCESO A PLAZA DE PROFESOR TITULAR DE UNIVERSIDAD

Código: 21/2/16
BOE nº 174 de 20/07/2016
Área: Genética

RAFAEL NAVAJAS PÉREZ
Noviembre 2016



La presente memoria, estructurada de acuerdo con la normativa vigente, se presenta para concursar a una plaza de Profesor Titular de Universidad convocada por la Universidad de Granada, mediante la Resolución de 6 de julio de 2016, publicada en el BOE de 20 de julio de 2016 y cuyos identificadores son:

Código: 21/2/16

Cuerpo docente: Profesor Titular de Universidad

Área de conocimiento: Genética

Departamento: Genética

Actividad docente: Genética I, Genética II, Máster en Genética y Evolución.

Actividad investigadora: Origen y evolución de los cromosomas sexuales en plantas mediante el uso del ADN repetido y marcadores moleculares.

ÍNDICE

NORMATIVA VIGENTE.....	1
CURRICULUM VITAE.....	5
2.1. Datos personales.....	8
2.2. Títulos académicos.....	8
2.3. Puestos docentes desempeñados.....	9
2.4. Becas, ayudas y premios recibidos	10
2.5. Actividad docente desempeñada	12
2.6. Contribuciones de carácter docente.....	14
2.7. Actividad investigadora desempeñada.....	17
2.8. Participación en proyectos de investigación subvencionados en convocatorias públicas.....	18
2.9. Participación en otros proyectos de investigación subvencionados y en contratos de investigación	20
2.10. Trabajos de investigación dirigidos.....	21
2.11. Publicaciones	22
2.12. Comunicaciones y ponencias presentadas a congresos	31
2.13. Patentes	38
2.14. Estancias en centros nacionales y extranjeros de investigación	38
2.15. Puestos de gestión desempeñados y servicios prestados en instituciones de carácter académico e investigador.....	39
2.16. Cursos y seminarios recibidos.....	40
2.17. Otros méritos docentes o de investigación	43
TRAYECTORIA INVESTIGADORA	45

3.1.- Hipótesis de partida	47
3.2.- Origen y evolución de los cromosomas sexuales y de los sistemas de determinación sexual en el género <i>Rumex</i>	48
3.3.- Secuenciación del genoma y de los cromosomas sexuales de papaya.	56
3.4.- Otras líneas de investigación:.....	60
PROYECTO DE INVESTIGACIÓN	65
4.1.- Datos generales.....	67
4.2.- Propuesta científica.....	68
4.2.1.- Antecedentes y estado actual.....	68
4.2.2.- Implicación personal en el proyecto	69
4.3.- Objetivos generales.....	77
4.4.- Objetivos específicos.....	77
4.5.- Metodología	77
4.6.- Medios materiales e infraestructuras	83
4.7.- Cronograma.....	84
4.8.- Impacto esperado de los resultados	84
4.9.- Bibliografía general	86
TRAYECTORIA DOCENTE	89
PROYECTO DOCENTE	105
6.1.- Introducción	107
6.2.- Contexto formal	107
6.3.- Fichas Técnicas de la Asignaturas.....	110
6.4.- Contenidos	113
6.5.- Material Bibliográfico	117

6.6.- Metodología Docente	119
6.7.- Evaluación	122
6.7.1.- Evaluación continua	122
6.7.2.- Evaluación única final	124
6.8.- Cronograma	124
6.9.- Sistemas internos de control	124
6.10.- Problemas encontrados:.....	125
6.11.- Enseñanzas de algunos proyectos fallidos o no tanto.....	125
6.11.1.- Programa de mínimos.....	126
6.11.2.- Redacción de un informe para consulta de consejo genético (aprendizaje cooperativo).....	127
6.11.3.- Aprendizaje autónomo versus aprendizaje colaborativo: elaboración de glosarios wiki en el área de Genética.....	129
6.11.4.- Pruebas tipo test y <i>patatas calientes</i> como herramientas adicionales de evaluación	132
6.11.5.- Grupplic: fijando conceptos de Genética a través de la imagen	135
6.11.6.- Implantación y consolidación de un Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución.....	137
DESARROLLO DE UNA UNIDAD.....	143
TEMÁTICA DEL PROGRAMA	143
7.1.- Objetivo	145
7.2.- Contenidos	145
7.3.- Aspectos formales	146
7.5.- Metodología.....	147
7.5.1.- Producción de vídeo-lecciones	149

7.5.2.- Elaboración y presentación de informes.....	153
7.5.3.- Lección magistral y de discusión	155
7.5.4.- Trabajo del alumno	155
7.5.5.- Evaluación de la unidad temática	156
7.6.- Análisis de la metodología docente	157
7.7.- Transversalidad de la unidad temática	157
7.8.- Bibliografía.....	158
ANEXOS	161
8.1.- Guiones de trabajo autónomo	163
8.1.1.- Genética I	165
8.2.2.- Genética II	197
8.2.- Guiones de prácticas	225
8.3.- Problema de consejo genético	241
8.4.- Pruebas tipo test	245

NORMATIVA VIGENTE

NORMATIVA VIGENTE

Aparte de las normas de carácter general que resulten de aplicación, existen varios reglamentos que rigen específicamente los concursos de acceso a los cuerpos docentes universitarios. Éstos son:

La Ley Orgánica 6/2001, de 21 de diciembre, de Universidades, modificada por **la Ley Orgánica 4/2007, de 12 de abril**, que establece una nueva definición de los cuerpos de funcionarios docentes universitarios de Catedráticos de Universidad y Profesores Titulares de Universidad, así como un nuevo procedimiento de acceso a los citados cuerpos que requiere la previa obtención de una acreditación.

El Real Decreto 1313/2007, de 5 de octubre, que tiene por objeto regular el régimen de los concursos para el acceso a plazas de los cuerpos docentes universitarios de Profesores Titulares de Universidad y Catedráticos de Universidad, establecidos en la Ley Orgánica 6/2001, de 21 de diciembre, de Universidades modificada por la Ley Orgánica 4/2007, de 12 de abril.

Parte del articulado de los **Estatutos de la Universidad de Granada**, aprobados por Decreto 231/2011, de 12 de julio, publicados en el BOJA nº147 de 28 de julio de 2011, recoge la normativa para la dotación de plazas. Así, el Artículo 112, establece que *la Universidad de Granada, para atender las necesidades docentes e investigadoras y de promoción del profesorado, podrá crear plazas de los cuerpos docentes universitarios, que deberán incluirse en la relación de puestos de trabajo o instrumento organizativo similar y dotarse presupuestariamente.*

La **Resolución de 28 de septiembre de 2011**, publicada en el BOJA nº 199 de 10 de octubre de 2011, reúne toda la normativa que regula el procedimiento de los concursos de acceso a los cuerpos docentes universitarios, de forma específica en la Universidad de Granada.

Con respecto a los candidatos, establece que *podrán presentarse a los concursos de acceso que se regulan en la presente norma quienes hayan obtenido la acreditación para el Cuerpo de Profesores Titulares de Universidad y para el Cuerpo de Catedráticos de Universidad, de acuerdo con lo establecido, respectivamente, en los artículos 12 y 13 del Real Decreto 1312/2007, de 5 de octubre por el que se establece la acreditación nacional para el acceso a los cuerpos docentes universitarios.*

(*) El Real Decreto 1312/2007, de 5 de octubre, ha sido recientemente modificado por el Real Decreto 415/2015, de 29 de mayo, que regula la implantación de un nuevo sistema de acreditación. Éste, sin embargo, no aplica

a la presente plaza, ya que la acreditación del candidato se produjo con anterioridad a su entrada en vigor, estando el anterior sistema de acreditación vigente.

Con respecto a la estructura del concurso de acceso a plazas del cuerpo de Profesores Titulares de Universidad determina que *constará de una prueba única con dos partes: La primera parte consistirá en la exposición oral, durante un tiempo máximo de una hora y media, del currículum vitae y del proyecto investigador. [...] La segunda parte consistirá en la exposición oral, durante un tiempo máximo de una hora y media, del proyecto docente y del tema elegido libremente por el concursante o la concursante de entre los presentados en su proyecto docente.*

En relación al nombramiento de los candidatos *la Comisión, en el plazo máximo de dos meses desde su constitución, propondrá al Rector, motivadamente y con carácter vinculante, una relación de todos los candidatos por orden de preferencia para su nombramiento. [...] Los candidatos propuestos para la provisión de las plazas deberán presentar, en los veinte días hábiles siguientes al de concluir la actuación de la Comisión, en el Registro General de la Universidad de Granada o por cualesquiera de los demás procedimientos señalados en el artículo 38.4 de la LRJ-PAC los documentos acreditativos de que reúnen las condiciones generales exigidas por la legislación vigente para el acceso a la Función Pública.*

CURRICULUM VITAE

CURRICULUM VITAE

Resumen

Soy licenciado en Biología por la Universidad de Granada (2001). Doctor europeo (Sobresaliente *cum laude* por unanimidad y Premio Extraordinario de Doctorado en Ciencias Experimentales, 2005) becado por el programa de formación de profesorado universitario (FPU) del Ministerio de Educación y Ciencia en el Departamento de Genética de la Universidad de Granada. Durante la realización de mi tesis doctoral investigué sobre el origen y la evolución de los sistemas de determinación sexual y de los cromosomas sexuales en el género *Rumex*, un modelo de estudio en este campo. Hasta este periodo disfruté de varias estancias en los grupos de investigación de la Dra. Ernestina Valadez (Universidad Autónoma Chapingo, México), el Dr. Juan Luis Santos (Universidad Complutense de Madrid) y de la Dra. Trude Schwarzacher (University of Leicester, Reino Unido). En mi etapa postdoctoral, disfruté de una ayuda puente en el mismo centro donde realicé mi tesis y, posteriormente, de un contrato MEC/Fulbright en el *Center for Applied Genetics Technologies* de la Universidad de Georgia (EEUU) donde, en colaboración con el Dr. Andrew H. Paterson, continué trabajando en la determinación sexual vegetal -entre otros aspectos-, esta vez en el modelo vegetal *Carica papaya*, la papaya. Esto último me valió para participar en la secuenciación del genoma de dicha especie -primer organismo transgénico en ser secuenciado y quinto genoma vegetal completado hasta aquella fecha- publicado en la portada de la prestigiosa revista *Nature*. Posteriormente regresé a mi centro de procedencia (Departamento de Genética, Universidad de Granada) gracias a dos contratos consecutivos, uno asociado a mi grupo de investigación, un Contrato de Reincorporación de Doctores financiado por la Universidad de Granada, y finalmente con un Contrato Ramón y Cajal que disfruto en la actualidad. Mi principal línea de investigación se centra en el análisis del determinismo sexual y de los cromosomas sexuales en pistacho, en cuyo proyecto de secuenciación trabajo activamente, aunque también poseo un registro destacable de publicaciones en acuicultura.

Los resultados de mi actividad científica se han visto reflejados en publicaciones en revistas de reconocido prestigio internacional. He participado en seminarios y conferencias organizados por distintas organizaciones y/o universidades. He sido galardonado con el I Premio Andaluz del Futuro en el área de Ciencia (grupo Joly y Caja Madrid). En relación a mi actividad docente, imparto docencia en varias asignaturas del grado en Biología y del máster en Genética y Evolución y he dirigido diversos proyectos de innovación docente.

2.1. Datos personales

Apellidos y nombre: Navajas Pérez, Rafael

Documento Nacional de Identidad:

Nacimiento: 04/04/1978, Sevilla

Residencia: C/ Murcia 19, 18230, Atarfe, Granada

Tfno: 958 243 080

Categoría actual como docente: Contratado Ramón y Cajal

Organismo actual: Universidad de Granada

Departamento o unidad docente actual: Departamento de Genética

Área de Conocimiento actual: Genética

Facultad o Escuela actual: Facultad de Ciencias

2.2. Títulos académicos

(6) Graduado en Traducción e Interpretación: Universidad de Granada, 1 julio 2016 (Expediente 9,3 sobre 10).

(5) Título de Doctor con Mención de Doctor Europeo, Universidad de Granada, 15 diciembre 2005 (*Sobresaliente cum laude* por unanimidad y Premio Extraordinario de Doctorado).

(4) Diploma de Estudios Avanzados (DEA): Universidad de Granada, 28 enero 2004 (Sobresaliente).

(3) Estudios de Tercer Ciclo: Universidad de Granada, 8 octubre 2002 (Sobresaliente).

(2) Certificado de Aptitud Pedagógica (CAP): Universidad de Granada, 31 julio 2002 (180 horas).

(1) Licenciado en Ciencias Biológicas: Universidad de Granada, 27 Julio 2001 (Expediente 3,15 sobre 4).

2.3. Puestos docentes desempeñados

(5) Profesor del Grado en Biología, de la Licenciatura en Bioquímica, en el Máster en Genética y Evolución y el Programa de Doctorado en Biología Fundamental y de Sistemas

[Contrato Ramón y Cajal]

Centro de Aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Cursos: 2011-2012 hasta la actualidad

(4) Profesor de las Licenciaturas en Biología y en Bioquímica y en el Máster en Genética y Evolución

[Contrato Postdoctoral de Reincorporación]

Centro de Aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Cursos: 2009-2010, 2010-2011

(3) Profesor de las Licenciaturas en Biología y en Bioquímica y en la Escuela de Análisis Clínicos

[Contrato Postdoctoral con cargo a Grupos de Investigación]

Centro de Aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Cursos: 2008-2009

(2) Profesor de la Licenciatura en Biología

[Ayuda Puente]

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias

Curso: 2005-2006

(1) Profesor de la Licenciatura en Biología

[Becario FPU]

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Cursos: 2003-2004, 2004-2005

2.4. Becas, ayudas y premios recibidos

Becas:

(8) Beca Erasmus

Organismo que la concedió: Universidad de Granada

Centro de aplicación: Scuola Superiore di Lingue Moderne per Interpreti e Traduttori, Università di Bologna

Fecha de Inicio: 15-02-2015 Fecha de Finalización: 31-07-2015

(7) Beca Erasmus

Organismo que la concedió: Universidad de Granada

Centro de aplicación: Università degli studi Internazionali di Roma

Fecha de Inicio: 15-02-2014 Fecha de Finalización: 31-07-2014

(6) Beca de movilidad/Honorary Visiting Fellowship

Organismo que la concedió: Ministerio de Educación, Cultura y Deporte

Centro de aplicación: Department of Biology, University of Leicester, Reino Unido

Director/a: Trude Schwarzacher

Fecha de Inicio: 01-10-2004 Fecha de Finalización: 31-12-2004

(5) Beca de movilidad/Honorary Visiting Fellowship

Organismo que la concedió: Ministerio de Educación, Cultura y Deporte

Centro de aplicación: Department of Biology, University of Leicester, Reino Unido

Director/a: Trude Schwarzacher

Fecha de Inicio: 01-10-2003 Fecha de Finalización: 31-12-2003

(4) Beca de movilidad/Estancia Breve

Organismo que la concedió: Ministerio de Educación, Cultura y Deporte

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Universidad Complutense, Madrid

Director/a: Juan Luis Santos

Fecha de Inicio: 01-06-2002 Fecha de Finalización: 31-07-2002

(3) Becas de Postgrado para la Formación de Profesorado Universitario (FPU)

Organismo que la concedió: Ministerio de Educación, Cultura y Deporte

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Director/a: Manuel Ruiz Rejón, Manuel A. Garrido-Ramos

Fecha de Inicio: 01-01-2002 Fecha de Finalización: 31-12-2005

(2) Programa de Cooperación Interuniversitaria

Organismo que la concedió: Agencia Española de Cooperación Internacional (AECI)

Centro de aplicación: Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo, México

Director/a: José Arceo Arceo

Fecha de Inicio: 06-08-2001 Fecha de Finalización: 05-10-2001

(1) Beca de Colaboración a la Investigación

Organismo que la concedió: Ministerio de Educación, Cultura y Deporte

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Universidad de Granada

Director/a: Manuel Ruiz Rejón

Fecha de Inicio: curso 2000-2001

Ayudas:

(5) Ayuda para la Asistencia a Reuniones Docentes

Organismo que la concedió: Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada

Fecha: Octubre 2012

(4) Ayuda para la Asistencia a Reuniones Docentes

Organismo que la concedió: Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada

Fecha: Octubre 2011

(3) Ayuda para la asistencia a reuniones científicas (Sociedad Española de Genética, SEG)

Fecha: 5-7 octubre 2005

(2) Bolsa de viaje (Sociedad Española de Genética, SEG)

Fecha: 10 julio 2004

(1) Ayuda para la asistencia a reuniones científicas (Plan Propio, Univ. Granada).

Fecha: 1-3 septiembre 2003

Premios:

(8) Portada de la revista *Marine Biotechnology* (Molina-Luzón et al., 2015).

(7) Tercer puesto, XXIV Concurso Fotográfico de Naturaleza y Medioambiente 'Javier Verdejo' 2013, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada.

(6) I Premio Andaluz del Futuro en el Área de Ciencia. Grupo Joly y Caja Madrid, 21-01-2009.

(5) Portada de la revista Nature (Ming et al., 2008).

(4) Artículo “Recomendado” en Faculty of 1000 Biology (R. Navajas-Pérez et al., (2005) Mol Biol Evol 22(9):1929-1939).

(3) Premio Extraordinario de Doctorado en Ciencias Experimentales, Consejo Asesor de Doctorado, Universidad de Granada (2005-2006).

(2) Premio a los mejores rendimientos académicos. Universidad de Granada (2000-2001).

(1) Premio a los mejores rendimientos académicos. Universidad de Granada (1999-2000).

2.5. Actividad docente desempeñada

Enseñanzas regladas:

2003-2004	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA	0	4
2004-2005	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	FUNDAMENTOS DE BIOLOGÍA APLICADA I	0	4
2005-2006	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	FUNDAMENTOS DE BIOLOGÍA APLICADA I	0	4
2008-2009	ESCUELA DE ANÁLISIS CLÍNICOS	GENÉTICA	0	0,5
2008-2009	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA	0	8,5
2008-2009	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	EVOLUCIÓN MOLECULAR	0	2
2008-2009	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	GENÉTICA MOLECULAR E INGENIERÍA GENÉTICA	0	1
2009-2010	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	FUNDAMENTOS DE BIOLOGÍA APLICADA I	0	5,5
2009-2010	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA	3,5	1
2009-2010	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	GENÉTICA MOLECULAR E INGENIERÍA GENÉTICA	0	2
2010-2011	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	FUNDAMENTOS DE BIOLOGÍA APLICADA I	0	1,3
2010-2011	LICENCIADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA	3,5	1,2
2010-2011	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	EVOLUCIÓN MOLECULAR	0	1
2010-2011	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	GENÉTICA MOLECULAR E INGENIERÍA GENÉTICA	0	2
2010-2011	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Aplicaciones de la Ingeniería Genética	2	0
2010-2011	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	1	0
2011-2012	GRADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA I: DE LOS GENES A LAS POBLACIONES	1	2,1
2011-2012	GRADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA II: DE LA SECUENCIA A LA FUNCIÓN	1	1,3
2011-2012	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	EVOLUCIÓN MOLECULAR	0	1,7
2011-2012	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	GENÉTICA MOLECULAR E INGENIERÍA GENÉTICA	0	2
2011-2012	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Aplicaciones de la Ingeniería Genética	2	0
2011-2012	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	1	0
2012-2013	GRADO EN BIOLOGÍA	GENÉTICA I: DE LA SECUENCIA A LA FUNCIÓN	2	2
2012-2013	LICENCIADO EN BIOQUÍMICA	EVOLUCIÓN MOLECULAR	0	2
2012-2013	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Aplicaciones de la Ingeniería Genética	2	0
2012-2013	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	1	0
2012-2013	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	2	0
2013-2014	GRADUADO/A EN BIOLOGÍA	GENÉTICA I: DE LOS GENES A LAS POBLACIONES	2	5,4
2013-2014	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Aplicaciones de la Ingeniería Genética	2	0
2013-2014	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	1	0
2014-2015	GRADUADO/A EN BIOLOGÍA	GENÉTICA I: DE LOS GENES A LAS POBLACIONES	3	2,3
2014-2015	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Aplicaciones de la Ingeniería Genética	2	0
2014-2015	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	1	0
2015-2016	GRADUADO/A EN BIOLOGÍA	GENÉTICA I: DE LOS GENES A LAS POBLACIONES	3	0
2015-2016	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Aplicaciones de la Ingeniería Genética	2	0
2015-2016	Máster Universitario en Genética y Evolución (Doctorado) (*)	Genética, genómica y mejora vegetal	1	0
			37	57
			Total:	94

Calidad de la Actividad Docente: calificación por la Comisión de Evaluación de la Calidad de **EXCELENTE** conforme a los criterios de evaluación establecidos en el Procedimiento para la Evaluación de la Actividad Docente del Profesorado de la Universidad de Granada. 16 noviembre 2011.

Evaluación favorable por la docencia impartida en las asignaturas de Genética – Licenciado en Biología- (4,47 sobre 5), Genética Molecular e Ingeniería Genética –Licenciado en Bioquímica- (4,67 sobre 5) durante el curso 2010-2011 (Centro Andaluz de Prospectiva, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada).

Evaluación favorable por la docencia impartida en las asignaturas de Genética – Licenciado en Biología- (4,85 sobre 5), Genética Molecular e Ingeniería Genética –Licenciado en Bioquímica- (4,80 sobre 5 y 4,25 sobre 5) durante el curso 2009-2010 (Centro Andaluz de Prospectiva, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada).

Evaluación favorable por la docencia impartida en la asignatura de Genética – Licenciado en Biología- (4,56 sobre 5) durante el curso 2008-2009 (Centro Andaluz de Prospectiva, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada).

Enseñanzas no regladas:

(4) Talleres divulgativos sobre Mendelius: aprende las Leyes de Mendel jugando.

14ª Feria de la Ciencia de Sevilla, 5-7 mayo 2016.

Feria del libro de Granada. Abril 2016.

Parque de las Ciencias de Granada, Desgranando Ciencia 3, 15-17 abril 2016.

Colegio Compañía de María. 27 diciembre 2014.

Parque de las Ciencias de Granada, Desgranando Ciencia 2, 12-14 diciembre 2014.

IES San Miguel de Jabugo. Marzo 2014.

(3) Seminario, La Degeneración del Cromosoma Y, ¿el Fin del Género Masculino? Rafael Navajas-Pérez. En: Curso Cambio Global, Extinciones y Perspectivas de Futuro. Aula Magna, Facultad de Ciencias, UGR, 26 octubre 2012.

(2) Seminario, El Sexo de las Plantas. Rafael Navajas-Pérez. En: Curso Nuevas Fronteras de la Genética, Sectorial de Alumnos de Biología (SAB), Universidad de Granada. Salón de Actos, Edificio Mecenas, UGR, 28 noviembre 2011.

(1) Seminario, Sexo, Plantas y Evolución: una Visión sobre Cromosomas Sexuales en Vegetales. Rafael Navajas-Pérez. En Ciclo de Seminarios Jóvenes Investigadores de la Universidad de Granada. Facultad de Ciencias, UGR, 1 diciembre 2005.

2.6. Contribuciones de carácter docente

Publicaciones

(8) Plan de Acción Tutorial para alumnos de másteres con participación del Departamento de Genética (PID 12-154). Francisca Robles, Roberto de la Herrán, Pedro J. Sola-Campoy, Carmelo Ruiz Rejón, Rafael Navajas-Pérez. Innovación Docente y Buenas Prácticas Docentes en la Universidad de Granada, vol III, pp. 895-903 (2014). Editorial Universidad de Granada, ISBN: 978-84-338-5685-2.

(7) Implantación de un Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución (PID 11-40). Francisca Robles, Roberto de la Herrán, Pedro J. Sola-Campoy, Carmelo Ruiz Rejón, Rafael Navajas-Pérez. Innovación Docente y Buenas Prácticas Docentes en la Universidad de Granada, vol II, pp. 1133-1141 (2013). Editorial Universidad de Granada, ISBN: 978-84-338-5576-3.

(6) Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución. Rafael Navajas-Pérez (2011). En: Tutoría y Orientación en la Educación Superior, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada.

(5) Relación de Problemas y Casos Prácticos, Asignaturas de Genética I y II y Genética Humana (Grado de Biología). Varios autores (2011). Editorial de la Universidad de Granada.

(4) Manual de Prácticas, Asignaturas de Genética I y II y Genética Humana (Grado de Biología). Varios autores (2011). Editorial de la Universidad de Granada.

(3) Guía Didáctica de la Asignatura Genética I. Francisca Robles, Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez (2010). En: Planificación de la Docencia Universitaria por Competencias y Elaboración de Guías Didácticas, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada.

(2) Guía Didáctica de la Asignatura Genética II. Rafael Navajas-Pérez, Francisca Robles, Roberto de la Herrán (2010). En: Planificación de la Docencia

Universitaria por Competencias y Elaboración de Guías Didácticas, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada.

(1) Guía Didáctica de la Asignatura Genética Molecular. Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez, Francisca Robles (2010). En: Planificación de la Docencia Universitaria por Competencias y Elaboración de Guías Didácticas, Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada.

Comunicaciones a congresos docentes

(9) Pruebas tipo test y ‘patatas calientes’ como herramientas adicionales de evaluación. Francisca Robles & Rafael Navajas-Pérez. Simposio Internacional de Buenas Prácticas en Evaluación Formativa en Docencia Universitaria, 5-7 septiembre 2014, Blanes, España.

(8) Mendelius: el juego de cartas para enseñar Genética Mendeliana. Cristina Aznarte Mellado & Rafael Navajas-Pérez. III Jornadas de Buenas Prácticas Educativas del CEP de Granada. 4-5 junio 2014, Granada, España.

(7) Aprendizaje autónomo versus aprendizaje colaborativo: elaboración de Glosarios Wiki en el área de Genética. Francisca Robles & Rafael Navajas-Pérez. VIII Congreso Internacional de Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. 12-14 septiembre 2013, Segovia, España.

(6) Resolución de un caso práctico de Consejo Genético mediante una actividad de Aprendizaje Cooperativo. Rafael Navajas-Pérez, Francisca Robles. VII Congreso Internacional de Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. 5-7 septiembre 2012, Vic, España.

(5) Implantación de un Plan de Acción Tutorial para Alumnos de Máster. Rafael Navajas-Pérez*. II Jornadas de Orientación y Tutoría Universitarias. 22-23 mayo 2012, Granada, España.

(4) Mentorización del Profesorado Novel en Áreas de Ciencias Experimentales y Técnicas. Noel Rodríguez, Isabel Tienda, Encarnación Castillo, Miguel A. Carvajal, Maximino Manzanera, Susana Vilchez, Sila Pla Pueyo, Fco Javier Espejo, Deisi Altmajer, Antonio Martínez-Ferez, M^a Carmen Almécija, Alejandro Fernández, Antonio J. Torija, A. Jesús Muñoz-Pajares, Eugenia E. Montiel, Rafael Navajas-Pérez, Francisca Robles*. Jornadas Andaluzas de Formación Inicial del Profesorado Universitario: el Papel de los Mentores, 9 julio 2010, Granada, España.

Publicado en: Actas de las Primeras Jornadas Andaluzas de Formación Inicial del Profesorado Universitario. M^a José León Guerrero y M^a Carmen López López

(coordinadoras). Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Secretariado de Formación y Apoyo a la Calidad, Universidad de Granada. Pág. 106-115. ISBN 978-84-693-5599-2.

(3) Experiencia de Profesorado Novel en Evaluación Continua, Formativa y Compartida para la Evaluación de Competencias ante el EEES. Alberto Zafra-Gómez, Juan Francisco Martínez Gallegos, Inmaculada Salcedo Bellido, Rosa Quirantes Piné, Rafael Navajas Pérez, Manuel Lombardo Agüi, David Arráez Román. VIII Jornadas Internacionales de Innovación Universitaria, Retos y oportunidades del desarrollo de los nuevos títulos en educación superior. 11-12 julio 2011, Madrid, España.

(2) Coordinación del Profesorado mediante Equipos Docentes para la formación del Profesorado Novel Universitario ante el EEES. Alberto Zafra-Gómez, Juan Francisco Martínez Gallegos, Inmaculada Salcedo Bellido, Rosa Quirantes Piné, Rafael Navajas Pérez, Manuel Lombardo Agüi, David Arráez Román. VIII Jornadas Internacionales de Innovación Universitaria, Retos y oportunidades del desarrollo de los nuevos títulos en educación superior. 11-12 julio 2011, Madrid, España.

(1) Propuesta de Evaluación de Seminarios para la Resolución de Casos Prácticos en el Área de Genética. Rafael Navajas Pérez. *VI Congreso Internacional de Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. 29 septiembre al 1 Octubre 2011, Huesca, España.*

() Ponente de la comunicación oral*

Proyectos de innovación docente

(6) Web REAL (Repositorio de Estrategias en el Ámbito Laboral) UGR. Vicerrectorado de Ordenación Académica, Universidad de Granada (Cursos 2013-2015). R. Navajas-Pérez (Coord.).

(5) Plan de Acción Tutorial para Alumnos de Másteres con participación del Departamento de Genética. Vicerrectorado de Ordenación Académica, Universidad de Granada (Curso 2012-2013). R. Navajas-Pérez (Coord.).

(4) Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución. Vicerrectorado de Ordenación Académica, Universidad de Granada (Curso 2011-2012). R. Navajas-Pérez (Coord.).

(3) Formación compartida de la actividad docente del profesorado universitario ante el Espacio Europeo de Educación Superior (II). Formación del Profesorado Principiante en Áreas de Ciencias Experimentales y Técnicas (Curso 2011-2012). I. Plaza (Coord.).

(2) Formación compartida de la actividad docente del profesorado universitario ante el Espacio Europeo de Educación Superior. Formación del Profesorado Principiante en Áreas de Ciencias Experimentales y Técnicas (Curso 2010-2011). I. Plaza (Coord.).

(1) Nuevos Recursos Docentes para las Prácticas del Departamento de Genética en el Marco del EEES. Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada (Curso 2010-2011).

Material docente online

(2) Programa de la asignatura de Genética I: de los genes a las poblaciones. Página web personal: <http://www.rafaelnavajas.eu/classroom.html>.

(1) Programa de la asignatura de Genética II: de la secuencia a la función. Página web personal: <http://www.rafaelnavajas.eu/classroom.html>.

2.7. Actividad investigadora desempeñada

(6) Contrato Ramón y Cajal

Organismo que lo concedió: Ministerio de Ciencia e Innovación
Centro de Aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada
Fecha de Inicio: 01-12-2011 Fecha de Finalización: Actualidad.

(5) Contrato Postdoctoral de Reincorporación

Título del proyecto: INGENIO-CONSOLIDER: AQUAGENOMICS, Mejora de la producción en acuicultura mediante herramientas de biotecnología.
Organismo que lo concedió: Plan Propio de la Universidad de Granada
Centro de Aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada
Director/a: Manuel Ruiz Rejón
Fecha de Inicio: 01-02-2009 Fecha de Finalización: 30-11-2011.

(4) Contrato Postdoctoral con cargo a Grupos de Investigación

Título del proyecto: Análisis Génicos y Genómicos de Plantas Dioicas
Organismo que lo concedió: Universidad de Granada

Centro de Aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Director/a: Manuel Ruiz Rejón

Fecha de Inicio: 01-11-2008 Fecha de Finalización: 31-01-2009.

(3) Contrato Postdoctoral MEC/Fulbright

Título del proyecto: Duplicación génica y evolución de los cromosomas sexuales en *Carica papaya*, papaya

Organismo que lo concedió: Ministerio de Educación y Ciencias (actual MCYT)

Centro de Aplicación: Plant Genome Mapping Laboratory, University of Georgia, Athens, GA, EEUU.

Director/a: Andrew H. Paterson

Fecha de Inicio: 01-10-2006 Fecha de Finalización: 01-10-2008.

(2) Ayuda Puente

Organismo que la concedió: Universidad de Granada

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias

Director/a: Manuel Ruiz Rejón, Manuel A. Garrido-Ramos

Fecha de Inicio: 01-01-2006 Fecha de Finalización: 30-06-2006.

(1) Beca de Postgrado para la Formación de Profesorado Universitario (FPU)

Organismo que la concedió: Ministerio de Educación, Cultura y Deporte

Centro de aplicación: Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada

Director/a: Manuel Ruiz Rejón, Manuel A. Garrido-Ramos

Fecha de Inicio: 01-01-2002 Fecha de Finalización: 31-12-2005.

2.8. Participación en proyectos de investigación subvencionados en convocatorias públicas

Como IP:

(1) TÍTULO DEL PROYECTO: **Desarrollo de herramientas moleculares para la mejora del cultivo del pistacho.**

ENTIDAD FINANCIADORA: MICINN AGL2009-09094

DURACIÓN DESDE: 01/01/2010 HASTA: 31/12/2012

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Rafael Navajas Pérez.

Como investigador adscrito al proyecto:

(3) TÍTULO DEL PROYECTO: Implicaciones de la evolución cromosómica en la especiación: el caso del Género *Muscari*.

ENTIDAD FINANCIADORA: Universidad de Granada (PP2012-PI12)

DURACIÓN DESDE: 01/03/2013 HASTA: 28/02/2014

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Francisca Robles Rodríguez.

(2) TÍTULO DEL PROYECTO: Evolución de la dioecia y del determinismo sexual en *Rumex (Polygonaceae)*.

ENTIDAD FINANCIADORA: Ministerio Ciencia y Tecnología (BOS2003-08737-CO2-01)

DURACIÓN DESDE: 2004 HASTA: 2007

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Manuel A. Garrido-Ramos.

(1) TÍTULO DEL PROYECTO: Mejora de la producción en acuicultura mediante herramientas de biotecnología (AQUAGENOMICS).

ENTIDAD FINANCIADORA: MEC (MICYT), FEDER y CSIC (CSD2007-00002 INGENIO-CONSOLIDER)

DURACIÓN DESDE: 01/10/2007 HASTA: 29/11/2012

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Antonio Figueras Huerta (IP Subproyecto: Manuel Ruiz Rejón).

Como investigador colaborador:

(7) TÍTULO DEL PROYECTO: A comparative study of genome duplication in the Evolution of Flowering Plants

ENTIDAD FINANCIADORA: National Science Foundation (NSF06-586#0610305)

DURACIÓN DESDE: 2006 HASTA: 2010

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Manuel J. Torres.

(6) TÍTULO DEL PROYECTO: Comparative analysis of allotetraploid and diploid coffee genomes.

ENTIDAD FINANCIADORA: United States Department of Agriculture (USDA-CMBRU)

DURACIÓN DESDE: 2007 HASTA: 2009

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Chifumi Nagai, Ray Ming y Qingyi Yu.

(5) TÍTULO DEL PROYECTO: Comparative Genomics of Papaya Chromosomes.

ENTIDAD FINANCIADORA: National Science Foundation (NSF).

DURACIÓN DESDE: 2004 HASTA: 2008

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Ray Ming, Qingyi Yu, Paul H. Moore, Jiming Jiang y

Andrew H. Paterson.

(4) TÍTULO DEL PROYECTO: Papaya Genome Sequencing.

ENTIDAD FINANCIADORA: University of Hawaii-Hawaii Agriculture Research Center (UHHARC)

DURACIÓN DESDE: 2004 HASTA: 2007

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Maqsdul Alam, Ray Ming, Paul H. Moorde, Tak Sugimura, Stanley Saiki.

(3) TÍTULO DEL PROYECTO: Evolución de los cromosomas sexuales y de los mecanismos de determinación sexual en plantas: el género *Rumex* (*Polygonaceae*) como modelo de estudio.

ENTIDAD FINANCIADORA: MEC, DGI

DURACIÓN DESDE: 2007 HASTA: 2009

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Manuel A. Garrido-Ramos.

(2) TÍTULO DEL PROYECTO: Análisis molecular del control genético, origen y evolución del dimorfismo sexual en *Rumex acetosa*.

ENTIDAD FINANCIADORA: Ministerio Ciencia y Tecnología DGI. (BXX2000-1144-C02)

DURACIÓN DESDE: 2001 HASTA: 2003

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Manuel A. Garrido-Ramos.

(1) TÍTULO DEL PROYECTO: Contribución de la Biología Molecular a los estudios evolutivos y a la conservación de los recursos vegetales en el sur de España.

ENTIDAD FINANCIADORA: DGES (PB98-1288)

DURACIÓN DESDE: 1999 HASTA: 2001

INVESTIGADOR/A PRINCIPAL: Gabriel Blanca López.

2.9. Participación en otros proyectos de investigación subvencionados y en contratos de investigación

(1) Título del contrato: Estudio botánico, historiográfico y genético de variedades de *Myrtus communis* en la Alhambra y Generalife.

Entidad: Contrato de prestación de servicios entre el patronato de La Alhambra y Generalife y la Fundación Empresa Universidad de Granada.

Duración: 2008-2009.

Investigador responsable: Manuel Casares Porcel.

2.10. Trabajos de investigación dirigidos

Dirección de Tesis Doctorales:

(2) Doctoranda: Cristina Aznarte Mellado

Título de la Tesis: Optimización de distintos portainjertos en el cultivo del pistacho: un enfoque fisiológico y molecular.

Período: 18 Diciembre 2015, Sobresaliente.

Director(es): Rafael Navajas-Pérez.

(1) Doctoranda: María Jesús Molina Luzón

Título de la Tesis: Construcción de un mapa genético en el lenguado senegalés (*Solea senegalensis*) basado en el análisis de marcadores microsatélites.

Período: 30 Julio 2012, Sobresaliente *cum laude*.

Director(es): Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez.

Dirección de Trabajos Fin de Máster:

(2) Estudiante: Cristina Aznarte Mellado

Tipo de Investigación: Trabajo de Investigación Tutelada, Máster Universitario en Biotecnología, Máster Oficial de la Universidad de Granada

Título: Análisis citogenético-molecular en *Pistacia vera* (pistachero)

Período: Diciembre 2011.

Director(es): Rafael Navajas-Pérez

Calificación: 9,5.

(1) Estudiante: Pedro J. Sola Campoy

Tipo de Investigación: Trabajo Fin de Máster, Máster Universitario en Biotecnología, Máster Oficial de la Universidad de Granada

Título: Aislamiento y caracterización de la secuencia de ADN satélite PIVE-180 en especies del género *Pistacia*

Período: 27 Septiembre 2011

Director(es): Rafael Navajas-Pérez

Calificación: 9,8.

Dirección de otros trabajos de Investigación:

(5) Estudiante: Elena Pérez Angosto

Tipo de Investigación: Trabajo Fin de Grado, Grado en Biología, Universidad de Granada.

Título: Genómica y análisis citogenéticos en el género *Pistacia*. Una revisión bibliográfica.

Período: Curso 2015-2016

Director(es): Rafael Navajas-Pérez.

(4) Estudiante: Sara López Ibáñez

Tipo de Investigación: Trabajo Fin de Grado, Grado en Biología, Universidad de Granada.

Título: Caracterización de marcadores moleculares asociados al sexo de *Pistacia vera*.

Período: Curso 2015-2016

Director(es): Rafael Navajas-Pérez.

(3) Estudiante: Leonardo Madsen

Tipo de Investigación: Beca de Iniciación a la Investigación, Plan Propio, Universidad de Granada.

Título: Construcción de una librería de microsatélites en *Pistacia vera* (pistachero)

Período: Curso 2009-2010

Director(es): Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez.

(2) Estudiante: Jesús Madero Pérez

Tipo de Investigación: Beca de Iniciación a la Investigación, Plan Propio, Universidad de Granada

Título: Caracterización de secuencias repetidas de ADN satélite en *Pistacia vera* (pistachero)

Período: Curso 2009-2010

Director(es): Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez.

(1) Estudiante: Jesús Madero Pérez

Tipo de Investigación: Beca de Colaboración a la Investigación, Plan Propio, Universidad de Granada

Título: Caracterización de marcadores microsatélites para la construcción de un mapa genético en *Pistacia vera* (pistachero)

Período: Curso 2010-2011

Director(es): Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez.

2.11. Publicaciones

Publicaciones recogidas en bases de datos de ISI Web of Science

(31) AUTORES/AS (p.o. de firma): Robles F, De la Herrán R, Navajas-Pérez R, Cano-Roldán B, Sola Campoy PJ, García Zea JA, Ruiz-Rejón C

TÍTULO: Centromeric satellite DNA in flatfish (Order Pleuronectiformes) and its relation to speciation processes

REF. REVISTA/LIBRO: *Journal of Heredity*, en prensa.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2017)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Biotecnología).

(30) AUTORES/AS (p.o. de firma): De la Herrán R, Casares M, Robles F, Tito J, Navajas-Pérez R, Molina-Luzón MJ, de los Reyes González-Tejero M, Sola Campoy PJ, Gutiérrez-Guerrero A, Ruiz-Rejón C

TÍTULO: The forgotten myrtle of the Alhambra gardens of Granada: restoring and authenticating world heritage.

REF. REVISTA/LIBRO: *Journal of Agricultural Science and Technology*, en prensa.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2016)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q2** (Agricultura y Ciencias Biológicas).

(29) AUTORES/AS (p.o. de firma): Aznarte-Mellado C, Sola-Campoy PJ, Robles F, Guerrero Villaseñor J, Ruiz Rejón C, de la Herrán R, Navajas-Pérez R

TÍTULO: Nutrient uptake efficiency of five varieties of pistachio (*Pistacia vera* L.)

REF. REVISTA/LIBRO: *Journal of Elementology*, 21(1): 141-148.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2016)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q3** (Ecología).

(28) AUTORES/AS (p.o. de firma): Sola-Campoy PJ, Robles F, Schwarzacher T, Ruiz Rejón C, de la Herrán R, Navajas-Pérez R

TÍTULO: The molecular cytogenetic characterization of pistachio (*Pistacia vera* L.) suggests the arrest of recombination in the largest heteropycnotic pair HC1

REF. REVISTA/LIBRO: *PLoS ONE*, doi:10.1371/journal.pone.0143861

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2015)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Bioquímica, Genética y Biología Molecular).

(27) AUTORES/AS (p.o. de firma): Molina-Luzón MJ, Hermida M, Navajas-Pérez R, Robles F, Navas JI, Ruiz-Rejón C, Bouza C, Martínez P, de la Herrán R

TÍTULO: First Haploid Genetic Map Based on Microsatellite Markers in Senegalese Sole (*Solea senegalensis*, Kaup 1858)

REF. REVISTA/LIBRO: *Marine Biotechnology*, 17(1):8-22. |Cover Paper|

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2015)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Biotecnología).

(26) AUTORES/AS (p.o. de firma): Molina-Luzón MJ, Ramón López J, Robles F, Navajas-Pérez R, Ruiz-Rejón C, de la Herrán R, Navas JI

TÍTULO: Chromosomal manipulation in Senegalese sole (*Solea senegalensis* Kaup, 1858): induction of triploidy and gynogenesis

REF. REVISTA/LIBRO: *Journal of Applied Genetics*, 56(1):77-84.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2015)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q3** (Genética).

(25) AUTORES/AS (p.o. de firma): Aznarte-Mellado C, Sola-Campoy PJ, Robles F, Ruiz Rejón C, de la Herrán R, Navajas-Pérez R

TÍTULO: Molecular characterization of the interspecific hybrid *Pistacia vigros* (P. vera L. x P. atlantica Desf.)

REF. REVISTA/LIBRO: *Scientia Horticulturae*, 179:180-183.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2014)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Horticultura).

(24) AUTORES/AS (p.o. de firma): Aznarte-Mellado C, Sola-Campoy PJ, Robles F, Ruiz Rejón C, de la Herrán R, Navajas-Pérez R

TÍTULO: Mycorrhizal treatments increase the compatibility between Pistachio (*Pistacia vera* L.) cultivars and seedling rootstock of *Pistacia terebinthus* L.

REF. REVISTA/LIBRO: *Scientia Horticulturae*, 176:79-84.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2014)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Horticultura).

(23) AUTORES/AS (p.o. de firma): Wang J, Na JK, Yu Q, Gschwend AR, Han J, Zeng F, Aryal R, VanBuren R, Murray JE, Zhang W, Navajas-Pérez R, Feltus FA, Lemke C, Tong EJ, Chen C, Man Wai Ch, Singh R, Wang ML, Jia Min X, Alam M, Charlesworth D, Moore PH, Jiang J, Paterson AH, Ming R

TÍTULO: Sequencing papaya X and Yh chromosomes reveals molecular basis of incipient sex chromosome evolution

REF. REVISTA/LIBRO: *PNAS*, 109(34):13710-5.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2012)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Multidisciplinar).

(22) AUTORES/AS (p.o. de firma): Bouza C, Hermida M, Pardo BG, Vera M, Fernández C, de la Herrán R, Navajas-Pérez R, Álvarez-Dios JA, Gómez-Tato A, Martínez P

TÍTULO: An Expressed Sequence Tag (EST)-enriched genetic map of turbot (*Scophthalmus maximus*): a useful framework for comparative genomics across model and farmed teleosts

REF. REVISTA/LIBRO: *BMC Genetics*, 13:54

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2012)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q2** (Genética).

(21) AUTORES/AS (p.o. de firma): Molina-Luzón MJ, López J, Navajas-Pérez R, Robles F, Ruiz-Rejón C, de la Herrán R

TÍTULO: Validation and comparison of microsatellite markers derived from Senegalese sole (*Solea senegalensis*, Kaup) genomic and expressed sequence tags libraries

REF. REVISTA/LIBRO: *Molecular Ecology Resources*, 12(5):956-66.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2012)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Genética).

(20) AUTORES/AS (p.o. de firma): Na JK, Wang J, Murray JE, Gschwend AR, Zhang W, Yu Q, Navajas-Pérez R, Feltus FA, Chen C, Kubat Z, Moore PH, Jiang J, Paterson AH, Ming R

TÍTULO: Construction of physical maps for the sex-specific regions of papaya sex chromosomes

REF. REVISTA/LIBRO: *BMC Genomics*, 13: 176.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2012)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Genética).

(19) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, Robles F, Molina-Luzón MJ, de la Herrán R, Álvarez-Dios JA, Pardo BG, Vera M, Bouza C, Martínez P.

TÍTULO: Exploitation of a turbot (*Scophthalmus maximus* L.) immune-related expressed sequence tag (EST) database for microsatellite screening and validation".

REF. REVISTA/LIBRO: *Molecular Ecology Resources*, 12(4):706-16.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2012)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Genética).

(18) AUTORES/AS (p.o. de firma): Yu Q, Romain G, de Kochko A, Byers A, Navajas-Pérez R, Langston B, Dubreuil-Tranchant C, Paterson AH, Poncet V, Nagai Ch, Ming R

TÍTULO: Microcolinearity and genome evolution in the vicinity of an ethylene receptor gene of cultivated diploid and allotetraploid coffee species (*Coffea*)

REF. REVISTA/LIBRO: *Plant Journal*, 67:305-317.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2011)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Genética).

(17) AUTORES/AS (p.o. de firma): Quesada del Bosque ME, Navajas-Pérez R, Panero JL, Fernández-González A, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: A satellite-DNA evolutionary analysis in the North American endemic dioecious plant *Rumex hastatulus* (Polygonaceae).

REF. REVISTA/LIBRO: *Genome*, 54: 253-260.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2011)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q2** (Biotecnología).

(16) AUTORES/AS (p.o. de firma): López-Flores I, Ruiz-Rejón C, Cross I, Rebordinos L, Robles F, Navajas-Pérez R, de la Herrán R

TÍTULO: Molecular characterization and evolution of an interspersed repetitive DNA family of oysters.

REF. REVISTA/LIBRO: *Genetica*, 138(11-12):1211-1219.

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2010)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Ciencias Animales y Zoología).

(15) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, Schwarzacher T, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: Molecular cytogenetic characterization of *Rumex papillaris*, a dioecious plant with an XX/XY₁Y₂ sex chromosome system

REF. REVISTA/LIBRO: *Genetica*, 135:87-93

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2009)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Ciencias de las Plantas).

(14) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, Schwarzacher T, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: Characterization of RUSI, a telomere-associated satellite-DNA, in the genus *Rumex* (Polygonaceae)

REF. REVISTA/LIBRO: *Cytogenetic and Genome Research*, 124(1):81-9

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2009)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q3** (Genética).

(13) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, Paterson AH

TÍTULO: Patterns of tandem repetition in Plant Whole Genome Assemblies

REF. REVISTA/LIBRO: *Molecular Genetics and Genomics*, 281:579–590

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2009)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q2** (Genética).

(12) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R*, Quesada del Bosque ME*, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: Effect of location, organization, and repeat copy number in satellite-DNA evolution

REF. REVISTA/LIBRO: *Molecular Genetics and Genomics*, 282(4):395-406

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2009)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q2** (Genética).

(11) AUTORES/AS (p.o. de firma): Yu Q, Navajas-Pérez R, Tong E, Robertson J, Moore PH, Paterson AH, Ming R

TÍTULO: Recent origin of dioecious and gynodioecious Y chromosomes in papaya

REF. REVISTA/LIBRO: *Tropical Plant Biology*, 1:49-57

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2008)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q3** (Ciencias de las Plantas).

(10) AUTORES/AS (p.o. de firma): Ming R, Hou S, Feng Y, Yu Q, Dionne-Laporte A, Saw JH, Senin P, Wang W, Ly BV, Lewis KL, Salzberg SL, Feng L, Jones MR, Skelton RL, Murray JE, Chen C, Qian W, Shen J, Du P, Eustice M, Tong E, Tang H, Lyons E, Paull RE, Michael TP, Wall K, Rice DW, Albert H, Wang ML, Zhu YJ, Schatz M, Nagarajan N, Acob RA, Guan P, Blas A, Wai CM, Ackerman CM, Ren Y, Liu C, Wang J, Wang J, Na JK, Shakirov EV, Haas B, Thimmapuram J, Nelson D, Wang X, Bowers JE, Gschwend AR, Delcher AL, Singh R, Suzuki JY, Tripathi S, Neupane K, Wei H, Irikura B, Paidi M, Jiang N, Zhang W, Presting G, Windsor A, Navajas-Pérez R, Torres MJ, Feltus FA, Porter B, Li Y, Burroughs AM, Luo MC, Liu L, Christopher DA, Mount SM, Moore PH, Sugimura T, Jiang J, Schuler MA, Friedman V, Mitchell-Olds T, Shippen DE, dePamphilis CW, Palmer JD, Freeling M, Paterson AH, Gonsalves D, Wang L, Alam M

TÍTULO: The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus)

REF. REVISTA/LIBRO: *Nature*, 452(7190):991-996

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2008)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Multidisciplinar).

