



InterAAcciones: un aprendizaje lúdico sobre aminoácidos, proteínas y propiedades fisicoquímicas

InterAAcciones: A Playful Approach to Learning about Amino Acids, Proteins, and Physicochemical Properties

Rafael A. Zubillaga¹, Nancy Martín¹ y Ponciano García-Gutiérrez¹

Resumen

Este trabajo presenta *InterAAcciones*, un juego de mesa educativo diseñado para reforzar los conocimientos sobre las interacciones que establecen los residuos de aminoácidos en las proteínas. Su propósito es fomentar un aprendizaje significativo en estudiantes universitarios mediante una experiencia lúdica que combine teoría y práctica. Durante el juego, las y los participantes construyen cadenas polipeptídicas estables al establecer enlaces covalentes e interacciones no covalentes, adaptándose a condiciones ambientales cambiantes que simulan procesos reales. Esta dinámica promueve la comprensión de conceptos complejos de bioquímica de manera accesible y entretenida, incentivando la participación activa y el pensamiento crítico. La validación de *InterAAcciones* se llevó a cabo mediante la evaluación de docentes expertos en bioquímica y la aplicación de encuestas a estudiantes de licenciatura en química. Los resultados muestran que el juego facilita la comprensión de las propiedades fisicoquímicas de los aminoácidos, fortalece la retención de conocimientos y aumenta la motivación del alumnado. Así, *InterAAcciones* se consolida como una herramienta pedagógica innovadora para la enseñanza de la bioquímica en educación superior.

Palabras clave: bioquímica, aminoácidos, proteínas, juegos, aprendizaje.

Abstract

This work presents *InterAAcciones*, an educational board game designed to reinforce knowledge of the interactions established by amino acid residues in proteins. Its purpose is to promote meaningful learning in university students through a playful experience that combines theory and practice. During the game, participants build stable polypeptide chains by forming covalent bonds and non-covalent interactions, adapting to changing environmental conditions that simulate real processes. This dynamic facilitates the understanding of complex biochemical concepts in an accessible and engaging way, encouraging active participation and critical thinking. The validation of *InterAAcciones* was carried out through evaluation by biochemistry experts and surveys applied to undergraduate chemistry students. Results indicate that the game enhances understanding of the physicochemical properties of amino acids, strengthens knowledge retention, and increases student motivation. Thus, *InterAAcciones* is established as an innovative pedagogical tool for teaching biochemistry in higher education.

Keywords : biochemistry, amino acids, proteins, games, learning.

CÓMO CITAR:

Zubillaga, R. A., Martín, N., y García-Gutiérrez, P. (2025, octubre-diciembre). InterAAcciones: un aprendizaje lúdico sobre aminoácidos, proteínas y propiedades fisicoquímicas. *Educación Química*, 36(4). <https://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2025.4.90817>

¹ Departamento de Química, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, México.

Introducción

Uno de los principales retos en la enseñanza de la bioquímica es la falta de motivación y la actitud pasiva de los estudiantes, lo que dificulta el aprendizaje significativo y limita el desarrollo de habilidades críticas. Por ello, es fundamental implementar estrategias pedagógicas innovadoras que despierten el interés, fomenten la participación y conviertan el aprendizaje en una experiencia dinámica y atractiva. Entre estas estrategias, los juegos didácticos han demostrado ser herramientas eficaces para promover la motivación, el compromiso y el aprendizaje activo (Plutin-Pacheco y García-López, 2016; Baggio, 2020).

Dada la naturaleza abstracta y compleja de la bioquímica, esta puede resultar intimidante para muchos estudiantes. Sin embargo, el uso de enfoques pedagógicos adecuados, como los juegos didácticos, no solo hace el aprendizaje más ameno, sino que también facilita la comprensión de conceptos complejos, mejorando la motivación y el rendimiento académico. Estos juegos han sido reconocidos como herramientas relevantes en la enseñanza de ciencias, desafiando las limitaciones de los métodos tradicionales (Samide y Wilson, 2020). Aunque su uso es común en niveles de secundaria y bachillerato, su integración en la educación superior sigue siendo limitada (Tejada y Palacios, 1995; Peris, 2007; Crute y Myers, 2007; Helser, 2009; Oi y Sanger, 2009), lo que representa una oportunidad para diseñar actividades innovadoras adaptadas a estudiantes universitarios.

En química se han desarrollado diversos juegos didácticos, tanto individuales como grupales, incluyendo formatos como bingo (Tejada y Palacios, 1995), rompecabezas (Peris, 2007), sudoku (Crute y Myers, 2007), sopa de letras (Helser, 2009), cartas (Oi y Sanger, 2009) y *escape room* (Centelles, 2023; Chávez y col., 2024). Estas herramientas mejoran la retención de conocimientos, estimulan el trabajo colaborativo y desarrollan el pensamiento crítico.

Planteamiento del problema

En general, el estudiantado de los cursos de Bioquímica tiene dificultades para recordar y asociar las estructuras de los diferentes aminoácidos presentes en las proteínas con propiedades como su polaridad, carga eléctrica y tamaño. Esto conlleva desconocer el tipo de interacciones que pueden establecer entre ellos para estabilizar la estructura proteica.

Con el fin de reforzar los conocimientos físicoquímicos de los aminoácidos y las interacciones que ocurren en una cadena polipeptídica durante su plegamiento, se diseñó un juego de mesa didáctico al que se llamó *InterAAcciones* (AA por aminoácidos), centrado en las interacciones covalentes y no covalentes que establecen los residuos de aminoácidos en las proteínas. Fue inspirado en juegos como las cartas españolas, *Scrabble* y *UNO*.

Inicialmente se consideró el juego como un apoyo didáctico para la Unidad de Enseñanza-Aprendizaje (UEA) de Bioquímica y Biología Molecular I, que se imparte en el cuarto año de la Licenciatura en Química de la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa.

Para un mejor entendimiento del juego se presenta una primera sección con una breve descripción de las interacciones covalentes y no covalentes.

Marco teórico

Los enlaces covalentes son interacciones fuertes que mantienen unidos a los átomos dentro de una molécula mediante la compartición de pares de electrones en un orbital molecular. La energía necesaria para romper un enlace covalente típico (entalpía de enlace, ΔH) es de aproximadamente 400 kJ/mol, lo que hace casi imposible separarlos a temperatura ambiente. Las reacciones químicas implican la ruptura y/o formación de estos enlaces (Atkins y De Paula, 2008).

Por otro lado, las interacciones moleculares (o intermoleculares, no covalentes) son fuerzas de atracción o repulsión entre átomos o moléculas no enlazadas covalentemente. Estas interacciones son fundamentales para comprender propiedades físicoquímicas como la fusión y ebullición del agua, la tensión superficial, la inmiscibilidad del agua y el aceite, la formación de membranas celulares, el plegamiento de proteínas y el reconocimiento molecular entre proteínas, ácidos nucleicos y pequeñas moléculas (Kollman, 1984).

La entalpía de estas interacciones varía entre 4 y 40 kJ/mol, significativamente menor que la de un enlace covalente y del mismo orden de magnitud que la energía térmica, lo que permite su ruptura a temperatura ambiente (Atkins y De Paula, 2008). Aunque débiles de forma individual, son aditivas, adquiriendo relevancia en moléculas grandes, como se observa en la diferencia de puntos de ebullición entre etano y octano.

Las proteínas son biopolímeros formados por la unión covalente de residuos de aminoácidos mediante enlaces peptídicos. Su secuencia está determinada por la información codificada en el ácido desoxirribonucleico y se pliegan en estructuras tridimensionales específicas (estado nativo) gracias a:

- La secuencia de residuos de aminoácidos.
- La formación de interacciones moleculares favorables entre grupos funcionales.
- Las condiciones ambientales (pH, temperatura, concentración iónica).

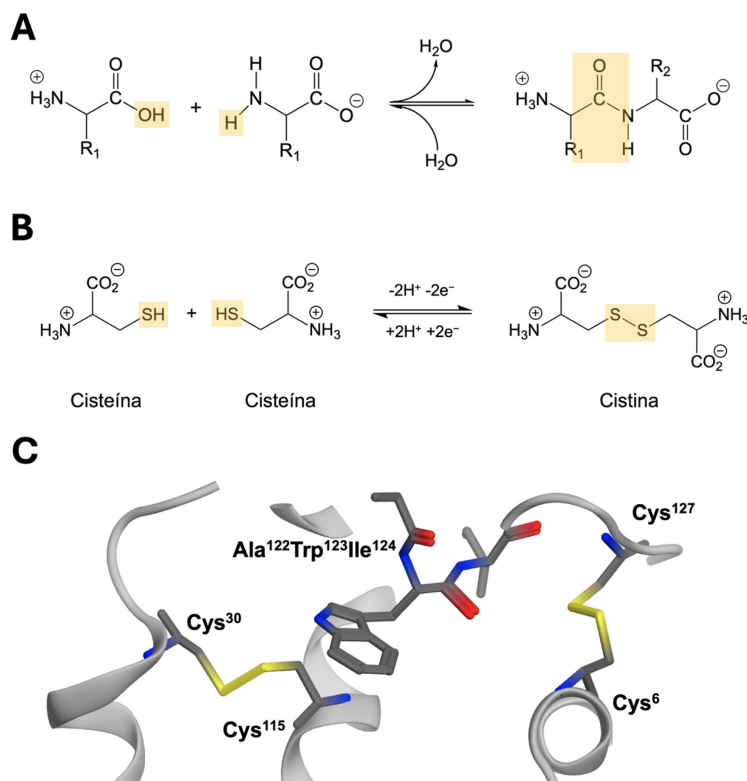
Las proteínas son esenciales para funciones celulares, mantienen la estructura, función y regulación de tejidos y órganos, y constituyen más del 50 % del peso seco de la célula.

Enlaces covalentes

Los enlaces covalentes son los más fuertes y contribuyen significativamente a la estructura de las proteínas. De acuerdo con la IUPAC, un enlace covalente es una región de densidad electrónica relativamente alta entre núcleos, derivada del intercambio de electrones. La energía de los enlaces covalentes depende del orden de enlace —es decir, si es sencillo, doble o triple— y de los átomos enlazados, pero varía entre 150 (I-I) y 1072 (C \equiv O) kJ/mol (Kollman, 1984).

Además de los enlaces covalentes entre los átomos del mismo residuo de aminoácido, destacan los enlaces peptídicos que unen a los aminoácidos en una cadena polipeptídica y los enlaces disulfuro entre los grupos tiol de las cadenas laterales de dos cisteínas, los cuales estabilizan la estructura terciaria de muchas proteínas. La cisteína también suele participar en enlaces covalentes con otras moléculas orgánicas y proteínas (Figura 1) (Kollman, 1984).

FIGURA 1. Enlaces covalentes peptídico y disulfuro. A) Formación de un enlace peptídico por reacción de condensación entre el grupo amino (nucleófilo) de un aminoácido y el grupo carboxilo (electrófilo) de otro aminoácido. B) Formación reversible de un puente disulfuro por oxidación de dos moléculas de cisteína. C) Los puentes disulfuro entre residuos de Cys estabilizan las estructuras de muchas proteínas. La imagen corresponde a un detalle de la estructura tridimensional experimental de la lisozima de la clara de huevo (PDB ID 1LYZ), mostrando uno de los cuatro puentes disulfuro presentes. Fuente: elaboración propia.



Interacciones electrostáticas

Los puentes salinos son interacciones electrostáticas que ocurren entre grupos cargados de residuos de aminoácidos con cadenas laterales ionizables. Estas interacciones resultan atractivas cuando las cargas son opuestas y repulsivas si son del mismo signo. Residuos de aminoácidos como Tyr, Cys, Lys, His, Arg, Asp y Glu pueden adquirir carga según su pKa y el pH del entorno. En el interior hidrofóbico de las proteínas, los puentes salinos pueden ser casi tan fuertes como los enlaces covalentes, contribuyendo significativamente a la estabilidad estructural. La energía de enlace puede variar de 1 a 50 kJ/mol en biomoléculas como las proteínas y de 500 a 4000 kJ/mol en sólidos iónicos como el NaCl.

Interacciones dipolo-dipolo (interacciones de Keesom)

Los grupos funcionales polares en ciertas cadenas laterales pueden experimentar atracción: el extremo positivo de un dipolo es atraído hacia el extremo negativo de otro, siempre que la distancia y orientación sean las adecuadas. La intensidad de la atracción depende en gran medida del dipolo de cada molécula. Por otro lado, se presenta repulsión cuando los dipolos están alineados antiparalelamente (Kollman, 1984).

Un caso particular de interacción dipolo-dipolo son los puentes de hidrógeno. En este caso, un átomo electronegativo (típicamente oxígeno o nitrógeno) en un grupo funcional atrae al hidrógeno covalentemente unido a un átomo electronegativo de otro grupo. La distancia entre los átomos donador y aceptor de hidrógeno suele oscilar entre 2.5 y 4.0 Å, siendo superiores en promedio a las distancias de enlaces covalentes característicos.

Aunque los puentes de hidrógeno tienden a ser lineales, su fuerza disminuye si se alejan de esta geometría. Las energías de estos enlaces varían entre 4 y 25 kJ/mol (Kollman, 1984).

La estructura tridimensional de una proteína depende de una red intrincada de puentes de hidrógeno que pueden presentarse entre una variedad de átomos (Figura 2), por ejemplo:

- I. Entre las cadenas laterales de diferentes residuos de aminoácidos.
- II. Entre una cadena lateral y la cadena principal.
- III. Entre una cadena lateral o la cadena principal con moléculas de agua.
- IV. Entre dos cadenas principales de residuos de aminoácidos diferentes.

El agua también forma capas de solvatación alrededor de los residuos de aminoácidos polares y cargados, estabilizando la estructura plegada y facilitando la solubilización de las proteínas (Kollman, 1984).