(9) AUTORES/AS (p.o. de firma): Nagarajan N*, Navajas-Pérez R*, Pop M, Alam M, Ming R, Paterson AH, Salzberg SL

TÍTULO: Genome-wide analysis of repetitive elements in papaya

(*)AUTORES CON IGUAL CONTRIBUCIÓN AL ARTÍCULO

REF. REVISTA/LIBRO: *Tropical Plant Biology*, 3-4:191-201

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2008)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q3** (Ciencias de las Plantas).

(8) AUTORES/AS (p.o. de firma): Abdel Mounim HK, Navajas-Pérez R, de la Herrán R, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA, Ruiz Rejón C, Rosúa JL

TÍTULO: Establishing the genetic relationships between the wild and cultivated olives using a nuclear intron from nitrate reductase (NIA-i3)

REF. REVISTA/LIBRO: *Plant Systematics and Evolution*, 269: 63–73

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2007)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Ciencias de las Plantas).

(7) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, Rubio-Escudero C, Aznarte JL, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: SatDNA Analyzer: a computing tool for satellite-DNA evolutionary analysis

REF. REVISTA/LIBRO: *Bioinformatics*, 23(6):767-768

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2007)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Biología Molecular).

(6) AUTORES/AS (p.o. de firma): Cuñado N*, Navajas-Pérez R*, de la Herrán R, Ruiz Rejón C, Ruiz Rejón M, Santos JL, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: The evolution of sex chromosomes in the genus *Rumex* (Polygonaceae): Identification of a new species with heteromorphic sex chromosomes.

(*)AUTORES CON IGUAL CONTRIBUCIÓN AL ARTÍCULO

REF. REVISTA/LIBRO: *Chromosome Research*, 15:825-832

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2007)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Genética).

(5) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, Schwarzacher T, de la Herrán R, Ruiz Rejón C, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA

TÍTULO: The origin and evolution of the variability in a Y-specific satellite-DNA of *Rumex acetosa* and its relatives

REF. REVISTA/LIBRO: *Gene*, 368:61-71

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2006)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Genética).

(4) AUTORES/AS (p.o. de firma): Mariotti B, Navajas-Pérez R, Lozano R, Parker J, de la Herrán R, Ruiz Rejón C, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA, Jamilena M

TÍTULO: Cloning and characterisation of dispersed repetitive DNA derived from microdissected sex chromosomes of *Rumex acetosa*

REF. REVISTA/LIBRO: *Genome*, 49:114-121

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2006)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Biotecnología).

(3) AUTORES/AS (p.o. de firma): de la Herrán R, Cuñado N, Navajas-Pérez R, Santos JL, Ruiz Rejón C, Garrido-Ramos MA, Ruiz Rejón M.

TÍTULO: The controversial telomeres of lily plants

REF. REVISTA/LIBRO: *Cytogenetic and Genome Research*, (2005) 109(1-3):144-147

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2005)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q2** (Genética).

(2) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, de la Herrán R, Jamilena M, Lozano R, Ruiz Rejón C, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA.

TÍTULO: Reduced Rates of Sequence Evolution of Y-Linked Satellite DNA in *Rumex* (Polygonaceae)

REF. REVISTA/LIBRO: *Journal of Molecular Evolution*, 60:391-399

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2005)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Q1** (Ecología, Evolución, Comportamiento y Sistemática).

(1) AUTORES/AS (p.o. de firma): Navajas-Pérez R, de la Herrán R, López González G, Jamilena M, Lozano R, Ruiz Rejón C, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA
TÍTULO: **The evolution of reproductive systems and sex-determining mechanisms within *Rumex* (Polygonaceae) inferred from nuclear and chloroplastidial sequence data**

REF. REVISTA/LIBRO: *Molecular Biology and Evolution*, 22(9):1929-1939

FECHA PUBLICACIÓN (*): (2005)

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): **Este artículo ha sido recomendado por Faculty of 1000 Biology. Q1** (Genética).

El cuartil al que pertenece cada revista (**Q**) ha sido extraído de la base de datos SJR (*Scimago Journal & Country Rank*) considerando el año en que se produjo la publicación y el área en la que estaba mejor situada. Para revistas que no tenían índice de impacto en la fecha de publicación (*Tropical Plant Biology*), se ha considerado el primer índice disponible.

Publicaciones recogidas en otras bases de datos

(2) AUTORES/AS (p.o. de firma): **Rafael Navajas-Pérez**

TÍTULO: **Evolución de los Sistemas Reproductivos y de los Mecanismos de Determinación Sexual en el Género *Rumex* (Polygonaceae)**

REF. REVISTA/LIBRO: Boletín Electrónico Sociedad Española de Genética, be-SEG, 21:13-

FECHA PUBLICACIÓN (*): Octubre 2007

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): *Reseña del proyecto de Tesis Doctoral.*

(1) AUTORES/AS (p.o. de firma): **Rafael Navajas-Pérez**

TÍTULO: **Ciencia y Top Manta**

REF. REVISTA/LIBRO: **Apuntes de Ciencia y Tecnología**, (2007), 22:15-17

FECHA PUBLICACIÓN (*): Marzo 2007

ASPECTOS MÁS RELEVANTES (**): *Artículo de opinión sobre los Derechos de Autor de las revistas científicas y las nuevas formas de publicación copyleft. Apuntes de Ciencia y Tecnología es una revista generalista de Ciencia y Política Científica en la que se plasman las opiniones y preocupaciones de los investigadores españoles, tanto en España como en el extranjero.*

Otras publicaciones en revistas

(3) AUTORES/AS (p.o. de firma): Rafael Navajas-Pérez, Cristina Aznarte-Mellado
TÍTULO: Mendelius: el acento granadino a las leyes de la herencia
REF. REVISTA/LIBRO: Calle Elvira, Otoño 2014, pp. 40-43.
FECHA PUBLICACIÓN (*): 2014

(2) AUTORES/AS (p.o. de firma): Rafael Navajas-Pérez
TÍTULO: Un voto de confianza para los organismos transgénicos
REF. REVISTA/LIBRO: Aula Magna, 90(VI):3
FECHA PUBLICACIÓN (*): 24 Febrero 2010

(1) AUTORES/AS (p.o. de firma): Rafael Navajas-Pérez
TÍTULO: Genética Mágica como Regalo de Reyes
REF. REVISTA/LIBRO: Diario Ideal (edición online), 4 Enero 2010.

Libros

(5) AUTORES/AS (p.o. de firma): Pamela Faber & Rafael Navajas-Pérez
TÍTULO: Secondary term formation and term stability in Genetics
REF. REVISTA/LIBRO: In: The Science of Language. The Language of Science. (Eds: Kolkovska, Petkova, Mihaylova-Palanska), Bulgarian Academy of Sciences.
FECHA PUBLICACIÓN (*): 2017

(4) AUTORES/AS (p.o. de firma): Niranjan Nagarajan & Rafael Navajas-Pérez
TÍTULO: Papaya Repeat Database
REF. REVISTA/LIBRO: In: Genetics and Genomics of Papaya (Eds: P. Moore & R. Ming), Springer.
FECHA PUBLICACIÓN (*): 2014

(3) AUTORES/AS (p.o. de firma): Rafael Navajas-Pérez
TÍTULO: The Genus *Rumex*: a plant model to study sex-chromosomes evolution
REF. REVISTA/LIBRO: In *New insights on plant sex chromosomes*, Nova Science Publisher, Inc. (Ed: Rafael Navajas-Pérez) ISBN: 978-1-61470-236-8
FECHA PUBLICACIÓN (*): 2012

(2) AUTORES/AS (p.o. de firma): P. Sola-Campoy, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, Rafael Navajas-Pérez.
TÍTULO: Plant sex chromosomes evolution
REF. REVISTA/LIBRO: In *New insights on plant sex chromosomes*, Nova Science Publisher, Inc. (Ed: Rafael Navajas-Pérez) ISBN: 978-1-61470-236-8
FECHA PUBLICACIÓN (*): 2012

(1) AUTORES/AS (p.o. de firma): Rafael Navajas-Pérez, Manuel Ruiz Rejón, Manuel A. Garrido Ramos, José Luis Aznarte, Cristina Rubio-Escudero.

TÍTULO: SatDNA Analyzer 1.2 as a valuable computing tool for evolutionary analysis of satellite-DNA families: revisiting Y-linked satellite-DNA sequences of *Rumex* (Polygonaceae).

REF. REVISTA/LIBRO: Lecture Notes in Bioinformatics (2007). S. Hochreiter and R. Wagner (Eds.): BIRD, LNBI 4414, pp. 131–139. (Springer).

FECHA PUBLICACIÓN (*): 2007

ASPECTOS MÁS RELEVANTES ():** Artículo que además fue seleccionado por el comité editorial para su ponencia oral y para su publicación en el Congreso Bioinformatics Research and Development (BIRD). Berlín (Alemania), 12-14 Marzo 2007.

2.12. Comunicaciones y ponencias presentadas a congresos

Presentaciones orales:

(13) Autores: Kafkas S*, Haibao Tang, Rafael Navajas-Pérez, Hakan Ozkan, Andrzej Kilian, Ray Ming, Mortaza Khodajman, Elmira Ziya Motalebipour, Murat Guney, Hayat Topcu, Ebru Kafkas, Nergiz Çoban, Hatice Gozel, Ching Man Wai, Francisca Robles, Roberto de la Herrán, Carmelo Ruiz Rejón, Jason Carling, Jie Song.

Whole Genome Sequencing and High Density Genetic Maps in Pistachio Reveal a Large Non-Recombining Region of Sex Chromosomes

XXIV PAG, Sex chromosomes and sex determination Workshop

San Diego, 9-13 enero 2016.

(12) Autores: Pedro J. Sola Campoy*, Rafael Navajas-Pérez, Roberto de la Herrán, Carmelo Ruiz Rejón, Trude Schwarzacher

Desarrollo de marcadores moleculares para la identificación de poblaciones españolas del género *Pistacia*

XX Seminario de Genética de Poblaciones (SEG)

Granada 1-3 octubre 2014.

(11) Autores: Pedro J. Sola Campoy*, María López-García, Roberto de La Herrán, Francisca Robles, Rafael Navajas-Pérez, Carmelo Ruiz-Rejón

Caracterización citogenética-molecular de la familia de ADN satélite PIVE180 en *Pistacia vera*.

VII Seminario Citogenética (SEG)

Lugo 27-30 junio 2012.

(10) Autores: Robles F.; Cano-Roldán B.; Navajas-Pérez R.; Molina M.J.; De la Herrán R.; Ruiz-Rejón C.

Título: Análisis citogenético-molecular de una secuencia repetida conservada en Teleósteos

Congreso: VI Seminario de Citogenética de la SEG (Sociedad Española de Genética)

Lugar de Celebración: Córdoba, 29 de septiembre a 2 de octubre de 2010.

(9) Autores: Robles F*; Cano-Roldán B; Molina MJ; Navajas-Pérez R; Ruiz-Rejón C, de la Herrán R

Título: Análisis filogenético de los peces planos utilizando ADN repetido

Congreso: XVIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución de la SEG (Sociedad Española de Genética)

Lugar de Celebración: Lugo, 5-7 mayo 2010.

(8) Autores: Martínez P*; Bouza C; Pardo BG; Vilas R; Álvarez-Castro JM; Vera M; Hermida M; Fernández C; Millán A; Viñas A; Taboada X; Vale L; Pino-Querido A; López A; Sánchez L; Toro MA; Fernández J; Cerna A; Álvarez-Dios JA; Gómez-Tato A; Calaza M; de la Herrán R; Navajas-Pérez R, Ruiz-Rejón M

Título: Consolidación del mapa genético de rodaballo: identificación de QTL y genes candidatos relacionados con caracteres productivos

Congreso: XVIII Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución de la SEG (Sociedad Española de Genética)

Lugar de Celebración: Lugo, 5-7 mayo 2010.

(7) Autores: Rafael Navajas-Pérez*

Título: Mesa redonda: Investigación + Desarrollo + Innovación **Jornada: El pistacho: Realidad y expectativas de futuro**

**** CONFERENCIA INVITADA**

Congreso: España Original (Feria Nacional de las Denominaciones de Origen y otros productos Agroalimentarios de Calidad)

Lugar de Celebración: Ciudad Real, 11-13 mayo 2010.

(6) Qingyi Yu*, Eric Tong, Rafael Navajas-Pérez, Jon Robertson, Paul H. Moore, Andrew H. Paterson, Ray Ming

The autosomal origin of sex chromosomes

Plant & Animal Genomes XVII Conference
San Diego, CA, 10-14 enero 2009.

(5) Autores: Qingyi Yu, Rafael Navajas-Pérez, Eric Tong, Jon Robertson, Paul H. Moore, Andrew H. Paterson, Ray Ming*

Título: **Recent Origin of Dioecious and Gynodioecious Y Chromosomes in Papaya**
(*Sex Chromosomes and Sex Determination Workshop*)

Congreso: Plant & Animal Genomes XVI Conference

Lugar de Celebración: San Diego, CA (EEUU), 12-16 enero 2008.

(4) Autores: **R. Navajas-Pérez**, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA, Aznarte JL*, Rubio Escudero C.

**** CONFERENCIA INVITADA**

Título: **satDNA Analyzer 1.2 as a valuable computing tool for evolutionary analysis of satellite-DNA families: revisiting Y-linked satellite-DNA sequences of *Rumex* (Polygonaceae)**

Congreso: Bioinformatics Research and Development (BIRD)

Lugar de Celebración: Berlín (Alemania), 12-14 marzo 2007.

(3) Autores: R. Navajas-Pérez*, N. Cuñado, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, J.L. Santos, M.A. Garrido-Ramos

**** CONFERENCIA INVITADA**

Título: **Evolución de los cromosomas sexuales en el género *Rumex* L. (*Polygonaceae*)**

Congreso: V Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)

Lugar de Celebración: Aguadulce- Almería, 5-7 octubre 2005.

(2) Autores: R. Navajas-Pérez*, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, C. Ruiz Rejón, M. A. Garrido-Ramos

Título: **Evolución de los Cromosomas Sexuales en el Género *Rumex* (*Polygonaceae*)**

Congreso: III Seminario de Citogenética de la SEG (Sociedad Española de Genética)

Lugar de Celebración: Bubión- Granada, 30 junio al 3 julio 2004.

(1) Autores: M. A. Garrido-Ramos*, R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, M. JAMILENA, R. Lozano, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón

Título: **Análisis de la Evolución de los Cromosomas Sexuales en *Rumex acetosa* mediante el uso del ADN Satélite**

Congreso: XIV Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución de la SEG (Sociedad Española de Genética)

Lugar de Celebración: Gandía –Valencia, 13-16 noviembre 2002.

* Conferenciante

Pósteres:

(22) Autores: Molina-Luzón, M.J., Mora, M.J., Rafael Navajas-Pérez, Robles, F., Herrera, M., Ruiz-Rejón, C., De la Herrán, R., Navas, J.I.

Título: Chromosomal manipulation in senegalese sole: obtaining of gynogenetic and triploid offspring

Reunión: Aquaculture Europe 2011.

Lugar de Celebración: 18-21 octubre 2011. Rhodas, Grecia.

(21) Autores: Robles F, Cano B, Molina-Luzón MJ, Navajas-Pérez R, de la Herrán R, Ruiz Rejón C.

Título: Estudio mediante hibridación sustractiva de ESTs aisladas a partir de gónadas de esturión (*Acipenser naccarii*)

Reunión: XXXVIII Congreso Nacional de la SEG

Lugar de Celebración: Murcia, 21-23 septiembre 2011.

(20) Autores: Sola-Campoy P, Aznarte C, Robles P, Ruiz Rejón C, de la Herrán R, Navajas-Pérez R

Título: Caracterización de una Familia de ADN satélite en *Pistacia vera* L. (pistachero)

Reunión: XXXVIII Congreso Nacional de la SEG

Lugar de Celebración: Murcia, 21-23 septiembre 2011.

(19) Autores: Gutiérrez A, Robles F, Navajas-Pérez R, Ruiz Rejón C, de la Herrán R

Título: La Historia de los Arrayanes de La Alhambra: análisis de su variabilidad genética

Reunión: XXXVIII Congreso Nacional de la SEG

Lugar de Celebración: Murcia, 21-23 septiembre 2011.

(18) Autores: Pedro J. Sola Campoy, Leonardo Madsen, Francisca Robles, David Pérez López, María del Carmen Gijón López, María Reche, Carlos Benavides, Carmelo Ruiz Rejón, Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez

Título: Development and Characterization of Microsatellite Markers on Pistachio (*Pistacia vera*)

Reunión: XVIII International Botanical Congress

Lugar de Celebración: Melbourne, Australia, 20-23 julio 2011.

(17) Autores: Pedro J. Sola Campoy, Jesús Madero Pérez, Francisca Robles, Julián Guerrero Villaseñor, Francisco J. Couceiro López, Carmelo Ruiz Rejón, Roberto de la Herrán, Rafael Navajas-Pérez

Título: **Characterization of Repetitive Sequences on Pistachio (*Pistacia vera*)**

Reunión: XVIII International Botanical Congress

Lugar de Celebración: Melbourne, Australia, 20-23 julio 2011.

(16) Autores: M.E. Quesada del Bosque, R. Navajas-Pérez, J.L. Panero, A. Fernández-González, M.A. Garrido-Ramos

Título: **Evolución del ADN satélite en la planta dioica *Rumex hastatulus* (Polygonaceae)**

Reunión: XXXVII Congreso de la Sociedad Española de Genética

Lugar de Celebración: Torremolinos, Málaga, 30 sept - 2 oct 2009.

(15) Autores: R. Navajas-Pérez, M. Ruiz Rejón, M.A. Garrido-Ramos

Título: **The genus *Rumex* as a study model of sex chromosome evolution in plants**

Reunión: Annual Meeting of the Society of Molecular Biology and Evolution (SMBE 2008)

Lugar de Celebración: Barcelona, junio 5-8, 2008.

(14) Autores: R. Navajas-Pérez, Ruiz Rejón M, Garrido-Ramos MA, Aznarte JL, Rubio Escudero C.

Título: **SatDNA Analyzer: the first computing solution for satellite-DNA evolutionary analysis**

Reunión: Asia Pacific Bioinformatics Conference

Lugar de Celebración: Hong Kong, 15-17 enero 2007.

(13) Autores: Manuel J. Torres, R. Navajas-Pérez, Alex F. Feltus, John E. Bowers, Andrew H. Paterson

Título: **Integration of Genetic And Physical Map Data Of *Brassica spp.* and their Allies in The Order *Brassicales***

Reunión: Plant & Animal Genomes XV Conference

Lugar de Celebración: San Diego, CA (EEUU), 13-17 enero 2007.

(12) Autores: R. Navajas-Pérez

Título: **Cromosomas Y: Nacidos para Morir**

Reunión: II Certamen de Pósters de Divulgación Científica (Actas IV Jornadas de Jóvenes Investigadores, pg 86)

Lugar de Celebración: Madrid, 1-3 marzo 2006.

(11) Autores: Mariotti, B., Manzano, S., Navajas-Pérez, R., de la Herrán, R., Ruiz Rejón, C. y Jamilena, M.

Título: **Marcadores moleculares RAPDs ligados al sexo en la planta dioica *R. acetosa***

Reunión: V Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)

Lugar de Celebración: Roquetas de Mar- Almería, 5-7 octubre 2005.

(10) Autores: M. Ruiz Rejón, R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, G. López, M. Jamilena, R. Lozano, C. Ruiz Rejón, M.A. Garrido-Ramos

Título: **Evolución de los sistemas reproductivos y los mecanismos de determinación sexual en el género *Rumex* (*Polygonaceae*)**

Reunión: V Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)

Lugar de Celebración: Roquetas de Mar- Almería, 5-7 octubre 2005.

(9) Autores: R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, G. López-González, M. Jamilena, R. Lozano, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, M.A. Garrido-Ramos

Título: **The evolution of reproductive systems and sex determining mechanisms within *Rumex* (*Polygonaceae*) inferred from nuclear and chloroplastial sequence data**

Reunión: XVII International Botanical Congress

Lugar de Celebración: Vienna (Austria), 17-23 julio 2005.

(8) Autores: R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, M.A. Garrido-Ramos

Título: **Satellite-DNA could trace de phylogeny of the Genus *Rumex* (*Polygonaceae*)**

Reunión: 1st International Congress of the International Cytogenetics and Genome Society

Lugar de Celebración: Granada, 14-18 junio 2005.

(7) Autores: R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, B. Mariotti, M. Jamilena, R. Lozano, M. Ruiz Rejón, M. A. Garrido-Ramos

Título: **Reduced rates of sequence evolution of Y-linked satellite DNA in *Rumex* (*Polygonaceae*) (Publicado como proceeding)**

Reunión: 15th Chromosome Conference.

Lugar de Celebración: Brunel University- Londres (UK) 5-10 septiembre 2004.

(6) Autores: R. Navajas-Pérez, T. Schwarzacher, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, C. Ruiz Rejón, M. A. Garrido-Ramos

Título: **Analysis of two different satellite DNA subfamilies in the complex sex-chromosome system of *Rumex acetosa* (*Polygonaceae*) (Publicado como proceeding)**

Reunión: 15th Chromosome Conference

Lugar de Celebración: Brunel University- Londres (UK) 5-10 septiembre 2004.

(5) Autores: M. Jamilena, B. Mariotti, R. Navajas-Pérez, M. A. Garrido-Ramos, R. de la Herrán, R. Lozano

Título: **Caracterización de retroelementos aislados a partir de los cromosomas sexuales de *Rumex acetosa***

Reunión: IV Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)

Lugar de Celebración: San Lorenzo del Escorial –Madrid, 7-10 septiembre 2003.

(4) Autores: M.A. Garrido-Ramos, R. Navajas-Pérez, B. Mariotti, M. Jamilena, R. de la Herrán, C. Ruiz-Rejón, M. Ruiz Rejón.

Título: **Análisis de la Evolución de los cromosomas Y de *Rumex acetosa* mediante el estudio del ADN satélite**

Reunión: IV Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)

Lugar de Celebración: San Lorenzo del Escorial –Madrid, 7-10 septiembre 2003.

(3) Autores: R. Navajas-Pérez, M. Jamilena, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, M. A. Garrido-Ramos

Título: **Evolución de la dioecia en el género *Rumex***

Reunión: IV Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)

Lugar de Celebración: San Lorenzo del Escorial –Madrid, 7-10 septiembre 2003.

(2) Autores: R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Jamilena, B. Mariotti, R. Lozano, M. Ruiz Rejón, C. Ruiz Rejón, M. A. Garrido-Ramos

Título: **Origin and evolution of the sex-determining chromosomal system of *Rumex acetosa* using repetitive sequences**

Reunión: XI International Conference on Plant Embryology (Plant Reproduction: from Mendel to Molecular Biology).

Lugar de Celebración: Brno (República Checa) 1-3 septiembre 2003.

(1) Autores: B. Mariotti, J. Parker, R. Navajas-Pérez, R. de la Herrán, C. Ruiz Rejón, M. Ruiz Rejón, M.A.Garrido-Ramos, R. Lozano, M. Jamilena

Título: **The sex chromosome system of *Rumex acetosa*: a structural and functional analysis**

Reunión: XI International Conference on Plant Embryology (Plant Reproduction: from Mendel to Molecular Biology)

Lugar de Celebración: Brno (República Checa) 1-3 septiembre 2003.

2.13. Patentes

(1) Variedad vegetal VIGROS. Sola-Campoy PJ, Robles F, Ruiz Rejón C, de la Herrán R, Rafael Navajas-Pérez. Vigros: *P. vera* x *P. atlantica*. CPVO Gazette, Ref. 2012/1925, 06/2012, 15/12/2012.

2.14. Estancias en centros nacionales y extranjeros de investigación

Estancias postdoctorales

(3) CENTRO: Unità di ricerca per la frutticoltura di Forlì (CRA/CREA)
LOCALIDAD: **Forlì** PAÍS: **Italia** AÑO: curso 2014-2015
DURACIÓN: 6 meses
TEMA: Citogenética vegetal.

(2) CENTRO: NSAqua
LOCALIDAD: **Roma** PAÍS: **Italia** AÑO: curso 2013-2014
DURACIÓN: 6 meses
TEMA: Acuicultura.

(1) CENTRO: Center for Applied Genetic Technologies, Plant Genome Mapping Laboratory, Univ. Georgia
LOCALIDAD: **Athens, GA** PAÍS: **Estados Unidos** AÑO: 2006-2008
DURACIÓN: 24 meses
TEMA: Duplicación génica y evolución de los cromosomas sexuales en *Carica papaya*, papaya.

Estancias predoctorales

(5) CENTRO: Dpto. Fitotecnia, Univ. Autónoma Chapingo
LOCALIDAD: **Texcoco** PAÍS: **México** AÑO: 2001
DURACIÓN: 2 meses
TEMA: Biología Molecular ADN antiguo.

(4) CENTRO: Dpto. Genética, Fac. Biología, Univ. Complutense
LOCALIDAD: **Madrid** PAÍS: **España** AÑO: 2002
DURACIÓN: 2 meses
TEMA: Citogenética.

(3) CENTRO: Dept. Biology, University of Leicester
LOCALIDAD: Leicester **PAÍS:** Reino Unido **AÑO:** 2003
DURACIÓN: 3 meses
TEMA: Citogenética.

(2) CENTRO: Dept. Biology, University of Leicester
LOCALIDAD: Leicester **PAÍS:** Reino Unido **AÑO:** 2004
DURACIÓN: 3 meses
TEMA: Citogenética.

(1) CENTRO: Dpto. Biología Aplicada, Univ. Almería
LOCALIDAD: Almería **PAÍS:** España **AÑO:** 2002-2005
DURACIÓN: Colaboración esporádica
TEMA: Biología Molecular.

2.15. Puestos de gestión desempeñados y servicios prestados en instituciones de carácter académico e investigador

(6) Fundador y Director de Mendelius (www.mendelius.com). Plataforma online para difundir las Leyes de Mendel (2014-actualidad).

(5) Investigador Principal de un Proyecto de Investigación del Plan Nacional (2010-2013).

(4) Coordinador del Plan de Acción Tutorial del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución a través de la coordinación de tres proyectos de innovación docente (2011-2015)

(3) Administrador de varias páginas web personales (www.rafaelnavajas.eu) y de empresa (www.mendelius.com).

(2) Representante de la Junta de Facultad. Facultad de Ciencias, Universidad de Granada (2012-2015).

(1) Director Científico de la Sociedad Agraria de Transformación Pistachos de Andalucía (2011-2014)

2.16. Cursos y seminarios recibidos

(34) Introducción al sistema La TeX para la generación de material docente de alta calidad. Miguel Martín Suárez. 4-7 septiembre 2012 (10 horas). Universidad de Granada.

(33) Estrategias concretas para la mejora docente del profesorado de ciencias e ingeniería en el uso de las tecnologías de tipo Web 2.0. Rafael López Camino. 1 junio-8 julio 2012 (18 horas). Universidad de Granada.

(32) Estrategias de Aprendizaje Cooperativo y Uso del Portafolio Digital de grupo. Consolación Gil Montoya y M^a Dolores Gil Montoya. 27-28 octubre 2011 (8 horas). Taller Proyecto de Formación Compartida.

(31) VIII Jornadas Internacionales de Innovación Universitaria, Madrid, 11-12 julio 2011.

(30) Diseño de Materiales Instructivos con apoyo de Internet: Herramientas de internet como apoyo al profesorado. Web de la asignatura, web del alumno y web del profesor. Jorge Jiménez Rodríguez. 18 marzo 2011 (3 horas). Taller Proyecto de Formación Compartida.

(29) Tutoría y Orientación en la Educación Superior (2ª Edición), Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada. Granada 14 febrero-18 marzo, 2011 (70 horas).

(28) Taller de comunicación IV. “Técnicas asertivas. Resolución de conflictos”. Alicia Chica. Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 11 marzo 2011 (3 horas). Taller Proyecto de Formación Compartida.

(27) Taller de comunicación III. “Estilos comunicativos. Asertividad”. Alicia Chica. Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 18 febrero de 2011 (3 horas). Taller Proyecto de Formación Compartida.

(26) Taller de Evaluación de la Docencia y Funcionamiento de la Universidad. Esther Viseras Alarcón, Pedro García Fernández, Emilia Guadix Escobar, Diego Pablo Ruiz Padillo. Práctica Docente Mentorizada, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 15 y 16 de marzo 2010 (6 horas).

(25) La Evaluación como instrumento de Aprendizaje. Fundamentación teórica, técnicas e instrumentos de evaluación. Facultad de Ciencias, Universidad de Granada 15-16 de diciembre 2010 (8 horas). Taller Proyecto de Formación Compartida.

(24) Encuentro con el defensor universitario. Derechos y deberes de profesores y alumnos. Facultad de Ciencias, Universidad de Granada. 4 de noviembre 2010 (2 horas).

(23) Talleres de Comunicación I y II: “Factores que dificultan o favorecen la comunicación”. Alicia Chica. Facultad de Ciencias, Universidad de Granada 22 de Octubre y 12 de noviembre 2010 (6 horas). Taller Proyecto de Formación Compartida.

(22) Jornadas Andaluzas de Formación Inicial del Profesorado Universitario: el Papel de los Mentores. Granada, 9 julio 2010.

(21) Taller de Herramientas para la Docencia. Esther Viseras Alarcón, Pedro García Fernández, Emilia Guadix Escobar, Diego Pablo Ruiz Padillo. Práctica Docente Mentorizada, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 2 y 3 de marzo de 2010 (6 horas).

(20) Taller de Gestión del Aula. Esther Viseras Alarcón, Pedro García Fernández, Emilia Guadix Escobar, Diego Pablo Ruiz Padillo. Práctica Docente Mentorizada, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 17 y 18 de febrero de 2010 (6 horas).

(19) Taller de Planificación de la Docencia y Ética en la Universidad. Esther Viseras Alarcón, Pedro García Fernández, Emilia Guadix Escobar, Diego Pablo Ruiz Padillo. Práctica Docente Mentorizada, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, 4 y 8 de febrero de 2010 (6 horas).

(18) Workshop de BioPerl. Universidad Autónoma de Barcelona. 25-29 enero 2010 (30 horas).

(17) Planificación de la Docencia Universitaria por Competencias y Elaboración de Guías Didácticas (2ª Edición). Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada. Curso 2009-2010 (70 horas).

(16) Curso de Iniciación a la Docencia Universitaria (2ª Edición). Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada. Curso 2009-2010 (200 horas).

(15) II Jornadas de Acogida para el Profesorado Universitario de Nueva Incorporación. Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada, 6 de noviembre de 2009.

(14) Jornada Técnica de Cultivo del Pistacho. IFAPA, Granada. Cooperativa Los Tajos, Alhama de Granada, 17-18 junio 2009 (14 horas).

(13) I Jornada de Bioinformática en Granada. Oficina de Transferencia de Resultados de Investigación y Universidad de Granada. Parque Tecnológico de Ciencias de la Salud, Granada, 15 abril 2009 (5 horas).

(12) Curso de Introducción a las Nuevas Tecnologías Aplicadas a la Docencia. Centro de Enseñanzas Virtuales de la Universidad de Granada, 9-13 de febrero de 2009 (15 horas).

(11) Curso Virtual de Programación en PERL. Centro de Enseñanzas Virtuales, Universidad de Granada, enero-abril 2009 (40 horas).

(10) Curso de Introducción al Diseño de una Asignatura OpenCourseWare - OCW-. Centro de Enseñanzas Virtuales de la Universidad de Granada, 23 de enero de 2009 (2 horas).

(9) Hazardous waste online training module. Plant Genome Mapping Laboratory, University of Georgia, EEUU, 6 diciembre 2007.

(8) Hazardous waste online training module. Plant Genome Mapping Laboratory, University of Georgia, EEUU, 19 diciembre 2006.

(7) II Encuentro de Jóvenes Investigadores de la Universidad de Granada. Vicerrector de Investigación y Tercer Ciclo, Universidad de Granada, 23 febrero 2006.

(6) MS FrontPage Course. University of Leicester, 101 Training Enterprises, 1-5 noviembre 2004.

(5) Curso de posgrado; DNA, Filogenias y Genealogías: Reconstrucción y Aplicaciones. Fac. Biología, Universidad de Barcelona (8-16 julio 2003) (50 horas).

(4) Huella Genética; Pruebas de ADN y ámbito legal. San Sebastián, SPAIN, septiembre 2000. XII Cursos Europeos/XIX Cursos de Verano de San Sebastián, Universidad del País Vasco (20 horas).

(3) Curso de Iniciación al Anillamiento Científico de Aves en Sierra Nevada. Sierra Nevada Natural, 10-11 marzo 2000 (20 horas).

(2) II Jornadas sobre Salidas Profesionales del Biólogo. Sectorial de Alumnos de Biología, Universidad de Granada, 25 marzo 1999.

(1) Seminario de Ecología Marina. Centro Mediterráneo, Universidad de Granada, 20-24 septiembre 1999 (30 horas).

2.17. Otros méritos docentes o de investigación

Revisor *ad hoc* de las siguientes revistas: *PlosOne*, *Cytogenetic and Genome Research*, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *Gene*, *Plant Science*, *Marine Genomics*, *BMC Research Notes*, *Genetica*, *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution*, *Caryologia*, *Journal of Medicinal Plant Research*, *Iranian Journal of Biotechnology*

Revisor de proyectos para la ANEP y la Czech Science Foundation.

Miembro de la Red Nacional de Evaluación Formativa y Compartida (2011-actualidad).

Índices de la calidad de la investigación:

Número de citas totales: 1.305

Índice h: 15

Índice i10: 17

(Fuente: Google Citations)

TRAYECTORIA INVESTIGADORA

TRAYECTORIA INVESTIGADORA

“Estudios genéticos y genómicos en especies de plantas dioicas con cromosomas sexuales”

3.1.- Hipótesis de partida

Los cromosomas sexuales han evolucionado a partir de una pareja de autosomas (cromosomas proto-sexuales) en los que, tras establecerse los genes determinantes del sexo, se inicia un proceso gradual y estratificado de supresión de la recombinación (Lahn y Page, 1999). El mantenimiento de este sistema es dependiente de la activación de diversos mecanismos que impidan la recombinación entre las regiones determinantes del sexo de ambos cromosomas. La ausencia de presión selectiva sobre esta región en el cromosoma Y provoca la reducción de variabilidad en sus genes (Papadopulos et al., 2015) y la acumulación de una serie de secuencias repetitivas tales como secuencias transponibles o familias de ADN satélite que finalmente conducen a la degeneración molecular del mismo (Navajas-Pérez, 2012). En base al grado de degeneración de los cromosomas Y, es posible establecer diferentes estadios de diferenciación: desde sistemas muy incipientes con escasa diferenciación a nivel morfológico y molecular (cromosomas sexuales homomórficos), hasta sistemas con cromosomas Y altamente degenerados y diferenciados con respecto al cromosoma X (cromosomas sexuales heteromórficos). En un estadio final, se produciría la aparición de mecanismos de compensación de dosis entre machos y hembras, fundamentalmente mediante la inactivación de uno de los cromosomas X en estas últimas (Charlesworth, 1996).

Verificar esta hipótesis es extremadamente difícil en algunos organismos modelo como *Drosophila*, el ratón o humanos, ya que los sistemas de cromosomas sexuales que presentan aparecieron hace cientos de millones de años (se estima que el origen de los cromosomas sexuales humanos se remonta a hace entre 240 y 320 millones de años) y se encuentran en el estadio final del proceso evolutivo y, por lo tanto, es muy difícil acceder a las distintas etapas del mismo. Por el contrario, existen otros organismos, como es el caso particular de las plantas, donde existen sistemas de cromosomas sexuales muy recientes (**Figura 1**). Así, la dioecia ha aparecido en plantas hasta en 160 familias distintas, de forma independiente, y en todos los casos muy recientemente evolutivamente hablando. Entre éstas, sólo unas pocas especies tienen un sistema de determinación sexual mediado por la presencia de cromosomas sexuales (Ming et al., 2011). Dichas especies, a su vez, representan estadios incipientes o poco avanzados del proceso, caracterizados por la escasa diferenciación entre los cromosomas sexuales. Tal es el caso de *Carica papaya*, la papaya (Liu et al., 2004),

Asparagus officinalis, el espárrago (Telgmann-Rauber et al., 2007), *Silene latifolia* (Nicolas et al., 2005), *Pistacia vera*, el pistacho (Sola-Campoy et al., 2015) o las especies de *Rumex*, las acederas (Cuñado et al., 2007), entre otras.

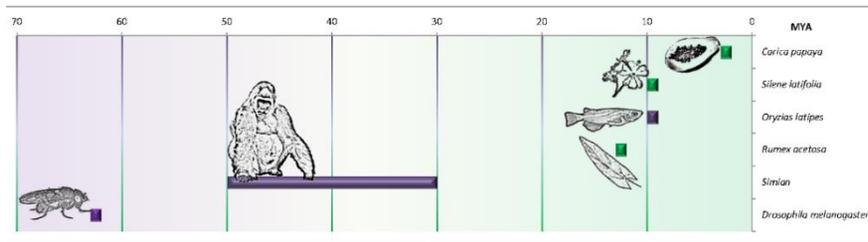


Figura 1.- (Fuente: Sola-Campoy et al., 2012) Línea temporal de la evolución basada en datos moleculares de los sistemas de cromosomas sexuales en algunas especies modelo: insectos, *Drosophila melanogaster* (Carvalho et al., 2009); peces, *Oryzias latipes* (Kondo et al., 2004); mamíferos, simios (Lahn and Page, 1999); y plantas con flor, *Rumex acetosa* (con un sistema XX/XY₁Y₂ -Navajas-Pérez et al., 2005a), *Silene latifolia* (Nicolas et al., 2005) y *Carica papaya* (Yu et al., 2008).

Mi proyecto investigador se basa en las distintas investigaciones que he llevado a cabo en especies modelo de plantas para tratar de dilucidar distintos aspectos aún no demasiado claros sobre el origen y la evolución de los sistemas reproductivos y los cromosomas sexuales en el reino vegetal. Cronológicamente, estos trabajos fueron:

3.2.- Origen y evolución de los cromosomas sexuales y de los sistemas de determinación sexual en el género *Rumex*.

[Etapa Predoctoral (2000-2006)]

Financiación:

El grueso de este proyecto se llevó a cabo como miembro del grupo de investigación de Genética Molecular BIO200 del Departamento de Genética de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada. La financiación personal durante este período corrió a cargo de una Beca de Colaboración a la Investigación (Universidad de Granada), una Beca de Cooperación Interuniversitaria (AECI, Agencia Española para la Cooperación Internacional), un contrato de Formación del Profesorado Universitario, FPU (Ministerio de Educación y Ciencia) con estancias en la Universidad Complutense de Madrid y la

Universidad de Leicester (Reino Unido) y un Contrato Puente (Universidad de Granada), y de los siguientes proyectos de investigación:

Análisis molecular del control genético, origen y evolución del dimorfismo sexual en *Rumex acetosa* (BXX2000-1144-C02). DGI, Ministerio de Educación y Ciencia. Duración: 3 años (01/01/01-31/12/03).

Evolución de la dioecia y del determinismo sexual en *Rumex* (*Polygonaceae*) (BOS2003-08737-C02-01). Ministerio Ciencia y Tecnología. Duración: 3 años (01/01/04-31/12/06).

Evolución de los cromosomas sexuales y de los mecanismos de determinación sexual en plantas: el género *Rumex* (*Polygonaceae*) como modelo de estudio (CGL2006-00444). DGI, Ministerio de Educación y Ciencia. Duración: 3 años (01/01/07-31/12/09).

Principales logros:

Origen y evolución de los cromosomas sexuales en el género *Rumex*

El género *Rumex* es un modelo para el estudio de la evolución de los sistemas reproductivos y de los cromosomas sexuales por dos motivos principales. Por un lado, es un grupo de plantas en el que conviven especies con diferentes sistemas sexuales: hermafroditismo, poligamia, ginodioecia, monoecia y dioecia. Por otro lado, a principios del siglo pasado se describió en este grupo de plantas la presencia de sistemas de cromosomas sexuales XX/XY (Löve, 1944) y complejos, del tipo XX/XY₁Y₂ (Kíara y Ono, 1925). Estos datos de partida daban pie a plantearse múltiples preguntas de interés biológico y evolutivo, como por ejemplo cuál sería el patrón evolutivo más probable para explicar la aparición de la dioecia y el de los distintos sistemas de determinación sexual y si los sistemas simples precedían a los sistemas complejos.

Para ello, una de las primeras incógnitas que resolví en mi tesis doctoral fue la relación filogenética existente entre las especies del género. Estudiando 33 especies pertenecientes a todos los grupos que integran el género y contradiciendo lo que sugerían las clasificaciones morfológicas imperantes hasta el momento (basadas en muy pocos caracteres), pude demostrar con datos moleculares (marcadores ribosómicos y cloroplastidiales) que todas las especies dioicas del género tienen un único origen hace aproximadamente 15 millones de años. Esta investigación publicada en *Molecular Biology and Evolution* (Navajas-Pérez et al., 2005a) fue uno de los núcleos centrales de mi tesis doctoral y se ha convertido en una referencia para investigadores que trabajan en este campo.

Ha sido recomendado por *Faculty of 1000 Biology* (evaluations for Navajas-Pérez et al., 2005) y es un artículo altamente citado (76 citas hasta el día de hoy según *Google citations*, 27 octubre 2016).

Más en detalle, este trabajo refleja la existencia de dos grupos monofiléticos, uno que incluye especies con un sistema XX/XY representadas por *R. acetosella* y especies emparentadas (todas ellas con una determinación basada en la presencia de un Y activo) y otro derivado formado por especies con un sistema complejo XX/XY₁Y₂ representadas por *R. acetosa* y especies emparentadas (con una determinación del tipo X/A). Además, encontramos que la especie dioica *R. sagittatus*, con cromosomas sexuales indiferenciados e integrante de un tercer clado, podría indicar que la ruta evolutiva seguida por las especies del género desde el hermafroditismo a la separación efectiva de sexos incluiría un estadio intermedio de plantas ginodioicas (poblaciones con hembras y hermafroditas), ya que se encuentra muy emparentada con especies que presentan esta condición (**Figura 2**).

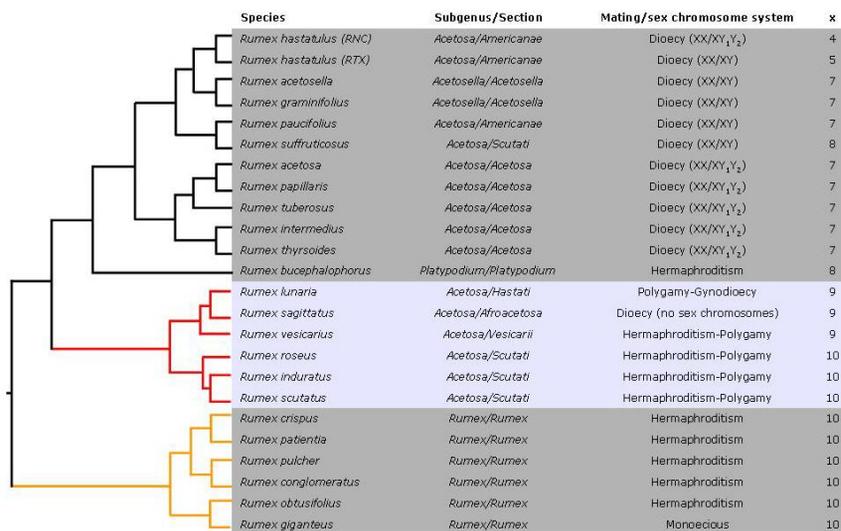


Figura 2.- (Fuente: Navajas-Pérez, 2012) Lista de las especies más representativas de *Rumex* en la que se indican las relaciones filogenéticas (de acuerdo con los datos de Navajas-Pérez et al., 2005a), su afiliación según la clasificación morfológica, sistema sexual y de cromosomas sexuales y número cromosómico básico (x).

Evolución cromosómica y análisis citogenéticos

La filogenia de *Rumex* anteriormente presentada se encuentra apoyada por otra serie de caracteres, entre ellos el número cromosómico básico de las especies del

grupo. Según la nueva clasificación, este número cromosómico básico habría sufrido una reducción desde $x=10$ (propio de las especies hermafroditas) hasta $x=7$ (de la mayoría de las especies dioicas), pasando por estadios intermedios de $x=8$ y 9 (presente en especies hermafroditas, polígamas y algunas dioicas). El proceso de reducción cromosómica habría ido en paralelo al proceso de aparición y consolidación de la dioecia. Una última reducción habría sucedido en la especie *R. hastatulus*, que presenta dos razas; la raza de Texas con un número cromosómico básico $x=5$ y un sistema de cromosomas sexuales del tipo XX/XY y la raza de Carolina del Norte con un número cromosómico básico $x=4$ y un sistema de cromosomas sexuales del tipo XX/XY₁Y₂ (**Figura 3**). Esto, además, supone la aparición en dos momentos independientes de la historia evolutiva del género de los sistemas de cromosomas sexuales complejos a partir de un sistema simple XX/XY.

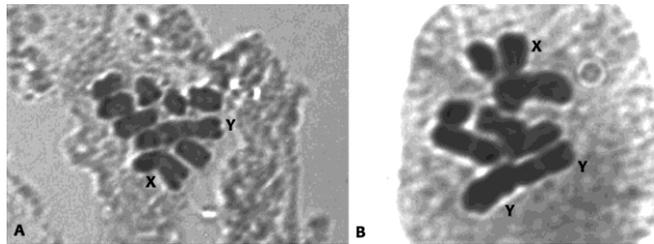


Figura 3.- (Fuente: Navajas-Pérez, 2012) Cromosomas mitóticos de plantas macho de *Rumex hastatulus*; (A) de la raza de Texas ($x=5$ | XX/XY) y (B) de la raza de Carolina del Norte ($x=4$ | XX/XY₁Y₂).

A continuación, para seguir profundizando en la estructura de los distintos sistemas de cromosomas sexuales, llevé a cabo la caracterización citogenética exhaustiva de tres especies tipo dentro del género: *R. acetosella*, *R. suffruticosus* y *R. acetosa*. Los resultados principales se encuentran publicados en un artículo en la revista *Chromosome Research* (Cuñado et al., 2007). *R. acetosella* presenta una pareja de cromosomas sexuales homomórficos (**Figura 4A**), que en meiosis dan lugar a un bivalente ligeramente heteromórfico (**Figura 4B**). En paquitene, esto se traduce en la existencia de un bivalente parcialmente sinapsado, región que se correspondería con la zona diferencial entre el cromosoma X y el cromosoma Y, aún muy incipiente (**Figura 4C**). *R. suffruticosus*, por su parte, representa un ejemplo interesante, ya que se trata de un endemismo dioico de la Península Ibérica para el que no existían datos cromosómicos precedentes. Nuestro trabajo demostró que su número cromosómico básico es $x=8$, número que parece ser ancestral al clado monofilético de especies dioicas de *Rumex*. Además, describimos un par de cromosomas sexuales heteromórficos del tipo XY (**Figura 4D**), que forman un bivalente heteromórfico en meiosis (**Figura 4E**). En paquitene, al igual que ocurría en *R. acetosella*, la región diferencial se pone de

manifiesto por la ausencia de sinapsis, en este caso en gran parte, del bivalente formado por el par sexual (**Figura 4F**) Por último, en *R. acetosa* se confirma la presencia de un sistema de cromosomas sexuales complejo, del tipo XX/X_1Y_2 (**Figura 4G**), que en meiosis forman un trivalente en el que ambos cromosomas Y permanecen unidos por extremos opuestos al cromosoma X (**Figura 4H**). Este hecho, se confirma estudiando núcleos meióticos en paquitene (**Figura 4I**).

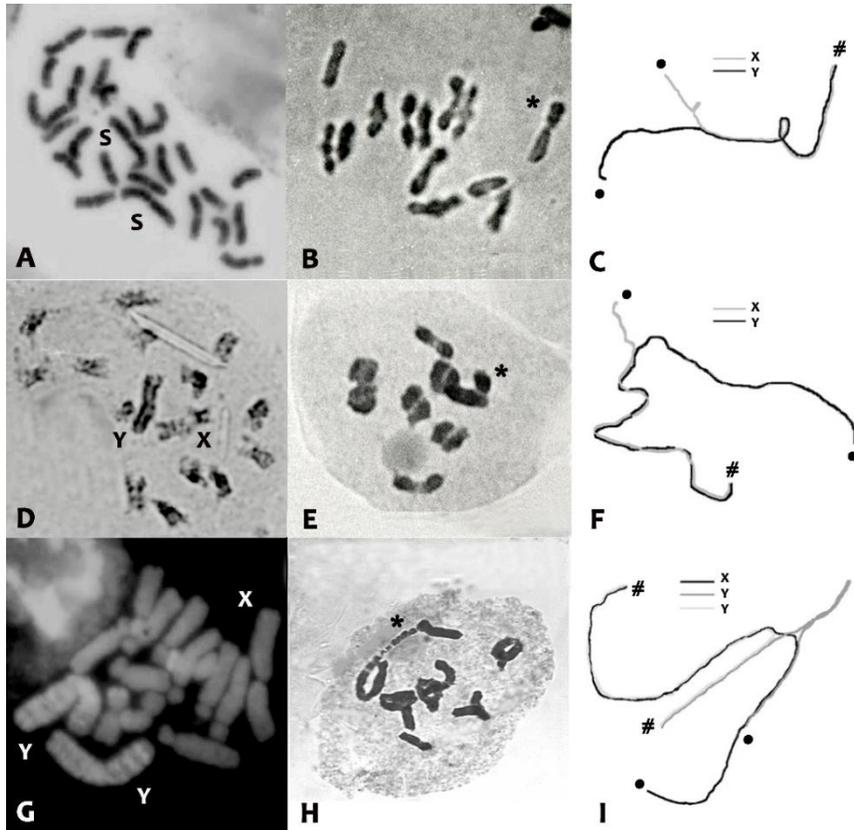


Figura 4.- (Fuente: Navajas-Pérez, 2012) Cromosomas mitóticos y meióticos e idiograma del complejo sinaptonémico de los cromosomas sexuales (modificado de Cuñado et al., 2007) de plantas macho de: *Rumex acetosella* (A-C), *Rumex suffruticosus* (D-F) y *Rumex acetosa* (G-I). S: cromosoma sexual indiferenciado, *: bi/trivalente, #: extremo del complejo sinaptonémico, • extremo de cromosomas sin sinapsis.