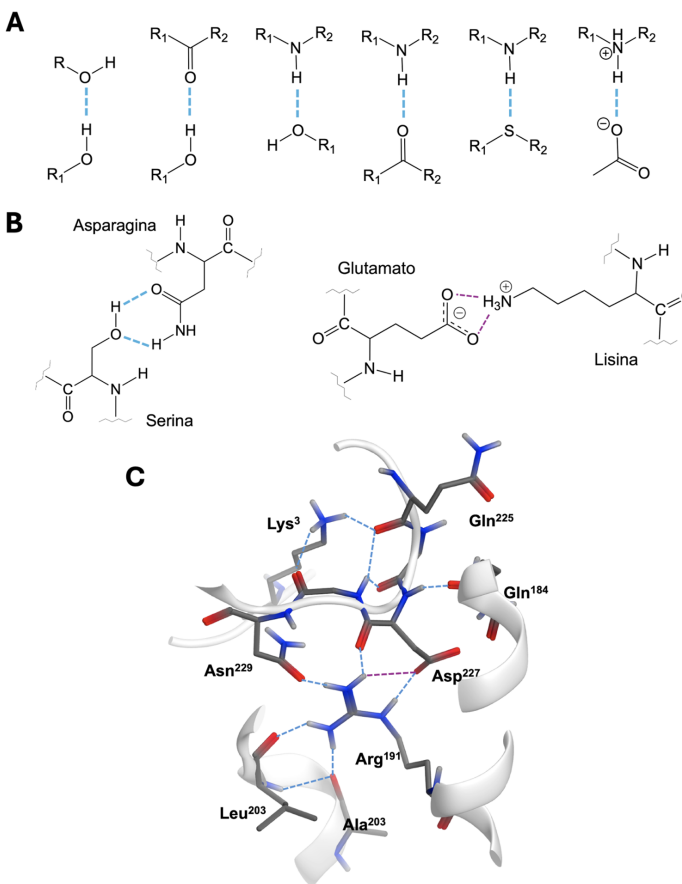


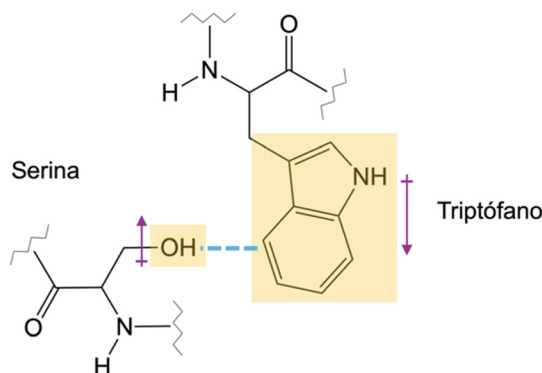
FIGURA 2. Interacciones electrostáticas tipo puente salino y puente de hidrógeno. A) Diversos tipos de enlaces puente de hidrógeno en proteínas. B) La serina puede formar un enlace puente de hidrógeno múltiple con la asparagina, siempre que la orientación y la distancia entre los grupos funcionales interaccionantes sean óptimas. C) La imagen corresponde a un detalle de la estructura tridimensional experimental de la triosafosfato isomerasa del parásito *Trypanosoma brucei* (PDB ID 5TIM), mostrando la interacción por puente de hidrógeno y puente salino entre la arginina 191 y diversos residuos de aminoácidos a su alrededor. Fuente: elaboración propia.

Interacción dipolo-dipolo inducido (interacciones de Debye)

El campo electrostático de cualquier grupo funcional polar en los residuos de aminoácidos (o ión) puede deformar la densidad electrónica de otra molécula no polar, pero polarizable, generando en ella un dipolo instantáneo (Kollman, 1984).

La polarizabilidad de una molécula se refiere a la facilidad con que su densidad electrónica puede ser desplazada por un campo eléctrico circundante. Mientras más grande sea el átomo o molécula, y más electrones π la constituyan, más polarizable será. Particularmente, los residuos de aminoácidos fenilalanina y triptófano son más polarizables que la cadena lateral de la leucina (Figura 3) (Kollman, 1984).

FIGURA 3. Interacciones dipolo-dipolo inducido. El grupo polar hidroxilo de la serina interacciona perpendicularmente con el anillo bencílico del grupo indol del triptófano. La alta densidad electrónica del anillo es polarizada por la presencia del extremo δ^- en el hidroxilo. Fuente: elaboración propia.

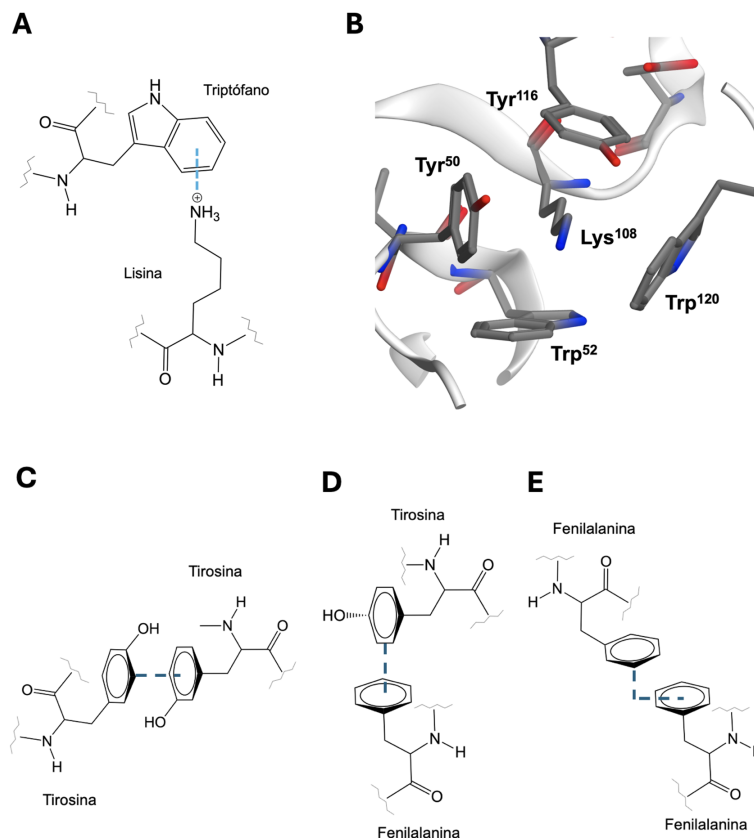


Interacciones catión- π y apilamiento π - π

Un grupo cargado positivamente (catión) puede interactuar favorablemente con la densidad electrónica alta en los anillos aromáticos de residuos de aminoácidos como fenilalanina, tirosina y triptófano (Figura 4). La interacción más estable se da cuando el catión se acerca perpendicularmente al centro del plano de electrones π a una distancia cercana a sus radios de Van der Waals (2.5 a 4.0 Å), llegando a ser tan intensa como las catión-dipolo en sistemas salinos acuosos, los puentes de hidrógeno óptimos e incluso las interacciones carga-carga. En medios apolares, como el interior de las proteínas, la interacción es más fuerte que en medios polares, tal y como sucede con todas las interacciones de naturaleza electrostática. Son comunes las interacciones entre el grupo amonio de la arginina y la lisina con las cadenas laterales aromáticas. Estas interacciones son importantes para la estabilidad estructural de las proteínas y el reconocimiento de sustratos (Kollman, 1984).