Papel de las secuencias repetidas en la evolución de los cromosomas sexuales

Los cromosomas sexuales de *R. acetosa* han sido tradicionalmente considerados como el estadio más avanzado en el proceso de degeneración y diferenciación a consecuencia de la masiva acumulación de heterocromatina en sus cromosomas Y. En gran medida esto se debe a la acumulación de dos familias de ADN satélite, RAE180 y RAYSI. Para completar la caracterización cromosómica y molecular de las especies del grupo, llevé a cabo un estudio de la distribución de éstas y otras familias de ADN satélite en varias especies de *Rumex*.

Los datos obtenidos indican que la familia RAE180 está presente en todas las especies dioicas, tanto con sistemas simples como complejos de cromosomas sexuales, mientras que la familia RAYSI sólo lo está en las especies dioicas con sistemas complejos. Esto excluye, de forma significativa, a la raza de Carolina del Norte de *R. hastatulus*, con un sistema complejo XX/X₁Y₂. Esto último sería una prueba adicional de que este sistema habría aparecido de forma independiente en el clado americano (Figura 5). Además, el estudio comparativo de estas secuencias con las pertenecientes a otra familia de ADN satélite localizada en autosomas, la familia RAE730, nos ha permitido comprobar que las secuencias que se acumulan en los cromosomas Y presentan tasas de evolución reducidas con respecto a aquéllas presentes en autosomas (Navajas-Pérez et al., 2005b).

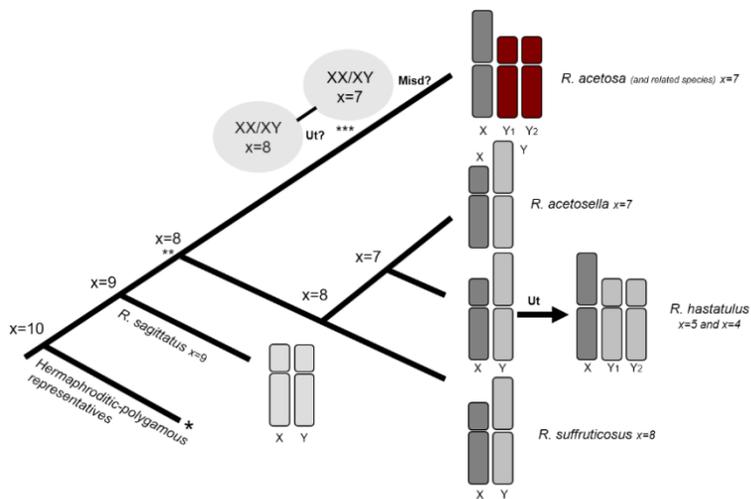


Figura 5.- (Modificado de Navajas-Pérez, 2012) Esquema de la evolución de los cromosomas sexuales en el género *Rumex*.

Estos datos confirman la implicación de las secuencias repetitivas en el proceso de formación y evolución de los sistemas de cromosomas sexuales. Se aprecian distintos grados de diferenciación, desde los cromosomas sexuales prácticamente homomórficos de *R. acetosella* a los cromosomas altamente diferenciados y degenerados de *R. acetosa*, con un estadio de transición representado por *R. suffruticosus*, cuyos cromosomas sexuales presentan los primeros síntomas de heteromorfía (**Figura 5**). Además, el estudio comparativo de la localización de secuencias de ADN satélite presentes en cromosomas sexuales en especies emparentadas nos permitió determinar la ocurrencia de reordenaciones cromosómicas durante el proceso de degeneración de los cromosomas Y (**Figura 6**).

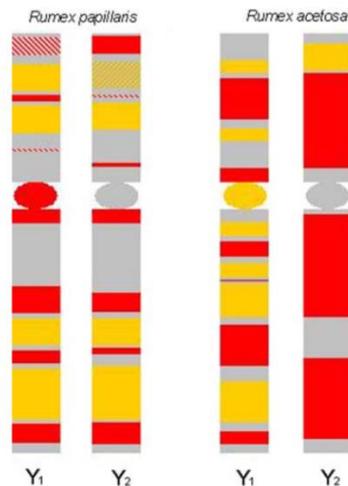


Figura 6.- (Fuente: Navajas-Pérez et al., 2009) Esquema comparativo de la distribución de las familias de ADN satélite RAYSI (naranja) y RAE180 (rojo) en los cromosomas Y₁ e Y₂ de *R. papillaris* y *R. acetosa*.

Publicaciones más relevantes generadas:

Navajas-Pérez et al. (2009). **Molecular cytogenetic characterization of *Rumex papillaris*, a dioecious plant with an XX/XY₁Y₂ sex chromosome system.** *Genetica*, 135: 87-93.

Cuñado et al. (2007). **The evolution of sex chromosomes in the genus *Rumex* (Polygonaceae): identification of a new species with heteromorphic sex chromosomes.** *Chromosome Research*, 15:825-832.

Navajas-Pérez et al. (2007). **SatDNA Analyzer 1.2 as a valuable computing tool for evolutionary analysis of satellite-DNA families: revisiting Y-linked satellite-DNA sequences of Rumex (Polygonaceae).** *Lecture Notes in Bioinformatics*. S. Hochreiter and R. Wagner (Eds.): BIRD 2007, LNBI 4414, pp. 131–139. (Springer). ISBN: 978-3-540-71232-9.

Navajas-Pérez et al. (2006). **The origin and evolution of the variability in a Y-specific satellite-DNA of *Rumex acetosa* and its relatives.** *Gene*, 368:61-71.

Mariotti et al. (2006). **Cloning and characterisation of dispersed repetitive DNA derived from microdissected sex chromosomes of *Rumex acetosa*.** *Genome*, 49:114-121.

Navajas-Pérez et al. (2005). **The evolution of reproductive systems and sex-determining mechanisms within Rumex (Polygonaceae) inferred from nuclear and chloroplastidial sequence data.** *Mol. Biol. Evol.*, 22(9):1929-1939.

Navajas-Pérez et al. (2005). **Reduced rates of sequence evolution of Y-linked satellite DNA in Rumex (Polygonaceae).** *J. Mol. Evol.*, 60:391-399.

Colaboraciones:

Dr. Juan L. Santos, Dra. Nieves Cuñado. Departamento de Genética, Universidad Complutense de Madrid (España).

Dr. Ginés López González. Jardín Botánico de Madrid (España).

Dra. Trude Schwarzacher. Department of Biology, University of Leicester (Reino Unido).

Dr. Rafael Lozano. Departamento de Biología Aplicada, Universidad de Almería (España).

3.3.- Secuenciación del genoma y de los cromosomas sexuales de papaya.

[Etapa Postdoctoral (2006-2009)]

Financiación:

Este proyecto se llevó a cabo en el Plant Genome Mapping Laboratory de la Universidad de Georgia en Athens (Estados Unidos). La financiación personal durante este período corrió a cargo de un contrato Postdoctoral MEC/Fulbright y de los siguientes proyectos de investigación:

Comparative Genomics of Papaya Chromosomes. National Science Foundation (NSF). Duración: 5 años (01/01/04-31/12/08).

Papaya Genome Sequencing. University of Hawaii, Hawaii Agriculture Research Center (UHHARC). Duración: 4 años (01/01/04-31/12/07).

Principales logros:

Origen y evolución de los cromosomas sexuales en *Carica papaya*

La papaya (*Carica papaya* L.) es otra especie modelo en el estudio de los cromosomas sexuales de plantas. El árbol de la papaya es trioico, es decir, existen plantas dioicas y hermafroditas. El sexo está controlado por un par de cromosomas sexuales indistinguibles a nivel morfológico, que contiene una región pericentromérica y heterocromática que ocupa aproximadamente el 10% de los cromosomas Y e Y^h, de las plantas macho y hermafroditas, respectivamente. Entre ambos cromosomas existen muy pocas diferencias a nivel genético. Trabajé con este organismo durante la etapa correspondiente a mi primer contrato postdoctoral, periodo en el cual ensamblamos su genoma completo (primer genoma de una planta transgénica secuenciado) y secuenciamos completamente el primer par de cromosomas sexuales de plantas. Estos trabajos se publicaron en la portada de la revista *Nature* (Ming et al., 2008) y en *PNAS* (Wang et al., 2012), respectivamente, así como en otros artículos complementarios.

Según nuestros datos, la región específica del sexo del cromosoma Y^h (HSY) se extiende 8,1 Mb, mientras que su contrapartida en el cromosoma X ocupa solamente 3,5 Mb. La región HSY es de mayor tamaño a consecuencia fundamentalmente de la acumulación de secuencias retrotransponibles. La arquitectura de ambas regiones se diferencia principalmente por la presencia de

dos inversiones a gran escala. Su identificación fue posible gracias a la caracterización de regiones codificantes y a la estimación de la divergencia de las copias del X y del Y. La **Figura 7** representa la disposición de los 70 genes encontrados en la región HSY y sus contrapartidas en el X. La región donde se encuentran los genes 1 a 27 se corresponde con la inversión I, los genes 28 a 52 se encuentran en la inversión II, mientras que los genes 53 a 70 se corresponden con una región pseudoautosómica muy cercana a uno de los bordes de la región determinante del sexo (**Figura 7**). Los 18 genes de la región pseudoautosómica presentan una divergencia nucleotídica significativamente menor que los 25 genes de la inversión II. Nuestras estimaciones apuntan a que la región invertida I habría aparecido hace aproximadamente siete millones de años y que la región invertida II lo habría hecho hace unos dos millones de años. La inversión I muy probablemente fue la responsable del cese de la recombinación entre el X y el Y, mientras que la inversión II habría ocurrido justo antes de la expansión de la cromatina. Adicionalmente, se observa que hay variaciones en el orden de los cromosomas en los fragmentos sinténicos. Esto es debido a la posterior ocurrencia de reordenaciones cromosómicas de menor entidad posteriores a las dos inversiones principales.

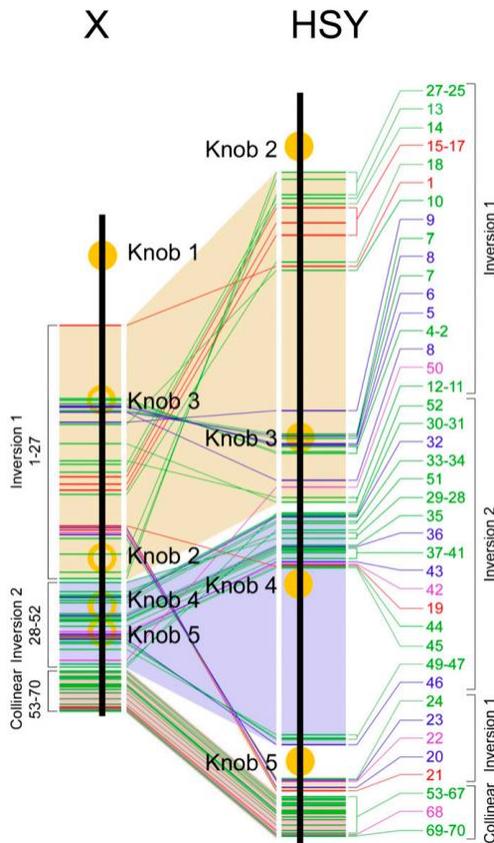


Figura 7.- (Fuente: Wang et al., 2012) Disposición de los 70 genes localizados en la región HSY y su contrapartida en el cromosoma X. Las líneas verticales negras señalan las secuencias de los cromosomas X e Y. La posición de cada gen viene determinada por una línea horizontal. Su numeración se refiere al orden en el que se encuentran en el cromosoma X. El color verde indica que ambas copias son funcionales, el color azul indica que la copia de la región HSY es un pseudogen, el color rojo indica que la copia del cromosoma X es un pseudogen y el color morado indica que ambas copias son pseudogenes. Los círculos amarillos señalan los cuatro nodos heterocromáticos (Knobs 2–5) en la región HSY y Knob 1 en el cromosoma X. La estimación de la posición de los nodos de la región HSY en el cromosoma X se indica con círculos amarillos vacíos.

Secuencias repetidas en el genoma de *Carica papaya*

Como ha quedado de manifiesto, las secuencias repetidas juegan un papel fundamental en el origen de los cromosomas sexuales de papaya. El hecho de que el tamaño de la región HSY sea más de dos veces superior al de la región correspondiente del X se debe fundamentalmente a la acumulación de

secuencias repetidas, que constituyen el 79% de la misma. El análisis realizado indica que los elementos móviles son los más abundantes, siendo los retrotransposones Ty3/Gypsy los más frecuentes (46,3%), seguidos de los LTR (11,6%), los Ty1/Copia (5%) y las LINES (0,6%). Por su parte, los transposones de ADN representan un escaso porcentaje (0,1%). El 3,8% del repetido de la región HSY corresponde a secuencias repetitivas organizadas en tándem (**Figura 8**). También detectamos la presencia de un 10,7% de secuencias específicas de esta región. El resto de secuencias hasta completar el porcentaje total son secuencias sin clasificar.

La proporción de secuencias repetidas en la región HSY supera la media del resto del genoma de papaya y de la contrapartida del cromosoma X; 51,9% y 67%, respectivamente. Además, estos porcentajes son mucho mayores a los encontrados en el genoma de la especie emparentada *Vasconcellea monoica*, que no tiene cromosomas sexuales, reforzando la idea de que el ADN repetido juega un papel crucial en el establecimiento de los cromosomas sexuales.

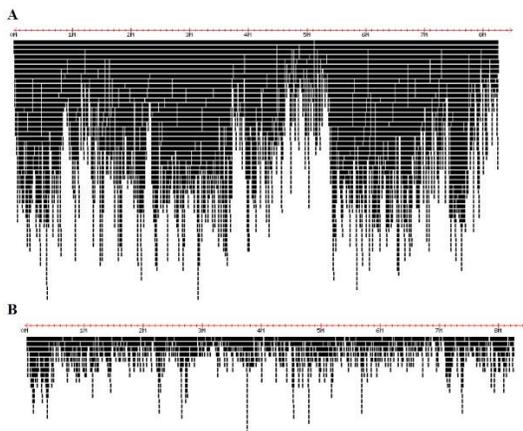


Figura 8.- (Fuente: Wang et al., 2012) Región HSY de papaya en la que se encuentran mapeados los elementos transponibles (A) y secuencias repetidas en tándem (B).

La expansión de la cromatina del Y con respecto a la del X se habría producido de forma muy rápida, ya que el cese de la recombinación entre ambos cromosomas se produjo sólo hace aproximadamente 2-7 millones de años. A acelerar el proceso habría contribuido el hecho de que la región determinante del sexo se encuentre muy próxima al centrómero.

Publicaciones más relevantes generadas:

Nagarajan N. & Navajas-Pérez R (2014). **Papaya Repeat Database**. In: *Genetics and Genomics of Papaya* (Eds: P. Moore & R. Ming), Springer, Berlín.

Wang et al. (2012). **Sequencing papaya X and Yh chromosomes reveals molecular basis of incipient sex chromosome evolution**. *PNAS*, 109(34):13710-5.

Na et al. (2012). **Construction of physical maps for the sex-specific regions of papaya sex chromosomes**. *BMC Genomics*, 13: 176.

Nagarajan et al. (2008). **Genome-wide analysis of repetitive elements in papaya**. *Tropical Plant Biology*, 3-4:191-201.

Ming et al. (2008). **The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus)**. *Nature*, 452:991-996.

Yu et al. (2008). **Recent Origin of Dioecious and Gynodioecious Y Chromosomes in Papaya**. *Tropical Plant Biology*, 1:49-57

Colaboraciones:

Dr. Andrew H. Paterson. Plant Genome Mapping Laboratory, University of Georgia (Estados Unidos).

Dr. Ray Ming. Department of Plant Biology, University of Illinois (Estados Unidos).

3.4.- Otras líneas de investigación:

Genética Vegetal:

De la Herrán et al. (2016). **The forgotten myrtle of the Alhambra gardens of Granada: restoring and authenticating world heritage**. *Journal of Agricultural Science and Technology*, en prensa.

Aznarte-Mellado et al. (2014). **Molecular characterization of the interspecific hybrid *Pistacia vigros* (*P. vera* L. x *P. atlantica* Desf.)**. *Scientia Horticulturae*, 179:180-183.

Yu et al. (2011). **Microcolinearity and genome evolution in the vicinity of an ethylene receptor gene of cultivated diploid and allotetraploid coffee species (*Coffea*)**. *The Plant Journal*, 67:305-317.

Quesada del Bosque et al. (2011). **A satellite-DNA evolutionary analysis in the North American endemic dioecious plant *Rumex hastatulus* (Polygonaceae)**. *Genome*, 54:253-260.

Navajas-Pérez et al. (2009). **Characterization of RUSI, a telomere-associated satellite-DNA, in the genus *Rumex* (Polygonaceae)**. *Cytogenetic and Genome Research*, 124(1):81-89.

Navajas-Pérez et al. (2009). **Effect of location, organization, and repeat copy number in satellite-DNA evolution**. *Molecular Genetics and Genomics*, 282: 395-406.

Abdel Mounim et al. (2007). **Establishing the genetic relationships between the wild and cultivated olives using a nuclear intron from nitrate reductase (NIA-13)**. *Plant Systematics and Evolution*, 269: 63–73.

De la Herrán et al. (2005). **The controversial telomeres of lily plants**. *Cytogenetic and Genome Research*, 109(1-3):144-147.

Fisiología Vegetal:

Aznarte-Mellado et al. (2016). **Nutrient uptake efficiency of five varieties of pistachio (*Pistacia vera* L.)**. *Journal of Elementology*, 21(1): 141-148.

Aznarte-Mellado et al. (2014). **Mycorrhizal treatments increase the compatibility between Pistachio (*Pistacia vera* L.) cultivars and seedling rootstock of *Pistacia terebinthus* L.** *Scientia Horticulturae*, 176:79-84.

Aznarte-Mellado C. (2015). **Optimización de distintos portainjertos en el cultivo del pistacho: un enfoque fisiológico y molecular**. Tesis Doctoral, Universidad de Granada.

Acuicultura:

Robles et al. (2017). **Centromeric satellite DNA in flatfish (Order Pleuronectiformes) and its relation to speciation processes.** *Journal of Heredity*, en prensa.

Molina-Luzón et al. (2015). **First Haploid Genetic Map Based on Microsatellite Markers in Senegalese Sole (*Solea senegalensis*, Kaup 1858).** *Marine Biotechnology*, 17(1):8-22. /Cover Paper/

Robles et al. (2015). **Next generation sequencing, de novo assembly, and expression analysis of gonadal transcriptomes in *Acipenser naccarii*.** *International Symposium on Genetics in Aquaculture XII*. Santiago de Compostela, España.

Molina-Luzón et al. (2015). **Chromosomal manipulation in Senegalese sole (*Solea senegalensis* Kaup, 1858): induction of triploidy and gynogenesis.** *Journal of Applied Genetics*, 56(1):77-84.

Bouza et al. (2012). **An Expressed Sequence Tag (EST)-enriched genetic map of turbot (*Scophthalmus maximus*): a useful framework for comparative genomics across model and farmed teleosts.** *BMC Genetics*, 13:54.

Molina-Luzón et al. (2012). **Validation and comparison of microsatellite markers derived from Senegalese sole (*Solea senegalensis*, Kaup) genomic and expressed sequence tags libraries.** *Molecular Ecology Resources*, 12(5):956-66.

Navajas-Pérez et al. (2012). **Exploitation of a turbot (*Scophthalmus maximus* L.) immune-related expressed sequence tag (EST) database for microsatellite screening and validation.** *Molecular Ecology Resources*, 12(4):706-16.

López-Flores et al. (2010). **Molecular characterization and evolution of an interspersed repetitive DNA family of oysters.** *Genetica*, 138:1211-1219.

Metodológicos/Generalistas:

Navajas-Pérez R. (Ed.) (2012). **New Insights on Plant Sex Chromosomes.** Nova Publishers, Nueva York.

Navajas-Pérez R & Paterson AH (2009). **Patterns of tandem repetition in Plant Whole Genome Assemblies.** *Molecular Genetics and Genomics*, 281:579–590.

Navajas-Pérez et al. (2007). **SatDNA Analyzer: a computing tool for satellite-DNA evolutionary analysis.** *Bioinformatics*, 23(6):767-768.

Lingüística:

Faber P & Navajas-Pérez R (2017). **Secondary term formation and term stability in Genetics. In: The Science of Language.** The Language of Science. Sia Kolkovska, Ekaterina Petkova and Miglena Mihaylova-Palanska (Eds). Bulgarian Academy of Sciences, Sofia (Bulgaria).

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN

4.1.- Datos generales

TÍTULO DEL PROYECTO: Desarrollo e integración de datos genómicos en el pistacho: un enfoque básico y aplicado.

INTEGRANTES DEL EQUIPO INVESTIGADOR:

Grupo de Genética Molecular BIO200. Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada.

Director: Dr. Carmelo Ruiz Rejón (Catedrático de Universidad)

Dr. Roberto de la Herrán (Titular de Universidad)

Dra. Francisca Robles (Contratada Doctora)

D. J. Alexander García Zea (Estudiante de Doctorado)

Dr. Rafael Navajas-Pérez (Contratado Ramón y Cajal)

COLABORADORES

Dr. Salih Kafkas. Cukurova University, Adana (Turquía).

Dra. Trude Schwarzacher. Department of Biology, University of Leicester (Reino Unido).

Dr. Antonio Rueda y Dr. Francisco J. Lopez-Domingo. Genomics and Bioinformatics Platform of Andalusia (GBPA), Sevilla (España).

Dr. José Francisco Couceiro. Centro Agrario El Chaparrillo, Junta de Castilla-La Mancha, Ciudad Real (España).

Dr. Julián Guerrero Villaseñor. Omnia Pistacho, Ciudad Real (España).

Dr. Haibao Tang. J. Craig Venter Institute, La Jolla, California (Estados Unidos).

Dr. Ray Ming. Department of Plant Biology, University of Illinois (Estados Unidos).

FINANCIACIÓN

La financiación personal desde el año 2009 hasta la actualidad ha corrido a cargo de un contrato con Cargo a Grupos de Investigación (Universidad de Granada),

un contrato de Reincorporación de Doctores del Plan Propio de la Universidad de Granada y un Contrato Ramón y Cajal (Ministerio de Economía y Competitividad), y del siguiente proyecto de investigación:

Desarrollo de Herramientas moleculares para la mejora del cultivo del pistacho AGL2009-09094. Investigador Principal: Rafael Navajas Pérez Entidad financiadora: DGES, Ministerio De Ciencia e Innovación. Duración: 3 años, 01/01/2010-31/12/2012.

4.2.- Propuesta científica

4.2.1.- Antecedentes y estado actual

El género *Pistacia* (familia Anacardiaceae), es un grupo de plantas presente en toda la cuenca mediterránea, Asia central y oriental, y sur de Norteamérica, e incluye al menos una docena de especies de árboles y arbustos. Sin duda la especie más relevante es el alfóncigo o pistachero, *P. vera* L., por la explotación comercial de sus semillas comestibles, el pistacho, fruto que ocupa el sexto puesto en el ranking mundial de frutos secos. La dioecia es la condición sexual extendida en las especies del grupo, lo que representa un problema adicional para su cultivo ya que las plantas necesitan entre cinco y ocho años para madurar y hasta entonces los sexos son fenotípicamente indistinguibles, pero también supone una oportunidad ideal para el estudio de los mecanismos genéticos que subyacen a este fenómeno. Además, desde hace décadas se ha especulado con la posibilidad de que el sexo esté mediado en pistacho por la presencia de una pareja de cromosomas sexuales.

Secuenciación del genoma de pistacho

En la actualidad, junto a mi grupo de investigación, formo parte de un consorcio para la secuenciación del genoma del pistacho dirigido por el Dr. Salih Kafkas (Çukurova Üniversitesi, Turquía), referente en la investigación aplicada en pistacho e integrado, entre otros, por el Dr. Ray Ming (University of Illinois, EEUU) y el Dr. Haibao Tang (J. Craig Venter Institute, EEUU), con experiencia en la secuenciación de más de una decena de genomas vegetales (papaya, café, piña, sorgo). Como material para la secuenciación hemos seleccionado el cultivar Siirt por su alto grado de heterocigosidad y por ser el más importante económicamente en términos económicos y en extensión de cultivo en Turquía (uno de los principales productores). Hasta el momento, se ha generado un ensamblaje 305x de secuencias Illumina *paired-end* y *mate-pair* con genotecas

de tamaños que oscilan entre las 250 pb y las 40 Kb. El ensamblaje que con el que trabajamos en la actualidad tiene un tamaño total de 614 Mpb (se estima que el tamaño total es 660 Mpb) y está compuesto por 1.787 scaffolds. Usando varias progenies F₁ segregantes, se han generado más de 11.200 marcadores SNPs y microsatélites que han permitido obtener un mapa de ligamiento consenso. A este mapa se han podido anclar el 85% de los scaffold generados en 15 grupos de ligamiento, en correspondencia con el número cromosómico del pistacho. En el grupo de ligamiento 1, con un tamaño en torno a 53 Mb, se observa una región de aproximadamente 30 Mb (lo que supone más del 50% del cromosoma) en la que ha habido una drástica supresión de la recombinación. Esto es compatible con un sistema de determinación sexual del tipo ZW.

Problemas y futuras direcciones

El escollo principal que los datos genómicos generados hasta el momento han puesto de manifiesto, es el gran número de secuencias repetidas existentes en el genoma del pistacho. Esto provoca que el ensamblaje se encuentre aún fragmentado, sobre todo en regiones que contienen un alto número de secuencias repetidas o que están implicadas en fenómenos de reordenaciones cromosómicas (inserciones, deleciones e inversiones). Esto afecta, particularmente, a la región determinante del sexo de los cromosomas ZW. Para cerrar los *gaps* de la secuencia consenso nos proponemos emplear dos estrategias: 1) Generación de secuencias PacBio, tecnología de última generación que, mediante la generación de secuencias de gran tamaño, permite refinar ensamblajes incompletos y detectar variabilidad estructural de genomas individuales. Este tipo de secuencias es ideal para las estrategias híbridas de secuenciación que combinan lecturas largas con otras de menor tamaño y 2) secuenciación de al menos seis cultivares macho y seis cultivares hembra que nos permitan identificar secuencias específicas de uno u otro sexo. Utilizaremos fundamentalmente secuencias *paired-end* que generan contigs de mayor tamaño, que ayudan a minimizar el impacto en el ensamblaje del repetido y de las reordenaciones cromosómicas.

4.2.2.- Implicación personal en el proyecto

Caracterización citogenético-molecular de los cromosomas sexuales del pistacho, *Pistacia vera* L.

Antes de que los datos genómicos estuvieran disponibles, varios autores habían ya sugerido que la determinación sexual en *Pistacia* está mediada por la presencia de una pareja de cromosomas sexuales. Desde el punto de vista

citogenético, este hecho ha sido muy difícil de demostrar, entre otras cosas, porque el estudio cromosómico de las especies de este grupo presenta dificultades a consecuencia del pequeño tamaño de sus cromosomas y a la existencia de muy pocas divisiones por cada meristemo apical radicular. Es por ello que existen pocos estudios de caracterización citogenética que, en ocasiones, resultan contradictorios. El número cromosómico de *P. vera*, *P. terebinthus*, *P. atlantica*, *P. khinjuk*, *P. lentiscus*, *P. integerrima* y *P. eurycarpa* es $2n = 30$. Sin embargo, algunos autores han propuesto el número cromosómico alternativo $2n = 24$ para *P. lentiscus* y *P. khinjuk* y $2n = 28$ para *P. atlantica*, (Zohary, 1952) y *P. chinensis* (Huang et al., 1989). Existen, aún hoy día, discrepancias sobre si el número cromosómico básico del grupo es $x=15$ o éste ha sufrido un cambio desde $x= 12$ hasta $x=15$, pasando por estadios de $x=14$.

Sí parece haber acuerdo en la existencia de un par cromosómico mayor que el resto de los cromosomas del complemento, muy heteropicnótico y que, además, presenta una condensación diferencial (**Figura 9**). Estos tres hechos (gran tamaño, heterocromía y condensación diferencial) muy frecuentes en cromosomas sexuales de plantas, junto con el hecho de que el pistacho sea dioico y la ratio de sexos aproximadamente de 1:1, han sido decisivos para centrar la atención sobre esta pareja, candidata a ser el par que controla el sexo en *Pistacia*.

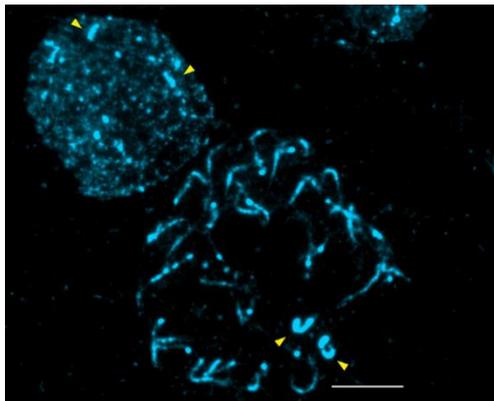


Figura 9.- (Fuente: Sola-Campoy et al., 2015) Células en interfase y prometafase contrateñidas con DAPI en las que se aprecia la condensación diferencial del posible par sexual. La barra equivale a 2,5 μm .

En este contexto y con el objeto de determinar la implicación de esta pareja cromosómica en la determinación del sexo en *Pistacia*, nuestro grupo de investigación desarrolló un protocolo muy efectivo para la obtención de cromosomas mitóticos en *P. vera*. Estos cromosomas fueron usados en experimentos de hibridación *in situ* con sondas de secuencias repetidas, en lo

que supuso la primera caracterización citogenético-molecular de esta especie. Los datos fueron publicados en la revista *PlosOne* (Sola-Campoy et al., 2015). En este trabajo, no sólo confirmamos a nivel citogenético un número cromosómico $2n=30$ para esta especie, sino que también corroboramos la existencia de una pareja de cromosomas altamente heteropicnótica (que nosotros hemos llamado HC1 –*Heterochromatic Chromosome pair 1*) (Figura 10).

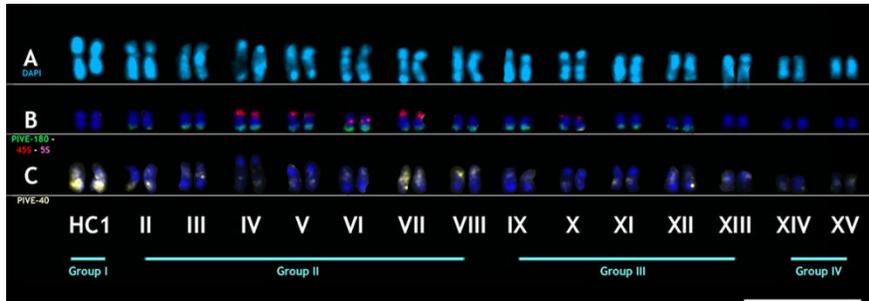


Figura 10.- (Fuente: Sola-Campoy et al., 2015) Cariotipos de *P. vera*. Cromosomas metafásicos de *P. vera* ($n = 15$) contrañidos con DAPI (A) con la presencia del par de mayor tamaño (denominado HC1), altamente heteropicnótico. Hibridación *in situ* con sondas de ADN ribosómico (rojo, ADNr 45S, rosa, ADNr 5S), y de las familias de ADN satélite PIVE-180 (verde) (B) y PIVE-40 (amarillo, C). La barra equivale a 2,5 μm .

Para la caracterización utilizamos secuencias de ADN ribosómico en combinación con secuencias de ADN satélite aisladas y caracterizadas por nosotros mediante técnicas de secuenciación masiva: una de ellas, PIVE-180, se encuentra en regiones subtelo méricas de la mayoría de los cromosomas del complemento pero ausente en el par HC1. En cambio la otra, PIVE-40, está acumulada masivamente en el par HC1 y de forma dispersa en el resto de autosomas (Figuras 10 y 11). Un estudio detallado de la acumulación de las secuencias PIVE-40 en el par HC1 reveló dos patrones distintivos, cromosomas tipo-I y cromosomas tipo-II. Sólo detectamos homocigotos del tipo-I y heterocigotos tipo-I/tipo-II, pero no homocigotos tipo-II (Figura 12). Esto correspondería a los primeros síntomas del cese de recombinación entre ambos integrantes de la pareja HC1 y se encuentra apoyado por la formación de HORs (*High Order Repeats*) de PIVE-40 y en la mayor cantidad de estas secuencias en machos que en hembras. El sistema propuesto sería compatible con un sistema de determinación del sexo del tipo ZW en pistacho. Como se ha indicado en la introducción de este proyecto, este hecho ha sido ratificado mediante el estudio de marcadores SNP y microsatélites ligados al sexo y la exploración de los datos genómicos que estamos generando (Kafkas et al., 2015, 2016).

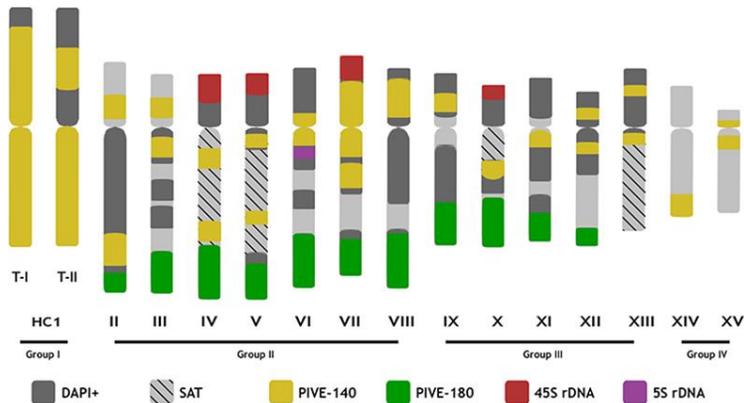


Figura 11.- (Fuente: *Sola-Campoy et al., 2015*) Idiograma del complemento haploide de *P. vera* donde se muestra la localización de los satélites PIVE-40 y PIVE-180, y de los ADN ribosómicos 5S y 45S. Se señalan, también, las regiones DAPI positivas y los cromosomas satélite.

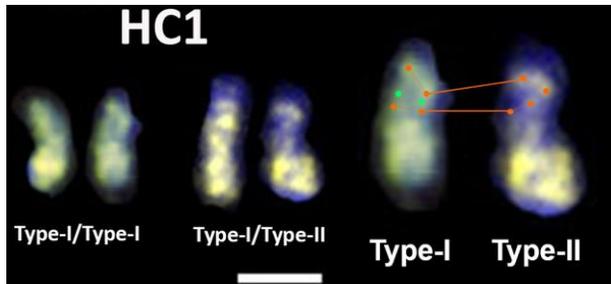


Figura 12.- (Modificado de *Sola-Campoy et al., 2015*) Dos tipos de cromosoma HC1 de acuerdo con la distribución diferencial de las secuencias PIVE-40. La barra equivale a 1 µm. A la izquierda se muestra la presencia de sitios adicionales de PIVE-40 (verde) y loci comunes (naranja) del brazo corto del cromosoma HC1.

Desarrollo de marcadores de microsatélites para la integración de datos genómicos en el mapa de ligamiento

Nuestro grupo de investigación ha sido el encargado de generar un total de 38 marcadores de microsatélites que han contribuido a la integración de los datos genómicos en el mapa de ligamiento mediante el anclaje y la asignación de los distintos *scaffolds* a los grupos de ligamiento. El criterio para seleccionar estos marcadores, aparte de la existencia de regiones flanqueantes que permitieran el diseño de cebadores, fue que los dinucleótidos y trinucleótidos constaran de, al

menos, ocho repeticiones y que los tetranucleótidos contaran con un mínimo de cuatro repeticiones. Siguiendo estos criterios, un total de 107 microsatélites procedentes de las genotecas 454 y de 123 microsatélites extraídos de la bibliografía fueron seleccionados para este estudio. Como refleja la **Tabla 1**, 103 de los microsatélites identificados por nuestro grupo generaron amplificaciones positivas, de los cuales 18 eran polimórficos, mientras que de los microsatélites previamente descritos por otros autores, 61 amplificaron en *P. vera*, de los cuales 20 eran polimórficos. Evidentemente, dado el alto grado de homocigosidad detectado, esta estrategia no es demasiado efectiva por lo que se están planteando algunas estrategias alternativas, como por ejemplo identificar marcadores polimórficos mediante la comparación de los genomas de distintos cultivares que se están generando.

SOURCE	N	AMPLIFIED <i>P. vera</i>	>1 allele <i>P. vera</i>
BIBLIOGRAPHY	123	61	20
M. indica	56	19	3
P. khinjuk	27	9	6
P. lentiscus	8	6	3
P. weinmannifolia	14	9	3
P. vera	18	18	5
THIS STUDY (<i>P. vera</i>)	107	103	18
NO ANNOTATED	9	7	6
ANNOTATED SEQUENCES	98	96	12
TOTAL	230	164	38

Tabla 1.- (Fuente: Sola-Campoy et al., 2014). Porcentajes referentes a la caracterización de marcadores microsatélites en *P. vera*.

No obstante lo dicho, hemos caracterizado con un análisis masal en cultivares macho y hembra siete marcadores muy interesantes que presentan desequilibrio de ligamiento con respecto al sexo. Dos de ellos altamente significativos, siendo uno de ellos (PKAG001) resolutorio (**Figura 13**). Pretendemos, también, testar la utilidad de éstos y otros en la identificación molecular de distintas variedades macho y hembra con interés comercial.

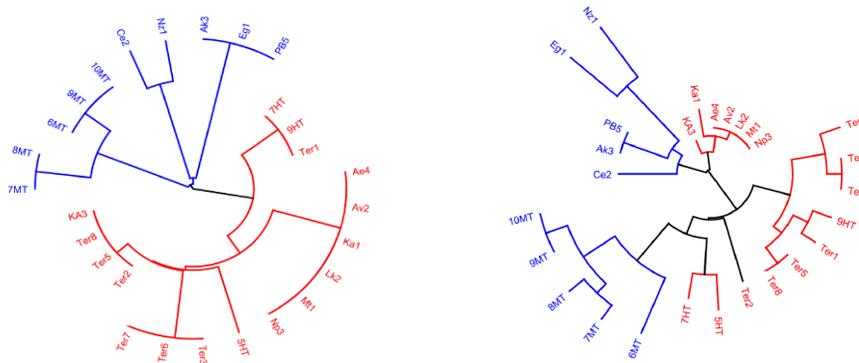


Figura 13.- (Fuente: *Sola-Campoy et al., 2014*) Árboles de distancias construidos a partir de los datos obtenidos en distintos cultivares macho y hembra de pistacho para el marcador PKAG001 (izquierda) y el marcador KrA2Y5X (derecha) en los que se pone de manifiesto la segregación de los mismos con el sexo (macho/azul, hembra/rojo).

Secuenciación y ensamblaje de las variedades Peter y Kerman

Nuestro grupo de investigación ha sido el encargado de secuenciar dos de los cultivares más importantes de pistacho a nivel mundial: Peter (macho) y Kerman (hembra). Para ello, generamos una genoteca 454 de cada uno de ellos (un total de 41 Mb) y diez genotecas paired-end (cinco para cada cultivar, de 2x100nt lecturas cada una). Esto ha supuesto un ensamblaje combinado de ambos tipos de secuencias que estimamos cubre un 50% del genoma. El número de contigs mayores de 500 pb es 1.820.629, con un tamaño medio de 445 pb, el número de contigs mayores de 1.000 pb es 36.360, con un tamaño medio de 13.417 pb.

Tras el ensamblaje semi-automático de cada uno de los genomas (macho y hembra), la aproximación seguida ha sido la de mapear todas las lecturas contra cada uno de ellos. Esto nos ha permitido identificar las regiones no compartidas por ambos sexos, lo que contribuirá a completar la región determinante del sexo de los cromosomas ZW. De momento, hemos identificado 867.609 secuencias específicas de hembra, de las que 417 son mayores de 1.000 pb, y 136.610 secuencias específicas de macho, todas menores de 1.000 pb. Estas secuencias nos proporcionarán un mayor número de marcadores que nos permitan asignar *scaffolds* a la región determinante del sexo y más información para completar el mapa físico de esta región. En la **Figura 14** se observa el mapeo de secuencias procedentes de machos (rojo) y de hembras (azul) sobre la secuencia del par sexual. Las regiones en las que las secuencias de ambos sexos no solapan y que están anotadas (gris) son candidatas a controlar la determinación sexual. Estos

datos se van a combinar con las secuenciaciones ya disponibles para las variedades hembra Uzun y Ohadi, y las variedades macho Bagyolu y Kaska, y las de otros dos o tres cultivares de cada sexo que proyectamos secuenciar.

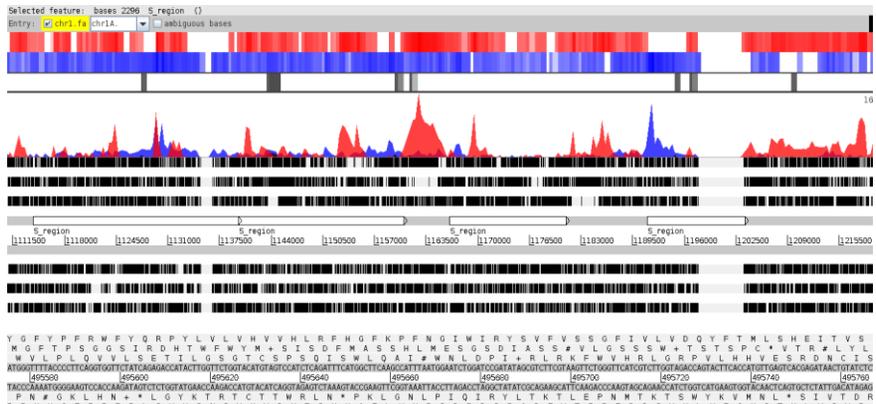


Figura 14.- (Fuente: Navajas-Pérez et al., sin publicar) Mapeo de secuencias de cultivares macho (rojo) y cultivares hembra (azul) sobre la secuencia del par sexual. En gris se señalan las regiones anotadas.

Caracterización de secuencias repetidas en el genoma de pistacho

Para llevar a cabo una estimación de las secuencias repetidas existentes en el genoma del pistacho y su distribución, se utilizó la versión actual del ensamblaje completo, incluyendo el ADN genómico (15 pseudomoléculas y los scaffolds de mayor tamaño no asignados a ningún grupo de ligamiento). Aproximadamente el 53% de las lecturas identificadas como repetido se incluían en 319 *clusters* de repetido, mientras que el 47% restante fueron consideradas *singlets*. Este análisis reveló que los elementos Ty1/Copia son los más numerosos en el genoma de pistacho (20,03%), seguidos de los elementos Ty3/gypsy elements (18,35%), los MITES (9,64%), las LINEs (2,89%), los retroelementos PARA-RT (1,22%). Un 0,63% de las lecturas no pudieron ser anotadas, lo que sugiere que podría tratarse de secuencias específicas de pistacho (**Figura 15**).

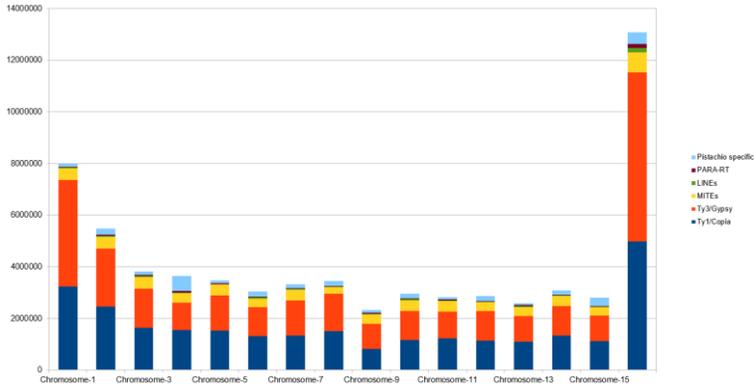


Figura 15.- (Fuente: Navajas-Pérez et al., sin publicar) Distribución en porcentajes de las secuencias repetidas en el genoma de pistacho.

Estas secuencias candidatas se incluían, a su vez, en 23 *clusters* de repetido. Un análisis más profundo de los mismos reveló la existencia de tres familias de ADN satélite localizadas en el par ZW: PIVE-40 (anteriormente descrito por nuestro grupo en Sola-Campoy et al., 2015), PIVE-180 (anteriormente descrito por nuestro grupo pero no detectado por técnicas citogenéticas en cromosomas sexuales, Sola-Campoy et al., 2015) y PIVE-177. De acuerdo con los datos citogenéticos, PIVE-40 está acumulado en el par ZW de forma dispersa, mientras que PIVE-177 y PIVE-180 se encuentran acumulados en dos *clusters*, uno de 10kb y el otro de 20kb, respectivamente (**Figura 16**). PIVE-177 y PIVE-180 comparten una región de 40 pb.

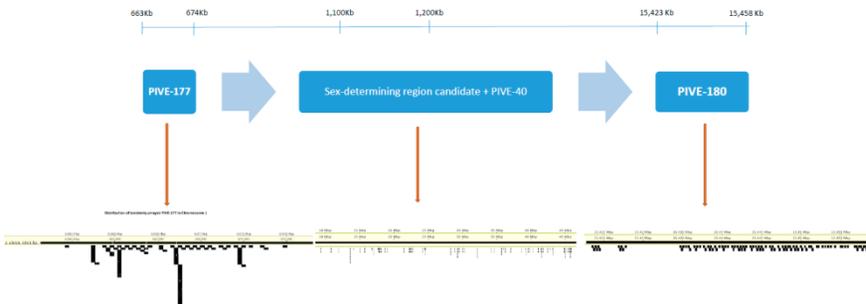


Figura 16.- (Fuente: Navajas-Pérez et al., sin publicar) Distribución de los tres satélites mayoritarios presentes en la pareja de cromosomas sexuales de pistacho.

4.3.- Objetivos generales

- Resequenciar las regiones del genoma incompletas para refinar el ensamblaje mediante una estrategia híbrida.
- Determinar la organización del genoma de pistacho con especial énfasis en secuencias repetidas acumuladas en los cromosomas sexuales.

4.4.- Objetivos específicos

- Generar secuencias PacBio que cubran el 100% del genoma para obtener un ensamblaje de referencia.
- Secuenciación de cultivares macho y hembra para caracterizar la secuencia determinante del sexo del par ZW.
- Anotación del genoma de pistacho.
- Puesta a punto de cultivos *in vitro* para la obtención de cromosomas de individuos de sexo conocido.
- Identificación *in silico* y caracterización mediante FISH de secuencias repetidas en el genoma de pistacho, con especial énfasis en secuencias acumuladas en el par ZW.

4.5.- Metodología

Objetivo 1.- Resequenciar las regiones del genoma incompletas para refinar el ensamblaje mediante una estrategia híbrida.

Tarea 1.- Secuenciación PacBio

Se prevé generar 88 placas SMRT que se corresponden con, aproximadamente, nueve millones de lecturas (tamaño medio de 7Kb) PacBio a partir de las cuales esperamos cubrir virtualmente el 100% del tamaño total del genoma. Las secuencias PacBio se corregirán usando el ensamblador Celera Assembler según los siguientes parámetros: *unitigger=bogart, consensus=pbutgcns, batOptions=-RS -CS, ovlErrorRate=0.10, cgwErrorRate=0.10, cnsErrorRate=0.10, obtErrorRate=0.08, utgGraphErrorRate=0.05, utgMergeErrorRate=0.06*. El ensamblaje preliminar será refinado aplicando el software QUIVER a todas las lecturas y filtrando aquéllas que tengan una calidad mínima QV50 (tasa de error

< 0.001%) y considerando únicamente posiciones que estén cubiertas por al menos cinco lecturas.

Estas secuencias servirán de ensamblaje de referencia al que se anclarán las secuencias Illumina. Para ello, usaremos el software SSPACE que une scaffolds adyacentes que comparten un mínimo de cinco secuencias *mate-pair*. Los múltiples errores que contienen las secuencias PacBio serán corregidos con las lecturas *pair-end* usando BWA-MEM. Los indels de mejor calidad se seleccionarán empleando la siguiente expresión en el programa VariantFiltration: `--filterExpression "DP < 10 || DP > 300 || QD < 2.0 || FS > 60.0 || MQ < 40.0"`. Los contigs redundantes (que compartan 98% de la secuencia y con una identidad de al menos 98%) y los de baja complejidad (98% detectado por DUSTMASKER) se retirarán del ensamblaje.

Para anclar los scaffolds en cromosomas, se utilizará el mapa de ligamiento generado a partir de tres poblaciones segregantes diferentes del que disponemos. Las regiones flanqueantes de los marcadores disponibles (SNPs y microsatélites) se localizarán en los scaffolds usando BLAT según los siguientes criterios: al menos un match de 30 pb y 95% de identidad. Un resumen de todo el proceso de ensamblado se puede observar en la **Figura 17**.