Las interacciones de apilamiento π - π (o simplemente apilamiento π) son abundantes en proteínas. Existen cuatro aminoácidos con cadenas laterales aromáticas (triptófano, fenilalanina, histidina y tirosina) que pueden participar formando este tipo de interacción; sin embargo, la fenilalanina y la tirosina predominan en ella. Las orientaciones predominantes son apilamiento borde a cara (en T) y desplazamiento paralelo, siendo la primera especialmente común debido a su favorable interacción electrostática. La orientación cara a cara rara vez se observa, ya que la repulsión entre las nubes electrónicas π supera cualquier atracción posible. Ambas disposiciones preferidas tienen energías similares (entre 6 y 10 kJ/mol), atribuidas a fuerzas de Van der Waals y electrostáticas, aunque la naturaleza precisa aún no se comprende completamente. La fuerza de estas interacciones depende significativamente de la sustitución en los anillos aromáticos, beneficiándose particularmente la combinación de un anillo rico en electrones con otro pobre, debido a la transferencia de carga (Kollman, 1984).

FIGURA 4. Interacciones catión- π . A) Las interacciones entre iones y sistemas moleculares con alta densidad electrónica, como los anillos aromáticos, son comunes en proteínas. B) El grupo $\epsilon\text{-NH}_3^+$ de una lisina participa en interacciones catión- π con dos cadenas laterales de triptófano y dos cadenas laterales de tirosina en la glucoamilasa (PDB ID 1GAI). C), D) y E) Interacciones de apilamiento π - π cara a cara, borde a cara y desplazamiento paralelo, respectivamente. La interacción cara a cara es la menos común debido a que es electrostáticamente repulsiva y, por ende, desfavorable. Fuente: elaboración propia.

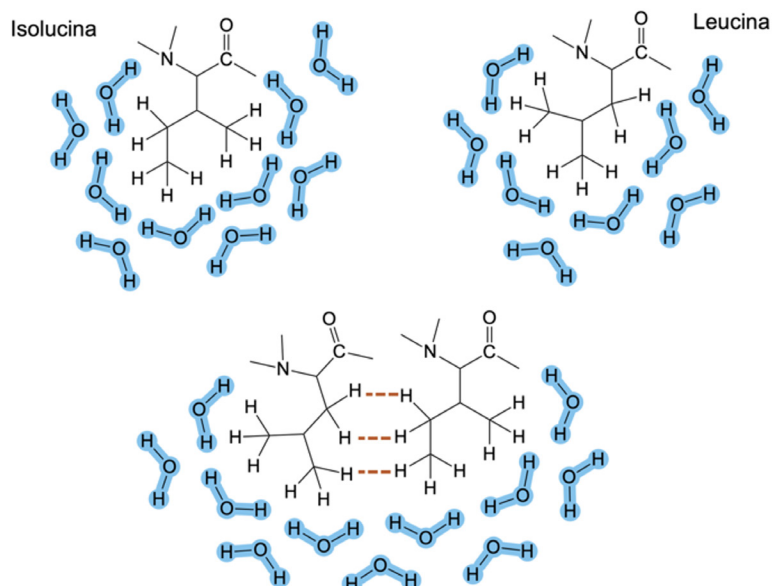


Interacciones hidrofóbicas

Las interacciones hidrofóbicas son quizá las fuerzas más importantes que promueven el plegamiento de una proteína. Su origen radica en la energía de interacción desfavorable entre la cadena no polar de varios residuos y las moléculas polares del agua. Esto provoca que

dichas cadenas laterales tiendan a interactuar entre sí, disminuyendo el área de exposición al disolvente y liberando las moléculas de agua atrapadas en la interfaz, lo que favorece su entropía. Así, las interacciones hidrofóbicas forman el núcleo hidrofóbico de las proteínas, donde las cadenas laterales hidrofóbicas están asociadas estrechamente y protegidas de la interacción con el agua (Figura 5) (Kollman, 1984). Es

FIGURA 5. Interacción hidrofóbica. La cadena lateral hidrofóbica de la isoleucina y la leucina fuerza a las moléculas de agua vecinas a formar una capa de agua muy ordenada llamada clatrato. En un estado energéticamente más favorecido, las cadenas apolares de ambos aminoácidos tienden a evitar el contacto con las moléculas de agua, exponiendo la menor área posible al disolvente acuoso. Fuente: elaboración propia.



importante mencionar que no todos los residuos de aminoácidos hidrofóbicos están ocultos al solvente. Algunos se localizan en la superficie de la proteína por alguna razón, por ejemplo, para interactuar con su sustrato.

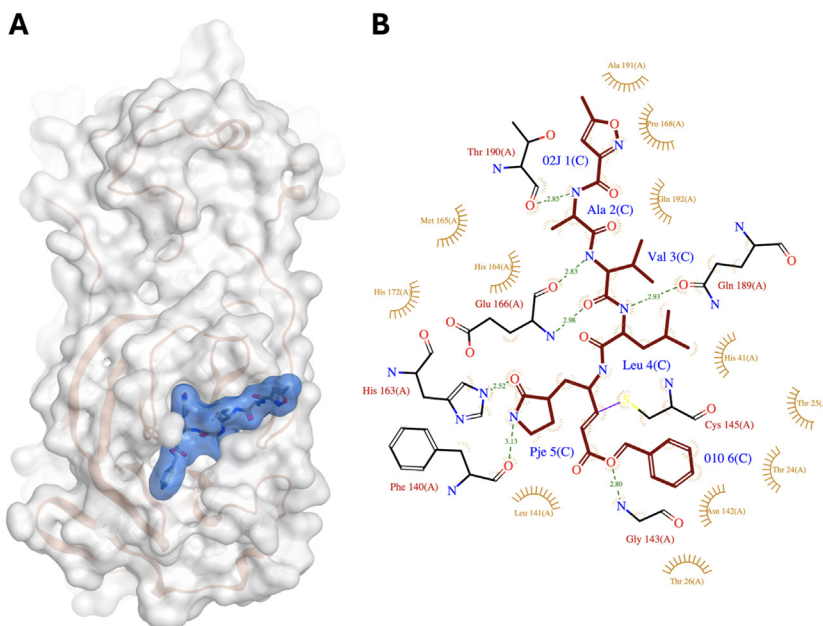
Fuerzas de Van der Waals

Las fuerzas de Van der Waals son interacciones débiles de naturaleza electrostática transitoria entre átomos. Es decir, cada átomo tiene una nube de electrones que puede fluctuar, produciendo un dipolo eléctrico temporal que puede inducir un dipolo complementario en otro átomo cuando ambos están lo suficientemente cerca. Estos dipolos complementarios son de corta duración y dan como resultado una interacción electrostática débil que llamamos fuerzas de Van der Waals (Atkins y De Paula, 2008) (Figura 6).

A pesar de que las fuerzas de Van der Waals son transitorias y débiles, proporcionan un componente importante para mantener la estructura plegada de las proteínas debido a su enorme número, dado que el interior de las proteínas es extremadamente compacto. Además, desempeñan un papel importante en el reconocimiento proteína-proteína y proteína-ligando cuando intervienen formas complementarias.

FIGURA 6. Interacciones de fuerzas de Van der Waals. A) La imagen de isosuperficie corresponde al complejo formado por la proteasa principal (Mpro) del virus del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV) y un inhibidor covalente de naturaleza peptídica denominado CY6. Este inhibidor mostró actividad antiviral en el rango micromolar en células infectadas. La estructura tridimensional del complejo fue depositada en el Banco de Datos de Proteínas en 2005 (PDB ID 2AVL) y desempeñó un papel crucial en el diseño de inhibidores dirigidos contra la Mpro del SARS-CoV-2, el agente causante de la COVID-19.

B) Representación bidimensional de la interacción entre el inhibidor CY6 y los residuos de aminoácidos que conforman las paredes del sitio de unión en la Mpro del SARS-CoV-2. La imagen se generó con el software LigPlot+ v.2.2, alojado en la página del EMBL-EBI. Fuente: elaboración propia.



En síntesis, las interacciones moleculares son las responsables de muchas de las propiedades de las sustancias. La distribución de cargas en las moléculas determina su comportamiento electrostático y su capacidad para formar interacciones específicas, lo que influye en las formas que adoptan.

Descripción del juego *InterAAcciones*

El juego *InterAAcciones* es un juego de mesa creado con la intención de ayudar a los estudiantes a familiarizarse con los diferentes tipos de aminoácidos que constituyen las proteínas y las interacciones que establecen entre ellos. El objetivo del juego es reforzar los conocimientos de las y los jugadores acerca de algunas propiedades físicoquímicas de los aminoácidos y las interacciones que establecen en una cadena polipeptídica y durante su plegamiento.

Las y los jugadores deben construir cadenas peptídicas estables formando interacciones covalentes y no covalentes, enfrentando cambios ambientales que afectan las propiedades de sus residuos de aminoácidos, como variaciones en el pH, condiciones redox del entorno o la presencia de una proteasa.

Descripción de las cartas del juego

El juego *InterAAcciones* es un juego de mesa compuesto por:

- I. 120 cartas hexagonales (*Aminoácidos*, *Proteasa* y *Cambia Ambiente*), a saber: 80 cartas hexagonales que representan cada uno de los 20 aminoácidos estándar presentes en las proteínas. Su número y distribución se describen en la Tabla 1. Estas cartas están coloreadas según la polaridad de la cadena lateral. Veinte cartas *Proteasa* que representan una exoproteasa hipotética con capacidad de hidrolizar cualquier enlace peptídico terminal. Veinte cartas *Cambia Ambiente* que permiten modificar el pH del medio o el ambiente redox, utilizando la opción deseada de acuerdo con las cartas cuadradas mencionadas a continuación.
- II. 25 cartas *Ambiente* cuadradas. Estas cartas establecen dos condiciones físicoquímicas del entorno, tales como: pH ácido (5 cartas), neutro (5 cartas) o básico (5 cartas), y el ambiente redox oxidante (5 cartas) o reductor (5 cartas).
- III. 95 cartas *Interacciones* rectangulares. Son cartas que determinan cómo están interactuando dos o más aminoácidos. Éstas pueden ser interacciones covalentes o no covalentes, tales como: enlace peptídico ($-\text{CO}-\text{NH}-$, 30 cartas), enlace disulfuro ($-\text{S}-\text{S}-$, 5 cartas), puente de hidrógeno ($\text{A}\cdots\text{H}-\text{D}$, 20 cartas), interacción de Van der Waals (vdW, 20 cartas), puente salino o interacción electrostática ($+ -$, 10 cartas), apilamiento ($\pi\cdots\pi$, 5 cartas) e interacciones catión- π ($+\cdots\pi$, 5 cartas).
- IV. Uno o dos dados.

TABLA 1. Descripción de los diferentes tipos de cartas hexagonales que constituyen el juego *InterAAcciones*.

En la Tabla 1 se describen los diferentes tipos de cartas hexagonales, mientras que en la Figura 7 se muestran todas las cartas: hexagonales, cuadradas y rectangulares que conforman *InterAAcciones*.

Color de la carta hexagonal	Nombre del aminoácido	Código de tres y una letras	Número de cartas por tipo	pK _R	Descripción
Gris	Glicina	Gly G	3		Cadena lateral neutra no polar
	Alanina	Ala A	3		
	Prolina	Pro P	3		
	Valina	Val V	3		
	Leucina	Leu L	3		
	Isoleucina	Ile I	3		
	Metionina	Met M	3		
Verde	Fenilalanina	Phe F	6	10.07	Cadena lateral neutra
	Tirosina	Tyr Y	5		aromática
	Triptófano	Trp W	5		

Amarillo	Serina	Ser S	4	8.18	Cadena lateral neutra polar
	Treonina	Thr T	3		
	Cisteína	Cys C	6		
	Asparagina	Asn N	3		
	Glutamina	Gln Q	3		
Azul	Lisina	Lys K	4	10.53	Cadena lateral cargada positivamente
	Histidina	His H	4	6.00	
	Arginina	Arg R	4	12.48	
Rojo	Aspartato	Asp D	6	3.65	Cadena lateral cargada negativamente
	Glutamato	Glu E	6	4.25	
Azul marino	Proteasa		20		Hidroliza los enlaces peptídicos extremos
Café	Cambia ambiente		20		Permite dar paso a cambiar las condiciones del medio

El objetivo didáctico principal de *InterAAcciones* es ayudar a los estudiantes a familiarizarse con algunas propiedades físicas y químicas clave de los aminoácidos en las proteínas, tales como:

- I. La diversidad de tamaños, formas y polaridades de sus cadenas laterales.
- II. Su capacidad de formar enlaces peptídicos con otros aminoácidos.
- III. La protonación/desprotonación de sus grupos ionizables en función del pH.
- IV. Las interacciones que pueden establecer con aminoácidos vecinos.

Para jugar, las y los participantes deben conocer los nombres de los aminoácidos y sus códigos de una y tres letras (Tabla 1), así como poseer conocimientos básicos de química orgánica, ya que deben reconocer los grupos funcionales característicos de los aminoácidos.

InterAAcciones puede jugarse individualmente o en grupos de hasta siete personas. El juego tiene algunas similitudes con otros, como las Cartas Españolas, pues se deben formar series y acumular puntos; con *Scrabble*, ya que se deben ir uniendo cartas y formando cadenas; y con *UNO*, pues los alumnos deberán ir tirando sus cartas con base en las condiciones actuales, con la finalidad de deshacerse de ellas.

En *InterAAcciones*, los aminoácidos (cartas hexagonales) van uniéndose mediante enlaces covalentes amida (cartas rectangulares) para formar una cadena polipeptídica, mientras que sus cadenas laterales pueden ir estableciendo interacciones no covalentes (cartas rectangulares) favorables con las de otros residuos de aminoácidos de la cadena o no, siempre considerando las condiciones físicoquímicas del medio, como el pH y el ambiente oxidante o reductor (cartas cuadradas).

A modo de ilustración, la Figura 8 presenta una partida de *InterAAcciones* en la que se ha construido el polipéptido Val-Cys-Ala-Val-Lys-Phe-Cys-Lys-Gly-Trp-Arg-Trp.