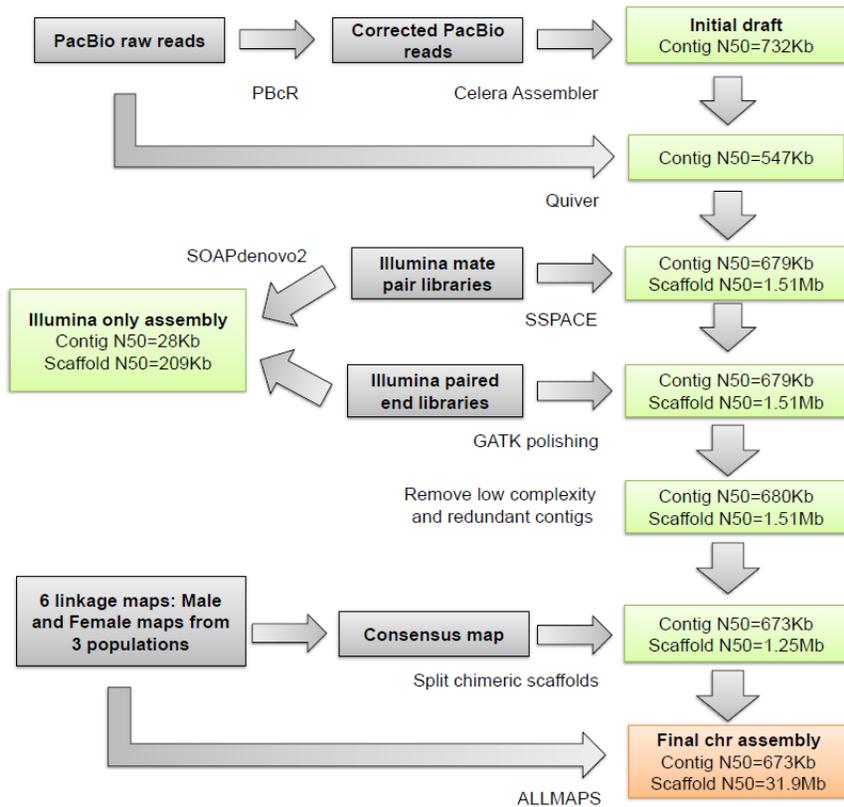


Figura 17.- (Fuente: Kafkas et al., en preparación) Estrategia actual para el ensamblaje del genoma de pistacho.

Hito 1.- Obtener un ensamblaje de referencia basado en lecturas largas sobre el que se puedan anclar el resto de secuencias Illumina.

(*) *Coordinador: Dr. Haibao Tang (J. Craig Venter Institute)*

Tarea 2.- Secuenciación de cultivares macho y hembra

A lo largo del desarrollo del proyecto secuenciaremos dos o tres nuevas variedades macho y dos o tres nuevas variedades hembra. Con ello pretendemos caracterizar la secuencia determinante del sexo del par ZW. Así, las secuencias generadas serán ensambladas usando el software SOAPdenovo (<http://soap.genomics.org.cn/>) que está especialmente indicado para lecturas cortas de Illumina.

Hito 2.- Detectar secuencias pertenecientes a la región determinante del sexo de los cromosomas ZW y elaborar el mapa físico de la misma.

() Coordinador: Salih Kafkas (Cukurova University). Rafael Navajas Pérez responsable de las variedades asignadas al grupo de la Universidad de Granada.*

Tarea 3.- Anotación del ensamblaje

Las anotaciones estructurales y funcionales de las secuencias se llevan a cabo mediante un proceso semi-automático. Se comparan las proteínas con especies relacionadas y las secuencias homólogas obtenidas se utilizan para obtener las mejores predicciones. También se aplican herramientas de predicción de estructuras ARN para localizar elementos no transcritos en el genoma. Finalmente, toda la información disponible se utilizará para crear modelos plausibles y, cuando sea posible, se incluirá la información funcional. Por medio del editor genómico Apollo, el software Signal Map (Roche Applied Science) y el programa Geneious basic 5.6.5 (<http://www.geneious.com>), los resultados serán examinados individualmente y ajustados al proceso de edición final. El número estimado debe filtrarse para eliminar genes relacionados con elementos móviles, genes con bajo nivel de confianza y proteínas hipotéticas de un solo exón.

Para eliminar los genes relacionados con elementos móviles existen dos estrategias, una basada en búsquedas de BLAST y otra basada en detección de identidad con dominios. Dado el bajo consenso existente en la bibliografía para establecer valores de corte de los hits de BLAST, optaremos por la segunda estrategia. Para ello, usaremos una lista de dominios PFAM asociados a elementos móviles. Además, se eliminarán aquellos genes cuya descripción coincida con algunas de estas palabras clave: “transposase”, “retrotransposon”, “reverse transcriptase”, “gypsy”, “gag-pol”, “copia”, “integrase”, “hAT family” and “polyprotein”. Todos los genes que presenten un score EAD superior a 0,5 serán considerados no confiables. Las proteínas hipotéticas con un solo exón suelen ser artefactos, por lo que es necesario eliminarlas del set de genes.

Tras un análisis preliminar sobre la versión del ensamblaje actual, el genoma de pistacho contendría un total de 60.471 genes. De ellos, 10.730 loci estarían relacionados con elementos móviles, 8.705 serían loci no significativos y 3.608 proteínas hipotéticas de un solo exón, por lo que el número real de genes se estima en unos 37.428 genes.

Hito 3.- Anotar el genoma de pistacho.

() Responsable: Rafael Navajas Pérez para los genes relacionados con elementos móviles.*

Objetivo 2.- Determinar la organización del genoma de pistacho con especial énfasis en secuencias repetidas acumuladas en los cromosomas sexuales.

Tarea 4. Identificación de secuencias repetidas.

A partir de todas las secuencias obtenidas mediante NGS se detectarán *in silico* secuencias repetidas usando el programa RepeatExplorer. Mediante el programa Primer3 (<http://frodo.wi.mit.edu/>) se diseñarán cebadores y se amplificarán en el pistacho y especies emparentadas para utilizarse como sondas en el análisis de la organización de su genoma.

Hito 4.- Caracterización de secuencias repetidas para posterior caracterización molecular (sondas para hibridaciones o secuencias para su análisis comparativo).

() Coordinador: Rafael Navajas Pérez.*

Tarea 5.- Acumulación de secuencias repetidas en el par ZW

Los ensamblajes de cultivares macho y hembra obtenidos a partir de secuencias Illumina se compararán con el ensamblaje de referencia del cromosoma 1 usando BLAST. Se harán búsquedas de BLAST usando el software Geneious 6.1.7 (<http://www.geneious.com/-Biomatters>) de acuerdo con los siguientes parámetros: BLASTn, identidad mínima 80%, longitud máxima del gap 50 pb, máxima discordancia por lectura 30%, ambigüedad máxima 4, índice de tamaño de palabra 12. Usando SAMtools las salidas de BLAST se exportarán en .sam y se convertirán en archivos .bam. El programa Artemis Comparison Tool será usado para representar gráficamente el mapeo. Esperamos encontrar tres situaciones: (1) regiones cubiertas por secuencias de hembra pero no de macho, (2) regiones cubiertas por secuencias de macho pero no de hembra y (3) regiones cubiertas por ambos sexos. Las regiones en las que las secuencias de macho y hembra no solapan y, además, se encuentren anotadas serán candidatas a controlar la determinación sexual. Será también útil la búsqueda de marcadores en dichas regiones que aporten nuevos marcadores para la diferenciación entre sexos.

Hito 5.- Caracterización de secuencias diferenciales entre machos y hembras que puedan estar presentes en el par ZW e involucradas en la determinación del sexo en pistacho.

() Coordinador: Ray Ming (Universidad de Illinois). Rafael Navajas Pérez responsable de las variedades asignadas a la Universidad de Granada.*

Tarea 6. Puesta a punto de cultivos in vitro para la obtención de cromosomas

Para la caracterización citogenético-molecular diferencial de machos y hembras es necesario disponer de células procedentes de individuos de sexo conocido. Son muchos los factores que dificultan este tipo de análisis en pistacho: normalmente el sistema radicular es aportado por una planta diferente (portainjertos), la primera floración se prolonga mucho en el tiempo (frecuentemente más de diez años después del inicio de la plantación, lo que dificulta la obtención de meristemos), existen pocas divisiones por meristemo o el tamaño de los cromosomas. Por ello, se hace necesario recurrir directamente a técnicas de cultivo celular a partir de meristemos de yemas somáticas de individuos adultos de sexo conocido. Para ello, se realizarán los cultivos celulares siguiendo el protocolo descrito en Tilkat et al., 2009.

A continuación, obtendremos preparaciones cromosómicas a partir cultivos celulares para la observación de placas metafásicas. El protocolo a seguir será el tradicional: tratamiento con colchicina (4 horas), fijación en una disolución de etanol-ácido acético (3:1) y obtención del homogeneizado celular a partir del ápice en ácido acético al 60%.

Las hibridaciones FISH serán decisivas a la hora de establecer la estructura del par ZW. Se realizarán con secuencias de interés para la caracterización citogenético-molecular previamente seleccionadas sobre preparaciones cromosómicas de pistacho y especies emparentadas. El marcaje de las sondas se llevará a cabo con el kit DIG BIO-Nick translation Mix (Roche Molecular Biochemicals). La sonda marcada con biotina se detectará con 3 anticuerpos: Avidin FITC (fluoróforo verde, Vector labs), antisheep Biotinylated anti-avidin D (Vector labs) y Avidin FITC (Vector Labs). La sonda marcada con digoxigenina se detecta mediante el uso de dos anticuerpos: AntiDig rodhamine Fab fragments (Roche) (señal roja) y Texas Red antisheep (Vector labs) (señal roja). Para la FISH múltiple se utilizan sondas marcadas con cuatro fluorocromos de detección directa (FITC –verde-, Spectrum Orange –naranja-, Texas Red –rojo- y DEAC -azul celeste-, todos de Applied Biosystem), evitando así la cascada de anticuerpos y con ello el *background* que puede dificultar la correcta visualización. Tras los

lavados pertinentes las preparaciones se deshidratan en etanol y, una vez secas, se contratiñen con DAPI-Vectashield y se incuban en oscuridad.

Hito 6.- Establecimiento de cultivo *in vitro* a partir de individuos de sexo conocido. Obtención de preparaciones cromosómicas de calidad de individuos de sexo conocido y realización de FISH con secuencias de interés.

(* *Coordinador: Rafael Navajas Pérez.*

Material disponible para realizar los análisis

Para este estudio disponemos de muestras de 39 variedades de *P. vera*, todas ellas con algún interés agrícola. Concretamente, las variedades macho: MB, M1, C Especial, Askar, Mateur Macho, Eginó, M38, MC, Guerrero, Nazar, G1, Chaparrillo, 02-18, M11, M36, M502, Randy y Peter T-41 y las variedades hembra: Kastel, Batoury, Latwhardy, Joley, Sirora, Bronte, Iraq, Ajamy, Boundoky, Sfax, Ouleimy, Larnaka, Piedrola, Avdat, Avidon, Ashoury, Napoletana, Aegina, Mateur Hembra, Golden Hills y Lost Hills. Asimismo, disponemos de material de otras especies de *Pistacia*: *P. atlantica* (hembra y macho), *P. lentiscus* (hembra y macho), y los híbridos entre *P. integerrima* x *P. atlantica* UCB1 y Tsikoudia. Todo el material foliar ha sido donado gentilmente por el Centro Agrario El Chaparrillo (Ciudad Real). A través del servicio de intercambio de material disponible en el Herbario de la Universidad de Granada, es posible adquirir el resto de especies de *Pistacia* en caso de que el estudio lo requiera.

4.6.- Medios materiales e infraestructuras

El grupo de investigación de Genética Molecular BIO200 dispone de dos laboratorios de Biología Molecular con el equipamiento necesario para llevar a cabo el proyecto (termocicladores, biofotómetro, centrifugas, estufas, autoclave, etc.). Adicionalmente, y de gran utilidad para este proyecto, dispone de: secuenciador automático ABI 3130 de 16 capilares (Applied Biosystems), equipo de electroforesis virtual Experion (BioRad), termociclador para PCR cuantitativa iQ5 (Biorad), microscopios de fluorescencia y contraste de fase y servidores para análisis bioinformáticos.

4.7.- Cronograma

Tareas/Subtareas	Grupo Responsable	Primera anualidad				Segunda anualidad				Tercera anualidad			
Tarea 1. Secuenciación PacBio del genoma de referencia	VE/CU/IL	■	■										
Tarea 2. Secuenciación Illumina de varios cultivares	GR/IL/CU	■	■	■									
Tarea 3. Anotación del genoma.	VE/CU				■	■							
Tareas 4. Identificación de secuencias repetidas.	GR/VE					■	■						
Tarea 5. Caracterización de secuencias específicas de la región determinante del sexo del par ZW.	GR/IL							■	■				
Tarea 6. Caracterización citogenético-molecular del par sexual ZW (puesta a punto de cultivos <i>in vitro</i> + FISH).	GR			■	■					■	■	■	■

GR: Universidad de Granada | CU: Universidad de Cukurova | IL: Universidad de Illinois | VE: Instituto J. Craig Venter

4.8.- Impacto esperado de los resultados

Los objetivos planteados en esta memoria persiguen responder a varios aspectos de interés. Entre ellos, el origen y la evolución de la dioecia y su relación con la determinación del sexo, la caracterización molecular del sistema ZW presente en el género *Pistacia* así como la integración de datos genómicos. Todo ello tendrá un gran impacto para el conocimiento de mecanismos biológicos básicos como la

aparición y evolución de cromosomas sexuales, la determinación genética del sexo y evolución genómica mediante estudios de sintenia. El impacto de estas investigaciones tendrá alcance internacional y se materializará en publicaciones en revistas de alto índice de impacto y en tecnologías transferibles a empresas dedicadas a la producción de pistacho (detección precoz del sexo y su aplicación a la selección de nuevas variedades y programas de mejora o caracterización de genes relacionados con características de interés productivo, por ejemplo). En este sentido, a continuación se enumeran algunas de las publicaciones más relevantes ya generadas por nuestro grupo:

Kafkas et al. (2016). **Whole Genome Sequencing and High Density Genetic Maps in Pistachio Reveal a Large Non-Recombining Region of Sex Chromosomes.** *XXIV PAG, Sex chromosomes and sex determination Workshop*. San Diego, Estados Unidos.

Sola-Campoy et al. (2015). **The molecular cytogenetic characterization of pistachio (*Pistacia vera* L.) suggests the arrest of recombination in the largest heteropycnotic pair HC1.** *PLOS ONE*, doi:10.1371/journal.pone.0143861

Sola-Campoy et al. (2014). **Desarrollo de marcadores moleculares para la identificación de poblaciones españolas del género *Pistacia*.** *XX Seminario de Genética de Poblaciones (SEG)*. Granada, España.

Sola-Campoy et al. (2011). **Caracterización de una familia de ADN satélite en *Pistacia vera* L. (pistachero).** *XXXVIII Congreso de la Sociedad Española de Genética*. Murcia, España.

Sola-Campoy et al. (2011). **Development and characterization of microsatellite markers on Pistachio (*Pistacia vera*).** *XVIII International Congress of Botany*. Melbourne, Australia.

Sola-Campoy et al. (2011). **Characterization of repetitive sequences on Pistachio (*Pistacia vera*).** *XVIII International Congress of Botany*. Melbourne, Australia.

Sola-Campoy P.J. (2011). **Aislamiento y caracterización de la secuencia de ADN satélite PIVE-180 en especies del género *Pistacia*.** TFM, Máster Universitario en Biotecnología, Máster Oficial de la Universidad de Granada.

Patente:

Navajas-Pérez et al. (2012). **Protección de la variedad vegetal VIGROS *P. vera* x *P. atlantica***. *Official Gazette CPVO* #6 (15/12/2012).

4.9.- Bibliografía general

Carvalho et al. (2009). **Origin and evolution of Y chromosomes: *Drosophila* tales**. *Trends Genet*, 25, 270-277.

Charlesworth B (1996). **The evolution of chromosomal sex determination and dosage compensation**. *Curr Biol.*, 6: 149–162.

Huang et al. (1989). **Chromosome counts on one hundred species and infraspecific taxa**. *Acta Bot Austro Sin.*, 5:161–176.

Kafkas et al. (2015). **Identification of sex-linked SNP markers using RAD sequencing suggests ZW/ZZ sex determination in *Pistacia vera* L**. *BMC Genomics*, 16:98.

Kiara H & Ono T (1925). **The sex chromosomes of *Rumex acetosa***. *Z. Indukt. Abst. U. Vererb.*, 39:1-7.

Kondo et al. (2004). **Evolutionary origin of the medaka Y chromosome**. *CurrBiol*, 14, 1664-1669.

Lahn BT & Page DC (1999). **Four evolutionary strata on the human X chromosome**. *Science*, 286, 964-967.

Liu et al. (2004). **A primitive Y chromosome in papaya marks incipient sex chromosome evolution**. *Nature*, 427, 348-352.

Löve Á. (1944). **Cytogenetic studies on *Rumex* subgenus *acetosella***. *Hereditas*, 30, 1-136.

Ming et al. (2011). **Sex Chromosomes in Land Plants**. *Annu. Rev. Plant Biol.*, 62: 485–514.

Navajas-Pérez R. (2012). **The genus *Rumex*: a plant model to study sex-chromosomes evolution**. In: *New Insights on Plant Sex Chromosomes* (Ed: R. Navajas-Pérez), Nova Publishers, ISBN: 978-1-61470-236-8.

Nicolas et al. (2005). **A gradual process of recombination restriction in the evolutionary history of the sex chromosomes in dioecious plants.** *PLoS Biol.*, 3, 47-56.

Papadopulos et al. (2015). **Rapid Y degeneration and dosage compensation in plant sex chromosomes.** *PNAS*, 112(42):13021-6.

Sola-Campoy et al. (2012). **Plant sex-chromosomes evolution.** In: *New Insights on Plant Sex Chromosomes* (Ed: R. Navajas-Pérez), Nova Publishers, ISBN: 978-1-61470-236-8.

Telgmann-Rauber et al., (2007). **Genetic and physical maps around the sex-determining M-locus of the dioecious plant asparagus.** *Mol Genet Genomics*, 278(3):221-34.

Tilkat et al., (2009). **Direct plant regeneration from mature leaf explants of pistachio, *Pistacia vera* L.** *Scientia Horticulturae*, 121:361-365

Zohary M. (1952). **A monographic study of the genus *Pistacia*.** *Palestine J. Bot. Jerusalem Series*, 5: 187–228.

TRAYECTORIA DOCENTE

TRAYECTORIA DOCENTE

Un intento personal de decálogo para el buen docente

El proyecto investigador que presento en este documento está basado en mi experiencia como discente-docente que he sido durante los últimos 20 años de mi vida. Aunque la trayectoria vital de cualquier persona está marcada por aprendizajes y enseñanzas de muy distinta índole desde los primeros días de existencia, en aras de la concisión, estoy considerando fundamentalmente mi etapa universitaria aquí, cosa que seguro el lector agradecerá. Quizás pretenciosamente, he redactado un decálogo del buen docente que a continuación desgloso intercalando anécdotas personales que espero hagan más llevadera su lectura. Por orden cronológico y no necesariamente de importancia, según mi criterio, un buen docente:

Es apasionado y apasiona

*Nadie debe romperte el ánimo. Nadie. Jamás.
(Albert Espinosa)*

Para lo que nos interesa, inicié mis estudios de Biología allá por el año 1996. Con 18 años tenía un pelo largo estupendo y un interés disperso por las más variopintas materias. Gracias a los muchísimos fines de semana transcurridos haciendo visitas con mi abuelo, veterinario del pueblo de Íllora, a esa edad había presenciado ya más partos gemelares de vacas, vacunado más perros e intervenido quirúrgicamente a más caballos que cualquier zagal de mi edad, por supuesto, y que la mayoría de los veterinarios urbanitas. Probablemente por eso elegí como primera opción Biología, aunque felizmente hubiera accedido a estudiar cualquier otra disciplina de las que marqué en el impreso de solicitud de acceso a la universidad, como por ejemplo mi segunda opción del momento, Psicología, o mi tercera (creo que era Derecho). También, o mejor dicho sobre todo, escuchaba mucha música y tocaba la batería en un grupo de rock; se llamaba *Bethlehem*, reminiscencias de haber estudiado en un colegio de curas, supongo. Conforme pasa el tiempo, más me doy cuenta de que no existe disco que escuchara en aquella época que no me haya quedado grabado a fuego. No puedo decir lo mismo de las clases que recibí en la universidad, al menos no de todas. Lo que pretendo expresar con estas líneas es que un alumno universitario, como yo fui, tiene todo el potencial para ser una persona apasionada, en general, y por qué no amante de la disciplina que ha elegido como futuro proyecto de vida. Es nuestra labor como docentes, cuando menos, no ahogar ese impulso. Recae sobre nuestros hombros una enorme responsabilidad, como bien han expresado ya otros: *In my own case, my love of some subjects was destroyed by incompetent, boring and, at times, uncaring teachers. But others helped me*

develop a passion for a subject that I never thought I would be interested in. My good teachers were the most creative and served as role models. They mentored their class on a journey of lifelong learning (John Crouche, premio Prime Minister de educación de Australia). En las antiguas licenciaturas era relativamente frecuente encontrar alumnos desmotivados en los primeros cursos porque no habían podido acceder a los estudios que deseaban y se veían en un callejón sin salida. Tengo la impresión de que con la llegada del nuevo plan de estudios (con formas más laxas para pasar de un grado a otro, por un lado, pero con normas de permanencia más restrictivas, por otro) y la correspondiente subida de tasas (especialmente en asignaturas rematriculadas), esto se ha subsanado en parte y hay pocos estudiantes que vengan a clase *de paseo*.

Pero, como iba diciendo de mis tiempos universitarios más remotos, recuerdo auditorios de madera crujiente atestados de estudiantes que se iban vaciando con el discurrir del curso y el despuntar del buen tiempo. Yo era (y soy) un alumno tremendamente responsable; sólo me expulsaron en una ocasión de clase de Matemáticas por tamborilear vehementemente sobre las bancas. Aunque no perdoné un festival, asistía sin falta a casi todas las clases. Las dos únicas asignaturas que no frecuenté asiduamente fueron Química y Bioestadística. Me ausenté de clase en demasiado pocas ocasiones si considero las monsergas que nos soltaban en éstas y otras materias y el peso que de ellas me quedó. Los resultados, no obstante, fueron brillantes; en definitiva, me habían entrenado toda la vida para almacenar y repetir retahílas de *memorieta*. ¿A quién no le ha tomado su madre la lección cuando estaba en la escuela el día antes de un examen?

No obstante lo dicho, tuve excelentes docentes de lo que yo llamo la *buena-vejeja escuela*. Por aquel entonces empecé a apreciar con devoción las clases de D. Juan Varo, catedrático de Botánica, y sus fabulosos esquemas y representaciones, que con tiza de colores y mucho esmero, diseñaba en el encerado. Diseños que lejos de darnos respuestas cerradas, muchas veces nos planteaban incógnitas y enigmas que íbamos desentrañando en sucesivas lecciones y con la ayuda de libros que pesadamente extraíamos de la biblioteca. Es justo mencionar aquí también el enfoque evolutivo magistral que Dña. Concha Morales imprimía a sus clases de Fanerogamia o las vívidas clases de Microbiología de Dña. Inés Martín, no aptas para hipocondriacos (una vez le comenté que estaba seguro de estar padeciendo fiebres recurrentes), cuyos apuntes (más de 500 folios) presté a una compañera que jamás volví a ver; ni a ella ni a los apuntes; espero que al menos aprobara y/o que los apuntes hicieran buena lumbre. Por el tipo de materia que impartían y por razones generacionales, es difícil encontrar un nexo común entre estos tres profesores, hablando estrictamente a nivel metodológico. Dando muchas vueltas a la cabeza creo haber llegado a la conclusión de que todos ellos

trabajaron apasionada e incondicionalmente por y para sus alumnos y que trataron de imprimir a sus lecciones un sentido pragmático alejado de los aprendizajes memorísticos puros y duros. Éstos son sólo algunos honrosos ejemplos que charlando con mis grandes amigos D. Diego Nieto Lugilde, uno de los culpables junto a algunos de los ya mencionados de que me decantara por la especialidad de Botánica, y el maestro D. César Rodríguez Alcaraz han venido a mi mente. Con posterioridad he disfrutado de excelentes maestros, sobre algunos de los cuales hablaré más adelante.

Utiliza métodos sincrónicos

*El medio es el mensaje.
(Herbert Marshall McLuhan)*

En todo este tiempo, he visto cómo los profesores se adaptaban a los nuevos tiempos y cómo tomaba cuerpo la tan cacareada innovación docente. En un primer momento, en mi departamento ésta se tradujo en una cruzada, casi enfermiza, contra la toma de apuntes por parte de los estudiantes. A mí no me parecía tan terrible que los alumnos tomaran apuntes, o que al menos hicieran lo que les diera la real gana, pero un poco por inercia y mucho por inexperiencia, comencé a tratar de imponer esta corriente durante mis primeros años como docente, pero de esos días hablaré un poco más adelante. Luego todo se fue modernizando y llegó la plataforma virtual *Moodle* y la comunicación alumno-profesor a través del correo electrónico. Como jocosamente preguntaba mi mentor, D. Manuel Ruiz Rejón, en un corrillo formado en el pasillo del departamento con ocasión de un corte de luz: *¿qué hacíamos cuando no existía internet?*

Pues siendo hijos de sistemas educativos herederos de la ilustración y la revolución científica, nuestro conocimiento proviene mayoritariamente de ejercicios memorísticos basados en la consulta de libros, enciclopedias, manuales especializados, artículos de investigación y obras de autores relevantes. *El gen egoísta* de Richard Dawkins, de hecho, fue una llave que me abrió las puertas al misterio de la evolución que fueron completando con sus visiones Desmond Morris, J. Gould o James D. Watson. No hay que dejar de lado las fuentes bibliográficas originales; de ningún modo. Dicho lo cual, hay que aceptar que esas fuentes hoy día no se producen, transmiten y almacenan exclusivamente como hasta ahora ha venido siendo y que no son excluyentes de otros métodos actuales. La revolución producida por internet ha hecho de nuestros estudiantes consumidores sofisticados que eligen el momento y la forma en que reciben la información, utilizando las más variadas herramientas multimedia para ello y a este nuevo paradigma hemos de adaptarnos.

En este sentido, otro cambio interesante, desde el punto de vista educativo, que se estaba produciendo en aquellos momentos era la lenta transición desde las tradicionales transparencias retroproyectadas hacia las presentaciones del, desde entonces, omnipresente *PowerPoint* (y derivados modernos tipo *Prezi*). Tengo la impresión de que todo este tiempo se ha venido confundiendo TICs (Tecnologías de la Información y la Comunicación) e innovación docente con atiborrar a los alumnos de lecciones a base de presentaciones generadas por ordenador. Éste es un pecado en el que todos, en mayor o menor medida, hemos incurrido. No quiero con estas líneas satanizar estos programas. *PowerPoint* fue diseñado para la exposición de datos, gráficos y estadísticas en reuniones con carácter comercial y ha demostrado sobradamente su utilidad en este campo. Además, es una herramienta excelente para compartir datos, citas literales y material multimedia de muy distinta índole. De hecho, no solamente tengo disponible en la red todo mi material docente en este formato (www.rafaelnavajas.eu), sino que probablemente ahora mismo me encuentre ante ustedes defendiendo esta programación apoyado en una presentación de este estilo. Sin embargo, tengo la convicción de que debemos vencer la tendencia a escudarnos y sustentar nuestras clases únicamente en esta herramienta, ya que como dice Bent Meier Sørensen, profesor en la Escuela de Negocios de Copenhague, es un recurso que no fomenta el pensamiento crítico: *Yet, to be interesting and relevant in a lecture, teachers need to ask questions and experiment, not provide solutions and results. Unfortunately, PowerPoint is designed to provide just that.* Además, existe una tendencia por parte del estudiante a pensar que lo reflejado en unas pocas transparencias es todo lo que necesita saber sobre la materia, inhibiendo la curiosidad bibliográfica y la ampliación de conocimientos usando otras fuentes. En sustancia, las nuevas formas han consistido durante un tiempo en reemplazar las viejas filminas manchadas de tiza, rayadas y desvaídas por el uso, por unos *slides* coloridos que, además, se modificaban fácilmente a golpe de clic y se reciclaban de generación en generación.

En el año 2003, las nuevas tecnologías apenas estaban abriéndose hueco en el mundo de la docencia y la investigación. Aquellos días yo disfrutaba de una estancia en el laboratorio de la Dra. Schwarzacher en Leicester (Reino Unido), antes de que el reciente y flamante ganador de la *Premier League* pusiera a la ciudad en el mapa y discutiera la hegemonía del rugby. El caso es que tuve la brillante idea de instalar el programa *Skype* en un ordenador del laboratorio para hacer una videoconferencia con un colega de trabajo español. A los pocos minutos de haber puesto en marcha el software se presentaron frente a mí los encargados de mantenimiento, dos tipos desabridos, que como perros sabuesos y tras confirmar la dirección IP “culpable”, me acusaron vociferantes delante del

director de la facultad. He de decir que Trude estuvo a la altura de lo que es, una excelente profesional siempre con la vista por delante de las tendencias del momento, sin embargo el evento casi me cuesta una expulsión de la universidad de acogida. No ha llovido tanto y hoy es impensable estructurar una asignatura, un proyecto, un grupo de trabajo sin que haya de por medio chats de *Whatsapp*, grupos de *Facebook* o teleconferencias por *Skype*. Ahora que el buscador por excelencia, *Google*, se ha hecho mayor de edad, producen cierto sonrojo esos profesores que critican severamente el uso de *Wikipedia* como fuente alternativa de referencia o que ven el uso de ordenadores o dispositivos móviles en el aula con recelo y desconfianza. Apuesto a que guardan secretamente sus antiguas transparencias en algún cajón del despacho, con la esperanza de volver algún día a conectar el retroproyector y disparar una ráfaga liberadora de acetatos sin vida.

Mi primer contacto con las tecnologías se remonta al segundo año de carrera, cuando pude hacerme con mi primer ordenador personal. En él, torpemente, realicé algunos trabajos de *pseudoinvestigación* o más bien de revisión bibliográfica. Recuerdo dos con especial cariño; un manual de prácticas de identificación de organismos para preparar el examen de *visum* de zoología, que con mucho tesón fui completando extrayendo imágenes del incipiente internet y que penosamente perdí hace muchos años y un trabajo sobre las bases genéticas de la alopecia, que presenté al Dr. Carmelo Ruiz Rejón, cosa que a la postre (creo) me serviría para ser aceptado como alumno interno en el Departamento de Genética. Ahora pienso, que quizás en estos momentos empecé a alimentar mi creatividad y mi búsqueda constante por aprender y enseñar las cosas de una forma diferente. Y en especial, mi inclinación, dormida hasta hace relativamente pocos años, por el tema audiovisual. Yo, como todo aquél que se haya interesado alguna vez por una materia, ya intuía lo que los expertos en neurodidáctica nos están demostrando en la actualidad; el hemisferio derecho de nuestro cerebro (relacionado con la intuición, la creatividad y las imágenes) es el encargado de procesar la información novedosa. Según el neuropsicólogo José Ramón Gamó *El cerebro necesita emocionarse para aprender [...] En esos casos [adquisición de información novedosa] el procesamiento lingüístico no es el protagonista, lo que quiere decir que la charla no funciona*. Las lecciones magistrales, que hoy ocupan gran parte de nuestro tiempo, aparte de no funcionar para los fines que nos proponemos, presentan el problema de requerir una serie de habilidades para las que no hemos sido entrenados los profesores universitarios. Ésta es una carencia grave en nuestros planes de estudio. No existen asignaturas (o son insuficientes) que traten sobre didáctica. Nadie nos ha enseñado a enseñar. Hago un breve paréntesis para comentar en este sentido que la Universidad de Granada está haciendo un esfuerzo de formación (y reciclaje) del profesorado con un programa de formación continua. En uno de estos programas, conocí la existencia de guiones de trabajo autónomo que incluyo en los materiales de mi

proyecto docente, por lo que tengo que agradecer al histriónico Dr. Salvador Camacho, fantástico profesor jubilado de esta universidad. Se impone, por tanto, un giro en las metodologías que se emplean en educación a día de hoy, sustituyendo las clases magistrales por actividades que combinen lo visual y lo práctico y que requieran la interacción del alumno con los materiales.

De hecho, existe una fuerte tendencia en la educación superior liderada por algunas de las instituciones más importantes del mundo, como la Universidad de Stanford o el MIT (*Massachusetts Institute of Technology*), que abogan por la eliminación de las lecciones magistrales. Esta última institución ha puesto en marcha los llamados aprendizajes TEAL (*Technology-Enhanced Active Learning*) que se sustentan en la realización de tareas prácticas (con constante supervisión y tutela por parte del docente), trabajo autónomo y aprendizaje colaborativo o por pares. Esta historia me ha hecho recordar que en el sistema educativo italiano la matriculación, en lugar de ser por asignaturas individuales, se realiza por cursos completos, por lo que el estudiante trata de rentabilizar al máximo sus recursos preparando el mayor número posible de asignaturas. En una ocasión presencié cómo una chica le pedía permiso a un profesor para dejar una grabadora de voz en su clase mientras ella asistía a otra lección que se impartía en el mismo horario. Me di cuenta de la pérdida de tiempo que suponía el estar allí sentado y que no era tan mala idea la de registrar este tipo de clases de tal forma que los alumnos pudieran tener acceso a ellas, a la carta, dejando el tiempo destinado a las lecciones presenciales para actividades más enriquecedoras como sesiones prácticas o de discusión al estilo de las propuestas por el MIT y que no pueden ser sustituidas por una grabación de audio o vídeo. Ahora siempre que entro en un aula me pregunto si una grabación de la clase que estoy a punto de impartir podría sustituirme. Si la respuesta es sí, comienzo a pensar qué puedo hacer para remediarlo y proporciono una grabación de la misma a mis alumnos.

En este sentido, la plataforma Coursera, nacida en 2011 en la Universidad de Stanford, ha sido pionera con sus MOOCs (*Massive Online Open Courses*). En la actualidad ofrece cursos (en su gran mayoría gratuitos) sobre temas muy variados, impartidos por máximos especialistas de todo el mundo. Las plataformas o espacios virtuales de enseñanza y aprendizaje permiten esta educación bimodal, en la que presencialidad y virtualidad se compatibilizan de forma flexible. Este sistema se adapta a las necesidades del alumno y permite romper las limitaciones espacio-temporales del sistema tradicional y podría ser un lugar donde centralizar todo el material digitalizado. Un alumno, desde cualquier punto del planeta, en el momento que él decida y tantas veces como desee, puede acceder a los contenidos de una asignatura. Además, esta herramienta permite, entre otras muchas cosas, la creación de sistemas de evaluación automatizados tanto del trabajo individual como del trabajo en grupo,

lo que facilita mucho la labor del docente. Por todo lo dicho, mi proyecto docente se cimenta en la reducción progresiva de la lección magistral tradicional en beneficio de sesiones prácticas en las que el uso de la imagen, la manipulación y la interacción sean las constantes.

Con respecto a las sesiones prácticas, durante el curso académico actual estoy llevando a cabo con los alumnos cruzamientos experimentales de mutantes de *Drosophila melanogaster*. Los resultados están siendo muy satisfactorios, ya que estas sesiones me permiten demostrar en la práctica las Leyes de Mendel, alguna de sus extensiones (genes ligados al sexo), las bases de un mapa de ligamiento (lo que implica el conocimiento de la Teoría Cromosómica de la Herencia, la recombinación y la asociación de la frecuencia en la que ésta ocurre con la distancia entre dos puntos de un mapa) y la constatación de algunos fenómenos evolutivos como la deriva.

En relación al uso de la imagen, implanté el curso pasado la obligación de elaborar una galería de imágenes de cada unidad temática entre toda la clase. Los resultados son también excelentes, ya que esta actividad fomenta la creatividad y permite reducir la distancia entre el concepto teórico y su materialización en la práctica, muchas ocasiones en la vida cotidiana. Por ejemplo, con la galería dedicada al mendelismo del presente curso hemos conseguido recopilar un amplísimo catálogo de enfermedades humanas con herencia mendeliana simple, muchas de ellas desconocidas para mí hasta la fecha y que han sido foco de intenso debate y discusión. Incluso se ha planteado la posibilidad de hacer pedigrís familiares con alguna de las características estudiadas o el cálculo de la frecuencia de ciertos alelos en la población que constituye nuestra clase de Genética. Esta iniciativa tiene su germen en un conjunto de imágenes propias relacionadas con la Genética o *Bestiario* (<https://www.flickr.com/photos/118718979@N03/>), como lo bauticé, que comencé a recopilar hace unos años con el objeto de tener una base de datos para usar en clase, en futuras publicaciones y para compartir con compañeros que pudieran darle algún uso docente. Este repositorio, aún muy exiguo, forma parte de un proyecto más ambicioso, llamado Mendelius (www.mendelius.com) que he desarrollado junto a la mejor profesional de la enseñanza secundaria que conozco, la Dr. Cristina Aznarte Mellado. Mendelius pretende hacer llegar la Genética mendeliana al gran público a través del juego. El núcleo central del proyecto es un juego de naipes al que se puede jugar con una baraja física, *online* o usando una aplicación desarrollada para dispositivos Android.

Tiene los pies en el suelo

*Imaginada la hipótesis, menester es someterla a la sanción de la experiencia,
para lo cual escogemos experimentos u observaciones precisas, completas.
(Santiago Ramón y Cajal –Los tónicos de la voluntad)*

Mi labor docente comenzó cuando conseguí una beca predoctoral FPU. Consistía en unas cuantas horas de clases prácticas en la asignatura de Genética de la licenciatura de Biología. Las chavalas eran muy guapas y casi de mi edad, así que le ponía mucha devoción al tema. Además, sólo tenía que explicar alguna de las técnicas que, a diario, realizaba en el laboratorio, de modo que disfruté mucho de la experiencia y no me resultó nada trabajosa. La situación cambió sensiblemente cuando comencé a impartir el programa teórico. Confieso que los primeros años de cada asignatura vivía al día, casi siempre preparando las clases la noche anterior y, en ocasiones, con algunos conceptos no muy claros. Conforme avancé en la práctica del ejercicio investigador y, sobre todo, fui conociendo más técnicas de laboratorio y entresijos de la Genética, el camino se allanó. Y es que es de vital importancia el dominio de la materia que se enseña, en la teoría pero también en el terreno práctico. ¿Cómo si no explicar un mapa de ligamiento, un QTL o la secuenciación masiva? Es la única forma de poseer una visión global, de transmitir las aplicaciones de los conceptos teóricos y establecer puntos de vista diversos. Esto también permite elaborar sesiones más dinámicas en las que el alumno aprenda haciendo, no sentado escuchando como receptáculo de información de usar y tirar. Para cerrar este ítem no quiero dejar sin criticar el hecho de que hoy día sigan existiendo profesores universitarios sin experiencia investigadora, una de las mayores perversiones de nuestro sistema universitario a mi modo de ver. Con esfuerzo y el estudio de una oposición tal vez puedan llegar éstos algún día a convertirse en excelentes profesores de secundaria, pero profesores de universidad, nunca.

Mi carrera docente se interrumpió durante los dos años de estancia postdoctoral en Estados Unidos. Cuando retorné a mi centro y retomé la actividad yo tenía un plan de vida en la cabeza que felizmente no se cumplió. Nunca estaré en grado de expresar mi gratitud a los responsables de que ello fuera así. Una portada en *Nature*, un premio de investigación y ganas de cambiar el mundo no es una bendición, es una amenaza para el *lobby* de la mediocridad. Allá por el año 2012, en plena crisis, sin proyectos de investigación, con muchas puertas cerradas, caras de perro a mi alrededor y sin espacio físico propio para desenvolver mi actividad decentemente, decidí reinventarme y me exilié con un ordenador al pequeño laboratorio del que dispone mi grupo de investigación en el sótano de la Facultad de Ciencias (“mi boquete”, como le llaman cariñosamente las señoras de la limpieza). Pensar que algunos de los grandes proyectos de la humanidad han nacido en un sótano americano (Microsoft, Apple, Nirvana) era la

motivación. Mi granito de arena fue terminar la carrera de Traducción e Interpretación; con 38 años.

Esta experiencia no sólo me permitió estudiar y aprender en la mejor facultad de traducción de España según el último ranking de universidades publicado, sino que además, pude quitarme la espinita que siempre tuve de no haber cursado estudios universitarios en el extranjero, compaginando estancias de investigación con dos excelentes semestres en la Facoltà di Interpretariato e Traduzione di Roma (Università degli Studi Internazionali) y en la renombrada SSLMIT de Forlì (Università di Bologna). Ha sido una época preciosa, de la que aún me estoy reinsertando, en la que he aprendido mucho, no sólo de las materias del itinerario académico, sino a cómo ser un buen docente y qué prácticas profesionales evitar. El sano ejercicio de saltar la barrera para ver los toros desde el otro lado. Acercarme a los pupitres para saber estar en la pizarra. Ése era el objetivo y creo que se consiguió.

Este periodo me ha refrescado lo tedioso que puede llegar a ser enfrentarse al entramado burocrático de matrículas y automatrículas, convalidaciones, movilidades, compatibilidad de horarios y reconocimiento de créditos a los que se enfrentan nuestros estudiantes a diario. Me ha recordado que se trata de un sistema más que mejorable y que nos queda mucho que hacer para aliviar la pesada burocracia universitaria. Pero principalmente, aquí, como alumno he vivido momentos que me han ayudado mucho a saber comportarme como profesor. Para no extenderme quiero rescatar dos momentos cumbres que tuvieron lugar en dos días de años consecutivos del muy celebrado día de la primavera. El primer año, una profesora de cuyo nombre prefiero no acordarme, nos exigió asistencia obligatoria con fatal consecuencia para la nota final y el posterior desarrollo del curso si esta orden no era atendida. Yo, a las alturas de la película en la que me encontraba, no pretendía ir a un descampado a emborracharme entre adolescentes (muchos de ellos alumnos amigos de mis compañeros), así que asistí a clase porque era mi deber y porque me figuraba lo que estaba por ocurrir. Los más responsables de entre los ebrios hicieron una pausa en sus étlicas labores para asistir a clase, pero fueron los menos y como no podía ser de otra forma el aula estaba semivacía. A pesar de la tabarra que esta señora había dado las semanas anteriores, se descolgó con un *no vamos a dar clase porque falta la mitad de la gente y le vais a tener que pasar los apuntes a los que están de fiesta, que es donde teníais que estar en lugar de haberme hecho venir. No comment*. El año siguiente, por esa fecha, teníamos clase con D. Juan Núñez, profesor de Ciencias Políticas del que aprendí mucho y de cuya mano repasé gran parte de la historia de España en la asignatura Cultura Española. Impartió clase como todos los días y nos cogimos nuestros diez folios de apuntes por las dos caras de rigor. Hizo dos excepciones, al finalizar la clase anotó los

nombres de los allí presentes en su lista de notas de clase y se concedió lanzarnos una sonrisa mientras cruzaba la puerta diciendo, *enhorabuena por hacer su trabajo*. Fue de las pocas veces que lo vi salir de su encorsetado papel de *profe* carca y serio. La ocasión lo merecía. Puede que sea un detalle insignificante, pero a mí me marcó de por vida. A partir de aquel momento decidí que siempre que me fuera posible haría sentir a mis alumnos como héroes, no como perdedores.

Es justo y valora los esfuerzos

Es cosa fácil ser bueno, lo difícil es ser justo.
(Victor Hugo)

Volviendo al año en el que estuve por primera vez a cargo de la teoría completa de un grupo, tengo que decir que me sentí como un hombre orquesta, una suerte de mago, un equilibrista. No sólo tenía que hacer parecer que dominaba la materia, sino que tenía que hacerla atractiva, al tiempo que me daba de bruces con la burocracia de listas, actas y reuniones y me enfrentaba al drama de la evaluación (¡Ah! Y sacaba adelante varios artículos de investigación). El método que seguí aquel curso fue una estupenda serendipia de trabajo incansable, inocencia, ilusión e inexperiencia. Cada día proponía una actividad diferente, un enfoque diverso, un recurso novedoso o divertido. Cada clase suponía varios días previos de preparación. Como les dije el día que conocí a estos alumnos, no creo que olvide nunca ese año y por las muestras de cariño que aún me profesan algunos de ellos después de pasados muchos años (ya como flamantes profesionales) creo que ellos tampoco. Tuvo que ser divertido ver un espectáculo del estilo varias veces por semana durante un semestre.

Ahí aprendí dos cosas; la primera es que la docencia puede llegar a ser muy divertida y la segunda, que es agotadora, mucho. El error más grave que cometí en mis primeros años como profesor de universidad fue el de proponer demasiadas tareas, que luego obviamente tenía que corregir a costa de muchísimas horas de trabajo extra. No existe praxis que desanime más al estudiantado que la de verse sometido a la presión de decenas de entregas de las que luego no recibe *feedback* o que son calificadas *al bulto*, sin considerar el esfuerzo individual dedicado. La calidad del empeño cae en picado. No ser justo es la peor acusación que uno puede recibir como profesor. Si alguna vez me he comportado así, lo siento mucho. Era de cajón que la venda se me cayera de los ojos y comprendiera que existe un equilibrio entre calidad docente y el tiempo que uno invierte, porque claro, somos docentes a tiempo parcial, que también investigamos. En este sentido, las TICs proporcionan herramientas de evaluación, por ejemplo, muy útiles para gestionar tareas rutinarias como ha quedado dicho más arriba.

Después de haber hablado con alguno de mis alumnos más brillantes, otra de las críticas más feroces que me hago a mí mismo es la de haber bajado deliberadamente el nivel de algunos cursos para permitir que cualquiera pudiera seguirlos. Hay un esquema que se repite en todas las aulas del mundo; hay dos grupos reducidos de alumnos, el de los excelentes y el de los desmotivados, que coexisten junto a la gran mayoría de alumnos cuyo comportamiento y rendimiento, por lo general, es aceptable. Siendo muy reduccionistas, el papel del profesor es poco decisivo en cuanto a números, ya que son muy pocos los estudiantes que inclinan la balanza a favor del aprobado (los desmotivados). Este bajo número contrasta con los grandísimos esfuerzos que normalmente realizamos enfocados a este colectivo. Los sistemas educativos se han centrado en demasía en motivar a este tipo de alumno sin interés, penalizando siempre al excelente (éste ya tiene motivaciones suficientes, necesita nuevos retos). Me preocupa muchísimo haber podido desalentar a algún alumno brillante en mi intento por poner a otros a salvo en la mediocridad del aprobado.

Hay un caso que ejemplifica magistralmente lo que digo; son los trabajos en grupo. En primer lugar, quiero dejar claro que no considero que sea una competencia de la que nos tengamos que encargar los profesores universitarios. Yo he asistido a la perfecta organización de actividades grupales por parte de chavales universitarios para la grabación de cortometrajes, la constitución de empresas o la composición y puesta en escena de obras musicales, por citar los primeros ejemplos en que he podido pensar. De modo que esta habilidad está presente en ellos, la trabajan sobradamente en su ámbito privado y desde niveles educativos inferiores. Si esto no fuera así, sería muy conveniente que los planes de estudio trabajaran esta habilidad en materias separadas. La historia cambia cuando se forman equipos impuestos por las circunstancias (somos compañeros de clase) y en los que el premio (la calificación) no invita a la colaboración sino a la competencia. En mi experiencia, un trabajo en grupo es uno de los focos generadores de problemas de mayor envergadura que pueda existir en un aula universitaria. Mi aportación para evitarlo ha sido la de proponer retos atractivos, hacer rúbricas lo más exactas posible, poner en marcha proyectos de aprendizaje colaborativo y hacer grupos mixtos de alumnos con distintas capacidades (ver apartado *Enseñanzas de algunos proyectos fallidos o no tanto*). En serio, existe una crueldad máxima entre el alumnado con respecto a este tema; he asistido a los actos de pasotismo (o tal vez parasitismo) más despiadados que uno pueda imaginar. El resultado siempre es el mismo, el alumno excelente termina cargándose de trabajo del que se beneficia un tercero, mientras el profesor permanece desarmado para evaluar el trabajo real realizado por cada uno de los componentes del equipo. No nos engañemos, los trabajos en grupo son una fatal consecuencia de la masificación de las aulas, un recurso del docente para no

terminar mal de la cabeza corrigiendo cientos de informes y actividades. Si alguien conoce la receta para que este tipo de prácticas funcionen en las condiciones presupuestarias y numerarias en las que estamos, le estaré eternamente agradecido por su asesoramiento.

Mención aparte merecen otros inventos educativos como el sistema de evaluación por pares, creado por alguien que perdió el contacto con su alumnado hace décadas. ¿Cómo dejar caer el peso de una de las actividades más complejas de la docencia en los estudiantes y no pensar que éstos, desconcertados y carentes de criterios, van a recurrir a criterios aleatorios de tipo estético o amiguista?

El alumno es lo primero

*El profesor mantiene un papel doble:
primero, ayudar a los estudiantes a aprender y,
segundo, decir a la sociedad cuánto aprendizaje se ha conseguido.
(Ken Bain –Lo que hacen los mejores profesores universitarios)*

Como ocurre con los Diez Mandamientos, el decálogo del profesor excelente pasa por cumplir un último precepto, *el alumno es lo primero*. Un profesor tiene que anteponer el aprendizaje de sus estudiantes a cualquier otro factor. Siempre trabajar en beneficio de ellos. Ésta es la única idea que tiene que rondar su cabeza al entrar en el aula. Cualquier docente ha atravesado momentos en los que su prioridad durante el empeño de la actividad docente fue impresionar a las damas/varones, pagar la hipoteca, demostrar su sabiduría, echar sermones o entretener a la audiencia, por citar algunas posibles situaciones. Ese no es el buen camino. No es empresa fácil obrar siempre en beneficio del alumno, en todos los momentos y con cualquier tipo de estudiante, pero se puede. Yo me he cruzado durante mi carrera académica con profesores que lo han conseguido, como la Dra. Mercedes García de Quesada, profesora de Interpretación de la Universidad de Granada. Yo lucho por seguir su ejemplo; no siempre lo consigo.

Soy consciente de que limitarse a hablar de la calificación de un alumno como manera de calibrar su aprendizaje es una visión excesivamente reduccionista, pero no me resisto a hablar, en relación a este tema, de esas asignaturas crípticas en las que no hay cristo que sepa qué conceptos hay que aprender porque la metodología docente es oscura y la evaluación se deja al criterio secreto del profesor. Quizás sea la única manera que tienen algunos compañeros de hacer que su asignatura sea un hueso duro de roer. Para mí simplemente carecen de recursos didácticos. Es evidente que una comunicación directa y unos sistemas

docentes transparentes son las herramientas más eficaces para el correcto desarrollo de nuestra actividad. No me tomen por loco, pero si mi prioridad es que el alumno sepa, por decir algo, hacer mapas de ligamiento, aparte de haber puesto todos los medios a lo largo del curso para que así sea, le digo con claridad que se lo voy a preguntar en el examen (obviamente, la forma específica queda a mi discreción). Créanme, funciona, no siempre, pero funciona.

Como queda implícito de lo comentado hasta este momento, no existe una fórmula mágica que pueda aplicarse a todas las materias y asignaturas, y es posible ser un profesor excelente de lecciones magistrales al tiempo que pésimo de clases prácticas. Además, la docencia es una actividad que nace de lo más íntimo y cuya naturaleza es la de adaptarse a las más variopintas situaciones, por lo que no hay líneas maestras. No obstante, una mezcla de sentido común, naturalidad, experiencia y la consideración de algunas de estas modestas recomendaciones puede contribuir a un mejor desarrollo de la actividad docente. Al menos, con esa convicción y esperanza he escrito estas líneas.

PROYECTO DOCENTE

PROYECTO DOCENTE

6.1.- Introducción

El documento que el lector tiene entre sus manos, lejos de ser perfecto, es una recopilación de los fallos más terribles (ver apartado *Enseñanzas de proyectos fallidos o no tanto*), pero también de modestos aciertos que, con el paso de los años, me han ayudado a conformar un proyecto docente con mayúsculas. Tampoco pretende ser, este escrito, un manual de amplio espectro, ya que se trata de una visión subjetiva y personal de vivencias acaecidas en un contexto muy concreto y con un número limitado de alumnos y asignaturas. Esto es lo que, de momento, me ha funcionado a mí en la mayoría de las ocasiones. Algunos sistemas han pecado de una excesiva complejidad otros, en cambio, eran reduccionistas e incluso hubo sistemas que no valoraron correctamente el esfuerzo del alumno. De lo que si estoy seguro es de que con el tiempo he ido adquiriendo no sólo conocimientos, capacidad de planificación, de previsión y de coordinación con el programa práctico de la asignatura y con los programas de otras asignaturas, sino también un conocimiento profundo del funcionamiento de nuestra universidad.

6.2.- Contexto formal

Datos del Grado en Biología en la Universidad de Granada

NOMBRE DE LA TITULACIÓN

Grado en Biología (Rama Ciencias Experimentales)

TIPO DE TÍTULO

Oficial

ESTRUCTURA SEMESTRAL

- 30 créditos ECTS por semestre, 8 semestres
- Materias básicas (semestres 1 y 2) 60 créditos
- Materias Obligatorias (semestres 3, 4, 5, 6 y 7)
- Materias Optativas (semestres 5, 6, 7 y 8)
- Trabajo Fin de Grado (semestres 7 y 8)

DURACIÓN/ TOTAL DE CRÉDITOS

4 años/240 ECTS (total de créditos ofertados 300)

DISTRIBUCIÓN DE CRÉDITOS

	Formación Básica	Obligatorios	Optativos	Trabajo Fin de Grado
Primer curso	60	--	--	--
Segundo curso	--	60	--	--
Tercer curso	--	48	12	--
Cuarto curso	--	6	42	12
Total	60	114	54	12

El próximo curso se celebra el 50 aniversario de los estudios de Biología en la Universidad de Granada. La última transición desde la Licenciatura al actual plan de estudios de grado se realizó a través de un Plan Piloto de Adaptación al Espacio de Educación Europeo (EEES). Como novedad, en el nuevo título existen cinco módulos de materias optativas: Sostenibilidad y Conservación, Biología Sanitaria, Biología de Organismos, Biología del Medio Acuático y Biotecnología, lo que permite al estudiante elaborar un itinerario académico ajustado al perfil profesional que pretenda desarrollar. Otra de las inclusiones es el Trabajo Fin de Grado obligatorio, con una carga de 12 créditos ECTS, a realizar en departamentos universitarios, organismos públicos de investigación, administración público o empresas. El Parque Tecnológico de Ciencias de la Salud de Granada está absorbiendo gran parte de estos trabajos, lo que supone una excelente oportunidad para los estudiantes.

Como refleja la normativa de la titulación (<http://grados.ugr.es/biologia/>) el *objetivo general de estos estudios es la formación de profesionales con una base fundamental de conocimientos y una apropiada formación en el campo de la experimentación biológica, que les permita reconocer y analizar nuevos problemas en el ámbito de la Biología y planear estrategias para solucionarlos. [...] proporcionar a los estudiantes conocimientos adecuados sobre la morfología, sistemática, estructura, función e interacción de los seres vivos y análisis relacionados con éstos, tanto desde el punto de vista docente e investigador, como de la utilización aplicada de estos conocimientos.*

Las capacitaciones concretas que prevé el título son:

- Estudio, identificación, análisis y clasificación de los organismos vivos y de los agentes y materiales biológicos, así como sus restos y señales de actividad.
- Reconocer las adaptaciones de los seres vivos al entorno.
- Investigación, desarrollo y control de procesos biotecnológicos.
- Producción, transformación, manipulación, conservación, identificación y control de calidad de materiales de origen biológico.
- Estudio de los efectos biológicos de productos de cualquier naturaleza y control de su acción.
- Estudios genéticos y su aplicación.
- Estudios ecológicos, evaluación de impacto ambiental y planificación, gestión, explotación y conservación de poblaciones, ecosistemas y recursos naturales terrestres y marinos.
- Asesoramiento científico y técnico sobre temas biológicos y su enseñanza en los niveles educativos donde se exija la titulación mínima de graduado.
- Todas aquellas actividades que guarden relación con la Biología para recoger las nuevas actividades que emergen continuamente y lo harán en un futuro.
- Docencia y transmisión/difusión de los conocimientos en Biología tanto a futuros profesionales como a la sociedad en general.
- Y, en general, todas aquellas actividades que guarden relación con la Biología incluyendo las que emergen continuamente y lo harán en un futuro

El Departamento de Genética de la Universidad de Granada

Tal y como establece el reglamento interno del Departamento de Genética, éste *es el órgano básico encargado de coordinar y desarrollar las enseñanzas encomendadas a su ámbito o ámbitos del conocimiento, promover la investigación e impulsar las actividades e iniciativas de sus miembros, articulándolas de conformidad con la programación docente e investigadora de la Universidad.*

El Departamento se encuentra localizado en la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada, en la 3ª planta del edificio de Ciencias Biológicas,

Campus Fuentenueva s/n, Granada. Actualmente está integrado por 19 profesores, dos PAS y tres estudiantes graduados, estando formado el actual equipo de dirección por el Profesor Rafael Jiménez Medina (Director del Departamento) y por el Dr. Roberto de la Herrán Moreno (Secretario del Departamento).

Este centro es el responsable de la coordinación del Máster Oficial en Genética y Evolución, que se imparte de forma conjunta por las Universidades de Granada y Almería, con la participación de profesores de diferentes Centros del CSIC en Granada. Además, sus profesores están implicados en la docencia de los Másteres Universitarios en Avances en Biología Agraria y Acuicultura y en Conservación, Gestión y Restauración de la Biodiversidad, entre otros.

Además, está implicado en 12 asignaturas de estudios de grado. Concretamente: Fundamentos de Genética (1º/Básica), Genética Molecular e Ingeniería Genética (2º/Obligatoria), Genómica (3º/Optativa) (Grado en Bioquímica), Genética de la Conservación y Medio Ambiente (4º/Optativa) (Grado en Ciencias Ambientales), Genética (2º/Básica), Ingeniería Genética (3º/Obligatoria) (Grado en Biotecnología), Biología Evolutiva (1º/Básica), Desarrollo Conceptual de la Biología (1º/Obligatoria), Genética Humana (4º/Optativa), Genómica e Ingeniería Genética (4º/Optativa), Genética I: de los genes a las poblaciones (2º/Obligatoria), Genética II: de la secuencia a la función (2º/Obligatoria) (Grado en Biología). El proyecto docente que se expone en esta memoria se centrará fundamentalmente en el desarrollo de estas dos últimas asignaturas, a partir de ahora, Genética I y Genética II.

Para una información actualizada y más detallada, por favor visite <http://genetica.ugr.es>

6.3.- Fichas Técnicas de la Asignaturas

Datos Básicos de las Asignaturas

NOMBRE: Genética I

Curso: 2º

Semestre: 1º

Créditos: 6

Tipo de Asignatura: Obligatoria

Departamento responsable: Genética

Grado en el que se imparte: Grado en Biología

Horario: Mañana/Tarde según grupo.

Aula: Según grupo.

Requisitos: Ninguno.

NOMBRE: Genética II

Curso: 2º

Semestre: 2º

Créditos: 6

Tipo de Asignatura: Obligatoria

Departamento responsable: Genética

Grado en el que se imparte: Grado en Biología

Horario: Mañana/Tarde según grupo.

Aula: Según grupo.

Requisitos: Ninguno.

Objetivos generales

- Adquisición de los conceptos básicos y procedimientos propios de la Genética
- Conocimiento de las técnicas de análisis genético (tanto moleculares como clásicas)
- Desarrollo de la capacidad de resolución de problemas genéticos
- Desarrollo de destrezas prácticas en la metodología propia de la disciplina
- Capacidad de diseño de experimentos genéticos
- Adquisición de la capacidad de análisis, interpretación, valoración, discusión y comunicación de los datos procedentes de los experimentos genéticos
- Manejo correcto del instrumental habitual en un laboratorio de genética
- Experiencia en la aplicación de métodos estadísticos en el análisis de datos genéticos
- Manejo de programas informáticos de análisis de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas
- Manejo de fuentes de información científica (bases de datos bibliográficas en ciencia), capacidad de análisis crítico de la información, de síntesis y para comunicar esta

- Capacidad para aplicar los conocimientos adquiridos al desarrollo futuro de actividades profesionales en el ámbito de la Genética.
- Conocimiento de los aspectos sociales de esta ciencia. Capacidad para valorar el alcance social de algunos aspectos de la investigación en Genética
- Adquisición de un espíritu crítico en la línea del método científico
- Capacidad de autoaprendizaje
- Capacidad de trabajo en grupo
- Habilidades de comunicación y discusión pública

Competencias

- Realizar análisis genéticos
- Asesoramiento genético
- Realizar análisis filogenéticos
- Identificar y analizar material de origen biológico y sus anomalías
- Tipos y niveles de organización
- Bases genéticas de la biodiversidad
- Replicación, transcripción, traducción y modificación del material genético
- Calcular los riesgos enfocados al asesoramiento genético
- Manipular el material genético
- Interpretar los mecanismos de la herencia
- Interpretar los mecanismos y modelos evolutivos
- Caracterizar las bases genéticas que pueden emplearse como marcadores de la biodiversidad

6.4.- Contenidos

Programa de la asignatura Genética I

Los contenidos de Genética I pueden dividirse en contenidos teóricos y prácticos. Se detallan a continuación:

Programa Teórico

El programa teórico se divide en ocho unidades temáticas.

TEMA 1. ANÁLISIS GENÉTICO MENDELIANO.

El método de análisis genético mendeliano. Principio de la segregación. Principio de la transmisión independiente. Árboles genealógicos. Cálculo de probabilidades. Comprobación estadística de las segregaciones: test de la χ^2 .

TEMA 2. BASE CROMOSÓMICA DE LA HERENCIA.

Genes y cromosomas. Mitosis y Meiosis. Significado genético de la mitosis y de la meiosis.

TEMA 3. BASES MOLECULARES DE LA HERENCIA.

Naturaleza, estructura y organización espacial del material hereditario. Replicación del material hereditario.

TEMA 4. EXTENSIONES Y MODIFICACIONES DEL MENDELISMO.

Genes en cromosomas sexuales. Variaciones en las relaciones de dominancia. Alelismo múltiple. Genes letales. Pleiotropía. Interacción génica y epistasia. Prueba de alelismo: complementación. Penetrancia y expresividad. Características influidas o limitadas por el sexo. Interacción entre genes y ambiente. Herencia citoplásmica. Efecto materno.

TEMA 5. LIGAMIENTO Y RECOMBINACIÓN. MAPAS GENÉTICOS.

Ligamiento. Recombinación. Frecuencia de recombinación y su significado. Distancias de mapa. Mapas genéticos: mapas de dos y tres puntos. Interferencia y coeficiente de coincidencia. Recombinación somática. Mecanismo molecular de la recombinación homóloga

TEMA 6. HERENCIA DE CARACTERES CON VARIACIÓN CONTINUA.

Caracteres cuantitativos y variación continua. Base mendeliana de la variación continua. Componentes genético y ambiental de la varianza fenotípica. Número de genes que controlan un carácter cuantitativo. Heredabilidad. Selección artificial.

TEMA 7. GENÉTICA DE POBLACIONES.

Poblaciones mendelianas y acervo génico. Frecuencias alélicas y genotípicas. Equilibrio Hardy-Weinberg. Endogamia. Mecanismos de cambio evolutivo: mutación, migración, selección natural, deriva genética.

TEMA 8. GENÉTICA EVOLUTIVA.

Microevolución y macroevolución. Formación de especies. Evolución molecular. Evolución morfológica. Teorías evolutivas.

Programa Práctico

El programa práctico incluye prácticas de laboratorio y simulación (computación) y sesiones prácticas de resolución de problemas. Estas tareas serán integradas cronológicamente en el programa teórico de la asignatura.

Práctica 1. Estudio de la mitosis y la meiosis. Observación y análisis microscópico de las distintas fases de la mitosis y meiosis y discusión sobre su significado genético.

Prácticas 2 a 4. Resolución de problemas de Genética mendeliana. Seminarios en los que se ponen en práctica los conocimientos adquiridos en las clases teóricas mediante la resolución de problemas y casos prácticos de herencia mendeliana.

Prácticas 5 a 6. Resolución de problemas de extensiones del mendelismo. Seminarios en los que se ponen en práctica los conocimientos adquiridos en las clases teóricas mediante la resolución de problemas y casos prácticos de alelismo múltiple, relaciones de dominancia entre alelos de un gen, genes letales, interacción génica y epistasia, así como los cambios que provocan todos estos fenómenos en las proporciones fenotípicas esperadas en los cruzamientos genéticos. Asimismo, se pretende que los alumnos adquieran la habilidad para saber utilizar la prueba de complementación.

Prácticas 7 a 8. Resolución de problemas de mapas genéticos, cálculo del coeficiente de coincidencia y de la interferencia. Seminarios en los que se ponen

en práctica los conocimientos adquiridos en las clases teóricas mediante la resolución de problemas y casos prácticos de mapas genéticos

Práctica 9. Simulación en ordenador. Análisis de los principios mendelianos de la herencia y sus extensiones. Se realizarán cruzamientos simulados en los que se analicen los principios mendelianos de la herencia y sus extensiones.

Práctica 10. Simulación en ordenador. Estima del número de loci en que difieren dos líneas puras. Cálculos del valor de heredabilidad bajo diferentes supuestos.

Prácticas 11. Resolución de problemas de Genética de caracteres con variación continua y de cálculo de heredabilidad por diferentes procedimientos. Seminarios en los que se ponen en práctica los conocimientos adquiridos en las clases teóricas mediante la resolución de problemas y casos prácticos de Genética cuantitativa.

Prácticas 12. Resolución de problemas de Genética de poblaciones. Seminarios en los que se ponen en práctica los conocimientos adquiridos en las clases teóricas mediante la resolución de problemas y casos prácticos de Genética de poblaciones.

Programa de la asignatura Genética II

Los contenidos de Genética II pueden dividirse en contenidos teóricos y prácticos. Se detallan a continuación:

Programa Teórico

El programa teórico se divide en siete unidades temáticas.

TEMA 1. INGENIERÍA GENÉTICA.

Técnicas básicas de análisis molecular y sus aplicaciones. Mapas de restricción. Clonación de ADN. PCR. Polimorfismos moleculares. Organismos transgénicos. Terapia génica.

TEMA 2. GENÓMICA.

Concepto. Estrategias de secuenciación y anotación de genomas. Bioinformática. Genómica estructural, funcional y comparada. Transcriptoma. Proteoma.

TEMA 3. EXPRESIÓN GÉNICA.

Relación entre genes y proteínas. Transcripción. Intrones y exones. Maduración del ARN. Autoprosesamiento. Edición de ARN. Código genético. Traducción.

TEMA 4. REGULACIÓN DE LA EXPRESIÓN GÉNICA.

Epigenética. Control transcripcional, post-transcripcional, traduccional y post-traduccional de la expresión génica.

TEMA 5. GENÉTICA DEL DESARROLLO, CICLO CELULAR Y CÁNCER.

Desarrollo, determinación y diferenciación. Programación espacio-temporal de la expresión de genes del desarrollo. Genes que controlan el desarrollo: modelos de estudio. Determinación y diferenciación sexual. Control del ciclo celular y muerte celular programada. Genética del cáncer.

TEMA 6. MUTACIÓN, REPARACIÓN Y TRANSPOSICIÓN.

Concepto de mutación. Tipos de mutaciones. Causas y consecuencias de la mutación. Tasa de mutación. Reversión. Supresión. Mutación y reparación. Transposición y efectos de la transposición.

TEMA 7. ALTERACIONES CROMOSÓMICAS.

Deleción. Duplicación. Inversión. Translocación. Aneuploidía. Poliploidía

Programa Práctico

El programa práctico incluye prácticas de laboratorio y simulación (computación) y sesiones prácticas de resolución de problemas. Estas tareas serán integradas cronológicamente en el programa teórico de la asignatura.

Práctica 1. Utilidad del uso de la PCR en diagnóstico genético. Detección de parásitos que infectan a moluscos mediante la técnica de PCR. Se analizarán muestras de diferentes poblaciones de almejas con el fin de detectar la presencia del parásito e identificar los individuos afectados.

Práctica 2. Clonación de ADN. Aislamiento de secuencias específicas de ADN mediante la técnica de PCR y clonación en vector tipo TA.

Prácticas 3 a 4. Resolución de problemas de Genética molecular. Seminarios en los que se ponen en práctica los conocimientos adquiridos en las clases teóricas mediante la resolución de problemas y casos prácticos de herencia mendeliana

Práctica 5. Análisis bioinformático I. Bases de datos de secuencias de ADN y proteínas. Búsqueda de secuencias homólogas. Los algoritmos FASTA y BLAST.

Práctica 6. Análisis bioinformático II. Genómica funcional. Búsqueda de ORFs en una secuencia. Predicción computacional de genes. Predicción de islas CpG. Predicción de promotores.

Práctica 7. Análisis bioinformático III. Alineamiento múltiple de secuencias de ADN y análisis filogenético.

Práctica 8. Análisis computacional de expresión génica diferencial. Análisis funcional de una lista de genes.

Práctica 9. Estudio de genes implicados en la determinación y diferenciación sexual de mamíferos. Detección del gen Sry de ratón: mediante la técnica de PCR se detectará la presencia diferencial de este gen en machos frente a hembras de ratón. Expresión diferencial del gen Sox9 en gónadas masculinas y femeninas de ratón: mediante observación de preparaciones de inmunohistoquímica para SOX9.

Práctica 10. Estudio de expresión génica mediante RT-PCR. Purificación de ARN para un estudio de expresión génica diferencial entre tejidos mediante la aplicación de la técnica de RT-PCR.

6.5.- Material Bibliográfico

Bibliografía fundamental:

- Pierce, B.A. 2009. Genética. Un enfoque conceptual. 3ª. Edición. Editorial Médica Panamericana.

Bibliografía complementaria:

- Klug, W.S., M.R. Cummings & Spencer, CA. 2006. Conceptos de Genética. 8ª Edición. Pearson Educación.
- Griffiths, A.J.F, S.R. Wessler, R.C. Lewontin & S.B. Carroll. 2008. Genética. 9ª Edición. McGraw-Hill/Interamericana.
- Lewin, B. 2008. Genes IX. McGraw-Hill/Interamericana.

Bibliografía complementaria para resolución de problemas:

- Benito Jiménez, C. 1997. 360 Problemas de Genética resueltos paso a paso. Editorial Síntesis.
- Jiménez Sánchez, A. 1997. Problemas de Genética para un curso general. Universidad de Extremadura. España.
- Ménsua, J.L. 2003. Genética, problemas y ejercicios resueltos. Pearson/Prentice Hall.
- Stanfield, W .D. 1992. Teoría y Problemas de Genética. 3ª Edición. McGraw-Hill. México.

Enlaces recomendados:

- Biblioteca de la Universidad de Granada: <http://www.ugr.es/~biblio/> (acceso a Revistas electrónicas y Bases de datos diferentes –entre ellas: Medline y Current Contents-).
- Sociedad Española de Genética (SEG): <http://www.segenetica.es/>
- Herencia mendeliana en el hombre (OMIM): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=omim>
- GeneCards: <http://www.genecards.org/>
- National Center for Biotechnology Information (NCBI): <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>
- Bases de datos del NCBI: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/index.html>
- PubMed: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=PubMed>
- Medline: <http://medlineplus.nlm.nih.gov/medlineplus/>
- Centro Nacional de Biotecnología (CNB): <http://www.cnb.uam.es>
- Instituto Europeo de Bioinformática (EBI): <http://www.ebi.ac.uk>
- The Institute for Genome Research: <http://www.jcvi.org/>
- Science On-Line: <http://www.sciencemag.org>
- Nature On-Line: <http://www.nature.com>

6.6.- Metodología Docente

El sistema educativo actual es heredero de la Ilustración y la revolución científica, que crearon un modelo basado en la economía industrial y la producción. Este modelo, que ha perdurado e imperado hasta nuestros días, ha quedado obsoleto frente a los cambios económico-sociales acaecidos en los últimos dos siglos y medio. No sólo ha cambiado qué enseñamos sino cómo lo hacemos. Nuestros alumnos de hoy día eligen el momento y la forma en que reciben la información, utilizando las más variadas herramientas audiovisuales para ello. Aunque esto no es sinónimo de calidad en la mayoría de las ocasiones, sí nos indica cuáles son las vías imperantes a través de las cuales se adquiere ahora el conocimiento. Es por ello que estamos llamados a dar respuesta a los nuevos retos que la sociedad de la comunicación nos plantea. No en vano, existen iniciativas a nivel mundial para transformar los distintos sistemas educativos, elaborando itinerarios formativos basados en competencias. Sin embargo, el saber enciclopédico sigue instaurado en nuestros centros educativos, por lo que se hace necesario adaptar los procesos de enseñanza, el modelo pedagógico y revisar el paradigma de la clase magistral.

Conseguir un aprendizaje duradero y significativo en nuestros alumnos lleva al desarrollo de métodos de aprendizaje en los que los alumnos tengan un papel mucho más activo. La aventura del conocimiento hoy se emprende con una suerte de fórmula maestra compuesta de creatividad, motivación, acción y juego. Las emociones son fundamentales a la hora de adquirir nuevos conocimientos, aprendemos emocionándonos. Por ello, en el presente proyecto docente se pretende fomentar el trabajo autónomo por parte del alumno, convirtiéndose el docente en un mediador para la adquisición de conocimiento. Manteniendo la raíz común de una metodología basada en las sensaciones, he dividido esta experiencia formativa en tres niveles, que de menor a mayor complejidad son: unas guías docentes de trabajo autónomo, el uso de las TICs para la virtualización de las clases y el desarrollo de prácticas de laboratorio. La práctica docente seguirá una metodología mixta, que combinará teoría y práctica, para lograr un aprendizaje basado en la adquisición de competencias y que sea cooperativo y colaborativo. Las actividades formativas concretas comprenderán:

Trabajo autónomo del alumno: el trabajo autónomo no presencial del estudiante incluye la preparación de las sesiones de discusión a través de la visualización de vídeos y la respuesta a las actividades propuestas, la elaboración de informes de prácticas de laboratorio y la búsqueda de imágenes relevantes en el campo de la Genética. Las actividades propuestas, centralizadas en la plataforma virtual *Moodle*, se resumen en los siguientes puntos:

- *Cuaderno de bitácora*: de consulta periódica para seguir el desarrollo de la asignatura y recibir documentación, materiales o encargos a preparar en las próximas sesiones presenciales. El sistema manda un correo electrónico a todos los alumnos cada vez que se produce una publicación en esta sección.
- *Guiones de trabajo autónomo*: una parte muy importante de la asignatura es la realización por parte del alumno de las actividades propuestas en los Guiones de Trabajo Autónomo que se facilitan en los **Anexos** de este proyecto docente. Será necesaria una lectura detallada de estos documentos y la resolución de las cuestiones planteadas. Se pretende que a través del uso combinado de estos guiones, las clases prácticas y teóricas y el estudio individual, se llegue a un nivel de conocimiento adecuado de la materia. Las actividades propuestas en dichos guiones serán presentadas en forma y tiempo establecidos durante el curso. El profesor remitirá los pertinentes comentarios y correcciones a los alumnos. Estos guiones serán evaluados como trabajos de clase.
- *Visualización de vídeos*: para la comprensión de los conceptos básicos. Las TIC permiten crear y compartir contenido multimedia de calidad, interaccionar con otros usuarios, al tiempo que nos ofrecen herramientas de evaluación y seguimiento impensables hasta hace unos años. Además, el correcto uso de las mismas permite implicar al alumno en su aprendizaje, haciendo de la educación un proceso más participativo y orientado a fomentar las potencialidades personales acercándonos a los intereses de los alumnos. Pero, sobre todo, las TIC permiten vencer restricciones espacio-temporales, por lo que el acceso universal a la educación, la igualdad de posibilidades formativas y el aprendizaje de calidad son realidades cada vez más tangibles.

Para poner todo ello en práctica, he producido varios vídeos de corta duración en los que, usando una pizarra, unos imanes de colores y unos gráficos, se explican los rudimentos de cada uno de los temas de la asignatura. Estos vídeos están disponibles de forma libre, para que cualquiera pueda acceder a ellos tantas veces como quiera contando únicamente con un dispositivo multimedia con conexión a internet (móvil, tableta, PC). La última parte de los mismos, plantea una serie de incógnitas que los alumnos tendrán que resolver en casa para posteriormente discutir los resultados durante las clases presenciales.

Se pretende que el alumno visualice los vídeos y resuelva las actividades autónomamente en casa, dejando tiempo libre de las horas lectivas para resolver dudas y realizar actividades prácticas.

- *Elaboración de informes:* en relación a las sesiones prácticas y de las actividades que se propongan en el aula.
- *Galería de imágenes:* subir a la galería una imagen relacionada con cada tema. Hacer comentarios oportunos en la propia imagen y en las de compañeros que promuevan el debate y el pensamiento crítico.
- *Estudio:* para la preparación de las distintas pruebas.

Sesiones prácticas: estas sesiones incluyen clases de resolución de problemas, simulaciones por ordenador (laboratorio virtual de computación) y prácticas de laboratorio (laboratorio de Citogenética). La ordenación de estas prácticas corresponde a la coordinación de la asignatura y los horarios y aulas asignados por la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada. El peso de estas actividades equivale a dos horas semanales (50% de la carga total de la asignatura). Además, mi propuesta docente propone sustituir parte de las lecciones magistrales presenciales por sesiones prácticas en las que se realizarán cruzamientos experimentales con mutantes de la mosca de la fruta, *Drosophila melanogaster* (ver **Anexos**). En total, este apartado prevé la inversión aproximada del 60% del tiempo dedicado a la asignatura. Las actividades se concretan en:

- *Trabajo en el laboratorio:* cruzamientos experimentales de mutantes de *Drosophila melanogaster*, mitosis y meiosis.
- *Trabajo en el aula:* resolución de problemas y casos prácticos.

Sesiones de discusión: en estas sesiones se expondrán claramente los objetivos principales del tema y desarrollarán en detalle los contenidos necesarios para una correcta comprensión de los conocimientos. Se realizarán dos tipos de sesiones: A) Lección magistral en las unidades temáticas que lo requieran, en la que se presentan los contenidos del tema, se suscitan cuestiones para debate y se proponen diferentes actividades de aprendizaje, y B) Presentación de informes y sesiones de discusión en las que se establecen debates para profundizar en la comprensión de los contenidos del tema y se discuten los ejercicios y trabajos

propuestos como actividad individual. El peso de estas actividades equivale a un 40% de las sesiones teóricas presenciales.

Tutorías: Las tutorías presenciales tendrán lugar en el Despacho 16 del Departamento de Genética, sito en la 3ª planta del Edificio de Biología de la Facultad de Ciencias. El profesor atenderá personalmente a los alumnos para orientarlos y resolver las dudas que éstos le planteen, haciendo hincapié en su aprendizaje, generando en todo momento confianza y entusiasmo. Además el profesor les atenderá virtualmente a través de la plataforma *Moodle* que se incluye en aula virtual de la Universidad de Granada, Prado2. Al formalizar la matrícula, el alumno es dado de alta automáticamente en dicho sistema. Entre sus cursos encontrará el correspondiente a esta asignatura. Se recomienda complementar de la forma más detallada posible su ficha personal, incluyendo una fotografía reciente y facilitar un correo electrónico de uso habitual, ya que será éste un medio de comunicación importante. La Universidad de Granada oferta un correo electrónico gratuito para todos sus estudiantes.

Además, este sistema permitirá al profesor colgar por temas el material didáctico que crea oportuno: presentaciones de cada tema, las guías didácticas, galerías fotográficas, actividades y otros enlaces de interés. Así mismo, se abrirán foros de debate para cada tema en los que se puedan expresar dudas, opiniones y sugerencias.

6.7.- Evaluación

El sistema prevé dos tipos de evaluación:

6.7.1.- Evaluación continua

La valoración del nivel de adquisición por parte de los estudiantes de las competencias generales y específicas se llevará a cabo de manera continua a lo largo de todo el periodo académico mediante los siguientes procedimientos:

-Examen teórico de conocimientos, en el que se evaluará tanto la asimilación como la expresión de los conocimientos adquiridos. [*Constituye el 50% de la calificación final*].

-Examen de resolución de problemas, prácticas de laboratorio y de simulación, en el que se evaluará la puesta en práctica de los conocimientos adquiridos. *[Constituye el 30% de la calificación final].*

- **Realización de trabajos tutelados,** cuya estructura se concretará entre los alumnos y el profesor. *[Constituye el 10% de la calificación final].*

Para calificar este apartado yo utilizo la galería de imágenes que los alumnos generan de cada tema, incluyendo las interacciones generadas en el foro de discusión de las mismas y los informes que los estudiantes deben elaborar sobre los cruzamientos de mutantes de *Drosophila* (ver **Anexos**).

-Realización de actividades de clase, mediante las cuales se evaluarán las tareas que los estudiantes realicen durante el curso, tanto de carácter individual como en grupo. *[Constituye el 10% de la calificación final].*

Este apartado se concreta en mi práctica docente en pruebas tipo test de respuesta múltiple que se realizan al finalizar cada tema. Esto permite que los alumnos repasen los conceptos fundamentales después de cada tema y puedan resolver las dudas que tengan antes de comenzar a trabajar temas sucesivos (ver **Anexos**).

Nota: obviamente, las actividades recogidas en los dos últimos apartados (*trabajos tutelados y actividades de clase*) requieren un esfuerzo que, en muchas ocasiones y de forma totalmente justificada, el alumno no considera bien recompensado (sólo puede obtener como máximo un 20% de la nota final). Es por ello, que la tendencia natural del proceso es ir reduciendo el peso en la nota final de las pruebas escritas en beneficio de estas actividades más interactivas y participativas, que además requieren de la aplicación de más variadas destrezas y resultan en un aprendizaje más completo.

Convocatoria de junio: los alumnos deben obtener un mínimo de 50 puntos sobre 100, siendo obligatorio obtener un mínimo de 25 puntos sobre 50 en el examen teórico y un mínimo de 15 puntos sobre 30 en el examen práctico.

Convocatoria extraordinaria de septiembre: aquellos alumnos que no consigan los 50 puntos deberán hacer el examen extraordinario de septiembre. Para esta convocatoria únicamente se conservan los puntos correspondientes al trabajo tutelado y a las actividades de clase. Al igual que en la convocatoria de junio, la asignatura se superará al obtener un mínimo de 50 puntos sobre 100 en la nota final y es obligatorio obtener un mínimo de 25 puntos sobre 50 en el examen teórico y un mínimo de 15 puntos sobre 30 en el examen práctico.

6.7.2.- Evaluación única final

Se realizará un examen único a aquellos alumnos que, mediante una solicitud a la Dirección del Departamento, justifiquen debidamente las razones por las que no pueden seguir la evaluación continua y, en cualquier caso, cumpliendo la normativa de evaluación de la Universidad de Granada. El examen estará compuesto por preguntas de teoría (temario propuesto; 70% de la nota), de problemas (guía de problemas; 20% de la nota) y de prácticas (guía de prácticas; 10% de la nota). Los alumnos deben obtener un mínimo de 50 puntos sobre 100 tanto en la convocatoria de junio como de septiembre.

6.8.- Cronograma

	S-1	S-2	S-3	S-4	S-5	S-6	S-7	S-8	S-9	S-10	S-11	S-12	S-13	S-14	S-15
Laboratorio															
Informes															
Trabajo autónomo															
Clase magistral															
Evaluación															
Sesiones prácticas															

(*) Las sesiones de laboratorio I, II y III (ver **Anexos**) se indican con distintos colores.

6.9.- Sistemas internos de control

Desde 2011, soy miembro de la Red de Evaluación Formativa y Compartida en Educación Superior (REFYCES) fundada en septiembre de 2005. Según sus estatutos, su *finalidad es la innovación en docencia universitaria, a través del desarrollo de ciclos de investigación-acción*. La pertenencia a la misma requiere el compromiso de cada miembro de llevar a cabo una experiencia de innovación docente relacionada con la evaluación y plasmarla en un informe que se ajuste a un modelo común estructurado y validado.

Siguiendo las actuaciones de dicha red, al inicio y al final del curso se pasará una encuesta anónima a los alumnos sobre la autopercepción de su conocimiento, así como una encuesta final específica sobre una experiencia docente innovadora concreta con el objeto de poder evaluar el grado de aprovechamiento de la misma y el aprendizaje por parte del alumno, la adquisición de competencias y la

capacidad de aplicación práctica de esos conocimientos, así como la valoración de la metodología empleada por el docente.

6.10.- Problemas encontrados:

Existen tres grandes escollos que dificultan la total implantación de este sistema. Por un lado, el excesivo número de alumnos que constituyen los grupos dificulta, sobre todo, la organización de sesiones prácticas en el laboratorio (que cuenta con un máximo de 15-20 puestos de trabajo), así como la fluidez de las sesiones de discusión y resolución de dudas. Por otro lado, la carga docente del profesor es excesiva, lo que redundaría en problemas para preparar correctamente actividades formativas que promuevan un aprendizaje activo por parte del alumnado. Finalmente y, según mi punto de vista, el aspecto que más lastra la implantación de este sistema docente es el sistema de evaluación. El Departamento de Genética, como es la tendencia global en nuestra universidad, ha decidido dar un peso correspondiente al 20% con respecto a la nota final a las actividades que el alumno debe realizar de forma más autónoma, mientras que el 80% restante recae en el examen escrito (compuesto por dos partes, una teórica y otra de resolución de problemas tipo). Este sistema promueve el aprendizaje memorístico en lugar del aprendizaje significativo. Es decir, un aprendizaje superficial en lugar de un aprendizaje profundo. Sólo desplazando los pesos de los distintos ítems de forma progresiva hacia una mayor valoración de los aspectos prácticos conseguiremos cambiar la tendencia excesivamente enciclopédica de la educación actual.

Nota: en relación a este tema, estos días la Universidad de Granada está elaborando una normativa que impide que el peso de los exámenes escritos exceda el 70% de la calificación final.

6.11.- Enseñanzas de algunos proyectos fallidos o no tanto

En este apartado he querido dar cabida a algunas experiencias docentes que durante estos años he puesto en práctica solo o con otros compañeros. Por uno u otro motivo fueron abandonadas totalmente o refinadas y convertidas en otra experiencia docente mejorada. En cualquier caso, he aprendido mucho de ellas y era justo que estuvieran en esta memoria. Por orden cronológico éstas fueron:

6.11.1.- Programa de mínimos

Es frecuente encontrar que los alumnos tienen dificultad para identificar las partes más importantes del temario. Pusimos en marcha esta iniciativa para hacer énfasis en los conceptos que consideramos importantes y que permiten que un estudiante domine y supere la materia.

Objetivos de la experiencia:

Establecer de manera clara qué conceptos son básicos para la comprensión de cada una de las unidades temáticas del temario.

Asignatura en la que se implantó:

Genética (Licenciatura de Biología).

Descripción:

Se establece un programa de mínimos para cada unidad temática, que consiste en una serie de conceptos fundamentales para dominar la materia en cuestión. Se le proporciona al estudiante una lista de conceptos mínimos para cada tema. El examen se estructura de tal forma que contenga 50% de preguntas sobre esos conceptos mínimos. Si no se supera dicha parte, el examen se da por suspenso.

Fortalezas:

- El estudiante es consciente de los puntos más importantes de cada tema.
- El examen es previsible.
- Permite obtener buenas calificaciones.

Debilidades:

- El comportamiento del estudiante es imprevisible (realiza brillantemente casi todo el examen exceptuando alguna pregunta de mínimos).
- No es un sistema totalmente justo ya que penaliza mucho algunos fallos.

Posibles soluciones:

- Destinar el programa de mínimos para actividades concretas que no tengan tanto peso en la calificación final.

6.11.2.- Redacción de un informe para consulta de consejo genético (aprendizaje cooperativo)

El aprendizaje cooperativo es una estrategia que persigue la adquisición de conocimientos de forma colectiva y participativa. Se caracteriza por la heterogeneidad de los grupos (con niveles de conocimiento diversos), por la asignación de roles distintos a cada alumno (adecuados a distintos tipos de aprendizaje) y el aprendizaje activo a través de la práctica y la interacción entre iguales.

Objetivos de la experiencia:

Los alumnos deben dar respuesta a una serie de interrogantes relacionados con la mutación, concepto teórico de gran relevancia en el área de Genética, que ocupa dos temas de la asignatura Genética II. Al finalizar la actividad, serán capaces de identificar el tipo de mutaciones génicas, mutaciones cromosómicas estructurales y numéricas, así como las principales técnicas de diagnóstico molecular utilizadas en un laboratorio de diagnóstico genético.

Asignatura en la que se implantó:

Genética II (Grado en Biología).

Descripción:

Se propone un caso práctico de consejo genético relacionado con dos de las unidades del temario de la asignatura (ver **Anexos**). Los alumnos deben presentar un seminario en el que expongan cómo darían solución al problema planteado. Para ello, establecemos grupos formales de cuatro miembros. Para la constitución de dichos grupos consideramos la calificación obtenida en la asignatura Genética I, cursada en el primer semestre y que contiene los conceptos básicos para cursar la asignatura Genética II. Haremos grupos mixtos con estudiantes con calificaciones distintas. A cada alumno se le asigna un rol determinado y complementario al resto de sus compañeros. La evaluación consta, entonces, de (1) Presentación de trabajo individual sobre la parte

asignada, (2) Presentación de una memoria conjunta y (3) Exposición por parte del equipo del trabajo realizado.

Fortalezas:

- Se trabaja la capacidad de analizar un caso práctico relacionado con la Genética y de exponer y discutir posibles soluciones.
- Se fomenta la búsqueda de bibliografía y la capacidad de extracción de la información relevante.
- Capacidad de síntesis, estructuración y asimilación de contenidos.
- Trabajo en equipo y aprendizaje por pares, en el que no todos realizan todas las actividades; se reparten las tareas y se aprovecha el trabajo del compañero para aprender conceptos que no se han trabajado directamente.

Debilidades:

- Se evalúan capacidades que no corresponden a las competencias de la asignatura, como la de saber distinguir los síntomas de un paciente con una dolencia de origen genético.
- En la mayoría de casos, los alumnos del curso donde llevé a cabo esta actividad terminaron acudiendo a tutoría con otros profesores de la asignatura para resolver el problema planteado.
- Hay alumnos que no hacen su parte del trabajo, por lo que los más interesados en obtener buenas calificaciones hacen trabajo extra.

Posibles soluciones:

- Cambiar la forma de evaluación, de tal forma que se valore el trabajo individual realizado por cada uno de los integrantes del equipo.
- Dar algunas directrices para que el estudiante se sienta capaz de resolver el problema por sí mismo. Por ejemplo, dar indicaciones de dónde encontrar bibliografía relacionada con el tema.

El material práctico real empleado para esta experiencia se puede ver en el apartado de **Anexos**.

Publicaciones

La experiencia, tal como aparece en esta memoria, se publicó en:

Navajas-Pérez R, Robles F. (2012). **Resolución de un caso práctico de Consejo Genético mediante una actividad de Aprendizaje Cooperativo**. VII Congreso Internacional de Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. Vic, España.

Navajas-Pérez R. (2011). **Propuesta de Evaluación de Seminarios para la Resolución de Casos Prácticos en el Área de Genética**. VI Congreso Internacional de Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. Huesca, España.

6.11.3.- Aprendizaje autónomo versus aprendizaje colaborativo: elaboración de glosarios wiki en el área de Genética

Los wikis son herramientas de elaboración de textos de forma colaborativa a través de internet. Gracias a ellos, los usuarios (de forma individual o en grupo) pueden crear, modificar y compartir materiales escritos. Se popularizaron gracias a *Wikipedia* pero en la actualidad se usan, también, en distintos campos, como la educación. Algunas de las ventajas del uso de wikis como recurso educativo son:

- Permite el aprendizaje por proyectos.
- Estimula la motivación e implicación de los estudiantes en actividades que requieren proceso de búsqueda, análisis y reconstrucción del conocimiento.
- Posibilita al profesor la supervisión del proceso de elaboración del documento final de cada proyecto. Esta herramienta permite verificar las aportaciones individuales de cada alumno y el historial de modificaciones de los proyectos a lo largo de todo el proceso.
- Posibilitan la publicación y difusión en internet de los trabajos realizados por un grupo de alumnos.
- Todos los contenidos son editados bajo una licencia *Creative Commons*.
- Favorecen la interacción entre alumnos y con el profesor.
- Fomenta la solidaridad entre grupos de trabajo distintos.

Objetivos de la experiencia:

Creación de un wiki para promover tanto el aprendizaje autónomo como colaborativo online para la fijación y profundización de los contenidos tratados en la asignatura. Crear material *online* para el estudio de la asignatura.

Asignatura en la que se implantó:

Genética II (Grado en Biología).

Descripción:

Se crean tantos equipos de trabajo como temas tenga el temario de la asignatura. Por orden alfabético se reparten los alumnos a los distintos equipos y a cada equipo se le asigna un proyecto. Todos los alumnos pueden ver los trabajos que vayan realizando el resto de los equipos, pero sólo los integrantes de un equipo pueden modificar y editar las páginas del proyecto que se les ha asignado. Cada uno hará las aportaciones que crea oportunas para llevar a cabo, de la mejor manera posible, las tareas asignadas por lo que se recomienda la división autónoma del trabajo.

La nota máxima que se puede obtener es un punto sobre la nota final. La calificación estará en función de la aportación individual de cada uno de los miembros del equipo.

Los proyectos incluyen dos actividades:

Glosario de Términos.

El profesor propone una lista de términos importantes para cada tema. Los integrantes de cada equipo tienen que definir de forma breve y concisa cada uno de los términos, de tal forma que a final de curso haya un glosario con los conceptos más relevantes de cada tema.

Una pregunta del examen será de definiciones cortas, así que este trabajo sirve como complemento a los apuntes de clase y el resto de material disponible en *Moodle*.

Científicos Influyentes.

La ciencia está hecha por y para personas. Las investigaciones se construyen a base del esfuerzo de los investigadores. Algunos de ellos han alcanzado tal relevancia en su campo, que es necesario conocerlos y reconocerlos. En cada unidad temática se selecciona un científico brillante que haya contribuido a nuestro conocimiento actual de la materia. Los miembros del equipo tendrán que responder a las siguientes cuestiones: realizar una brevísima biografía, destacando los momentos de mayor importancia con respecto al tema tratado, curiosidades. ¿Cuál es la aportación más relevante de este científico? ¿Cuáles han sido las principales aportaciones conceptuales al campo de la Genética de este investigador? ¿Qué aplicaciones potenciales de sus estudios existen?

Una pregunta del examen estará relacionada con uno de los investigadores que estudiemos a lo largo del curso.

Autoría de los Trabajos

Todas las contribuciones tienen que ser originales y de producción propia. En caso de no ser así, han de ser debidamente acreditadas. Para evitar el plagio, un representante por equipo debe mandar el documento final del proyecto a la plataforma antiplagio *Ephorus*, en la dirección <http://student.ephorus.com/>. Se admitirá un máximo de un 5% de similitud no acreditada. Los trabajos que no sean enviados por este sistema no serán calificados.

Fortalezas:

- Fomenta la participación del alumno en su proceso formativo.
- Se trabaja aprendiendo de otros, utilizando su material y compartiendo el nuestro propio.
- Ayuda a fijar conceptos creando contenidos.

Debilidades:

- Aunque el sistema permite un control exhaustivo de la actividad de los usuarios, el curso en que llevé a cabo esta actividad encontré difícil descifrar el grado de participación de cada uno de los integrantes del equipo, ya que, a veces, por ejemplo, editaban todos con la cuenta de una persona.
- Si dos alumnos se encuentran editando el mismo documento al mismo tiempo, sólo se guardan los cambios del último que abandone y guarde la sesión.
- Para evitar el plagio se recurre a traducciones rocambolescas de *Wikipedia* que terminan por tener poco sentido.
- Se centra mucho en aspectos puramente teóricos.

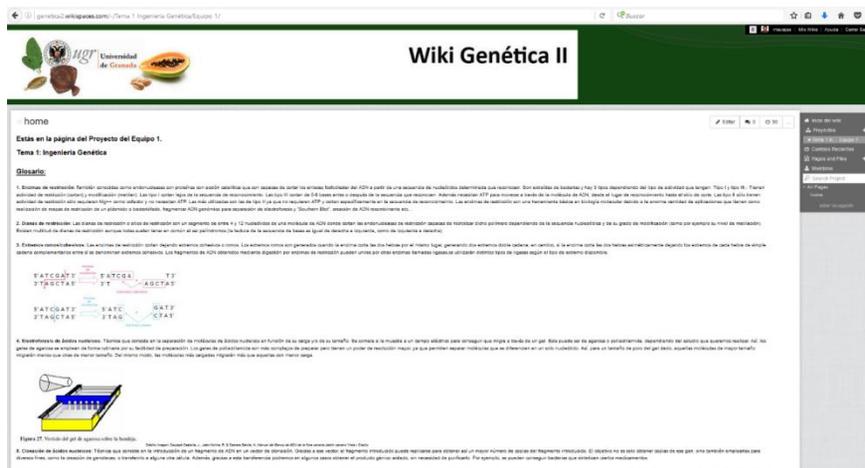
Posibles soluciones:

- Dar una serie de indicaciones aún más precisas de cómo se va a evaluar la tarea, para que no se produzcan problemas a la hora de establecer el grado de participación de cada integrante de los equipos.
- Plantear cuestiones en lugar de meras definiciones de términos.

Publicaciones

La experiencia, tal como aparece en esta memoria, se publicó en:

Navajas-Pérez R, Robles F. (2013). **Aprendizaje autónomo versus aprendizaje colaborativo: elaboración de Glosarios Wiki en el área de Genética**. VIII Congreso Internacional de Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. Segovia, España.



Captura de pantalla de uno de los wikis elaborados por mis alumnos.

6.11.4.- Pruebas tipo test y *patatas calientes* como herramientas adicionales de evaluación

Las pruebas tipo test de respuesta múltiple, aunque son muy usadas para aprendizajes en los que prima la memoria, suponen una herramienta rápida y objetiva (incluso mecanizada) de evaluación.

Una estrategia para los primeros minutos de clase es lanzar una serie de preguntas breves que yo he bautizado como *patatas calientes*. Son una buena herramienta para relacionar conceptos y contextualizar el tema sobre el que vaya a versar la clase.

Objetivos de la experiencia:

Las pruebas tipo test pretenden ser una herramienta rápida y objetiva de evaluación continua. Además, permiten que los alumnos lleven al día la materia y vayan resolviendo dudas durante el proceso de aprendizaje. Las preguntas tipo *patata caliente* pretenden hacer un resumen de la clase anterior, introducir la clase del día en curso y establecer las relaciones entre los conceptos ya adquiridos y los que se van a aprender. Además, estas intervenciones sirven al profesor para hacer redondeos al alza de la calificación final, y sobre todo para decidir las Matrículas de Honor, ya que implica la asistencia activa que tratamos de promover.

Asignatura en la que se implantó:

Genética I (Grado en Biología).

Descripción:

Al final de cada unidad temática se realiza una prueba tipo test de respuesta múltiple de 20 preguntas sobre los aspectos más relevantes vistos en clase (ver **Anexos**). Los alumnos disponen de su nota y de las respuestas correctas al día siguiente de la prueba vía *Moodle*. En la siguiente clase se discuten las dudas, si las hubiera. Al final del curso, se quita la nota más baja de todas las obtenidas por el alumno y se obtiene una nota final para cada uno de ellos, que podrá ser como máximo el 20% de la nota final. Este procedimiento es, también, útil para que aquellos alumnos que no han podido asistir a todas las pruebas tengan el mismo número de calificaciones que sus compañeros.

Al inicio de cada clase el profesor lanza una *patata caliente* o pregunta/s relacionada/s con la explicación del día anterior.

Fortalezas:

Las preguntas tipo test:

- Promueven el estudio continuo de la asignatura.
- Permiten ir resolviendo dudas y detectar carencias durante el proceso y no al final del mismo, cuando ya hay poco margen de maniobra.
- Posibilitan al profesor corregir rápidamente y proporcionar un *feedback* inmediato.
- Son justas y objetivas.