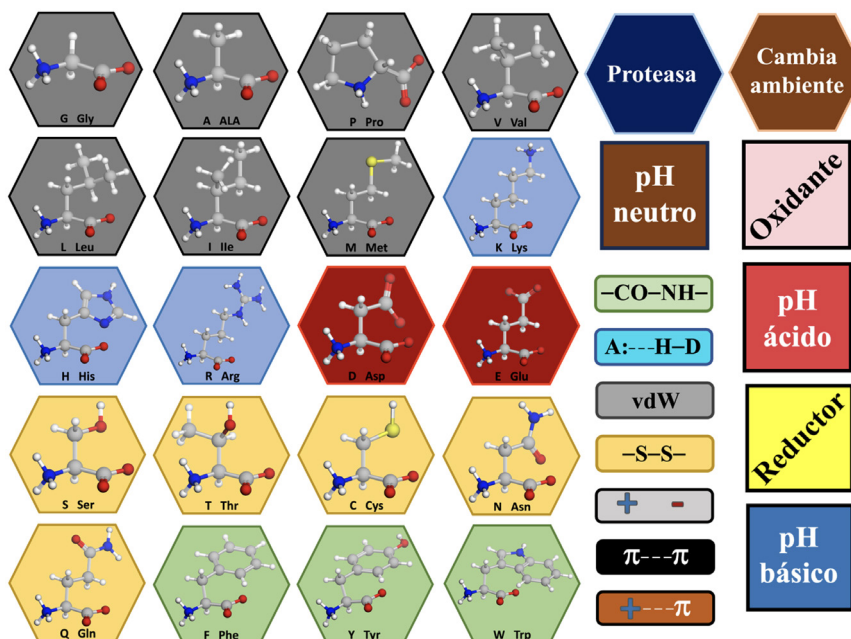
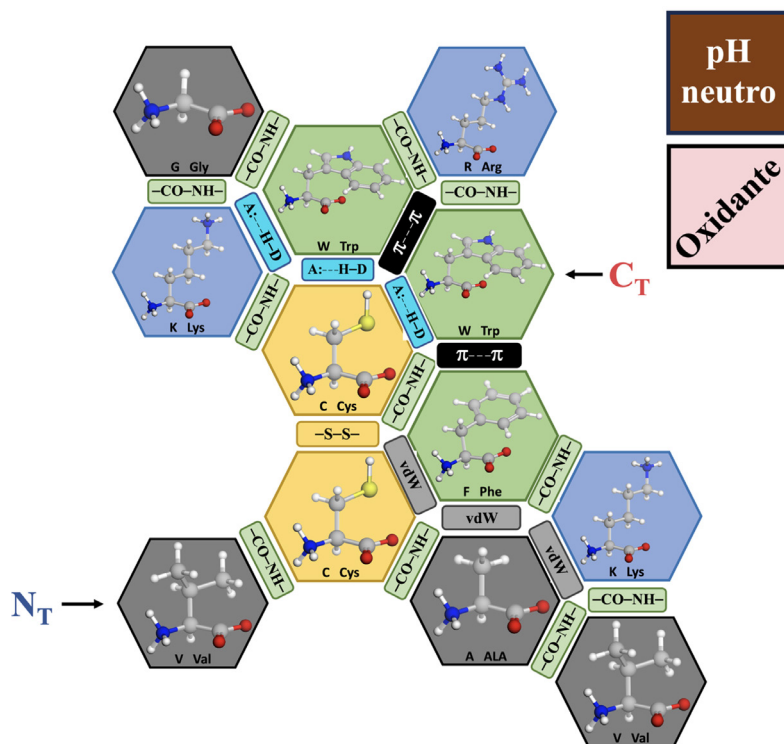


FIGURA 7. Imagen de las cartas hexagonales, cuadradas y rectangulares. Fuente: elaboración propia.

FIGURA 8. En una partida típica, se reparten a cada jugador 10 cartas hexagonales previamente barajadas. El propósito del juego es que los participantes acumulen puntos, resultado de plantear interacciones covalentes y no covalentes apropiadas entre el aminoácido descartado y el péptido tendido en la mesa utilizando las cartas rectangulares. El puntaje asignado a cada tipo de interacción se muestra en la Tabla 2, la cual considera su frecuencia y orden de energía en proteínas. El jugador que primero acumule 100 puntos resultará ganador. En la Tabla 1 se da la nomenclatura de los aminoácidos que están en las cartas. Fuente: elaboración propia.



Mecánica y reglas del juego

- I. Se baraja el conjunto de cartas hexagonales y se reparten 10 a cada jugador. Las cartas restantes se colocan boca abajo en el centro de la mesa. Los conjuntos de cartas *Ambiente* e *Interacciones*, divididas por tipo, se colocan boca arriba en el centro de la mesa. Las cartas iniciales *Ambiente* serán pH neutro y estado redox oxidante.

- II. Se selecciona una carta hexagonal *Aminoácidos* del centro, que será el primer residuo de aminoácido de la cadena polipeptídica.
- III. La primera jugadora o jugador en descartarse será aquel que obtenga el valor más alto al lanzar el dado sobre la mesa.
- IV. Se nombra a un escrutador, quien irá anotando los puntos obtenidos por cada jugador en cada turno.
- V. En su turno, cada jugadora o jugador tira una carta hexagonal al tiempo que menciona el nombre del aminoácido, buscando formar el mayor número de interacciones con el resto de las cartas en la mesa. Para poder formar interacciones no covalentes, un aminoácido debe primero unirse covalentemente al aminoácido o péptido encontrado en la mesa. Solo podrá formar un enlace peptídico y tantas interacciones como lo permitan los residuos de aminoácidos vecinos, las condiciones ambientales y el empalme entre las cartas hexagonales.
- VI. Las interacciones no covalentes se establecerán solamente entre átomos de las cadenas laterales de los residuos, descartando los átomos de la cadena principal.
- VII. La jugadora o jugador deberá considerar las condiciones ambientales actuales para elegir qué aminoácido tirar.
- VIII. La siguiente jugadora o jugador en descartar será quien esté situado a la derecha.
- IX. Las cartas hexagonales *Cambia Ambiente* permiten ajustar el pH o el estado redox del entorno según las necesidades de quien juega; seguido se tira una carta *Aminoácidos*.
- X. La carta hexagonal *Proteasa* permite hidrolizar el enlace peptídico en cualquiera de los extremos, amino o carboxilo del péptido, lo que obliga a la jugadora o jugador dueño del aminoácido liberado a recoger su carta hexagonal con todas las rectangulares asociadas y restar esos puntos. Cuando se baja la carta *Proteasa*, se invierte la dirección del juego, empezando ahora con quien se encuentre a la izquierda del jugador afectado.

Cada interacción otorga puntos según su naturaleza y frecuencia de acuerdo con el siguiente sistema de puntaje:

Covalentes	Enlace peptídico	4 puntos
	Enlace disulfuro	5 puntos
No covalentes	Van der Waals	2 puntos
	Puente de hidrógeno	3 puntos
	Puente salino	4 puntos
	Apilamiento π - π	4 puntos
	Interacción catión- π	5 puntos

TABLA 2. Sistema de puntaje para cada tipo de interacción molecular establecida.

Para formar interacciones, las cartas deben estar lo suficientemente cerca para establecer contacto. Por ello, es importante que todas las cartas, hexagonales y rectangulares, empalmen bien una vez interpuesta alguna rectangular. La glicina solo puede formar enlaces peptídicos.

Si una jugadora o jugador no tiene cartas adecuadas para el ambiente actual, puede usar una carta *Cambia Ambiente* seguida de una *Ambiente* para ajustar las condiciones a las que le favorezca, o tomar cartas hexagonales hasta obtener una adecuada.

El ganador o ganadora será quien primero acumule 100 puntos (o más) o logre quedarse sin cartas.