Las preguntas tipo patata caliente:

- Permiten hacer un breve repaso del día anterior e introducir el tema del día en curso.
- Promueven la asistencia activa.

Debilidades:

Las preguntas tipo test:

- La evaluación está sesgada a un tipo concreto de preguntas.

Las preguntas tipo patata caliente:

- Sólo algunos alumnos participan.
- Los menos participativos se refuerzan en su actitud.
- Causa cierto grado de estrés en el aula y se crean tensiones entre los alumnos.

Posibles soluciones:

Para las preguntas tipo test:

- Sustituir parte de las preguntas de respuesta múltiple por preguntas breves o de resolución de problemas.
- Automatizar el proceso, haciendo las pruebas tipo test con las herramientas existentes en *Moodle* o mediante la aplicación *Kahoot* que, además, permite usar materiales multimedia (fotografía y vídeo).

Para las preguntas tipo patata caliente:

- Hacer estas preguntas en los grupos de prácticas, más reducidos.

En los **Anexos** se muestran algunos ejemplos de pruebas tipo test de respuesta múltiple.

Publicaciones

La experiencia, tal como aparece en esta memoria, se publicó en:

Robles F, Navajas-Pérez R. (2014). **Pruebas tipo test y “patatas calientes” como herramientas adicionales de evaluación.** Simposio Internacional de Buenas Prácticas en Evaluación Formativa en Docencia Universitaria. Blanes, España.

6.11.5.- Gruppic: fijando conceptos de Genética a través de la imagen

El uso de imágenes y fotografías es un elemento educativo de gran interés, ya que facilita la comprensión de algunos aspectos, mejora la motivación y fomenta la creatividad. Sin embargo, en educación universitaria la selección de dichos elementos corre a cargo del profesor, por lo que los alumnos no forman parte activa del proceso.

Objetivos de la experiencia:

En este contexto, se propone una experiencia en la que los alumnos deben seleccionar elementos visuales de distinta índole para ejemplificar, explicar o reforzar aspectos de la materia en los que no se haya profundizado suficientemente durante el desarrollo normal de las clases teóricas y prácticas o que le resulten particularmente interesantes. Esta actividad fomenta la creatividad, refuerza conocimientos y permite trabajar la expresión oral.

Asignatura en la que se implantó:

Genética I (Grado en Biología).

Descripción:

Al finalizar cada tema, y dentro del plazo de tiempo acordado en clase, el alumno debe entregar un elemento visual (fotografía, caricatura, imagen, dibujo, etc.), preferentemente realizado por él o en su defecto extraído de cualquier fuente digital, a través de la aplicación para móviles *Gruppic* (<http://www.gruppic.com/>). El elemento visual debe tener relación con los puntos tratados en las clases teórico-prácticas y puede ahondar en aspectos que no hayan sido tratados en profundidad, temas transversales o conceptos importantes del mismo.

El profesor hará una selección por temática y cada dos temas (una vez al mes aproximadamente) dedicará una clase teórica a comentar las imágenes entregadas. En este momento, por turnos, los alumnos tendrán la oportunidad de justificar su elección y demostrar sus conocimientos aplicados en la materia.

Teniendo en cuenta la siguiente rúbrica, previamente confeccionada, el profesor otorgará una calificación máxima a todas las imágenes de un 10% de la nota final.

Alumno	Plazo entrega	Relación con el tema	Relación de conceptos	Novedad	Comentario pie foto
	10%	20%	30%	20%	20%

Fortalezas:

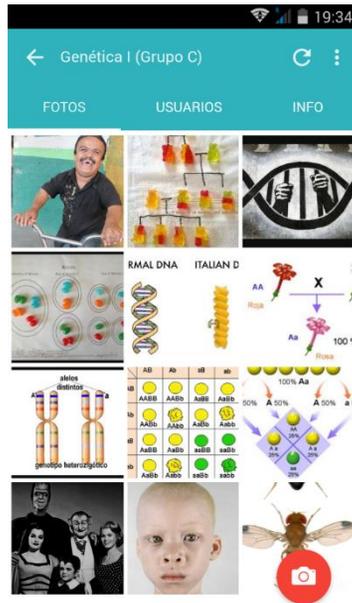
- Fomenta la creatividad.
- Ayuda a comprender la relación de los conceptos teóricos con los prácticos.
- Refuerza el conocimiento adquirido.
- Es divertida.
- No requiere mucho esfuerzo ni conocimientos especiales de fotografía.
- Se puede llevar a cabo con cualquier dispositivo móvil.

Debilidades:

- Requiere que todos los alumnos tengan un dispositivo inteligente, ya que no existe aplicación web para PC de *GruppPic*.
- El curso que utilicé la aplicación, ésta no permitía comentarios. Esta carencia ha sido ya subsanada.
- Atomiza los recursos disponibles para los alumnos, que para estar al día del desarrollo de la asignatura tienen que ingresar en varias plataformas.
- Algunos criterios de evaluación, en cierta medida, basados en criterios subjetivos.

Posibles soluciones:

- Integrar la actividad en la plataforma virtual *Moodle*.
- Poner a disposición de los alumnos una rúbrica para que conozcan los criterios de evaluación.



Captura de pantalla con la vista general de uno de los grupos de *Gruppic* para compartir fotos relacionadas con la Genética mendeliana.

6.11.6.- Implantación y consolidación de un Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución.

Esta iniciativa, que fue coordinada por mí a través de tres proyectos de innovación docente, suponía una actividad novedosa, ya que no existía (ni existe, hasta donde yo sé) ningún plan similar para posgrado en nuestra universidad. Comenzó en 2011 como un PAT (Plan de Acción Tutorial) para los alumnos del máster en Genética y Evolución y se fue ampliando en los años sucesivos a todos los másteres que se imparten en la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada. En 2014 se creó una página web que albergara todo el material generado hasta el momento, vídeo-talleres (con versión signada para personas con deficiencia auditiva) y material escrito (<http://www.ugr.es/~webreal/>).

Objetivos de la experiencia:

Proporcionar a los estudiantes que acaban de terminar un periodo de formación superior, o están a punto de hacerlo, herramientas que le faciliten la

incorporación al mercado laboral. Los objetivos que nos propusimos durante el desarrollo de este proyecto son los siguientes:

- Orientar a los alumnos del Máster en la elección de sus itinerarios académicos, así como en la búsqueda de salidas profesionales en investigación en el ámbito de la empresa privada, el empleo público y el emprendimiento. Ofrecer información de salidas profesionales relacionadas con el ámbito universitario, mediante el asesoramiento en la búsqueda de becas/contratos de investigación tanto en España como en el extranjero.
- Desarrollar capacidades personales y asertivas importantes en el ámbito laboral, así como el aprendizaje de técnicas útiles para la búsqueda activa de empleo.
- Completar la formación de los estudiantes en aspectos puramente prácticos en el terreno laboral, como pueden ser la elaboración de un *curriculum vitae*, acreditación por la ANECA o AGAE o la preparación de entrevistas de trabajo en el ámbito científico y/o académico-docente.

Asignatura en la que se implantó:

Alumnos del máster en Genética y Evolución.

Descripción:

Mediante talleres prácticos, estas iniciativas trataban de dar orientación a nuestros estudiantes y dotarlos de destrezas útiles en el campo laboral y emprendedor. Los alumnos que potencialmente podían ser tutorizados se encontraban en un momento muy específico de sus carreras docentes, investigadoras y personales. Además, después de la consecución del máster, estos alumnos estaban en posesión de un título que les habilitaba para trabajar en un amplio rango de áreas científicas. Se trata de un momento crítico para la búsqueda de salidas profesionales, ya sean investigadoras, docentes o en la empresa privada. Un gran número de estos estudiantes se encontraban vinculados de alguna manera a la investigación (becas predoctorales o contratos), pero existía un número importante de alumnos, y se espera que aumenten conforme se vayan afianzando los másteres, que aún no habían conseguido encauzar su carrera profesional por ninguna de estas vías. Este PAT pretendía ayudar en su labor a las personas que ya se encontraban realizando algún tipo de actividad profesional y orientar en la búsqueda de salidas profesionales a los que no las realizaban hasta aquel momento. Se trataba, en definitiva, de formar profesionales cualificados con una formación lo más integral

posible. Las necesidades formativas fundamentales que identificamos se pueden dividir fundamentalmente en tres categorías:

a) Académica, que podría abarcar entre otros:

- Dotar de criterios para la selección de las asignaturas a cursar y su posible salida profesional.
- Asesoramiento para la elección del tema de investigación sobre el que realizar el Trabajo Fin de Máster.

b) Científica/profesional, incluyendo:

- Elaboración del *curriculum vitae*.
- Preparación de entrevistas de trabajo.
- Asesoramiento en la búsqueda de becas/contratos de investigación.
- Sistemas de acreditación nacional o regional (ANECA, AGAE).
- Posibilidad de trabajo en centros extranjeros.
- Búsqueda de información en bases de datos científicas y/o académicas.

c) Personal, en concreto:

- Asesoramiento de profesionales con experiencia en el ámbito académico universitario y científico.
- Funcionamiento básico de la universidad, en general, y de la Facultad de Ciencias, en particular.
- Técnicas asertivas y de mejora de las habilidades comunicativas.

Fortalezas:

- Ocupa un hueco existente en los programas educativos actuales, que se ocupan escasamente de las salidas profesionales de los egresados.
- Son temas de interés, sobre todo porque tienen una aplicación práctica inmediata.

Debilidades:

- Los alumnos tienen poco tiempo para actividades extra a las ya programadas oficialmente en el máster y, por tanto, la asistencia es baja.
- Se necesita toda una infraestructura, ponentes y temas a tratar que hace difícil ir renovando el material anualmente.

- Información parecida se encuentra en otros puntos de información (centros universitarios y/o estatales de formación, cursos, internet).

Posibles soluciones:

- Para tratar de solventar el problema espacio-temporal se ha puesto en marcha una web que funciona como repositorio del material generado (<http://www.ugr.es/~webreal/>).

Publicaciones

La experiencia, tal como aparece en esta memoria, se publicó en:

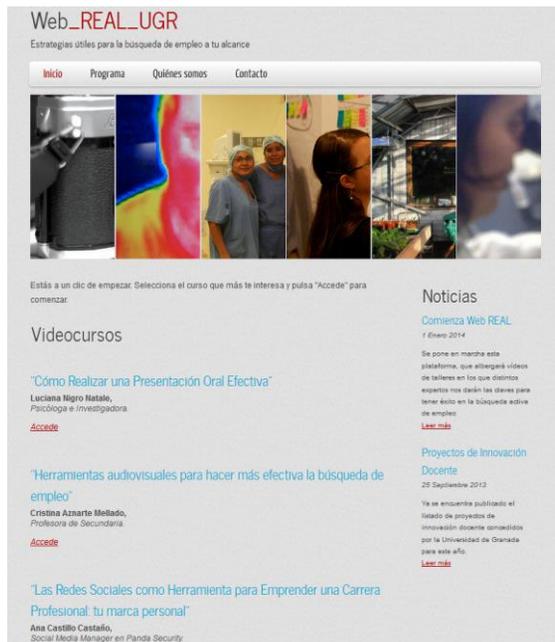
Navajas-Pérez R. (2014). **Web REAL (Repositorio de Estrategias en el Ámbito Laboral) de la UGR.** [online] (Consultada 12 octubre 2016) <http://www.ugr.es/~webreal/>

Robles F, de la Herrán R, Sola-Campoy PJ, Ruiz Rejón C, Navajas-Pérez R. (2014). **Plan de Acción Tutorial para alumnos de másteres con participación del Departamento de Genética (PID 12-154).** Innovación Docente y Buenas Prácticas Docentes en la Universidad de Granada, vol III, pp. 895-903. Editorial Universidad de Granada, ISBN: 978-84-338-5685-2.

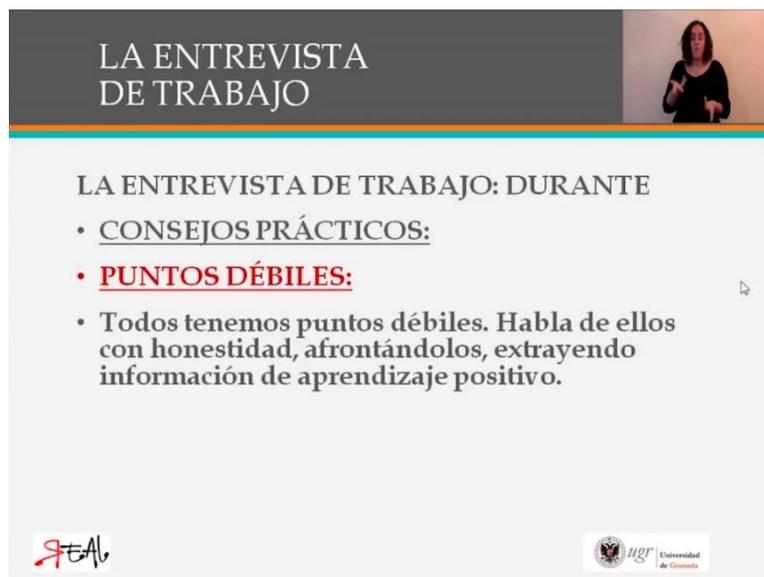
Robles F, de la Herrán R, Sola-Campoy PJ, Ruiz Rejón C, Navajas-Pérez R. (2013). **Implantación de un Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución (PID 11-40).** Innovación Docente y Buenas Prácticas Docentes en la Universidad de Granada, vol II, pp. 1133-1141. Editorial Universidad de Granada, ISBN: 978-84-338-5576-3.

Navajas-Pérez R. (2012). **Implantación de un Plan de Acción Tutorial para Alumnos de Máster.** II Jornadas de Orientación y Tutoría Universitarias, Granada, España.

Navajas-Pérez R. (2011). **Plan de Acción Tutorial para Alumnos del Máster Interuniversitario en Genética y Evolución.** In: Tutoría y orientación en la educación superior (2ª Ed), Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada.



Aspecto de una de las páginas de la web del proyecto webREAL.



Pantallazo de uno de los vídeo-talleres, signado para personas con deficiencia auditiva.

DESARROLLO DE UNA UNIDAD
TEMÁTICA DEL PROGRAMA

DESARROLLO DE UNA UNIDAD TEMÁTICA DEL PROGRAMA

Exposición del tema “Las Leyes de Mendel” perteneciente a la Unidad Temática 1: Análisis Genético Mendeliano de la asignatura Genética I: De los genes a las poblaciones.

Paciencia y legumbres: las Leyes de Mendel

Mi estimado Wallace... No creo que comprenda lo que quiero decir cuando afirmo que ciertas variedades no se mezclan. Esto no se refiere a la fertilidad. Un ejemplo explicará el punto. He cruzado guisantes Painted Lady con Purple, variedades de colores muy diferentes, y he obtenido, incluso en la misma baya, ambas variedades perfectamente separadas y no un estado intermedio. [...] Si bien estos casos son, en apariencia, tan maravillosos, no sé si son, en realidad, más maravillosos que el hecho de que todas las hembras del mundo produzcan machos y hembras bien distintos como descendencia...

*Créame, sinceramente suyo
(Carta de Charles Darwin a Wallace)*

7.1.- Objetivo

Probablemente ninguno de los avances actuales de la Biología moderna (secuenciación de genomas, técnicas de clonación, diagnóstico genético, etc.) habría sido posible sin la llamada Genética mendeliana. Sin embargo, la forma en que nuestros estudiantes se aproximan a ella es con frecuencia abstracta y desligada de la realidad. No siempre resulta fácil dar el salto de los experimentos con guisantes, que son vistos como algo desfasado y sin valor en la actualidad, a los estudios de la Genética moderna. Con el presente enfoque trato de paliar en la medida de lo posible este problema.

7.2.- Contenidos

- El método de análisis genético formal.
- Cruce monohíbrido. Líneas puras.
- Cruzamientos directo y recíproco. Dominancia y recesividad.
- Principio de la segregación y su comprobación experimental: el retrocruzamiento.
- Cruce dihíbrido: el principio de la transmisión independiente.
- Cuadro de Punnet.

7.3.- Aspectos formales

El presente tema pertenece a la primera unidad temática del programa de la asignatura Genética I, Análisis Genético Mendeliano, que se imparte en el segundo curso del grado en Biología. En el presente curso 2016-2017, soy responsable de la docencia del grupo A, que está compuesto por 64 estudiantes: 56,25% de mujeres y 43,75% de varones. Cuatro de ellos son alumnos de intercambio, de los cuales uno es un estudiante matriculado en otros estudios. El nivel de asistencia y de implicación es satisfactorio.

Los seis créditos ECTS de que consta la asignatura se distribuyen en dos horas semanales de teoría impartidas en el gran grupo (Lunes y Miércoles de 9:00 a 10:00 horas) y dos horas semanales de sesiones prácticas (problemas y laboratorio) en horario de tarde y en grupos reducidos. Se requiere al menos dos horas semanales extra de dedicación al trabajo autónomo. Fuera de las clases presenciales, la comunicación con el alumno se lleva a cabo a través del *Moodle* de la plataforma de recursos de apoyo a la docencia de la Universidad de Granada Prado2 (<http://prado.ugr.es/moodle/>). En el espacio dedicado a esta asignatura se encuentra todo el material necesario para la preparación del tema, así como un cuaderno de bitácora donde se irá registrando toda la actividad del curso. El tiempo estimado para completar la presente unidad temática es de dos semanas enteras.

7.4.- Contextualización teórica

Aunque la transmisión de características a la descendencia ha despertado curiosidad desde tiempo inmemorial, no fue hasta el siglo XIX cuando el naturalista inglés Charles Darwin y el monje agustino de origen austriaco Gregor Mendel publicaron sus teorías, convirtiéndose probablemente en los dos científicos más relevantes en el campo de la Biología. Ambos llegaron a conclusiones complementarias usando aproximaciones en cierto sentido opuestas; mientras el primero trató de dar explicación a la evolución utilizando la gran cantidad de datos procedentes de distintas disciplinas (geología, zoología, botánica, etc.) que había ido recopilando en sus viajes, el trabajo de Mendel fue mucho más modesto en cuanto a que acotó el estudio a unos pocos caracteres de una sola especie, el guisante, todo ello sin salir de su convento de Brno (actual República Checa). No obstante lo dicho, la Biología moderna ha reconciliado, si es que alguna vez hubo desencuentro, las dos teorías en la llamada Teoría Sintética de la Evolución, que integra el concepto de selección natural de Darwin y la herencia mendeliana.

Después de la publicación de *El origen de las especies* (1859) de Darwin, se había generalizado en la comunidad científica la idea de que los individuos con características más ventajosas tenían más posibilidades de reproducirse, y por tanto de hacer pasar a la descendencia sus rasgos, que serían cada vez más abundantes en la población. Sin embargo, aún faltaba la pieza clave del puzle que explicara cómo se producía esa transferencia de información de padres a hijos. ¿Qué hacía que un rasgo fuera heredable? ¿Cómo funcionaba esta herencia? El propio Darwin trató sin éxito de dar explicación a este fenómeno.

Sería Mendel el que en 1865 conseguiría elaborar una teoría para darle respuesta a estas preguntas. Esta teoría fue publicada en un artículo sobre experimentos en híbridos de plantas (*Versuche über Pflanzen-Hybriden*), que resumía el contenido de dos conferencias impartidas previamente por él mismo en la primavera de 1865 en la Sociedad de Historia Natural de Brno. Al contrario que Darwin, que no consideraba que las matemáticas pudieran aportar nada nuevo a la Biología, Mendel era un amante de los números y posiblemente esto lo llevó al éxito. Un éxito relativo, ya que moriría en 1884 sin que sus estudios hubieran alcanzado repercusión. Sin embargo, pasaría a la historia como el *Padre de la Genética* tras el redescubrimiento de sus experimentos en 1900 y el reconocimiento de sus logros.

7.5.- Metodología

En Prado2, el alumno tiene a su disposición los siguientes materiales:

- Cuaderno de bitácora: registro de toda la actividad del curso.
- Presentación de *PowerPoint* del tema (disponible también en www.rafaelnavajas.eu).
- Guión de trabajo autónomo: en el que se especifican los contenidos del tema, dónde encontrar la información necesaria para prepararlo correctamente, así como una serie de cuestiones que serán de ayuda para la total comprensión de los conceptos básicos (ver guión de la unidad temática 1 en los **Anexos**).
- Dos vídeos creados y producidos por mí que explican los principios teóricos de las Leyes de Mendel. Se proporciona un enlace a través de *Moodle* de estos vídeos que se encuentran en la plataforma de alojamiento *Youtube*. Al final de cada vídeo hay una serie de cuestiones que invitan a la discusión (ver apartado *Producción de vídeo-lecciones*).
- Protocolo para el desarrollo de los cruzamientos experimentales de mutantes de *Drosophila melanogaster* (ver **Anexos**).
- Cuaderno de problemas (disponible también en www.rafaelnavajas.eu).

- Galería de imágenes: donde cada alumno colgará una imagen (propia o no) relacionada con el tema. Existe la posibilidad de hacer comentarios en el foro.
- Examen tipo test (ver **Anexos**).

El cronograma propuesto para llevar a cabo esta unidad temática se representa en la **Figura 1** y consta de las siguientes partes:

Día 0: fuera del aula, trabajo con el **guion de trabajo autónomo** y **visualización de los vídeos** y preparación de las preguntas y cuestiones de discusión.

Día 1: sesión práctica presencial en grupos pequeños (dos de unas 30 personas aproximadamente) para realizar el conteo de la F_1 de un cruzamiento experimental de mutantes de *Drosophila melanogaster* previamente realizado por el profesor. Como parte del **trabajo en grupo**, los alumnos tendrán que empezar a elaborar un informe de las observaciones hechas en el laboratorio.

Día 2: presentación de los resultados de los cruzamientos en clase. Realización del test de chi-cuadrado sobre datos reales. Fuera del aula, elección de una imagen representativa del tema para la galería de imágenes del tema 1. Clase de problemas de mendelismo (I) en sesión de tarde.

Día 3: lección magistral y discusión. **Trabajo en el aula**, donde se discutirán las cuestiones planteadas en los vídeos, se responderán las posibles dudas. Fuera del aula, **finalización del informe** sobre los cruzamientos experimentales incluyendo el análisis estadístico. Clase de problemas de mendelismo (II) en sesión de tarde.

Día 4: evaluación de la actividad mediante prueba tipo test de respuesta múltiple.

	D-0	D-1A	D-1B	D-2	D-3	D-4
Laboratorio		■	■			
Informes				■		
Trabajo autónomo	▲	▲	▲	▲		
Clase magistral					●	
Sesión problemas				■	■	
Evaluación						◆

Figura 1.- Cronograma para el desarrollo del tema.

7.5.1.- Producción de vídeo-lecciones

Materiales necesarios:

Para el desarrollo de la lección:

- Pizarra magnética blanca
- Rotulador borrable
- Borrador
- Imanes de colores.

Para la digitalización de la misma, se requiere:

- Cámara réflex digital
- Cámara deportiva tipo *GoPro*
- Dispositivos de almacenamiento de gran capacidad
- Trípodes
- Focos
- Croma
- PC y software para montaje de audio y vídeo (*Adobe Premiere CS6*)

Desarrollo de los vídeos:

Mendel aprovechó su habilidad para la jardinería y sus conocimientos en análisis matemático para llevar a cabo una serie de experimentos usando como modelo distintas variedades de guisante que diferían en una o pocas características. Con meticulosidad se encargaba de cruzarlas, para posteriormente contar, clasificar y estudiar las proporciones en las que aparecía cada una de esas características en la descendencia. Sólo así fue capaz de darse cuenta de la reproducibilidad de ciertos patrones y de que los caracteres que estaba estudiando venían determinados por dos factores o variantes heredables (que hoy llamamos **alelos**), una donada por el padre y otra por la madre, y que esto sería extrapolable al resto de seres vivos.

Probablemente uno de los secretos de su éxito fue elegir como material de estudio **razas puras** que diferían en un único carácter. En el siguiente ejemplo, vamos a utilizar el color de la flor; existen razas de guisante con flores moradas y razas con flores blancas. De esta forma, al cruzar un macho de flor morada con una hembra de flor blanca se obtiene una descendencia 100% de flor morada. Podría pensarse que el sexo del parental tiene influencia en la herencia de este

carácter y que sólo las características del padre se transmiten a la descendencia. Intrigado por esta idea, Mendel cambió el sexo de los parentales, esta vez usando machos de flor blanca y hembras de flor morada. Estos **cruzamientos recíprocos** dan lugar a un resultado idéntico, una descendencia 100% de flor morada, descartándose la primera hipótesis que relacionaba la herencia del color de la flor con el sexo del progenitor.

Estas observaciones le permitieron enunciar la **Ley de la Uniformidad**, la **Primera Ley de Mendel**, según la cual el cruce entre dos razas puras para un carácter determinado origina una primera generación de descendientes idénticos entre sí a **nivel fenotípico** (manifestación del carácter, en este caso el color de la flor) y **genotípico** (dotación genética, como veremos a continuación).

Otra de las teorías de la herencia que circulaba en la época era la pangénesis. Según ésta, los organismos se formaban a partir de la fusión de dos gémulas procedentes de sus progenitores, originándose individuos con una mezcla de los caracteres parentales. Para poner a prueba esta hipótesis continuaremos realizando cruzamientos con los individuos de la descendencia apenas obtenida (la primera **generación filial** o **F₁**). Al cruzar dos individuos de flor morada de la **F₁** no sólo observamos plantas de flor morada, como predeciría la pangénesis, sino también plantas de flor blanca. Este carácter de flor blanca de la **F₂** es de idénticas características al presente en los abuelos (la **generación parental P**), aunque aparentemente permanece oculto en la **F₁**. Esto hizo pensar al monje austriaco que debía de haber ciertos **factores hereditarios** que pasaban de generación en generación, pero que no se mezclaban, al menos de forma irreversible, descartando la hipótesis de la pangénesis. Además, las proporciones que obtenía eran siempre las mismas; tres plantas de flor morada por cada planta de flor blanca.

En vista de estos resultados, Mendel enunció su **Segunda Ley de Mendel o Ley de la Segregación de los Alelos**. Supuso que la información genética de cada individuo para un carácter estaba determinada por dos factores (que hoy llamamos alelos) uno procedente del padre y otro procedente de la madre, que se separan durante la formación de los **gametos** y se vuelven a unir durante la fecundación. Los gametos, por tanto, sólo tendrán un alelo y no dos como el resto de células no reproductivas.

Ahora, es posible asignar genotipos a cada uno de los individuos implicados en los cruzamientos. Vamos a considerar que el color flor morada está determinado por un gen con dos alelos; el alelo **A** responsable del color morado y **a** responsable del color blanco. Los individuos de la generación **P** son de raza pura, esto es, los dos alelos del gen que estamos teniendo en consideración son iguales

(son **homocigotos**). De tal manera, que el parental morado presentará un genotipo AA , mientras que el parental blanco presentará un genotipo aa . Ya que cada descendiente recibe un alelo de cada progenitor, toda la F_1 tendrá un genotipo idéntico e híbrido Aa (**heterocigotos**), por lo que a este **crucamiento** se le llama **monohíbrido**. Asimismo, todos los individuos de la F_1 presentan un fenotipo idéntico y coincidente con el de uno de los parentales. La connotación más inmediata de este hecho es que el alelo A (**dominante**) enmascara la expresión del alelo a (**recesivo**). La autofecundación de plantas de la F_1 da lugar a las siguientes proporciones genotípicas: $1AA:2Aa:1aa$, que coinciden con unas proporciones fenotípicas 3:1 tal y como predijo Mendel (**Figura 2**). Es destacable la reaparición del fenotipo flor blanca como consecuencia de la unión en un mismo individuo de dos alelos a (recesivos).

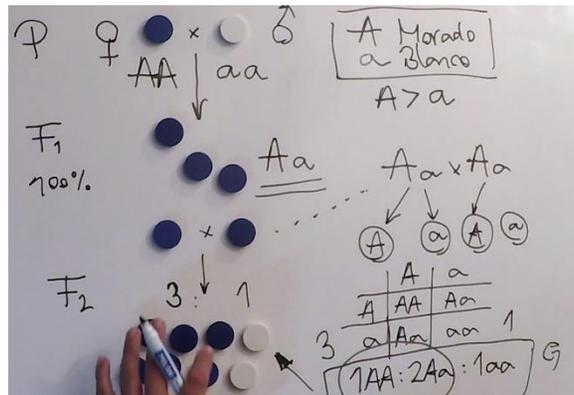


Figura 2.- Ejemplo real de cómo explicar los dos cruzamientos que dieron lugar al enunciado de las dos primeras leyes de Mendel.

A continuación, una vez vista la forma en que se hereda un carácter, analizaremos la herencia conjunta de dos caracteres. Para ello, aparte del color de la flor, utilizaremos el color de la semilla. Los genes responsables de ambos caracteres se encuentran en autosomas distintos. Por simplificación, el alelo B responsable del color amarillo de la semilla es dominante sobre el alelo b responsable del color verde de la misma. Tras realizar un **crucamiento dihíbrido**, esto es, un cruzamiento entre dos razas puras que difieren en dos caracteres (plantas de flor morada y semilla amarilla $AABB$ con plantas de flor blanca y semilla verde $aabb$), obtenemos una F_1 de **individuos dihíbridos** $AaBb$, de flor morada y semilla amarilla. La descendencia que se obtiene al autopolinizar esta F_1 se muestra en la **Tabla 1**.

	AB	Ab	aB	ab
AB	AABB	AABb	AaBB	AaBb
Ab	AABb	AAbb	AaBb	Aabb
aB	AaBB	AaBB	aaBB	aaBb
ab	AaBb	Aabb	aaBb	aabb

Tabla 1.- Cuadro de Punnet donde se observa toda la descendencia posible que se obtiene del cruzamiento entre dos individuos dihíbridos. En negrita aparecen los gametos que forman dichos individuos.

Es posible analizar el resultado obtenido teniendo en cuenta los dos caracteres en conjunto o por separado. Cuando los consideramos en conjunto, las proporciones fenotípicas son *9 morada/amarilla:3 morada/verde:3 blanca/amarilla:1 blanca/verde*, que se corresponden con las siguientes frecuencias genotípicas *9 A_B_:3 A_bb:3 aaB_:1 aabb* (**Figura 3A**). *A priori*, estas proporciones son poco reveladoras para el alumno, por lo que conviene descomponer el resultado considerando cada uno de los caracteres por separado (**Figura 3B**). En ese segundo caso, obtenemos las siguientes proporciones fenotípicas: *12 morada:4 blanca* (*12 A_:4 aa*), para el color de la flor y *12 amarilla:4 verde* (*12 B_:4 bb*), para el color de la semilla. Estos datos, revelan la proporción fenotípica 3:1 que se obtiene del cruzamiento de dos individuos híbridos de primera generación.

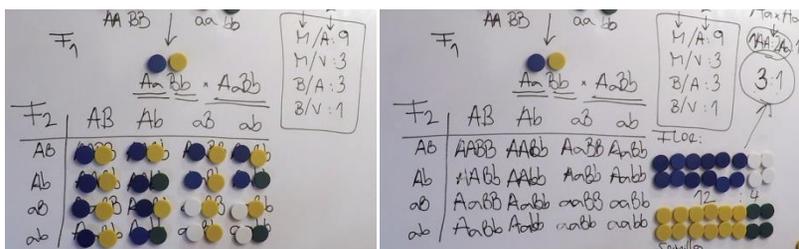


Figura 3.- Ejemplo real de la explicación del cruzamiento que da lugar al enunciado de la **tercera ley de Mendel** (A) Considerando los dos caracteres de forma conjunta, (B) considerando los dos caracteres por separado.

La interpretación de estos resultados dio lugar al enunciado de la **tercera ley de Mendel o Ley de la Transmisión Independiente de los Caracteres**. Según ésta, el patrón hereditario de un carácter en concreto no afecta la forma en que se hereda cualquier otro carácter, o dicho de otra manera cada par de alelos que controla la herencia de un carácter se hereda independientemente de cualquier otra pareja de alelos que controlan otro carácter.

Esto es cierto, siempre que los genes se encuentren en cromosomas diferentes o lo suficientemente alejados en un mismo cromosoma para no heredarse de forma conjunta (**genes ligados**).

Disponibilidad:

Una versión de esta lección magistral se encuentra alojada en *Youtube*, a la que se puede acceder con un dispositivo con acceso a internet (móvil, tablet, PC) escaneando los siguientes códigos QR (**Figura 4**) o introduciendo en un navegador las direcciones proporcionadas en la bibliografía de este capítulo.

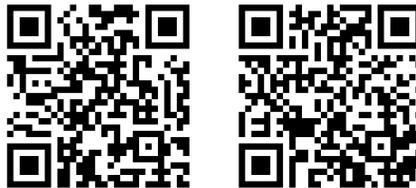


Figura 4.- Códigos QR de las video-lecciones sobre las Leyes de Mendel.

7.5.2.- Elaboración y presentación de informes

Tras estudiar las bases de la herencia a nivel teórico y haber realizado una sesión práctica de laboratorio en la que se cuenta la F_1 de un cruzamiento experimental entre mutantes de *Drosophila* (ver **Anexos**), se desarrolla la parte más práctica de la unidad temática. Para ello, los alumnos llevan a clase un informe de laboratorio elaborado durante el conteo de la F_1 de los cruzamientos experimentales. Se comprueban los fenotipos y genotipos de los parentales y de las sucesivas generaciones obtenidas. Por grupos, se presentan los datos numéricos observados en cada uno de los viales (producto de cruzamientos idénticos) (**Figura 5**).

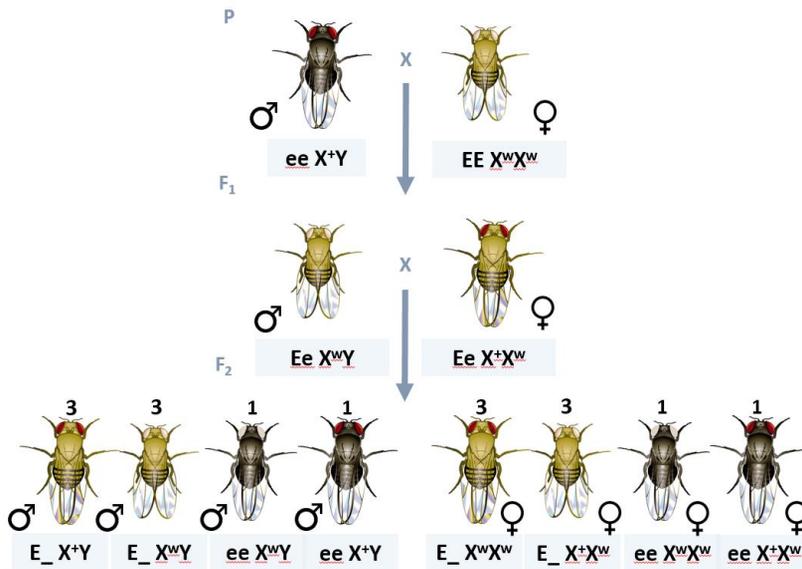


Figura 5.- Esquema de los cruzamientos experimentales de mutantes (*ebony* y *white*) de *Drosophila melanogaster* para estudiar las Leyes de Mendel.

Considerando los fenotipos esperados y sus proporciones y los resultados observados en la F₁, se procede a realizar una prueba chi-cuadrado que evalúa la bondad del ajuste estadístico de los datos recopilados con respecto a los esperados. En la **Figura 6** se presentan datos reales de la práctica realizada durante el presente curso académico:

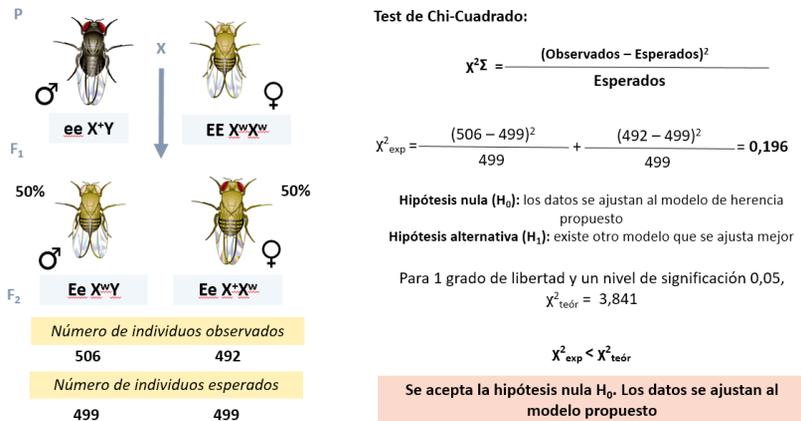


Figura 6.- Prueba de bondad del ajuste chi-cuadrado de datos reales de un cruceamiento de *Drosophila* realizado en el laboratorio.

7.5.3.- Lección magistral y de discusión

Estas sesiones serán presenciales y con el gran grupo. Se centrarán en repasar algunos de los conceptos básicos aprendidos autónomamente por el alumno y en la discusión de algunas de las preguntas ya planteadas por el profesor o que vayan surgiendo durante la elaboración del tema. Éstas pueden ser algunas de las preguntas para discutir y/o preparar:

- Haz un glosario de términos con las palabras subrayadas y asegúrate que los comprendes todos.
- Darwin era un firme defensor de la herencia mezclada, que en gran medida se corresponde con la teoría de la pangénesis. ¿Conoces algún ejemplo en la naturaleza que parezca obedecer a esta teoría? Ahora que conoces las Leyes de Mendel ¿podrías dar una explicación actual a dicha observación?
- ¿Qué fenómeno biológico permite que los gametos porten un único alelo por gen? ¿Por qué el resto de células somáticas portan, en cambio, dos alelos por gen? ¿Qué mecanismo biológico permite que esto sea así?
- Busca en la bibliografía un caso que permite explicar la dominancia de un alelo sobre otro recesivo.
- ¿En qué casos no se cumple la Tercera Ley de Mendel?

7.5.4.- Trabajo del alumno

Esta parte se realiza fundamentalmente fuera del aula. Es un trabajo, que aunque opcional, es muy importante para preparar correctamente la asignatura. El alumno debería:

- Seguir las instrucciones del guion de trabajo autónomo. Esto incluye visualizar vídeos, responder a las cuestiones planteadas y resolver problemas del guion de prácticas.
- Elaborar un informe sobre las sesiones prácticas.
- Tomar o escoger una imagen ya existente y compartirla con el resto de compañeros en la galería de imágenes del tema. Como dicha galería permite hacer comentarios en las imágenes, el estudiante debe comentar por qué ha elegido la imagen y qué relación tiene con el tema, permitiendo abrir un foro de debate sobre los aspectos que resulten más interesantes o controvertidos.

7.5.5.- Evaluación de la unidad temática

A lo largo del proceso, los alumnos organizados por grupos elaborarán y presentarán por escrito un informe detallado de la práctica realizada y del test estadístico llevado a cabo.

Al final de la unidad temática, se realiza una prueba tipo test de respuesta múltiple que ayude a repasar y a asentar los conocimientos apenas adquiridos. Este test se puede realizar por métodos convencionales (por escrito o vía *Moodle*) o utilizando herramientas interactivas diseñadas a tal efecto, como *Kahoot*. Esta última herramienta permite realizar pruebas tipo test multimedia (se pueden incluir imágenes, sonidos, vídeos), que se guardan en el perfil del docente. Con ayuda de un PC conectado a internet y un proyector, las preguntas se proyectan en una pantalla. Los alumnos acceden a la web www.kahoot.it o a su aplicación desde un dispositivo móvil o PC, que se convierte en un pulsador. De forma individual o en grupos tienen que responder a cada pregunta en un tiempo establecido que irá descontando en un marcador que aparece en pantalla (**Figura 7**). El problema potencial de esta actividad es la necesidad de un dispositivo móvil por alumno y la dependencia del correcto funcionamiento de la red. Si este escollo se consigue solventar merece la pena llevarla a cabo, ya que el informe que emite de cada alumno dicha aplicación, no sólo es inmediato, sino que también muy exhaustivo, permitiéndonos identificar fallos individuales y detectar la existencia de errores recurrentes en un grupo mayor de estudiantes, que podrían deberse a lagunas de conocimiento que tendremos, entonces, que subsanar. Esta unidad temática supondrá una parte importante del examen de la convocatoria oficial, tanto a nivel teórico como práctico.



Figura 7.- (Izquierda) Captura de pantalla de una de las preguntas de respuesta múltiple diseñada con *Kahoot*. (Derecha) Captura de pantalla del dispositivo del alumno, que se convierte en un pulsador.

7.6.- Análisis de la metodología docente

En la planificación de esta unidad temática el trabajo del alumno es muy importante. Es por ello, que la metodología empleada supone un claro ejemplo de aprendizaje significativo, ya que permite el refuerzo de los conocimientos aprendidos a nivel teórico utilizando datos que han sido obtenidos en la práctica por el propio alumno. En este caso, tienen la oportunidad de comprobar el cumplimiento de las Leyes de Mendel (especialmente la tercera ley, que plantea algunos problemas al alumnado) de una forma muy parecida a como fueron descubiertas. En definitiva, se comprueban de primera mano las bases que gobiernan la herencia genética.

Este enfoque permite, también, presentar al estudiante las pruebas estadísticas para estimar la bondad del ajuste de los datos a un modelo estadístico. Este tipo de prueba se suele explicar en clase de problemas utilizando datos ficticios, por lo que su finalidad no siempre es comprendida y asimilada de forma correcta. Con su inclusión en un caso práctico se pretende demostrar, no sólo la utilidad real de la misma, sino también que los contenidos prácticos y teóricos de la asignatura suponen un *continuum* más que compartimentos estancos, y que las unidades teóricas interrelacionan estrechamente entre sí. Asimismo, trato de fomentar en el alumnado el uso del método científico, que prevé el establecimiento *a priori* de una hipótesis que ha de demostrarse mediante la observación sistemática de un experimento (cuya estructura hemos diseñado), su comprobación mediante métodos estadísticos y, si es el caso, dando lugar a una reformulación de la hipótesis inicial.

7.7.- Transversalidad de la unidad temática

Esta visión permite presentar otros temas que tienen relación con el mendelismo:

Relación directa:

- Extensiones del Mendelismo: haber utilizado en la práctica genes ligados al sexo en contraposición con genes con dominancia completa y herencia mendeliana simple, facilita la tarea de explicar otros tipos de herencia, como la codominancia, la herencia intermedia, los genes letales y el alelismo múltiple.
- Teoría cromosómica de la herencia: aprovechando el uso de la mutación *white* que, gracias a los experimentos de Thomas H. Morgan, permitió por primera vez situar inequívocamente los genes en cromosomas.

Relación tangencial:

- Mapas de ligamiento: comprendiendo que la Ley de la Transmisión Independiente de los Caracteres presenta excepciones y que este hecho es la base para la realización de mapas de ligamiento (cuya comprensión por parte del alumno resulta también complicada).

7.8.- Bibliografía

Material interesante para la discusión y/o el perfeccionamiento:

Blumberg RB. **Mendel Web**. [online] (Consultada el 11 de octubre de 2016) <http://www.mendelweb.org/>

Galton D. **Did Darwin read Mendel?** *QJM: An International Journal of Medicine*, 102(8):587-589.

Navajas-Pérez R., Aznarte-Mellado C. **Mendelius**. [online] (Consultada el 11 de octubre de 2016) www.mendelius.com.

Los contenidos de esta unidad temática han sido extraídos de las siguientes fuentes

Kahoot. [online] (Consultada el 11 de octubre de 2016) <https://getkahoot.com/>

Navajas-Pérez R. **Las Leyes de Mendel (I)**. [online] (Consultada el 11 de octubre de 2016) https://www.youtube.com/watch?v=pXWCMq_YxMg

Navajas-Pérez R. **Las Leyes de Mendel (II)**. [online] (Consultada el 11 de octubre de 2016) <https://www.youtube.com/watch?v=OIWfumC9Mvs>

Navajas-Pérez R., Aznarte-Mellado C. **Mendelius, el acento granadino a las leyes de la herencia**. *Revista Calle Elvira*, otoño 2014, pp. 40-43.

Pierce, B.A. 2009. **Genética. Un enfoque conceptual**. 3ª. Edición. Editorial Médica Panamericana.

Robles F, Navajas-Pérez R, de la Herrán R. (2010). **Guía Didáctica de la Asignatura Genética I**. Planificación de la Docencia Universitaria por Competencias y Elaboración de Guías Didácticas. Vicerrectorado para la Garantía de la Calidad, Universidad de Granada.

Varios autores. (2011). **Relación de Problemas y Casos Prácticos, Asignaturas de Genética I y II y Genética Humana (Grado de Biología)**. Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada.

Varios autores. (2011). **Manual de Prácticas, Asignaturas de Genética I y II y Genética Humana**. Departamento de Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada.

ANEXOS

8.1.- Guiones de trabajo autónomo

8.1.1.- Genética I

Tema 1. Análisis Genético Mendeliano

Contenidos

El método de análisis genético formal. Cruce monohíbrido. Líneas puras. Cruzamientos directo y recíproco. Dominancia y recesividad. Principio de la segregación y su comprobación experimental: el retrocruzamiento. Cruce dihíbrido: el principio de la transmisión independiente. Cuadro de Punnet y diagrama ramificado. El polihíbrido. Genética mendeliana simple en humanos. Enfermedades genéticas recesivas y dominantes.

Objetivos

1. Comprender el principio de la segregación y su relación con los procesos de división celular.
2. Comprender el principio de la distribución independiente y su relación con los procesos de división celular.
3. Conocer y saber utilizar las herramientas adecuadas para hacer predicciones de los resultados de los cruzamientos genéticos.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 3 y el Capítulo 6 (páginas 134-139) del libro de Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

1. ¿Cuáles fueron las razones del éxito de Mendel?
2. ¿Qué se deduce de los cruzamientos monohíbridos realizados por Mendel?
3. ¿Qué se deduce de los cruzamientos dihíbridos realizados por Mendel?
4. ¿Cuáles son los principios básicos de la herencia deducidos por Mendel?

5. ¿Cuál es la relación que existe entre estos principios y los acontecimientos que tienen lugar durante los procesos de división celular?
6. ¿Qué contraponen el concepto de herencia particulada al de herencia mezclada?
7. ¿Es heredable el genotipo? ¿Y el fenotipo?
8. Uso de la probabilidad para la predicción de resultados en los cruzamientos genéticos
9. ¿Qué indican las siguientes proporciones como resultados de un cruzamiento genético: 3:1, 1:1, 1:2:1, 9:3:3:1, 1:1:1:1?
10. ¿Existe siempre transmisión independiente de los genes?

Ten claros estos Conceptos

Gen, alelo, alelo dominante, alelo recesivo, genotipo, fenotipo, fenotipo dominante, fenotipo recesivo, locus/loci, homocigoto, heterocigoto, cruzamiento monohíbrido, cruzamiento recíproco, cruzamiento prueba, segregación mendeliana, cruzamiento dihíbrido, transmisión independiente.

Realiza las siguientes Actividades

1. *Para comenzar bien...* Repasa conceptos básicos de estadística: media, desviación típica, varianza, prueba de chi cuadrado, grados de libertad, probabilidad... Para ello, puedes utilizar estas páginas http://www.ucm.es/info/genetica/Estadistica/estadistica_basica.htm y <http://www.fisterra.com/mbe/investiga/chi/chi.asp>
2. Resuelve los problemas 1 a 25 de la relación de problemas del Cuaderno de Problemas correspondientes a la Genética mendeliana y del 1 al 6 de las pruebas estadísticas. Discute los resultados con tu profesor las horas asignadas a tal efecto.
3. ¿Qué proporciones esperarías en un cruce de triheterocigotos? *Fíjate cómo van variando las frecuencias y qué ocurre con el número de genotipos y fenotipos. Te será de gran utilidad para próximos temas.*
4. Relaciona cada término con su definición:

a) gen; b) heterocigoto; c) fenotipo; d) alelo; e) locus; f) genotipo; g) carácter; h) homocigoto.

1) Atributo o cualidad; 2) lugar físico ocupado por un alelo en un cromosoma; 3) manifestación de una característica; 4) factor genético; 5) individuo con dos alelos diferentes de un locus determinado; 6) conjunto de genes que posee un organismo individual; 7) forma alternativa de un gen; 8) individuo con dos alelos iguales de un locus determinado.

5. ¿Cuál de los siguientes sistemas de cruzamientos realizarías para obtener en un programa de mejora vegetal líneas puras en el menor tiempo posible? a) autofecundación; b) cruzamiento entre hermanos; c) cruzamiento entre primos; d) cruzamientos al azar.

*Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

.....
• **Ahora conozco y entiendo los principios de segregación y transmisión independiente.**
•
• **Comprendo la relación de estos principios con los procesos de división celular (relacionar con el tema 2).**
•
• **Soy capaz de predecir resultados de cruzamientos genéticos y de deducir patrones de herencia a partir de estos resultados.**
•
.....

Tema 2. Teoría Cromosómica de la Herencia**Contenidos**

1. Mitosis y ciclo celular.
2. Meiosis.
3. Significado biológico de la mitosis y la meiosis.
4. Paralelismo entre genes y cromosomas. Pruebas de la teoría cromosómica de la herencia.