Metodología de la validación de *InterAAcciones*

El juego *InterAAcciones* fue validado por dos vías:

- I. El proyecto fue distribuido a seis docentes del Área Académica Biofísicoquímica de la UAM-Iztapalapa (cinco con grado de doctorado y uno con grado de maestría), quienes contestaron una rúbrica de evaluación de *InterAAcciones* (véase Anexo 1).
- II. La validación por parte del sector estudiantil se realizó mediante la aplicación de un cuestionario (véase Anexo 2) a tres grupos con un total de 32 estudiantes (20 alumnas y 12 alumnos) de los cursos de Bioquímica, Biología Molecular I y Laboratorio de Bioquímica, de la Licenciatura en Química de la UAM-Iztapalapa.

Resultados de la validación

La validación por parte del profesorado se realizó con una rúbrica con cuatro preguntas tipo Likert, con cinco respuestas, para cuatro secciones: 1) diseño del juego; 2) claridad y coherencia del juego; 3) apariencia y forma de las cartas; y 4) uso como herramienta didáctica. Las respuestas “muy bueno” coincidieron en las cuatro preguntas contestadas por el profesorado encuestado.

Para conocer la opinión del alumnado sobre el juego, se aplicó una encuesta con 14 preguntas. Las primeras 10 preguntas fueron tipo Likert con cinco respuestas, divididas en tres secciones: 1) percepción general del juego; 2) aprendizaje y contenido del juego; y 3) dinámica del juego. La última sección, 4) retroalimentación, incluyó 4 preguntas de respuesta abierta.

Los resultados de la primera sección, pregunta 1, mostraron que para el 100 % el juego resultó entretenido y atractivo. En tanto que la pregunta 2, relacionada con el entendimiento del juego, y la 3, con el diseño del juego, en ambas un 59 % respondió que le resultó fácil entenderlo y de diseño adecuado, y un 41 % lo consideró de regular entendimiento y diseño poco adecuado.

De la sección 2, preguntas 4 a 7, el 97 % indicó que el juego les ayudó a comprender mejor las interacciones moleculares, identificar las propiedades de los aminoácidos y, en general, entender mejor la bioquímica.

De la sección 3, preguntas 8 a 10, sobre la dinámica del juego, el 100 % respondió que las reglas del juego permiten comprender mejor las relaciones entre las diferentes interacciones químicas, y un 80 % consideró que el nivel de dificultad y el tiempo son adecuados.

En cuanto a las preguntas abiertas de la sección 4, algunos de los comentarios fueron: “El juego le ayudó a adaptarse y considerar los aspectos geométricos de las proteínas”; “Permite practicar y memorizar más fácilmente”; “El juego es entretenido y permite comprender mejor la bioquímica”.

El 100 % recomienda el juego como herramienta de aprendizaje de bioquímica y considera que puede adaptarse a otras áreas relacionadas con las ciencias que estudian biomoléculas. Sin embargo, para jugarlo es necesario contar con los conceptos básicos de bioquímica.

Conclusiones

Se diseñó e implementó *InterAAcciones*, un juego de mesa didáctico para estudiantes universitarios, como estrategia para facilitar la enseñanza y el aprendizaje de las interacciones moleculares entre residuos de aminoácidos en proteínas. Este enfoque práctico y participativo combina elementos lúdicos con conceptos biofísicoquímicos, fomentando un mayor entendimiento y formación del alumnado.

La validación del juego, realizada por expertos en bioquímica y estudiantes, demostró su eficacia para:

1. Reforzar conceptos clave, mejorando la comprensión de las propiedades físicoquímicas de los aminoácidos y su papel en el plegamiento y estabilidad de las proteínas.
2. Aumentar la motivación al integrar dinámicas interactivas que incentivan la participación activa en temas complejos.
3. Facilitar la retención del conocimiento al asociar conceptos con experiencias prácticas.

Además de ser eficaz en la enseñanza de bioquímica, *InterAAcciones* es una estrategia pedagógica replicable en otras disciplinas científicas. Su diseño promueve el aprendizaje activo, la colaboración y el desarrollo de habilidades críticas, contribuyendo a transformar el aprendizaje en una experiencia significativa y accesible para futuras generaciones.

Materiales

Las estructuras químicas mostradas en las Figuras *Resumen visual* y 1 a 5 fueron construidas y editadas con el software ChemDraw (versión 23.1.1) y Molecular Operating Environment (MOE, versión 2014.13). La visualización y edición de las estructuras tridimensionales de proteínas obtenidas del *Protein Data Bank* (PDB) se llevó a cabo utilizando MOE.

Por su parte, las cartas hexagonales, cuadradas y rectangulares que integran el juego *InterAAcciones* fueron diseñadas en Microsoft® PowerPoint (versión 16.89, 2024), a partir de imágenes de las estructuras de los 20 aminoácidos, generadas previamente con MOE.

Agradecimiento

Este proyecto fue financiado por el Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT) de México a través del proyecto *Ciencia de Frontera* CF19-7397.

Referencias

- Atkins, P., y De Paula, J. (2008). *Química física* (8.^a ed.). Editorial Médica Panamericana.
- Baggio, S. (2020). Actividades lúdicas digitales para el aula de química. *Educación en la Química*, 26(1), 23-36. <http://educacionenquimica.com.ar/ojs/index.php/edenlaq/article/view/104>

- Centelles, J. J., Imperial, S., Moreno, E., Pérez-Torras, S., y de Atauri, P. R. (2023). Un escape-room para recordar la estructura de aminoácidos y proteínas en la asignatura de bioquímica del grado de Química. *Metodología docente*. Universidad de Barcelona. <https://www.ub.edu/in2ub/es/publicaci-peridica/una-escape-room-para-recordar-la-estructura-de-aminoacidos-y-proteinas-en-la-asignatura-de-bioquimica-del-grado-de-quimica/>
- Crute, T. D., y Myers, S. A. (2007). Sudoku puzzles as chemistry learning tools. *Journal of Chemical Education*, 84(4), 612-613. <https://doi.org/10.1021/ed084p612>
- Gómez, B. P., Tobar-Muñoz, H., y Arteaga, D. (2024). Amino-structure: A card game for amino acids learning in biochemistry classes. *Journal of Chemical Education*, 101(5), 2141-2148. <https://doi.org/10.1021/acs.jchemed.3c01209>
- Helser, T. L. (2009). Biochemistry wordsearches II. *Journal of Chemical Education*, 86(4), 456. <https://doi.org/10.1021/ed086p456>
- Chávez, M. R. A., Ramos-Rendón, M., Sánchez-Vázquez, R., y Campos-Arroyo, A. G. (2024). Gamificación como estrategia para mejorar el rendimiento académico en el laboratorio de Química Inorgánica. *Educación Química*, 35(4). <https://doi.org/10.22201/fq.18708404e.2024.4.877>
- Kollman, P. (1984). Non-covalent forces of importance in biochemistry. En S. Pullman (Ed.), *New comprehensive biochemistry* (Vol. 6, pp. 55-71). Elsevier.
- Oi, B. G., y Sanger, M. J. (2009). Which pathway am I? Using a game approach to teach students about biochemical pathways. *Journal of Chemical Education*, 86(4), 454-455. <https://doi.org/10.1021/ed086p454>
- Peris, M. (2007). A disciplined chemistry puzzle. *Journal of Chemical Education*, 84(4), 609. <https://doi.org/10.1021/ed084p609>
- Plutin-Pacheco, N., y García-López, A. (2016). Estrategia didáctica basada en la lúdica para el aprendizaje de la química en la secundaria básica cubana. *Revista Cubana de Química*, 28(2), 610-624. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=443546334007>
- Samide, M. J., y Wilson, A. M. (2014). Games, games, games: Playing to engage with chemistry concepts. *The Chemical Educator*, 19, 167-170. <http://chemeducator.org/bibs/0019001/19140167.html>
- Tejada, S., y Palacios, J. (1995). Chemical elements bingo. *Journal of Chemical Education*, 72(12), 1115-1116. <https://doi.org/10.1021/ed072p1115>