Objetivos

1. Comprender los acontecimientos genéticos que se producen durante los procesos de división celular
2. Comprender el significado biológico de la mitosis y de la meiosis
3. Comprender el paralelismo entre el comportamiento de los genes y el de los cromosomas durante la meiosis y su relación con los principios mendelianos de la herencia

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 2, el Capítulo 3 (páginas 49 y 58) y el Capítulo 4 (páginas 82-84) de tu libro de Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición):

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

1. ¿Cuáles son los diferentes acontecimientos que desde el punto de vista genético ocurren durante la mitosis?
2. ¿Cuál es el significado biológico de la mitosis?
3. ¿Cuáles son los diferentes acontecimientos que desde el punto de vista genético acontecen durante la meiosis?
4. ¿Cuál es el significado biológico de la meiosis?
5. Diferencias entre mitosis y meiosis
6. Diferencia entre cromosoma y cromátida
7. Paralelismo entre el comportamiento de los genes y el de los cromosomas en los procesos de división celular

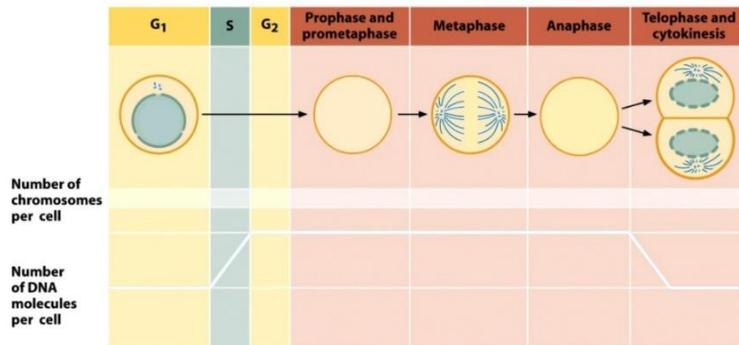
8. Relación entre la meiosis y los principios mendelianos de la herencia
9. ¿Son iguales la meiosis masculina y femenina?
10. ¿Hay diferencias entre la meiosis animal y vegetal?
11. ¿Cuáles fueron las primeras pruebas directas de que los genes están en los cromosomas?

Ten claros estos Conceptos

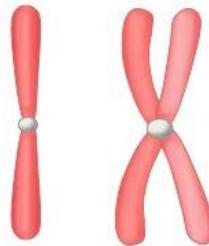
Mitosis, meiosis, cromosoma, cromátida, locus/loci, centrómero, telómero, profase, metafase, anafase, telofase, haploide (n), diploide (2n), sinapsis, bivalente, complejo sinaptonémico, entrecruzamiento, disyunción, segregación, homólogo, espermatogonia, oogonia, microsporocito, megasporocito, corpúsculo polar.

Resuelve las siguientes Actividades

1. Repasa la meiosis con este vídeo y contesta a las preguntas que se plantean
<http://www.sumanasinc.com/webcontent/animations/content/meiosis.html>
2. Resuelve los problemas del 1 al 11 de la relación de problemas correspondientes a la Meiosis. Discute los resultados con tu profesor en las horas asignadas a tal efecto.
3. Observa este vídeo:
<https://www.youtube.com/watch?v=rV6O3rGulaY>
¿Cómo le explicarías a Mendel y a Boveri la relación entre sus descubrimientos?
4. Ahora, ¿un poco de música?
<http://www.youtube.com/watch?v=8hKBHUaPo3I&feature=related>
5. ¿Qué es el número n? ¿Y el número 2n? ¿Pueden existir organismos con un número 2n impar? ¿Qué relación tiene la cantidad de cromosomas de un organismo con su complejidad?
- 6.- Completa el siguiente cuadro para organismos con distintos números cromosómicos (2n=4 o 2n=6, por ejemplo).



7. ¿Cuál de las dos representaciones siguientes puede considerarse un cromosoma? ¿Qué las diferencia? ¿Cuál es el motivo?



8. ¿Qué funciones cumple la mitosis? ¿Qué sentido tiene su existencia en la naturaleza?

9. ¿En qué se diferencian la mitosis y la meiosis?

Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo, eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:

Ahora conozco y diferencio las diferentes fases del ciclo celular y las etapas de la división celular.

Entiendo la interconexión del comportamiento de los genes y de los cromosomas con las diferentes etapas de los diferentes procesos de la división celular y con los principios mendelianos de la herencia.

Tema 3. Bases Moleculares de la Herencia**Contenidos**

1. Características del material genético.
2. La estructura del ADN y su significado biológico.
3. La estructura del ARN. El ARN como material hereditario.
4. Organización del material hereditario en virus.
5. El cromosoma bacteriano.
6. El cromosoma eucariótico.
7. Mecanismo molecular de la replicación.
8. Modelo general de la recombinación homóloga.

Objetivos

1. Conocer la naturaleza del material hereditario y las características que presenta.
2. Conocer la estructura del material hereditario y comprender la importancia biológica de esta estructura.
3. Comparar los diferentes grados de complejidad en la organización del material hereditario de los distintos seres vivos.
4. Saber relacionar la estructura y organización del material hereditario con las funciones que debe llevar a cabo.
5. Conocer el mecanismo molecular de la replicación y sus implicaciones biológicas.
6. Conocer el mecanismo molecular de la recombinación y sus implicaciones biológicas.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 10, el Capítulo 11 (páginas 285-296), Capítulo 12 y el Capítulo 14 (páginas 381-387) del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

1. ¿Qué requisitos debe cumplir el material hereditario?
2. ¿Qué moléculas cumplen estos requisitos?
3. ¿Cuáles son los componentes de ADN? ¿Cómo es su estructura? El modelo de Watson y Crick.
4. ¿Qué implicaciones biológicas tiene esta estructura?
5. ¿Todos los ADN tienen la misma estructura? ¿Qué tipo es el predominante en los organismos?
6. Estructura del ARN. Tipos de ARN en los seres vivos
7. ¿Qué material hereditario tienen los virus?
8. ¿Qué es la cromatina? ¿Qué tipos existen? ¿Cómo se organiza?
9. Desnaturalización y renaturalización del ADN: la base de numerosas técnicas moleculares de análisis genético.
10. ¿En qué consiste la replicación? ¿En qué momento del ciclo celular ocurre?
11. ¿Cuáles son los principales componentes necesarios para el proceso de la replicación?
12. ¿En qué dirección ocurre la replicación?
13. Importancia de la actividad correctora de pruebas de las polimerasas.
14. ¿Qué problema tiene la replicación de cromosomas lineales?
15. Importancia de la telomerasa en el desarrollo del cáncer.
16. Consecuencias genéticas de la recombinación.
17. ¿Cuándo y dónde se produce la recombinación? ¿Qué es lo que se intercambia en el proceso de recombinación?
18. ¿En qué consiste la conversión génica?

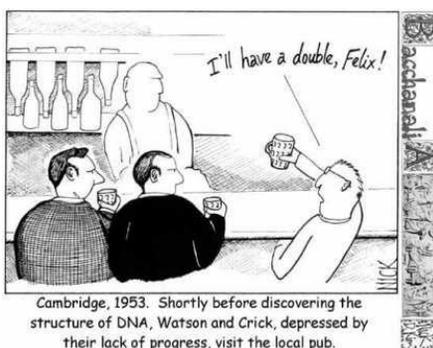
Ten claros estos Conceptos

Nucleótido. Cadenas complementarias. Cadenas antiparalelas. Replicación. Transcripción. Traducción. Nucleoide. Plásmidos. Eucromatina. Heterocromatina. Nucleosoma. Cromosoma politénico. Puffs. Desnaturalización. Renaturalización. Hibridación. Replicación semiconservativa. Origen de replicación. Cebadores. Dirección de síntesis. Cadena líder. Cadena retrasada.

Fragmentos de Okazaki. Corrección de pruebas. Telomerasa. Recombinación homóloga. Modelo de Hollyday. Heteroduplex de ADN. Conversión génica.

Resuelve las siguientes actividades

1. Lectura recomendada: *La doble hélice* de James D. Watson. Editorial Alianza (1ª edición, 2000).
2. Realiza los problemas del 1 al 12 del Cuaderno de Problemas correspondientes al ADN. Discute los resultados con tu profesor las horas dedicadas a tal efecto.
3. Relaciona la estructura del ADN con las funciones que desempeña el material hereditario.
4. *Para comenzar con textos científicos...* Échale un vistazo al trabajo original de Watson y Crick sobre la doble hélice <http://www.nature.com/nature/dna50/watsoncrick.pdf>



5. Estas en un grupo de investigación en relación con el cáncer. Debes de proponer algún tipo de terapia génica utilizando tus conocimientos sobre la telomerasa.

*Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo, eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

.....
• **Ahora conozco la estructura del ADN y su organización espacial. Soy capaz de comprender las implicaciones biológicas que conllevan.**
•
• **Conozco las reglas básicas del mecanismo molecular de la replicación y de la recombinación así como sus implicaciones biológicas.**
•
.....

Tema 4. Extensiones y Modificaciones del Mendelismo

Contenidos

1. Herencia ligada al sexo. Genes holándricos y hologinos. Genes pseudoautosómicos.
2. Variaciones en las relaciones de dominancia.
3. Alelismo múltiple.
4. Genes letales.
5. Caracteres influidos o influenciados por el sexo
6. Pleiotropía. Interacción génica y Epistasis.
7. Prueba de alelismo: la complementación.
8. Penetrancia y expresividad.
9. Relación fenotipo-genotipo.
10. Herencia citoplasmática
11. Genes de efecto materno

Objetivos

En temas anteriores hemos destacado el papel desempeñado por los genes de forma individual. Hemos estudiado los patrones hereditarios de genes aislados, deduciendo las leyes que gobiernan esta herencia y hemos observado los procesos celulares que las explican. Se trata ahora de: a) analizar el patrón de herencia de unos genes que, por su localización cromosómica, constituyen una excepción al principio de segregación igualitaria (los genes de los cromosomas sexuales); y b) de conocer el hecho de que los genes establecen distintas interrelaciones. La relación entre genotipo y fenotipo no es tan simple como visualizó Mendel. Un gen individual no suele efectuar ninguna función biológica por sí sólo sino que debe actuar en un contexto celular determinado por la acción de otros genes y del medio ambiente.

Así, los objetivos de este tema son:

1. Comprender el particular modo de herencia de los genes existentes en los cromosomas sexuales.
2. Conocer la existencia de tipos de dominancia distintos a la dominancia completa, de series alélicas de un gen, de alelos mutantes que pueden causar la muerte a sus portadores.
3. Entender que la mayoría de caracteres están determinados por varios genes que interactúan entre ellos y con el medio ambiente.

4. Comprender que las interacciones alélicas y génicas provocan cambios en las proporciones esperadas en los cruzamientos genéticos.
5. Saber utilizar la prueba de complementación, prueba que nos permite determinar si las mutaciones que definen distintos fenotipos relacionados son alélicas o pertenecen a genes diferentes.
6. Conocer la existencia de genes en fuera del núcleo (en orgánulos citoplasmáticos) y su modo de herencia.
7. Comprender el concepto de efecto materno.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 4 (páginas 75-77 y 81-91), Capítulo 5 (páginas 99-123), Capítulo 6 (páginas 139-144) y Capítulo 21 (páginas 580-584) del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

1. ¿Cuál es el patrón de herencia de los genes ligados al sexo?
2. Además de los genes ligados al sexo ¿existen otros genes relacionados con los cromosomas sexuales o el sexo?
3. Diferencias entre genes influidos por el sexo y genes limitados a un sexo.
4. ¿Cuántos tipos de dominancia puede haber entre los alelos de un gen?
5. ¿Cuántos alelos diferentes puede tener un gen?
6. ¿Para qué se utiliza la prueba de alelismo o complementación? ¿En qué consiste?
7. ¿En qué consiste la interacción génica? Tipos de interacción génica.
8. A nivel de proporciones mendelianas ¿Qué consecuencias puede tener la interacción génica?
9. Establecer una relación clara entre genotipo, fenotipo, ambiente, norma de reacción, fenocopia y ruido de desarrollo.
10. ¿Qué entendemos por genes extranucleares o citoplasmáticos?
11. ¿Cómo se transmiten estos genes?

12. ¿Por qué la mayoría de los genes de los orgánulos se de uno de los parentales?
13. ¿Qué supone la segregación citoplasmática?
14. ¿Cómo se transmiten los genes de efecto materno?
15. ¿Cuál es el origen de los orgánulos citoplasmáticos?

Ten claros estos Conceptos

Cromosomas sexuales. Segmento diferencial. Segmento apareante. Herencia ligada al sexo. Genes holándricos. Genes hologinos. Genes pseudoautosómicos. Herencia intermedia. Codominancia. Alelismo múltiple. Genes letales. Pleiotropía. Interacción génica. Epistasia. Prueba de alelismo. Complementación. Penetrancia. Expresividad. Relación fenotipo-genotipo. Interacción genes-ambiente. Norma de reacción. Genoma extranuclear. ADN mitocondrial. ADN cloroplastidial. Herencia uniparental. Herencia materna. Herencia paterna. Herencia biparental. Herencia doble uniparental. Isogamia. Anisogamia. Segregación citoplasmática. Efecto materno. Teoría endosimbiótica.

Resuelve las siguientes Actividades

1. *Si tienes mascota...* Determinación genética del color del pelo en los perros: http://biozell.com/color_perros.htm. ¿Podrías ahora determinar posible genotipo para el pelaje de tu perro o el de algún conocido sabiendo su pedigrí?
2. Realiza los problemas del 1 al 25 del Cuaderno de Problemas correspondientes a las Extensiones del mendelismo. Discute los resultados con tu profesor las horas dedicadas a tal efecto.
3. Formas parte de un equipo de asesoramiento genético. Te llegan tres casos relacionados con una enfermedad que estáis estudiando. En el primero de ellos, de una pareja sana con dos hijos y una hija, el último varón está afectado por la enfermedad. En el segundo caso, de una pareja sana, con dos hijas y un hijo, la primera hija se encuentra afectada por la enfermedad. En el último caso, de una pareja, estando afectado el hombre, con dos e hijas y un hijo, la primera hija presenta la enfermedad. Intenta explicar el modo de herencia de esta enfermedad y realiza un pedigrí para cada caso.

4. Si un individuo es diploide (homocigoto o heterocigoto para un gen), ¿cómo explicas la existencia del alelismo múltiple (un gen con más de dos alelos)?
5. Después de responder a la pregunta 3, nos adelantamos unos cuantos temas, pero es interesante que empieces a pensar en ello: en España son mucho más frecuentes los grupos sanguíneos A (aprox. 40%) y O (aprox. 40%) ¿De qué depende esto?
6. *Practical Genetics* es un programa para MS-DOS que permite hacer simulaciones de cruzamientos. Entre en esta dirección y práctica realizando los ejercicios que te propone: <http://mendel.ugr.es/genetica/mod/resource/view.php?id=566>

Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:

.....

• **Ahora conozco la existencia de genes ligados al sexo, de genes letales y las diferentes relaciones de dominancia entre alelos de un gen (herencia intermedia, codominancia, alelismo múltiple) y comprendo sus patrones de herencia.**

• **También conozco la existencia de interacciones entre alelos de genes diferentes (interacción génica, epistasis), así como las interacciones entre genes y ambiente. Comprendiendo además, de qué manera las interacciones alélicas y génicas provocan cambios en las proporciones esperadas en los cruzamientos genéticos.**

.....

Tema 5. Herencia de los Caracteres con Variación Continua**Contenidos**

1. La variación continua. Base mendeliana de la variación continua.
2. Efectos del ambiente sobre el fenotipo.
3. Número de genes que controlan un carácter cuantitativo.
4. Componentes genético y ambiental de la varianza fenotípica.
5. Heredabilidad.
6. Selección artificial. QTLs.

Objetivos

1. Comprender la naturaleza de la variación continua y adquirir habilidades para el análisis de los caracteres cuantitativos
2. Comprender el concepto de heredabilidad y adquirir habilidades para su cálculo por diferentes procedimientos
3. Conocer las herramientas de que disponemos para llevar a cabo programas de selección artificial en organismos de interés agrícola o ganadero

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 5 (páginas 122-123) y el Capítulo 24 del libro recomendado para clase: *Genética. Un enfoque conceptual* (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

1. ¿Cuál es la naturaleza de la variación continua?
2. Diferencias entre variación continua y discontinua.
3. ¿Contradican los caracteres cuantitativos las leyes de Mendel?
4. ¿De qué herramientas disponemos para estudiar los caracteres cuantitativos?
5. ¿Se puede saber cuántos genes intervienen en un carácter cuantitativo? ¿Y en cuántos genes difieren dos líneas puras para un carácter cuantitativo?

6. ¿Pueden existir diferencias cualitativas dentro de un carácter cuantitativo?
7. Relación entre varianza fenotípica, genética y ambiental.
8. ¿Qué mide y qué no mide la heredabilidad?
9. ¿Qué indica una heredabilidad de 0? ¿Y de 0.6? ¿Y de 1?
10. ¿Qué aplicaciones tiene el conocer parámetros como la respuesta a la selección o el diferencial de selección?
11. ¿Cuál es el interés de mapear los llamados QTLs?

Ten claros estos Conceptos

Variación continua. Características merísticas. Característica umbral. Herencia poligénica. Distribución de frecuencias. Distribución normal. Población. Muestra. Media. Varianza. Correlación. Regresión. Valor fenotípico. Norma de reacción. Varianza fenotípica. Varianza genética. Varianza ambiental. Varianza de la interacción genético-ambiental. Varianza aditiva. Varianza por dominancia. Varianza por interacción génica. Heredabilidad en sentido amplio. Heredabilidad en sentido restringido. QTLs. Selección artificial. Respuesta a la selección. Diferencial de selección.

Resuelve las siguientes actividades

1. *Para empezar...* lee este artículo para aclarar el concepto de Heredabilidad <http://www.homowebensis.com/archivos/el-tanto-por-ciento-gentico/>
2. Realiza los problemas del 1 al 7 del Cuaderno de Problemas correspondientes a la Genética cuantitativa. Discute los resultados con tu profesor las horas dedicadas a tal efecto.
3. Un agricultor te requiere para que le aconsejes en técnicas de mejora genética en su cultivo de leguminosas. Pretende no comprar más semillas y realizar él mismo los cruzamientos entre las plantas que obtiene en su cultivo. ¿Cuál será tu consejo?
4. Para una asociación de agricultores, realizas un estudio sobre la heredabilidad de un carácter determinado en el melón. Obtienes buenos resultados con heredabilidad alta para ese carácter tras varias experiencias de selección. Los cultivos seleccionados tienen buenos

rendimientos para esa asociación, pero, en una comarca cercana no han obtenido el mismo rendimiento para ese carácter, haciendo las mismas prácticas de selección. ¿Qué explicación tienes para ello?

5. Quieres desarrollar un programa de mejora genética en una especie poco estudiada. Ordena los pasos que debes de seguir para ello: 1. Selección de líneas de alta y baja expresión del carácter deseado; 2. Realización de un mapa genético; 3. Selección y cruzamiento de individuos con combinaciones de marcadores interesantes; 4. Desarrollo de marcadores moleculares; 5. Asociación de marcadores a QTLs.

*Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

.....
• **Ahora comprendo la naturaleza de la variación continua y soy capaz de**
• **llevar a cabo análisis con caracteres cuantitativos.**
•

• **También comprendo el concepto de heredabilidad y soy capaz de hacer**
• **su cálculo por diferentes procesos.**
•
.....

Tema 6. Ligamiento y Recombinación. Mapas Genéticos**Contenidos**

1. Ligamiento.
2. Entrecruzamiento.
3. Frecuencia de recombinación y su significado.
4. Distancias de mapa. Mapas genéticos: mapas de dos y tres puntos.
5. Interferencia y Coeficiente de coincidencia.
6. Recombinación somática.

Objetivos

1. Comprender el concepto de ligamiento.
2. Comprender el concepto de recombinación intracromosómica y de su comparación con la recombinación intercromosómica.
3. Seguir conectando conceptualmente la relación entre los genotipos de un cruzamiento y el comportamiento de los cromosomas durante la meiosis.
4. Seguir dotándonos de las herramientas adecuadas para hacer predicciones de los resultados de los cruzamientos genéticos, en este caso, de los resultados de cruzamientos genéticos en los que los genes bajo consideración están ligados.
5. Dotarnos de las herramientas adecuadas para comprender y desarrollar las técnicas de mapeo genético.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 7 y el Capítulo 19 (páginas 519-520 y 524-528) del libro de Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición)

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

1. ¿En qué consiste la recombinación?
2. El principio de transmisión independiente, ¿se aplica a los genes situados en el mismo cromosoma?

3. Si dos genes segregan independientemente, ¿significa que están en cromosomas diferentes?
4. ¿Hizo trampas Mendel?
5. Diferencia entre entrecruzamiento, quiasma y recombinación.
6. ¿Qué utilidad tienen los cruces de prueba en el estudio del ligamiento?
7. ¿Qué aplicación tiene el conocimiento de la frecuencia de recombinación?
8. ¿Qué limitaciones tiene la cartografía meiótica por recombinación?
9. ¿Qué interés tienen los mapas genéticos?
10. ¿Hay recombinación en los cromosomas sexuales?
11. ¿Puede haber recombinación no meiótica? ¿Qué es el entrecruzamiento somático? ¿Qué consecuencias tiene?

Ten claros estos Conceptos

Ligamiento. Grupo de ligamiento. Entrecruzamiento. Recombinación inter cromosómica. Recombinación intracromosómica. Gametos parentales o no recombinantes. Gametos recombinantes. Progenie parental o no recombinante. Progenie recombinante. Frecuencia de recombinación. Frecuencia de entrecruzamiento. Acoplamiento o configuración cis. Repulsión o configuración trans. Entrecruzamientos dobles. Mapa genético. Unidades de mapa. Centimorgan. Mapa de puntos. Mapa de tres puntos. Interferencia. Coeficiente de coincidencia. Recombinación somática.

Resuelve las siguientes Actividades

1. ¿Para qué organismo se hizo la primera asociación entre genes? ¿Quién lo realizó?
2. Realiza los problemas del 1 al 20 del Cuaderno de Problemas correspondientes a Ligamiento en diploides. Discute los resultados con tu profesor las horas dedicadas a tal efecto.
3. Predice las proporciones fenotípicas para dos genes autonómicos recesivos a y b en un cruzamiento prueba con un diheterocigoto cuando:
a) a y b se localizan en cromosomas distintos; b) a y b se encuentran en el mismo cromosoma pero tan lejos que siempre se produce

entrecruzamiento; c) *a* y *b* ligados, pero tan próximos que casi nunca se produce un entrecruzamiento entre ellos; d) *a* y *b* ligados a una distancia de 10 um.

4. Trabajas en un grupo de investigación que está interesado en construir un mapa genético en una especie de interés. Te piden que realices una lista con todas las cosas necesarias para ello, y otra, con las posibles utilidades de este mapa.
5. El *guisante de Mendel* tiene siete parejas cromosómicas y Mendel estudió siete caracteres; ¿tuvo Mendel suerte de analizar un gen en cada uno de los cromosomas o encontró ligamiento e hizo *trampas*?
6. ¿Cuál es el significado de la recombinación en el proceso evolutivo?

*Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

.....
.....
.....
Ahora conozco el significado de ligamiento y recombinación.
.....
Se distinguir los resultados en cruzamientos de genes con transmisión independiente de genes ligados.
.....
Entiendo el punto de partida para la realización de mapas de ligamiento.
.....
.....

Tema 7. Genética de Poblaciones**Contenidos**

1. Conjunto genético.
2. Variabilidad genética: cuantificación e importancia.
3. Frecuencias alélicas y frecuencias genotípicas.
4. El equilibrio Hardy-Weinberg y sus extensiones.
5. Pruebas para las proporciones de Hardy-Weinberg.
6. Procesos de cambios evolutivos: mutación, migración, selección, deriva y endogamia.

Objetivos

1. Comprender la importancia evolutiva de la variabilidad genética.
2. Conocer los métodos de estudio de la variabilidad genética.
3. Entender las condiciones y consecuencias de la ley de equilibrio.
4. Comprender los mecanismos de cambio evolutivo.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 25 del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras Cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Por qué evoluciona más rápidamente una población con más diversidad genética?
- 2) ¿Hay alguna población realmente en equilibrio Hardy-Weinberg?
- 3) ¿Cuánto se tarda en alcanzar el equilibrio H-W?
- 4) Conociendo las frecuencias génicas de una población en equilibrio, ¿se puede conocer las frecuencias genotípicas? ¿Y si la población no está en equilibrio?
- 5) Cuando se dice que una población está en equilibrio H-W, ¿se hace referencia a todos los loci o sólo a uno de ellos?

6) Calcula la frecuencia génica de un alelo recesivo, en una población en equilibrio, cuando un tercio de los individuos normales son portadores.

Ten claros estos Conceptos

Población mendeliana. Proporción de loci polimórficos. Heterocigosidad esperada. Frecuencia alélica o génica. Frecuencia genotípica. Equilibrio de Hardy-Weinberg. Apareamiento aleatorio. Eficacia biológica.

Resuelve las siguientes Actividades

1. Realiza los problemas del 1 al 15 del Cuaderno de Problemas correspondientes a Genética de poblaciones. Discute los resultados con tu profesor en las horas dedicadas a tal efecto.
2. En una población en donde se conoce el número total de individuos con el fenotipo dominante, ¿cómo se puede calcular el porcentaje de portadores?
3. Tienes que realizar un estudio en una población humana de 4.000 individuos. En ella, hay dos varones diagnosticados con hemofilia. Suponiendo que en esta población la mitad son mujeres y la mitad varones, ¿cuántas mujeres serían portadoras de la hemofilia?
4. Enumera las principales fuerzas evolutivas que impulsan el cambio en las frecuencias génicas.
5. ¿Cuándo es importante la deriva genética como fuerza evolutiva? ¿En qué medida la consanguinidad cambia las frecuencias genotípicas? ¿Y las génicas?

Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:

.....
: Ahora conozco los requisitos para que un proceso evolutivo se produzca :
: por selección natural. :
: :
: Sé calcular correctamente las frecuencias alélicas a partir de las :
: frecuencias genotípicas y aplico correctamente el principio de Hardy- :
: Weinberg. :
:.....

Tema 8. Genética Evolutiva**Contenidos**

1. Concepto de Evolución.
2. Principales teorías Evolutivas.
3. Filogenias moleculares.
4. Tasas de evolución molecular. Reloj molecular.
5. Evolución del genoma.

Objetivos

1. Conocer las teorías evolutivas.
2. Comprender la evolución a nivel molecular.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 26 del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Favorece la selección natural a los alelos dominantes?
- 2) ¿Por qué es tan difícil que desaparezcan los alelos recesivos de las poblaciones?
- 3) Encuentre ejemplos de selección direccional, estabilizadora y disruptiva
- 4) ¿Son los caracteres sexuales secundarios ejemplos de rasgos sometidos a selección sexual?.
- 5) ¿Puede la deriva ser más importante que la selección?

Ten claros estos Conceptos

Microevolución. Macroevolución. Mecanismo de aislamiento reproductivo. Especiación. Árbol filogenético. Apareamiento no aleatorio. Coeficiente de endogamia. Depresión por endogamia. Migración. Error de muestreo. Deriva genética. Efecto fundador. Cuello de botella. Aptitud genética. Coeficiente de selección. Selección. Mutación neutra. Reloj molecular.

Resuelve las siguientes actividades

1. Mediante PCR y secuenciación, hemos obtenido la secuencia del intrón 4 de un gen en cuatro especies diferentes:

> Especie 1

```
AAATTAGGATTACCATACCTAGTACTTAACCCTTGGTGTAGCGTGTAGTTTTAAAGTAATGGCTTAAATGTTA
AGCATTGATGACTAGTAAATGACTAGGTACCCAGGTACCATGATAGTACCAGGGATCAGAGGATTACACCCA
TTTGATAGACAGGTAGATTGACCCATGATTAATGACCCATGGTACGACTAGGTACGATC
```

> Especie 2

```
AAATAAGGATTACCATACGTAAGTACTTAACGCTTGGTGTAGCGTGTAGTTTTAAAGTAATGGCTTAAATGTTT
AAGCATTGATGACTAGTAAATGACTAGGTACCCAGGTACCATGATAGTACCAGGGATCAGAGGATTACACCC
ATTTGCTAGACAGGTAGATTGACCCATGATTAAGGACCCATGGTACGACTAGGTTCGATC
```

> Especie 3

```
AAATATTGGATTACCATACGTTGTAGTTAACGCTTGGAGTAGCGTGTAGTAATTAAGTAATGGCTTAGATGT
GTAAGCGTTGAAGACTACTAAATGACTAGGTACCCAGGAACGATCATTGTAACACGGATTAGAGCATTTCAC
CCATTTGCTACCCAGGTAGTTTCACGCATGATTAAGGACCCATGGTTTCGACTAGGTTGGATC
```

> Especie 4

```
AAATTAGGATTTCCATACCTAGTACTTAACCCTTGGTGTAGCGTGTAGTTTTAAAGTAATGGCTTAAATGTTTA
AGCATTGATGACTAGTAAATGACTAGGTACCCAGGTACCATGATAGTACCAGGGATCAGAGGATAACACCCA
TTTGATAGACAGGTAGATTGACCGATGATTAATGACCCATGGTACGACTAGGTACGATC
```

Utilizando el programa *online* [ClustalW](#) vamos a realizar un alineamiento de las mismas. Para ello pegamos nuestras secuencias que se encuentran en formato FASTA en el cuadro y corremos el programa. Seleccionamos el alineamiento y lo guardamos. Aunque la portabilidad suele ser buena, cada programa utiliza preferentemente un formato especial de secuencias y alineamientos. Así que, para ser capaces de seguir trabajando con nuestro alineamiento, debemos modificar su formato. Utilizando el programa [Seqret](#), lo transformamos al formato Mega.

Una vez hecho esto, descargamos en nuestra máquina el software gratuito [MEGA4](#) que nos permite realizar análisis filogenéticos a partir de un alineamiento de secuencias. Para ello, abrimos el alineamiento que guardamos anteriormente

8.2.2.- Genética II

Tema 1. Ingeniería Genética

Contenidos

1. Técnicas básicas de análisis molecular.
2. Clonación. PCR.
3. Aplicaciones de las técnicas moleculares.

Objetivos

1. Conocer y comprender las distintas técnicas moleculares utilizadas en el análisis del genoma.
2. Conocer las diferentes aplicaciones en las que se utilizan estas técnicas moleculares.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 19 del libro de Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Qué estrategia permitiría analizar un gen molecularmente?
- 2) ¿Qué pasos habría que seguir para clonar un gen?
- 3) ¿Qué estrategias se pueden seguir para construir una molécula de ADN recombinante?
- 4) ¿Qué estrategia se debe seguir para rastrear una genoteca?
- 5) ¿Qué utilidad ofrece la electroforesis de fragmentos de ADN en geles de agarosa? ¿Cómo migran en el gel de electroforesis los fragmentos de ADN de una muestra?

- 6) ¿Cuál es la utilidad de técnicas como el Southern-blot, Northern-blot o Western-blot? ¿Y de la técnica de hibridación?
- 7) ¿Para qué son útiles los mapas de restricción?
- 8) ¿Cuál es el fundamento y la utilidad de la técnica de PCR? ¿En que se diferencia y en que se parece a la amplificación in vivo o clonación?
- 9) ¿Cómo se puede analizar la función de un gen?
- 10) ¿Qué es un marcador molecular y para qué se utiliza?
- 11) ¿Qué utilidades en Ciencia aplicada pueden tener las técnicas moleculares de análisis genético?

Ten claros estos Conceptos

ADN recombinante. Ingeniería genética. Enzimas de restricción. Dianas de restricción. Electroforesis de ácidos nucleicos. Southern-blot. Northern-blot. Western-blot. Sonda molecular. Marcaje de sondas. Hibridación. Mapas de restricción. Clon. Clonación de ácidos nucleicos. Vector de clonación. Vector plasmídico. Vector bacteriófago. Vector cósmido. Marcador seleccionable. Vector de expresión. Vector lanzadera. YAC. BAC. Plásmido Ti. Genoteca genómica. Genoteca de cDNA. Paseo cromosómico. Análisis de genes *in silico*. PCR. Secuenciación de ADN. Hibridación *in situ*. Footprinting. Mutagénesis dirigida. Transgénesis. Ratones *knockout*. RFLP. VNTR. Minisatélite. Microsatélite. Mapeo genético asistido por marcadores moleculares. Biotecnología. Terapia génica. Diagnóstico molecular. Fingerprinting de ADN (Huella genética).

Resuelve las siguientes actividades

1. Tienes dos vectores de clonación cortados con dos enzimas de restricción distintas que quieres utilizar para un experimento de clonación. La etiqueta se ha borrado por error. Menos mal que sabes que los vectores han sido digeridos con enzimas de restricción que producen extremos cohesivos, cuya diana de restricción es mayor de cuatro nucleótidos, y que están en la siguiente lista, ¿cuáles son las enzimas en cuestión? ¿Qué tipos de enzimas reconoces? ¿Qué características reúnen sus dianas de restricción? ¿Qué significado tienen sus nombres?

Enzima	Organismo del que se aísla	Diana de restricción
<i>PovII</i>	<i>Proteus vulgaris</i>	↓ 5'CAGCTG 3'GTCGAC ↑
<i>HindIII</i>	<i>Haemophilus influenzae</i>	↓ 5'AAGCTT 3'TTCGAA ↑
<i>CofI</i>	<i>Clostridium formicoaceticum</i>	↓ 5'GCGC 3'CGCG ↑
<i>SmaI</i>	<i>Serratia marcescens</i>	↓ 5'CCCGGG 3'GGGCCC ↑
<i>AluI</i>	<i>Arthrobacter luteus</i>	↓ 5'AGCT 3'TCGA ↑
<i>EcoRI</i>	<i>Escherichia coli</i>	↓ 5'GAATTC 3'CTTAAG ↑
<i>HaeIII</i>	<i>Haemophilus egyptius</i>	↓ 5'GGCC 3'CCGG ↑

- Busca en Internet un artículo de prensa relacionado con técnicas de Biología Molecular. Describe en dos o tres líneas de qué técnica se trata y su aplicación.
- El jefe le deja encargado a un becario en prácticas que clone un gen mientras él está de vacaciones en la playa. Para ello, le ha dejado una serie de fichas en las que describe cada uno de los pasos que el becario tiene que seguir para que el experimento se lleve a cabo con éxito. Lamentablemente,

en un despiste, el becario en cuestión ha tirado las fichas al suelo y ahora no sabe cómo ponerlas en orden. Mirando el título de las mismas, ¿podrías echarle una mano para que cuando su jefe esté de vuelta, el trabajo esté terminado? Éstas son las fichas en desorden.

Cultivo de Bacterias
Información del Gen
Ligación a un vector
Secuenciación de clones recombinantes
Enzimas de restricción
PCR
Diseño de cebadores
Transformación
Aislamiento de la secuencia
Selección de clones recombinantes



Dr. Epstein, me parece que se ha ido un poco lejos con su ingeniería genética

4. Existe mucha controversia acerca de los organismos modificados genéticamente (OMG). Como trabajo de clase, enumera en dos listas los aspectos negativos y positivos que a tu parecer tienen estos organismos.

Comprueba que una vez finalizado este gui3n de trabajo aut3nomo eres capaz de superar los **M3NIMOS DEL TEMA**:

Ahora conozco las principales t3cnicas de Biolog3a Molecular: digesti3n con enzimas de restricci3n, PCR, clonaci3n y transg3nesis.

Comprendo el impacto cient3fico y social que tienen estas t3cnicas. Tengo ahora una opini3n objetiva de su empleo y sabr3a c3mo aplicarlas a situaciones de distinto nivel de complejidad.

S3 lo que son los polimorfismos moleculares y c3mo se lleva a cabo su an3lisis.

Tema 2. Genómica**Contenidos**

1. Genómica estructural.
2. Genómica funcional.
3. Genómica comparada.
4. La metodología en los Proyectos Genoma.

Objetivos

1. Conocer los diferentes tipos de secuencias que se encuentran en los genomas eucariotas y su papel en el aumento del tamaño de estos.
2. Comprender la metodología empleada para el estudio de los genomas.
3. Valorar la importancia y utilidad de los resultados obtenidos en los estudios realizados por la genómica estructural y la genómica funcional
4. Interpretar los datos obtenidos en la comparación de genomas.

Dónde obtener la información

Lee el Capítulo 1, de la página 4 a la 10 y el Capítulo 20 de la página 548 a la 570 de tu libro de Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición):

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Qué objetivos persigue la Genómica y cuáles son sus herramientas?
- 2) ¿Desde qué aproximaciones se puede trabajar en Genómica?
- 3) ¿Con qué tipo de herramientas cuenta la Genómica estructural?
- 4) ¿Qué estrategias se pueden seguir para llevar a cabo la cartografía física de un genoma para su secuenciación completa?
- 5) ¿Qué conclusiones básicas se pueden extraer de la secuenciación de genomas procarióticos? ¿Y de eucarióticos?
- 6) ¿Y de la Genómica comparada de todos estos organismos?

- 7) ¿En qué consiste la paradoja del valor C?
- 8) Papel de las secuencias repetidas en el aumento del tamaño de los genomas.
- 9) Papel del ADN no génico en el aumento del tamaño de los genomas.
- 10) ¿Qué mecanismos evolutivos podrían ser útiles como fuente de aparición de nuevos genes?
- 11) ¿Por qué hay tan pocos genes (con respecto al número esperado) en el genoma humano? ¿Y por qué hay tantas secuencias repetidas?

Ten claros estos Conceptos

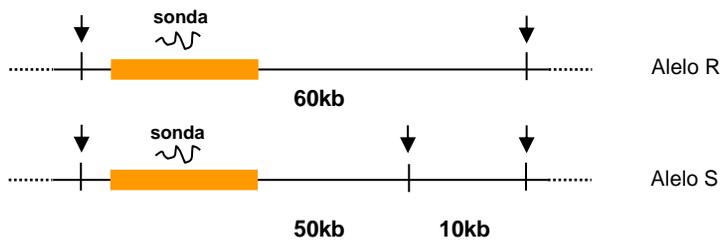
Genoma. Genómica. Genómica estructural. Genómica funcional. Genómica comparada. Mapas genéticos. Mapas físicos (mapas cromosómicos y mapas de restricción). Integración de mapas. STSs. ESTs. Contig. Secuenciación de ADN. Secuenciación basada en mapas. Secuenciación basada en el método *shotgun*. SNPs. Haplotipo. Bioinformática. Transcriptoma. Proteoma. Homología (ortología y paralogía). Conservación de dominios proteicos. Perfil filogenético. Patrones de fusión. Análisis de proximidad de genes. Biochips (micromatrices o *microarrays*). RT-PCR. Secuencia indicadora. Clonación posicional. Transferencia génica horizontal. Duplicación génica. Barajamiento de exones. Paradoja del valor C. Secuencias repetidas. ADN repetido disperso. ADN repetido en tándem. ADN satélite. Transposón. Retrotransposón. SINEs. LINEs. Sintenia.

Resuelve las siguientes Actividades

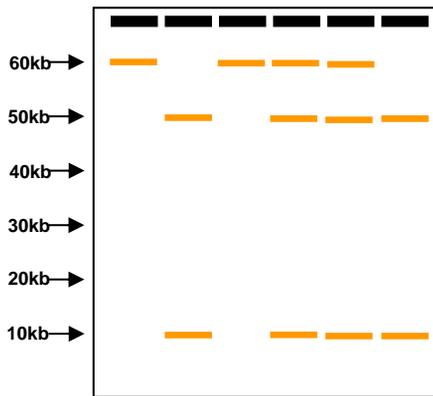
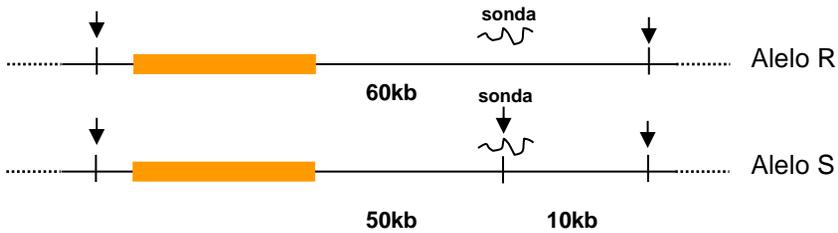
1. El cuadro siguiente resume algunos tipos de secuencias que constituyen los genomas. Señala con cruces donde corresponda, según las características principales, en cuanto a número de copia y función, de cada uno. En los casos en los que consideres oportuno, puedes justificar o matizar tu respuesta.

	codificante	no codificante	de copia única	altamente repetitivo	moderadamente repetitivo	repetitivo agrupado	repetitivo disperso
genes							
intrones							
exones							
ADN satélite							
microsatélites							
ADN telomérico							
familia génica de genes ribosómicos							

2. Estás estudiando en tu laboratorio un gen muy interesante relacionado con cierta enfermedad humana. Has descubierto que este gen es polimórfico en la población que estás analizando. Concretamente en algunos individuos aparece una diana interna adicional para EcoRI (dianas señaladas con flechas). Has diseñado un experimento de RFLPs, en el que cortas con EcoRI y posteriormente hibridas con una sonda específica que has diseñado para la región señalada en naranja. Sabes que los heterocigotos sufren una patología especialmente letal ¿Qué patrón de bandas esperarías para estos individuos?



Estudiando el mismo gen con otra sonda, que hibrida en la nueva posición señalada, se obtuvo el patrón de *Southern* mostrado a continuación. Indica cuál es el genotipo de los seis pacientes analizados.



3. En uno de tus viajes, has encontrado una planta de arroz en el desierto de Gobi que crece y produce gran cantidad de frutos, a pesar de las condiciones extremas de sequía. Teniendo en cuenta que se dispone de gran información genómica de esta especie, ¿qué experimento diseñarías para tratar de aislar esos genes de resistencia a la sequía?

*Comprueba que una vez finalizado este guión de trabajo autónomo, eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

Ahora conozco los principales tipos de secuencias que conforman los genomas.

Ahora soy capaz de interpretar y comprender la información básica obtenida del análisis de los genomas desde un punto de vista evolutivo.

Tema 3. Expresión Génica

Contenidos

- 1 Concepto molecular de gen.
- 2 Clases y funciones del ARN.
- 3 El proceso de la transcripción.
- 4 La maduración del ARN.
- 5 Naturaleza y características del Código Genético.
- 6 El proceso de la traducción.

Objetivos

1. Análisis del concepto de gen.
2. Conocer los mecanismos y el significado biológico de los procesos de transcripción y traducción.
3. Interpretar el código genético.

Dónde obtener la información

Para profundizar en el **concepto de gen**, lee el comienzo del Capítulo 14 del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Para conocer aspectos de la **transcripción**, lee el Capítulo 13 del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Lee el Capítulo 15 del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición), acerca de las propiedades del **código genético** y para conocer aspectos de la **traducción**.

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Qué es un gen?
- 2) ¿Cómo funcionan los genes? Del genotipo al fenotipo.

- 3) ¿Todos los genes codifican proteínas?
- 4) ¿Qué dice básicamente la hipótesis un gen-una enzima?
- 5) ¿Qué significa que existe colinealidad entre un gen y una proteína?
- 6) ¿Qué diferencias moleculares y funcionales existen entre dos alelos de un gen?
- 7) ¿Cuál es la estructura básica de un gen?
- 8) ¿Cómo se transcribe la información de un gen a una molécula de ARN?

Ten claros estos Conceptos

Ribozima. ARN mensajero. Unidad de transcripción. Promotores. Intensificadores. Intrones. Exones. Espliceosoma. ARN transferente. ARN ribosómico. Codón. Anticodón. Marco abierto de lectura (ORF).

Resuelve las siguientes Actividades

1. Observa detenidamente la secuencia de este gen procariota. ¿Sabrías indicar las distintas partes que lo constituyen?

ATATATATATACGTTTGACAAGCGGCGAGCGTCATTTGATATAATGGGCGGCCCATGGGC
GAGCACTCGGGGCAATCCCAGGGTCCACCAACGCCACCCACCGATCAGAGAAACCCTGGAA
TAAAACCCAAAACCGACGTGCAGCCTGGCAAGGCTGACCTGAAGCGAGAGGGGCGCCCTGC
CAGAGGGGGGCGAGACAGCCCCATCGACTTCCGCGACGTGGACATCTTACAGCAAGAGGGCG
AGCTGAGCAGCGACGTCTCTCCAACATCGAGACCTTCGACGTCAACGAGTTCGACCAGTACCT
GCCGCCAATGGCCACCCGGGGTGCCGGCCT**TAG**ACGTTTTCGATG**AGCCCGCC**ATCGATATA
CGGAT**GGCGGGCTAAAAAA**

¿Cuál sería la secuencia del ARNm correspondiente a esta secuencia?
¿Qué diferencias sustanciales tendría si se tratara de un gen eucariota?

2. Te llega de sorpresa la visita de un afamado empresario farmacéutico con la secuencia de una proteína que te copio a continuación:

>proteína

GEHSGQSQGPPTPTDQRNPGIKPKTDVQPGKADLKREGRPLPEGGRQPPIDFRVDILQQEGELS
SDVISNIETFDVNEFDQYLPPNGHPGVPA

Cree que si consigue aislar el gen que la codifica puede hacerse de oro. Así que te ofrece un millón de dólares si inmediatamente y sin recurrir a ningún experimento de laboratorio eres capaz de decirle la secuencia de ADN exacta del

gen al que se corresponde. A pesar de que ese dinero no te vendría nada mal, pones en práctica tus vastos conocimientos en Genética y con mucha sangre fría le dices que obviamente eso es imposible. Él te replica y te dice que eres un *degenerado* y que te ofrece el doble de dinero si eres capaz de demostrarle por escrito el porqué. ¿Cómo conseguirías ganar la apuesta? ¿Quién es realmente el *degenerado*? ¿Qué ocurriría si el problema propuesto hubiera sido a la inversa – ADN a proteína? ¿Por qué? ¿Qué conclusiones podrías sacar sobre el código genético?

Truco: ayúdate de [esta](#) herramienta informática para hacer la traducción inversa de la secuencia de aminoácidos e intentar comprender lo que ocurre.

(<http://www.vivo.colostate.edu/molkit/rtranslate/index.html>)

*Comprueba que una vez finalizado este guión de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

.....
•
• **Ahora comprendo lo que es un gen y las redefiniciones que las aportaciones de la biología molecular nos ofrecen.**
•
•
• **También comprendo el significado de la transcripción y la traducción. Los pasos fundamentales de estos procesos, las moléculas que intervienen, así como su importancia biológica.**
•
•
.....

Tema 4. Regulación de la Expresión Génica**Contenidos**

1. Niveles de regulación.
2. La regulación en eucariotas: Estructura de la cromatina y expresión génica.
3. Regulación al nivel de la transcripción.
4. Regulación al nivel post-transcripcional.
5. Regulación al nivel de la traducción.
6. Regulación epigenética.

Objetivos

1. Conocer los niveles de control de la expresión génica.
2. Conocer el control transcripcional, post-transcripcional y el papel del ARN en la expresión génica.
3. Comprender la regulación epigenética.

Dónde obtener la información

Lee los Capítulos 16 y 17 del libro de Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición)

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Cuáles son los niveles de control de la expresión génica?
- 2) ¿Cuáles son los elementos básicos de control de la expresión génica?
- 3) ¿Cómo se consigue la coordinación del control génico en procariotas?
- 4) Dimensión espacial y dimensión temporal de la regulación génica en eucariotas.

- 5) ¿Cuáles son las diferencias entre un gen activo y un gen inactivo en eucariotas? ¿Qué papel desempeña la estructura de la cromatina en el control de la expresión génica?
- 6) ¿Cómo se lleva a cabo la regulación de la transcripción en eucariotas?
- 7) Papel de la maduración alternativa en la regulación de la expresión génica
- 8) Papel de la edición del ARNm en la regulación de la expresión génica
- 9) Papel del control de la degradación de los ARNm en la regulación de la expresión génica.
- 10) Papel de la interferencia por ARN en la regulación de la expresión génica.
- 11) ¿Cómo puede regular una célula la expresión génica durante la traducción?
- 12) ¿En qué estado presenta un macho las dos copias de un gen sometido a impronta materna? ¿Y una hembra? ¿En qué estado transmitirá un macho a la descendencia un gen con impronta materna? ¿Y una hembra?
- 13) ¿En qué estado presenta un macho las dos copias de un gen un gen sometido a impronta paterna? ¿Y una hembra? ¿En qué estado transmitirá un macho a la descendencia un gen con impronta paterna? ¿Y una hembra?

Ten claros estos Conceptos

Sensibilidad a la ADNasa-I. Acetilación de histonas. Metilación del ADN. Activadores. Coactivadores. Represores. Promotor mínimo. Promotor regulador. Intensificador. Factores de transcripción. Elementos frontera (aislantes). Regiones controladoras de loci. Elemento de respuesta. Regulación coordinada de genes. Maduración alternativa de transcritos primarios. Edición del ARNm. Vida media y estabilidad de los ARNm. MicroARN (miRNA). ARN interferente pequeño (siARN). Interferencia por ARN. Regulación epigenética. Impronta genómica.

Resuelve las siguientes Actividades

1. Una vez vistos los ejemplos de clase, enumera los distintos niveles de regulación de la expresión génica y escribe (en una línea) un ejemplo de cada uno.
2. Estás estudiando la expresión del gen cuya secuencia tienes copiada a continuación:

>Gen

ATGGGCGAGCACTCGGGGCAATCCCAGGGTCCACCAACGCCACCCACCACCGATCAGAGAAAC
 CCTGGAATAAAACCCAAAACCGACGTGCAGCCTGGCAAGGCTGACCTGAAGCGAGAGGGGGCGC
 CCCCTGCCAGAGGGGGGCGAGACGCCCCCATCGACTTCCGCGACGTGGACATCTTACAGCAAG
 AGGGCGAGCTGAGCAGCGACGTCATCTCCAACATCGAGACCTTCGACGTCAACGAGTTGACCA
 GTACCTGCCGCCAATGGCCACCCGGGGGTGCCGGCCTAG

Tras terminar los experimentos de laboratorio, te pones a analizar los resultados y te llevas la sorpresa de que no estás obteniendo un único producto polipeptídico, sino dos. Son los siguientes:

>producto_1

GEHSGSQGPPTPPTPKTDVQPGKADLKREGRPLPEGGRQPPIDFRDVDIGELSSDVISNIETFDVN
 EFDQYLPPNGHPGVPA

>producto_2

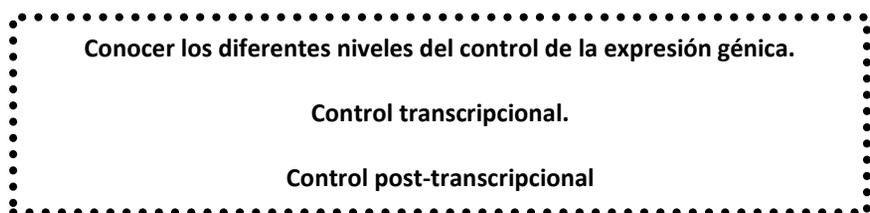
GEHSGSQGPPTPPTDQRNPGKADLKREGRPLPEGGRQPPIDFRDVDILQQEGELSSDVISNIETYL
 PPNGHPGVPA

¿Es posible que una única secuencia nucleotídica dé lugar a varios productos polipeptídicos distintos o te has equivocado en algún paso del proceso? ¿A qué puede deberse este fenómeno? ¿Podrías nombrar ahora las distintas partes que distingues en el gen?

Truco: ayúdate de [esta](http://www.expasy.ch/tools/dna.html) herramienta informática para traducir la secuencia de ADN e intentar comprender lo que ocurre.

(<http://www.expasy.ch/tools/dna.html>)

*Comprueba que una vez finalizado este guión de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*



Tema 6. Mutación, reparación y transposición**Contenidos**

1. Concepto de mutación.
2. Importancia de las mutaciones.
3. Clasificación de las mutaciones.
4. Mutaciones génicas: tipos y consecuencias.
5. Tasas de mutación.
6. Causas de las mutaciones: mutaciones espontáneas y mutaciones inducidas.
7. Genética del cáncer.

Objetivos

1. Comprender el concepto de mutación y su importancia evolutiva
2. Conocer los tipos de mutaciones génicas
3. Conocer cómo, por qué y con qué frecuencia se producen las mutaciones
4. Entender la relación entre genes y cáncer.

Dónde obtener la información

Lee las páginas 471 a 487 del Capítulo 18 y las páginas 629 a 636 del Capítulo 23 del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Ten claros estos conceptos

Mutación génica. Transición. Transversión. Inserción. Deleción. Cambio de marco de lectura. Expansión por repetición de trinucleótidos. Mutación neutral Mutación silenciosa. Tasa de mutación. Frecuencia de mutación. Mutación adaptativa. Entrecruzamiento desigual. Oncogén. Gen supresor de tumores. Protooncogén.

Resuelve las siguientes actividades

1. Comprueba que comprendes el concepto de mutación y su importancia en la evolución.

2. Ahora, imagina que estamos en 1855 y que eres [Wallace](#), prestigioso naturalista inglés que infirió el concepto de [Selección Natural](#) en paralelo con Darwin. Tras tu época de recolección, has conseguido un centenar de ejemplares de la mariposa *Ornithoptera croesus* y analizándolos te das cuenta de la gran variación fenotípica existente en cuanto a color, tamaño, morfología, etc. (ver figura), ¿qué te sugiere todo esto?



3. ¿Cuál es el origen de la variación genética? ¿Qué significa que las mutaciones son preadaptativas? **Piensa en las diferencias entre la teoría de Darwin y la teoría de [Lamarck](#).**

4. Razona si la mutación es un fenómeno beneficioso o perjudicial para los seres vivos.

5. ¿Qué significa el concepto de tasa de mutación? ¿De qué factores depende esta tasa de mutación?

6. Ahora nos trasladamos unos cuantos años adelante, ya has terminado tu carrera y has montado un gabinete de consejo científico. Un hombre llega alarmado a tu consulta porque le han cortado un pie y teme que sus futuros hijos nazcan con este defecto también, ¿qué le dirías?

7. Ese mismo día, te llegan los resultados que ves a continuación (ver figura) a tu laboratorio acerca de la secuencia genética de un gen mutante en comparación con uno normal. ¿Podrías enumerar el tipo de mutaciones que presenta dicho gen? ¿Qué efectos crees que tendrán estas mutaciones en los

individuos portadores del gen mutante? ¿Imagina qué informes pedirías al paciente para saber cuáles pueden ser las causas de dichas mutaciones? **Trae tus resultados a clase.**

“SECUENCIA DEL GEN MUTANTE CARACTERIZADO EN COMPARACIÓN CON LA SECUENCIA DEL GEN NORMAL”

Region 1

Gen Normal: ATGCGAGGATCGAGACTATAOGAGACCTATAGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA
Gen Mutante: ATGCGGGACCGAGACTATAOGAGCCCTATAGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA

Region 2

Gen Normal: ATGCGAGGATCGAGACTATA-----CGAGACCTATAGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA
Gen Mutante: ATGCGAGGATCGAGACTATA**GTCC**CGAGACCTATAGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA

Region 3

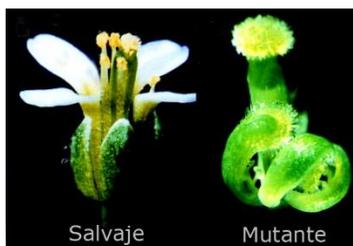
Gen Normal: ATGCGAGGATCGAGACTATA-----CGAGACCTATAGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA
Gen Mutante: ATGCGAGGATCGAGACTATA**ATAATAATA**CGAGACCTATAGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA

Region 4

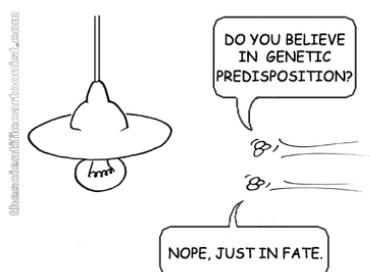
Gen Normal: ATGCGAGGATCGAGACTATAOGAGACCTATAGTGGAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA
Gen Mutante: ATGCGAGGATCGAGACTATAOGAGACCTATA----GAGAGAGAGCTTTTATATAGAGA

*Nota: (-) indica ausencia de nucleótido en esa posición.

8. Hoy tienes un día ajetreadísimo, te llega un nuevo cliente con una planta mutante cuyo desarrollo floral (tanto de la parte masculina como de la parte femenina) está alterado (ver figura). ¿Para qué podrías utilizar esta planta?



9. Enumera genes cuya mutación crees que pueda estar asociada al cáncer. ¿Es, por tanto, heredable el cáncer? **Razona tu respuesta.**



*Comprueba que una vez finalizado este guión de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

Ahora conozco las clases de mutaciones génicas y entiendo su carácter preadaptativo y su importancia evolutiva.

Comprendo las causas, el origen y frecuencia de las mutaciones.

Tema 7. Alteraciones cromosómicas**Contenidos**

1. Morfología cromosómica.
2. Tipos de mutaciones cromosómicas: estructurales y numéricas.
3. Mutaciones estructurales: duplicaciones, deleciones, inversiones, translocaciones, sitios frágiles.
4. Mutaciones numéricas: aneuploidías, euploidías.
5. Principales síndromes debidos a situaciones aneuploides en la especie humana.
6. Poliploidía. Importancia de la poliploidía en la mejora.
7. Cambios cromosómicos y evolución.

Objetivos

1. Conocer las principales mutaciones cromosómicas estructurales y numéricas.
2. Conocer la importancia de este tipo de mutaciones en relación con el hombre.
3. Comprender la importancia evolutiva de este tipo de mutaciones.

Dónde obtener la información

Lee las páginas Capítulo del libro recomendado para clase: Genética. Un enfoque conceptual (Pierce) Panamericana (3ª edición).

Ve el/los vídeo/s correspondiente/s a este tema y responde a las preguntas que se plantean.

Piensa en estas otras cuestiones para discutir las en clase

- 1) ¿Cuales son los orígenes de los reordenamientos cromosómicos?
- 2) ¿Qué son y por qué se forman los bucles de inversión? ¿Y los bucles de deleción?
- 3) Utilidad de las translocaciones e inversiones como herramientas genéticas.
- 4) ¿Qué son organismos poliploides? ¿Y haploides? ¿Y monoploides?
- 5) ¿Cual es el origen de los autopoliploides y de los alopoliploides?

6) Interés de los organismos monoploides y poliploides en la mejora.

7) Relación entre cambios cromosómicos y evolución.

Ten claros estos conceptos

Tipos cromosómicos. Mutación cromosómica. Clases de mutaciones: cromosómicas estructurales, poliploidía y aneuploidía.

Resuelve las siguientes actividades

1. Observa las parejas cromosómicas de la **Figura 1** y describe el tipo de anomalía cromosómica que observas.

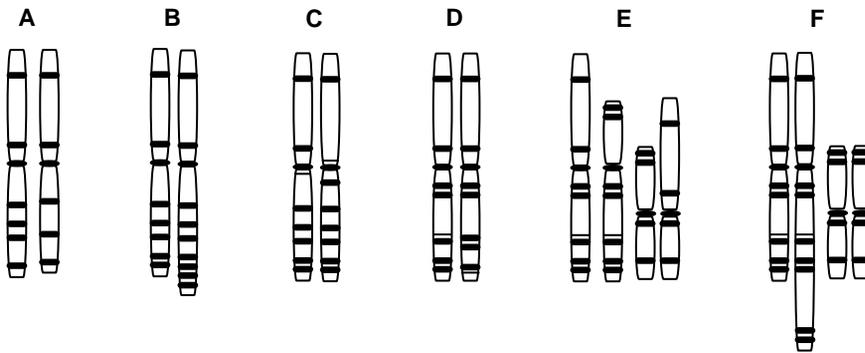
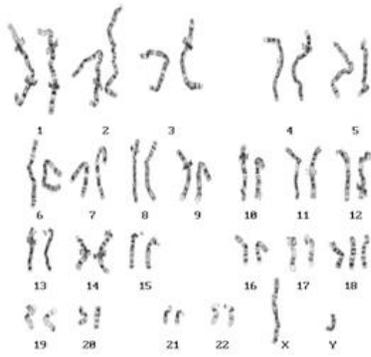


Figura 1

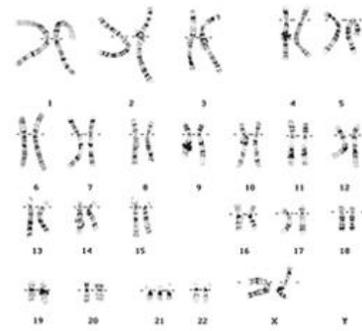
2. Viene a visitarte un colega médico y te trae los cariotipos de unos pacientes (ver **Figura 2**). Como experto en genética ¿serías capaz de rellenar el siguiente formulario para cada paciente?:

NÚMERO DE PACIENTE.....
SEXO.....
TIPO DE MUTACIÓN (NUMÉRICA/ESTRUCTURAL):.....
DESCRIPCIÓN DETALLADA:
.....
.....
.....
POSIBLE SÍNDROME ASOCIADO:.....

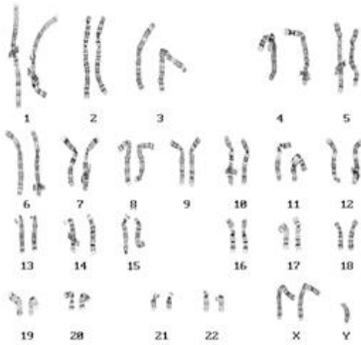
3. Has ido a muestrear una población de una especie vegetal de tu interés. Cuando llegas descubres que la población está realmente compuesta por tres especies muy emparentadas. Al llegar al laboratorio, haces un cariotipo para cada una de las especies (A, B y C) y obtienes lo que aparece en la **Figura 3**. Describe el cariotipo de cada una de las especies. ¿Sería posible explicar la evolución de estas plantas observando sus cariotipos? ¿Qué reordenaciones cromosómicas han ocurrido con mayor probabilidad?



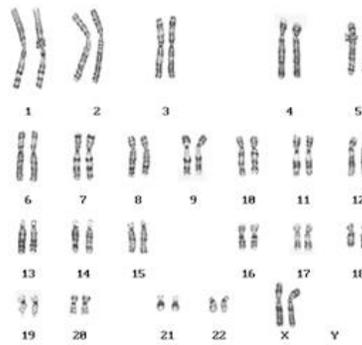
Paciente 1



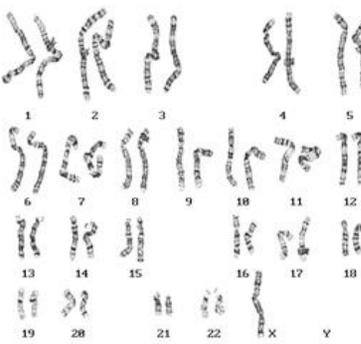
Paciente 2



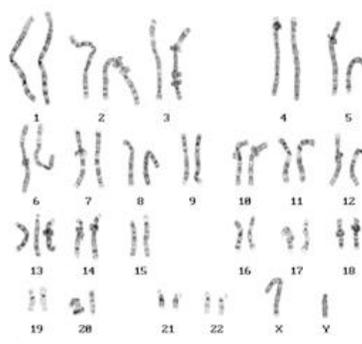
Paciente 3



Paciente 4

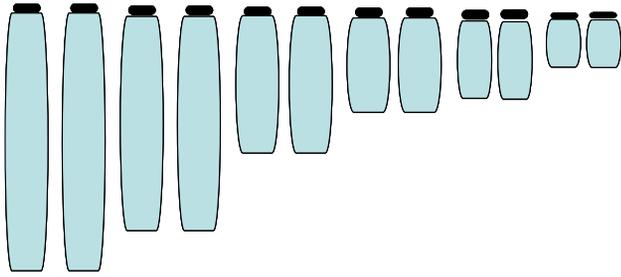


Paciente 5

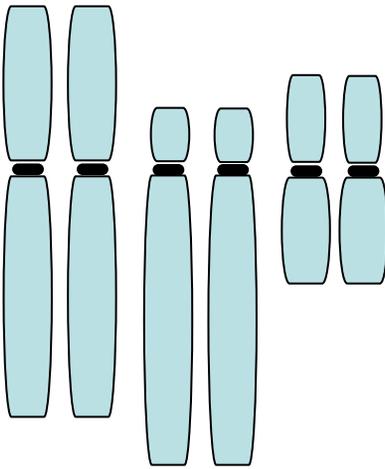


Paciente 6

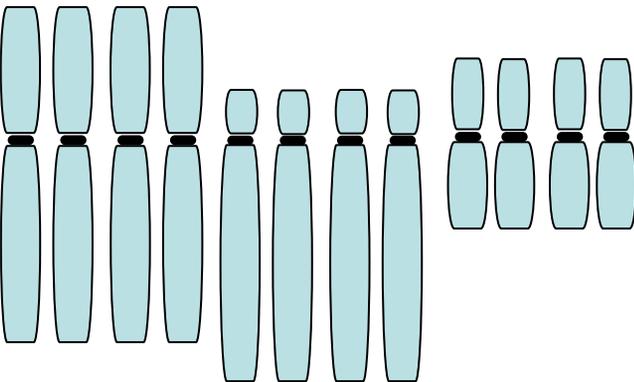
Figura 2



A



B



C

Figura 3

*Comprueba que una vez finalizado este guion de trabajo autónomo eres capaz de superar los **MÍNIMOS DEL TEMA**:*

- Distinguir los distintos tipos de mutaciones cromosómicas (estructurales y numéricas), definir su origen y comprender sus consecuencias.
- Entender la importancia evolutiva de las mutaciones cromosómicas.

8.2.- Guiones de prácticas

 UGR Universidad de Granada	Departamento de Genética
Práctica I: Cruces experimentales con <i>Drosophila melanogaster</i>.	
Edición: 00	Fecha: 19-09-2016

Durante este curso vamos a realizar varios cruzamientos experimentales usando mutantes de *Drosophila melanogaster* (la mosca de la fruta). Para ello, es fundamental que conozcamos el material que vamos a necesitar y que nos familiaricemos con la morfología de esta especie y su ciclo vital (**Figura 1**):

1.- Material necesario:

- Moscas *ebony*: mutación en el cromosoma 3, autosómico recesivo
- Moscas *white*: mutación en el cromosoma 1 (cromosoma X), ligado al sexo.
- Tubos de vidrio
- Tapones de algodón
- Rotuladores y etiquetas
- Papilla con levadura
- Material de disección
- Vidrios de reloj
- Papel secante
- Éter etílico
- Lupa
- Estufa entre 25-28°C

2.- Diferenciación entre sexos: esta especie presenta un claro dimorfismo sexual tal y como se describe a continuación.

Características de las hembras:

a)- Abdomen acabado en punta y más grueso que el del macho.

b)- Dorso del abdomen con bandas transversales oscuras y separadas unas de otras hasta el final del mismo.

Características de los machos:

a)- Menor tamaño que las hembras.

b)- Extremo del abdomen redondeado.

c)- Las últimas bandas transversales del abdomen están fusionadas, lo que da una apariencia oscura al final del mismo, visible a simple vista.

d)- Poseen un peine sexual (quetas modificadas) en el primer segmento tarsiano del primer par de patas.

3.- Ciclo de vida: el ciclo de vida de este organismo dura unas dos semanas. A continuación se describen las distintas etapas del mismo.

a) HUEVO.- Es de color blanco y recubierto de una gruesa envoltura llamada corión, con unos pequeños apéndices en el extremo superior que le sirven para flotar en un medio líquido.

b) LARVA.- Es la fase de crecimiento. De color blanco, vive en la papilla en la cual perfora canales. Tiene tres estadios larvarios, con dos mudas.

c) PUPA.- Cuando la larva se prepara para pupar, se aleja de la humedad del medio de cultivo y sube por las paredes de la botella hasta una zona relativamente seca en donde se fija. La larva pupa dentro de su última piel, que al principio es blanca y flexible (estado de prepupa, en el cual ya se observan los espiráculos), endureciéndose (estado de pupa blanca) y haciéndose más oscura con el tiempo (pupa madura).

d) IMAGO.- Comienza esta fase al emerger la mosca de la envoltura de la pupa. Suele medir de 2 a 3 mm de longitud y pesar de 0,8 a 1,5 mg, según sea macho o hembra, respectivamente. Recién salido de la pupa, el adulto está despigmentado, y no se pigmenta hasta unas tres o cuatro horas después. Además, tiene las alas plegadas, desplegándolas una hora después. Hacia las 6 horas ya ha alcanzado la madurez sexual.

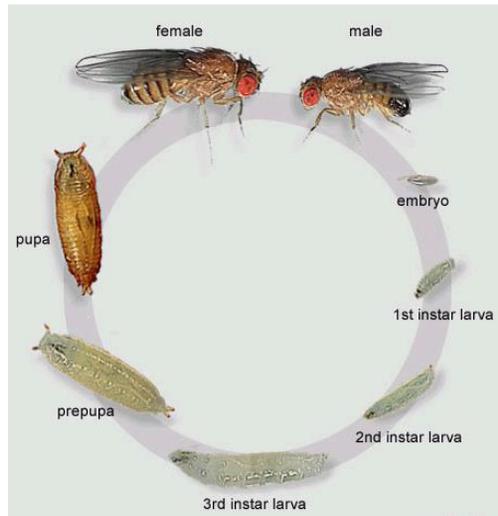
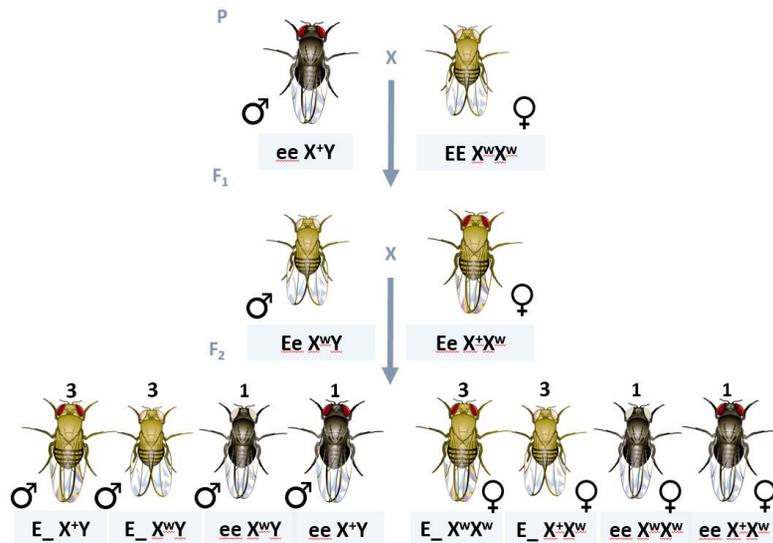


Figura 1.- Morfología y ciclo vital de la mosca de la fruta.

En concreto, vamos a llevar a cabo los siguientes cruzamientos:



4.- Desarrollo de la práctica:

Primera semana:

Obtención de hembras *white* vírgenes: De un vial con mutantes *white* en el que haya bastantes pupas, sacamos todos los adultos y esperamos cuatro horas para que las moscas emerjan del estado de pupa. Separamos estas nuevas moscas en otro vial y las dormimos con éter etílico. Con el uso de la lupa, separamos los machos de las hembras (de ellas, las que acaban de emerger presentan meconio y cuerpo poco pigmentado que es indicativo de que son vírgenes). Las que llevan más tiempo emergidas no tienen meconio pero siguen siendo vírgenes hasta las ocho horas, cuando empiezan a aparearse.

Para realizar el cruce, se toman por cada macho *ebony* dos hembras vírgenes *white*. Se ponen juntos en un cucurucho de papel secante para evitar que caigan a la papilla y mueran, y se introducen en el vial.

Segunda semana:

Se eliminan los adultos de la generación parental para que no se apareen con la descendencia.

Tercera semana:

Observación de las F₁, anotación e interpretación de resultados. Se hace un nuevo cruzamiento entre hembras y machos de la F₁.

Cuarta semana:

Se eliminan los adultos de la generación F₁ para que no se apareen con los de la F₂.

Quinta semana:

Recuento de los distintos fenotipos de la F₂, anotación e interpretación de resultados.

5.- Interpretación de los resultados

El objeto primordial de esta práctica es comprobar el cumplimiento de las Leyes de Mendel y algunas de sus extensiones, observando las proporciones en las que aparecerán los distintos fenotipos en la descendencia.

Así, estudiando por separado el color del cuerpo, se observa cómo el total de la F_1 presenta fenotipo salvaje, lo que demuestra la primera Ley de Mendel, o Ley de la Uniformidad (todos los individuos idénticos a nivel genotípico y fenotípico, manifestando además el carácter de uno de los parentales). La proporción 3:1 de fenotipos salvajes y *ebony* que se observa en la F_2 viene a corroborar la Segunda Ley de Mendel, o Ley de la Segregación de los Alelos.

El estudio del carácter *white* nos ayuda a profundizar en los caracteres ligados al sexo. Los machos de la F_1 serán hemicígotos para dicho carácter y manifestarán un fenotipo *white*, mientras que las hembras serán portadoras.

El estudio combinado de ambos caracteres demuestra la Tercera Ley de Mendel, o Ley de la Transmisión Independiente de los Caracteres. Se observa con claridad como ambos caracteres, al encontrarse las mutaciones responsables en cromosomas distintos, se heredan de forma independiente; esto es, el hecho de tener poseer el fenotipo *white* no afecta a la herencia del carácter *ebony* y viceversa.

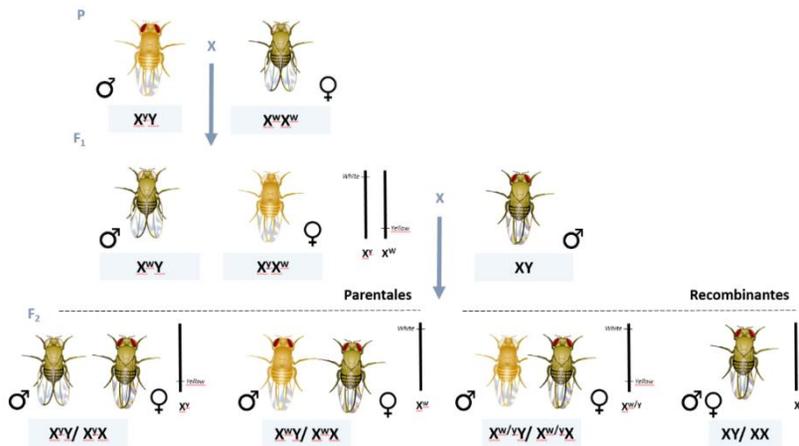
 UGR Universidad de Granada	Departamento de Genética
Práctica II: Realización de un mapa de ligamiento de dos puntos usando mutantes de <i>Drosophila melanogaster</i>.	
Edición: 00	Fecha: 03-10-2016

1.- Material necesario:

- Moscas *yellow*: mutación en el cromosoma 1 (cromosoma X), por lo tanto, ligado al sexo.
- Moscas *white*: mutación en el cromosoma 1 (cromosoma X), por lo tanto, ligado al sexo.
- Tubos de vidrio
- Tapones de algodón
- Rotuladores y etiquetas
- Papilla con levadura
- Material de disección
- Vidrios de reloj
- Papel secante
- Éter etílico
- Lupa
- Estufa entre 25-28°C

2.- Desarrollo de la práctica:

Vamos a llevar a cabo los siguientes cruzamientos:



Primera semana:

Se obtienen hembras *white* vírgenes y se cruzan con machos *yellow*, siguiendo el protocolo ya conocido.

Segunda semana:

Se eliminan los adultos de la generación parental para que no se apareen con la descendencia.

Tercera semana:

Observación de las F₁ y nuevo cruzamiento entre hembras *white/yellow* vírgenes y machos salvajes.

Cuarta semana:

Se eliminan los adultos de la generación F₁ para que no se apareen con los de la F₂.

Quinta semana:

Recuento de los distintos fenotipos de la F₂, anotación e interpretación de resultados.

3.- Interpretación de los resultados

Con esta práctica pretendemos calcular la distancia que separa los genes *white* y *yellow*, ambos presentes en el mismo cromosoma (cromosoma X). Las hembras dobles mutantes obtenidas en la F₁ y empleadas para obtener la F₂, portarán una mutación en cada cromosoma X. En la F₂ observaremos machos *white* y machos *yellow*, según hereden uno u otro cromosoma X, así como hembras salvajes (unas portadoras de la mutación *white* y otras portadoras de la mutación *yellow*). También observaremos machos dobles mutantes, que lo serán por haber heredado un cromosoma X que porta las dos mutaciones y machos salvajes, por haber heredado un cromosoma X sin mutaciones. Estos dos últimos tipos de cromosoma X habrán sido producto de la recombinación. Calculando el porcentaje de machos recombinantes en relación a los que portan combinaciones cromosómicas parentales, calcularemos la frecuencia de recombinación* que nos indica la distancia que separa ambos *loci*.

$$\text{Frecuencia de Recombinación} = \text{N}^{\circ} \text{ de recombinantes} / \text{N}^{\circ} \text{ total}$$

(*) Esta frecuencia estará subestimada porque no podemos distinguir las hembras salvajes de la F₂ portadoras de un cromosoma X doble mutante o carente de mutaciones, ya que se trata de mutaciones recesivas.

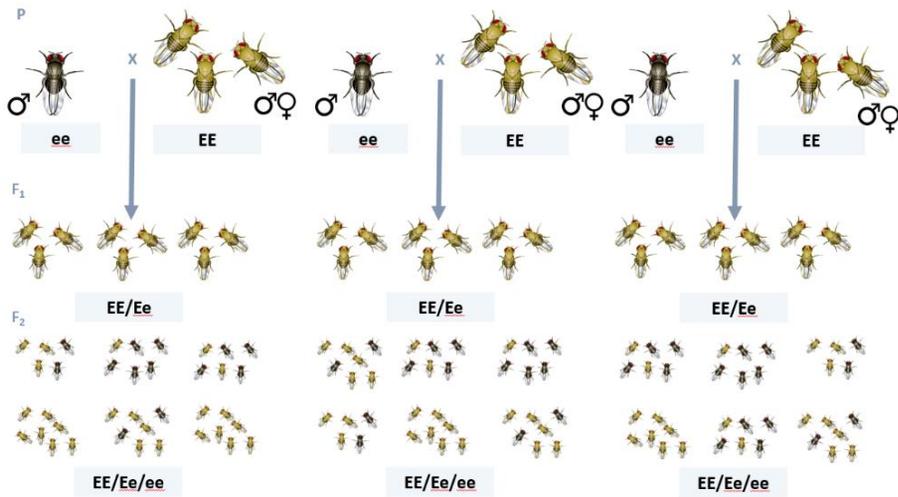
 UGR Universidad de Granada	Departamento de Genética
Práctica III: Observación de la deriva genética usando mutantes de <i>Drosophila melanogaster</i>.	
Edición: 00	Fecha: 11-11-2016

1.- Material necesario:

- Moscas de fenotipo salvaje.
- Moscas *ebony*: mutación en el cromosoma 3, autosómico recesivo.
- Tubos de vidrio
- Tapones de algodón
- Rotuladores y etiquetas
- Papilla con levadura
- Material de disección
- Vidrios de reloj
- Papel secante
- Éter etílico
- Lupa
- Estufa entre 25-28°C

2.- Desarrollo de la práctica:

Vamos a llevar a cabo los siguientes cruzamientos:



Primera semana:

Se obtienen hembras salvajes vírgenes y se cruzan con machos *ebony*, siguiendo el protocolo ya conocido. Se llevan a cabo cuatro cruzamientos diferentes, en los que introduciremos el mismo número de individuos de uno y otro fenotipo, de tal manera que las frecuencias alélicas sean iguales en todas las poblaciones.

Tercera semana:

Los individuos de la F₁ se distribuyen aleatoriamente en varios viales, de tal forma que no haya problemas de espacio ni competencia por los recursos y se continúa con los cruzamientos.

Quinta semana:

Los individuos de la F₂ se distribuyen aleatoriamente en varios viales tal y como hicimos en el paso anterior y se continúa con los cruzamientos.

Séptima semana:

Recuento de toda la descendencia obtenida en cada una de las subpoblaciones e interpretación de los resultados.

3.- Interpretación de los resultados

Con esta práctica pretendemos ver el efecto de la deriva genética, uno de los agentes evolutivos que puede alterar la estructura genética de una población. Teniendo en cuenta las frecuencias alélicas de partida y la estructura final de la población es posible calcular las frecuencias en equilibrio y compararlas con las observadas. A pesar de que las frecuencias alélicas de partida de los alelos mutantes *ebony* (*e*) y salvaje (*E*) sean idénticas, encontraremos diferencias en las frecuencias alélicas finales de las distintas subpoblaciones obtenidas tras tres generaciones. Esto es debido al efecto de la deriva genética, un fenómeno dispersivo que altera las frecuencias alélicas al azar como consecuencia de la aleatorización en los apareamientos y en la composición de las distintas subpoblaciones (que son muestras tomadas aleatoriamente a partir de la población inicial, y que puede presentar por azar una desviación en las frecuencias alélicas iniciales). Los efectos serán más drásticos cuanto menor sea el número de individuos que contienen las subpoblaciones.

8.3.- Problema de consejo genético

El caso: *una mujer con retraso mental leve y algunos rasgos faciales particulares (frente estrecha, puente nasal bajo, mandíbula pequeña y labios gruesos) productos de un raro síndrome genético, ha tenido tres hijos legítimos con un individuo fenotípicamente normal. Uno de los hijos es normal, el otro padece síndrome de Down y el tercero presenta una patología similar a la de la madre.*

Informe: *en el que se indiquen los genotipos más probables de ambos progenitores y de sus hijos. Completar la información con los posibles cariotipos de cada uno de los individuos.*

Diagnóstico Genético: *describir un protocolo con la técnica molecular de diagnóstico genético más eficaz que usaría en cada uno de los casos para el diagnóstico pre- y postnatal de cada una de las patologías. ¿Cuál es la probabilidad de que el siguiente hijo sea normal/síndrome de Down/padezca la patología de la madre?*

Tareas asignadas a cada miembro del grupo.

Cada alumno tendrá asignadas algunas tareas individuales y otras comunes con el resto del grupo tal y como sigue:

TAREA A REALIZAR FUERA DEL AULA: INDIVIDUAL

Alumno/Experto 1.- Mapa conceptual de los tipos de mutaciones génicas. Patologías asociadas en humanos. Causas.

Alumno/Experto 2.- Mapa conceptual de los tipos de tipos de mutaciones cromosómicas estructurales. Patologías asociadas en humanos. Causas.

Alumno/Experto 3.- Mapa conceptual de los tipos de tipos de mutaciones cromosómicas numéricas. Patologías asociadas en humanos. Causas.

Alumno/Experto 4.- Mapa conceptual de las principales técnicas de diagnóstico molecular.

TAREA A REALIZAR FUERA DEL AULA: EN GRUPO BASE

Tarea 1.- Exposición de mapas conceptuales al resto de compañeros del grupo.

Tarea 2.- Redactar un informe que al menos contenga los siguientes puntos:

1. Caracterización genotípica de los padres. Diagnóstico genético de los síndromes.
2. Caracterización genotípica de los hijos. Diagnóstico genético de los síndromes. ¿Puede alguna de estas mutaciones explicar alguno de los genotipos observados?
3. Presentación de los cariotipos de cada uno de los individuos.
4. Explicación genética del pedigrí familiar.
5. Técnicas moleculares para el diagnóstico pre- y postnatal.
6. Consejo genético: probabilidad de que el siguiente hijo sea normal/síndrome de Down/padezca la patología de la madre.

La calificación (dos puntos como máximo respecto a la nota total final) que obtenga cada uno de los alumnos en el presente trabajo constará de la suma de tres partes:

- 1.- Nota del trabajo individual presentado por cada integrante (**20%**).
- 2.- Nota obtenida en el informe final (**30%**).
- 3.- Nota obtenida por uno de los integrantes del grupo elegido al azar por el profesor para responder a un cuestionario sobre el tema (**50%**): elegida al azar, una persona de cada grupo expondrá sus respuestas al profesor y la nota obtenida en su ejercicio será la que le corresponda al grupo.

8.4.- Pruebas tipo test

TEMA 1.- GENÉTICA MENDELIANA

1. El éxito de los experimentos de Mendel se debió en gran parte a que

- a) Utilizó un material de estudio con crecimiento rápido y con muchos descendientes
- b) Aplicó a sus observaciones un exhaustivo tratamiento matemático
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

2. Las posiciones físicas ocupadas por los alelos en un cromosoma se denominan

- a) Genes
- b) Loci
- c) Factores

3- Un individuo es homocigoto para un carácter cuando

- a) Los dos genes que lo determinan son iguales
- b) Los genes que lo determinan son recesivos
- c) Ninguna de las dos anteriores

4. El término Gen fue acuñado por

- a) Johannsen
- b) Darwin
- c) Mendel

5- El fenotipo es

- a) Un término equivalente a genotipo
- b) La manifestación o aparición de una característica
- c) Ninguna de las dos anteriores es correcta

6. ¿Cómo se puede obtener una variedad pura?

- a) Mediante autofecundación y selección de determinados fenotipos
- b) Cruzando diversas variedades puras
- c) Manteniendo plantas híbridas varias generaciones mediante reproducción vegetativa

7. Un cruzamiento monohíbrido da lugar a una descendencia

- a) Uniforme e híbrida
- b) Híbrida y monocigótica
- c) Híbrida y homocigótica

8. Cuando se cruzan dos líneas puras de guisantes redondos y rugosos, la progenie exhibirá

- a) Uno solo de esos rasgos
- b) Ambos rasgos
- c) Una mezcla de ambos, es decir, un fenotipo intermedio

9. ¿Cuál de los siguientes cruces corresponde al de dos plantas de guisante de semilla redonda que da lugar a 25 hijos rugosos y 75 redondos?

- a) Rr x Rr
- b) RR x rr
- c) Rr x rr

10. ¿Qué descendencia esperaría del cruce entre dos plantas con semilla rugosa?

- a) 100 plantas de semilla rugosa
- b) 50 plantas de semilla rugosa y 50 de semilla lisa
- c) 100 plantas de semilla amarilla

11. Cuando se cruzan dos híbridos de primera generación para un carácter concreto, ¿cuántos genotipos distintos exhibirá la progenie?

- a) 2
- b) 3
- c) 1

12. En humanos todas las enfermedades con herencia mendeliana simple son recesivas, ya que son pocos los individuos que las padecen

- a) Sí, porque de otra forma todo el mundo estaría enfermo
- b) No, las hay dominantes y aún así son raras
- c) No, las dominantes no tienen herencia mendeliana simple

13. Un cruzamiento entre dos individuos heterocigotos puede producir

- a) Una proporción genotípica 1:2:1
- b) Una proporción fenotípica 3:1
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

14. Los cruzamientos dihíbridos revelan

- a) El principio de paridad en los gametos
- b) El principio de segregación independiente
- c) El principio de uniformidad

15. ¿Qué proporción esperarías de un cruce entre individuos de la F1 procedente de un cruce dihíbrido?

- a) 1:2:1
- b) 3:1
- c) 9:3:3:1

16. Un cruzamiento de prueba

- a) Nos permite probar la compatibilidad de dos plantas
- b) Nos permite conocer el genotipo del individuo con fenotipo dominante
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

17. Si la probabilidad de ser rubio es $1/8$ y de ser moreno es $1/2$ ¿Cuál es la probabilidad de ser rubio o moreno?

- a) $1/8$
- b) $1/16$
- c) $5/8$

18. ¿Qué probabilidad de tener un primer hijo normal y un segundo albino tiene una pareja de portadores del gen causante del albinismo?

- a) $3/16$
- b) $1/64$
- c) $1/2$

19. Cuando la chi-cuadrado experimental es menor que la teórica

- a) Nuestros datos se ajustan a los esperados y se rechaza la hipótesis nula
- b) Nuestros datos se ajustan a los esperados y se acepta la hipótesis nula
- c) Nuestros datos no se ajustan a los esperados y se acepta la hipótesis nula

20. En un pedigrí familiar ¿cómo se representa una mujer que presenta el rasgo en estudio?

- a) Un cuadrado coloreado
- b) Un rombo coloreado
- c) Un círculo coloreado

TEMA 2.- BASE CROMOSÓMICA DE LA HERENCIA

1. Las células diploides poseen siempre

- a) Cromosomas con dos cromátidas
- b) Dos juegos de cromosomas
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

2- Los cromosomas de un par homólogo

- a) Suelen ser semejantes en tamaño y estructura
- b) Poseen información genética para el mismo conjunto de características hereditarias
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

3. Las cromátidas hermanas de un cromosoma

- a) Poseen la misma copia de un alelo
- b) Pueden portar alelos diferentes para un gen si sufren recombinación
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

4. Los principales tipos cromosómicos según su morfología son

- a) Sexuales, autosómicos, metacéntricos y telocéntricos
- b) Teloméricos, subtelméricos, metacéntricos y acroméricos
- c) Telocéntricos, acrocéntricos, metacéntricos y submetacéntricos

5. Cariotipos e idiogramas

- a) Son conjuntos de cromosomas y sus fotografías electrónicas
- b) Son cromosomas de todos los tipos organizados según el patrón de bandas
- c) Son representaciones de los cromosomas de una especie determinada clasificados según morfología y tamaño

6. Las etapas en que puede dividirse la mitosis son

- a) Profase, metafase, anafase y telofase
- b) Interfase, metafase, fase M y citocinesis
- c) Leptotene, cigotene, paquitene, diplotene y diacinesis

7. ¿En qué etapa del ciclo celular ocurre la mitosis?

- a) Entre la fase S y la G2
- b) Entre la fase G2 y G1
- c) En interfase

8. La cariocinesis es

- a) La división celular incorrecta que puede originar tumores
- b) La formación de dos núcleos durante la mitosis
- c) La técnica empleada para construir cariotipos

9. Consecuencias genéticas de la mitosis

- a) Da lugar a dos células idénticas genéticamente
- b) Da lugar a una reducción cromosómica
- c) Las dos afirmaciones anteriores son correctas

10. Mitosis y meiosis se diferencian en

- a) La mitosis comprende una sola división, mientras que la meiosis comprende dos
- b) La mitosis origina células con igual número cromosómico mientras que la meiosis origina células con la mitad de la dotación
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

11. El entrecruzamiento tiene lugar en

- a) Profase I de meiosis II
- b) Profase I de meiosis I
- c) En anafase II

12. Leptotene, cigotene, paquitene, diplotene y diacinesis son

- a) Etapas de profase I
- b) Etapas de meiosis II
- c) Etapas de Mitosis

13. La estructura que permite que tenga lugar el entrecruzamiento se llama

- a) Leptotene
- b) Complejo sinaptonémico
- c) Quiasma

14. Se dice que la meiosis es fuente de variabilidad genética en virtud de

- a) El barajamiento de genes entre cromosomas no homólogos
- b) Sólo el entrecruzamiento
- c) La recombinación entre cromosomas homólogos y la segregación independiente de los mismos

15. ¿Qué diferencia la anafase I de la anafase II en meiosis?

- a) En anafase I las cromátidas hermanas permanecen unidas, mientras que en anafase II no
- b) En anafase I se separan cromosomas homólogos mientras que en anafase II cromátidas hermanas
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

16. Meiosis I y Meiosis II son

- a) Divisiones de características semejantes
- b) Divisiones mitóticas consecutivas con reducción final de cromosomas
- c) División reduccional y ecuacional, respectivamente

17.- Después de Meiosis I cada célula

- a) Es haploide aunque cada cromosoma tiene dos cromátidas
- b) Es haploide y cada cromosoma tiene una cromátida
- c) Es diploide y cada cromosoma tiene dos cromátidas

18. Los gametos formados en meiosis sólo tienen un único cromosoma de cada par de homólogos

- a) Sí, uno del padre o de la madre
- b) Sí, por lo que cada gameto tiene un único alelo de cada gen
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

19. Cada cromátida de un cromosoma mitótico en metafase...

- a) Procede de cada uno de los parentales del individuo
- b) Posee la misma información genética
- c) Viajará a polos opuestos en anafase II

20- Un típico cromosoma eucariota presenta tres estructuras esenciales

- a) Husos, telómeros y centrómero
- b) Cinetocoro, telómeros y centrómero
- c) Orígenes de replicación, telómeros y centrómero

TEMA 3.- EXTENSIONES DEL MENDELISMO

1. Se dice que los mamíferos tienen un sistema de determinación sexual basado en la presencia de un Y activo porque

- a) El cromosoma Y está completamente degenerado
- b) El cromosoma Y porta un gen que inicia el proceso de diferenciación sexual masculina
- c) Todos los genes que porta el cromosoma Y se expresan activamente

2- Los cromosomas sexuales son heteromórficos

- a) Y esto evita que haya recombinación en las regiones donde están los genes implicados en la determinación sexual
- b) Sí, porque cromosoma X e Y presentan morfologías muy distintas
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

3. Los genes presentes en la región diferencial del cromosoma Y se llaman

- a) Masculinos
- b) Pseudoautosómicos
- c) Holándricos

4. Un rasgo recesivo ligado al cromosoma X

- a) Afecta con mayor frecuencia a los machos
- b) No se transmite de padre a hijo
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

5. Un rasgo ligado al cromosoma Y

- a) Afecta al doble de machos que de hembras
- b) Tiende a saltar generaciones
- c) Ninguna de las dos respuestas anteriores es correcta

6. En aves, el sexo heterogamético es

- a) El masculino
- b) El femenino
- c) No hay sexo heterogamético, la determinación sexual es del tipo ZZ/ZW

7. La presencia de vello facial, es un rasgo típicamente

- a) Ligado al sexo
- b) Limitado por el sexo
- c) Ninguna de las dos respuestas anteriores es correcta

8. Cuando existe dominancia incompleta

- a) Las proporciones genotípicas 1:2:1 se alteran
- b) Se observan algunos individuos con fenotipo intermedio
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

9. La compensación de dosis en mamíferos

- a) Afecta a la mitad de los machos
- b) Afecta a la mitad de las hembras
- c) Consiste en la inactivación de un cromosoma X al azar

10- Los cromosomas sexuales en plantas

- a) No existen
- b) Existen, pero aparecieron hace unos pocos millones de años
- c) Están lejanamente emparentados con los de mamíferos

11. El alelismo múltiple se da cuando

- a) Un individuo tiene más de dos alelos por locus
- b) Hay interacción génica entre alelos de distintos loci
- c) Cuando en una población hay múltiples alelos para un mismo locus

12. Los alelos ABO que determinan los grupos sanguíneos en humanos

- a) Son codominantes
- b) Son epistáticos
- c) Ninguna de las dos respuestas anteriores es correcta

13. En una epistasis simple

- a) Existe un gen epistático y un gen hipostático
- b) Ambos loci se modifican mutuamente
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

14. De la autofecundación de una planta AaBb obtenemos unas proporciones fenotípicas en la progenie 15:1. ¿Qué tipo de herencia presentan estos dos alelos?

- a) Son genes ligados
- b) Epistasis doble dominante
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

15. En una epistasis simple recesiva

- a) Es esperable una proporción fenotípica 12:3:1
- b) El gen epistático ejerce su efecto en recesividad
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

16. El término pleiotropía hace referencia

- a) A la penetrancia de un gen
- b) Al conjunto de interacciones génicas: por cooperación, modulación o epistasis
- c) A que un gen puede tener muchos efectos fenotípicos

17. La expresión de un gen en función de la temperatura ambiente

- a) No tiene sentido en genética, la expresión génica sería muy laxa
- b) Tiene lugar sólo en conejos del Himalaya
- c) Puede ser un sistema de control de la expresión génica importante

18. La teoría endosimbiótica

- a) Establece que los cloroplastos derivan de las mitocondrias
- b) Establece que las mitocondrias derivan de los cloroplastos
- c) Establece que mitocondrias y cloroplastos procederían de un ancestral bacteriano

19.- Las mitocondrias

- a) Se heredan por vía materna normalmente
- b) Se reparten de forma equitativa en los óvulos durante meiosis
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

20. En el Don Diego de Noche, si una planta variegada poliniza a una planta blanca

- a) La descendencia es toda blanca
- b) La descendencia puede tener hojas verdes, blancas y variegadas
- c) La descendencia es toda verde

TEMAS 4 y 5.- LIGAMIENTO Y GENÉTICA CUANTITATIVA**1. Dos genes están completamente ligados**

- a) Cuando se encuentran a menos de 10 unidades de mapa
- b) Cuando se heredan siempre juntos
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

2- La construcción de mapas genéticos se basa en

- a) El grado de ligamiento entre los distintos loci
- b) La tasa de recombinación
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

3. El número de entrecruzamientos que se pueden producir entre dos loci

- a) Depende de la frecuencia de recombinación
- b) Es proporcional a la distancia que los separa
- c) Es inversamente proporcional a la distancia que los separa

4. Los mapas genéticos se construyen

- a) Normalmente basados en genes
- b) Normalmente basados en cromosomas
- c) Normalmente basados en marcadores moleculares

5. ¿Qué gametos producirá un híbrido AaBb en fase de acoplamiento, si se sabe que sus genes están completamente ligados?

- a) $\frac{1}{4}$ AB: $\frac{1}{4}$ Ab: $\frac{1}{4}$ aB: $\frac{1}{4}$ ab
- b) $>\frac{1}{4}$ AB: $<\frac{1}{4}$ Ab: $<\frac{1}{4}$ aB: $>\frac{1}{4}$ ab
- c) $\frac{1}{2}$ AB: $\frac{1}{2}$ ab

6. ¿Qué gametos producirá un híbrido AaBb en fase de repulsión, si se sabe que sus genes están parcialmente ligados?

- a) $\frac{1}{4}$ AB: $\frac{1}{4}$ Ab: $\frac{1}{4}$ aB: $\frac{1}{4}$ ab
- b) $<\frac{1}{4}$ AB: $>\frac{1}{4}$ Ab: $\frac{1}{4}$ aB: $<\frac{1}{4}$ ab
- c) $\frac{1}{2}$ AB: $\frac{1}{2}$ ab

7. Si para dos loci se determina una frecuencia de recombinación del 1%

- a) Ambos loci están separados por 1 unidad de mapa
- b) Ambos loci están ligados
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

8. Los gametos doble recombinantes

- a) Son muy frecuentes
- b) Son aquéllos originados a partir de dos eventos de recombinación
- c) Ninguna de las dos respuestas anteriores es correcta

9. La interferencia

- a) Se calcula restando el coeficiente de coincidencia a 1
- b) Mide el grado con que un entrecruzamiento interfiere con entrecruzamientos adicionales.
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

10- Un mapa genético

- a) Está constituido por una serie de marcadores y la posición relativa de unos con respecto a otros
- b) Además, conocemos la secuencia nucleotídica entre los marcadores
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas.

11. El rasgo morfología de la semilla (rugosa/lisa) usado por Mendel

- a) Es continuo
- b) Es discontinuo
- c) Presenta variación cuantitativa

12. Un rasgo con variación continua se caracteriza por

- a) Presenta muchos fenotipos intermedios
- b) Suele ser poligénico
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

13. Se dice que dos alelos son aditivos cuando

- a) Son epistáticos
- b) Son múltiples
- c) Ninguna de las dos respuestas anteriores es correcta

14. Considerando 6 genes que contribuyen aditivamente a la expresión de un rasgo con herencia cuantitativa ¿Cuántos fenotipos distintos se obtendrán de la autofecundación de una planta AaBbCcDdEeFf?

- a) 2^6
- b) 3^6
- c) 13

15. El tamaño de la camada en mamíferos es un carácter

- a) Merístico
- b) Umbral
- c) Discontinuo

16. Cuando la Varianza Genotípica es 0

- a) La varianza genético-ambiental también es 0
- b) La varianza fenotípica es igual a la varianza ambiental
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

17. Cuando individuos de una población son criados en condiciones ambientales idénticas

- a) La varianza ambiental es 0
- b) La varianza fenotípica es igual a la varianza genotípica
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

18.- Un valor de heredabilidad (H^2) de 0.30 indica

- a) Que el 30% de la variación observada se debe al ambiente
- b) Que el 30% de la variación observada se debe a diferencias genéticas
- c) Que el 30% de la variación observada se debe a la interacción genético-ambiental

19. Los caracteres con heredabilidad alta

- a) Son mejorables fácilmente
- b) Son difíciles de mejorar
- c) Son aquéllos que se dan en poblaciones con individuos idénticos

20. Un QTL

- a) Permite asociar una serie de marcadores con características fenotípicas deseables
- b) Nos da información directa de qué genes están involucrados en un proceso determinado
- c) Las dos respuestas anteriores son correctas

**Este documento terminó de maquetarse
el día 1 de noviembre de 2016,
día de Todos los Santos.**