Anexo 1. Rúbrica de evaluación de InterAAcciones por parte de profesorado especialista en bioquímica

Cada criterio posee una breve descripción y niveles de desempeño que van de **1 (Deficiente)** a **5 (Excelente)**. Se recomienda que el o la evaluadora añada comentarios cualitativos al final de cada criterio para complementar la valoración cuantitativa.

Criterio	Descripción	Niveles de Desempeño (1 - 5)
1. Diseño del juego InterAAcciones	Valora si la concepción general del juego (mecánica, secuencia de pasos, originalidad de la idea) responde adecuadamente a los contenidos de biofísicoquímica y resulta atractivo para el nivel universitario.	1 (Deficiente): El diseño carece de claridad; no se adapta a los contenidos de la asignatura ni promueve la motivación del estudiantado. 2 (Regular): El diseño presenta fallas importantes en la integración de los contenidos o en la secuencia de actividades. 3 (Aceptable): El diseño es funcional, pero podría mejorar su organización y conexión con los objetivos de la materia. 4 (Muy bueno): El juego se encuentra bien estructurado, estimula el aprendizaje y solo requiere ajustes puntuales. 5 (Excelente): El diseño es claro, coherente y fomenta de manera destacada la comprensión de la biofísicoquímica.
2. Claridad y coherencia de las reglas de juego	Determina si las reglas y pasos a seguir son comprensibles, lógicas y se corresponden con el propósito de reforzar los conocimientos de biofísicoquímica.	1 (Deficiente): Las instrucciones son confusas y no se comprenden los objetivos ni la dinámica de juego. 2 (Regular): Varias instrucciones se prestan a interpretación o ambigüedad; se requieren aclaraciones para usarse efectivamente. 3 (Aceptable): Las reglas son entendibles, aunque podrían requerir ejemplos o mayor detalle. 4 (Muy bueno): Las reglas son bastante claras y muestran congruencia con el objetivo de aprendizaje. 5 (Excelente): Las reglas están perfectamente articuladas, sin ambigüedades, y favorecen la fluida implementación en clase.
3. Apariencia y forma de las cartas	Considera la calidad gráfica, la legibilidad, el uso adecuado de colores, íconos y símbolos para representar información relevante (propiedades físicoquímicas, códigos de aminoácidos, polaridad, etc.), así como la ergonomía y resistencia de los materiales propuestos.	1 (Deficiente): El diseño de las cartas dificulta la lectura o la identificación de la información clave. 2 (Regular): Los elementos gráficos están presentes, pero con carencias en la coherencia visual o en la claridad. 3 (Aceptable): El formato de las cartas es comprensible, sin embargo, falta un poco de consistencia o mejora estética. 4 (Muy bueno): La iconografía y los colores son apropiados, facilitando la comprensión; se perciben detalles bien trabajados. 5 (Excelente): Las cartas son atractivas, claras y comunican perfectamente la información sobre aminoácidos e interacciones.
4. Utilidad del juego como material de apoyo didáctico	Mide hasta qué punto el juego facilita la comprensión de los contenidos de biofísicoquímica (interacciones moleculares, propiedades de aminoácidos, etc.), promueve el aprendizaje activo y la motivación del estudiantado universitario.	1 (Deficiente): No aporta beneficios claros al aprendizaje; el estudiantado difícilmente relacionará la actividad con los conceptos del curso. 2 (Regular): El juego motiva parcialmente, pero la vinculación con los contenidos es débil. 3 (Aceptable): Permite cierta mejoría en la comprensión, aunque podría reforzarse la estrategia didáctica. 4 (Muy bueno): La dinámica potencia el aprendizaje y despierta el interés de los alumnos en la materia. 5 (Excelente): El juego cumple eficazmente sus objetivos pedagógicos; brinda un valor formativo elevado y estimula la participación activa.

Anexo 1. Cuestionario de Evaluación del Juego Didáctico InterAAcciones

Instrucciones:

A continuación, encontrarás preguntas relacionadas con tu experiencia al jugar *InterAAcciones*. Tu opinión es muy importante para mejorar este material didáctico. Por favor, responde con sinceridad.

Sección 1: Percepción General del Juego

1. ¿Qué tan entretenido te pareció el juego?
 - a) Muy entretenido
 - b) Entretenido
 - c) Regular
 - d) Poco entretenido
 - e) Nada entretenido
2. ¿Consideras que el juego fue fácil de entender?
 - a) Muy fácil
 - b) Fácil
 - c) Regular
 - d) Difícil
 - e) Muy difícil
3. ¿El diseño del juego (cartas, colores, símbolos) facilitó tu aprendizaje?
 - a) Totalmente
 - b) Bastante
 - c) Algo útil
 - d) Poco útil
 - e) Nada útil

Sección 2: Aprendizaje y Contenidos

4. ¿Qué tanto te ayudó el juego a comprender las interacciones moleculares (enlaces covalentes, puentes de hidrógeno, interacciones hidrofóbicas, etc.)?
 - a) Mucho
 - b) Bastante
 - c) Un poco

- d) Poco
 - e) Nada
5. ¿Crees que el juego mejoró tu capacidad para identificar las propiedades de los aminoácidos en proteínas (polaridad, pKa, interacciones)?
- a) Totalmente
 - b) Bastante
 - c) Moderadamente
 - d) Poco
 - e) Nada
6. ¿El juego te motivó a aprender más sobre bioquímica?
- a) Totalmente
 - b) Bastante
 - c) Algo
 - d) Poco
 - e) Nada
7. ¿Crees que jugar *InterAAcciones* complementó el aprendizaje obtenido en clase?
- a) Totalmente
 - b) Bastante
 - c) Algo útil
 - d) Poco útil
 - e) Nada útil

Sección 3: Dinámica del Juego

8. ¿Cómo evaluarías el nivel de dificultad del juego?
- a) Muy fácil
 - b) Fácil
 - c) Adecuado
 - d) Difícil
 - e) Muy difícil
9. ¿Qué tan bien se relacionaron las reglas del juego con los conceptos de bioquímica?
- a) Muy bien

- b) Bien
 - c) Lo suficiente
 - d) Mal
 - e) Muy mal
10. ¿Consideras que el tiempo de juego fue adecuado?
- a) Totalmente
 - b) Bastante
 - c) Razonablemente adecuado
 - d) Poco adecuado
 - e) Nada adecuado

Sección 4: Retroalimentación Abierta

- 11. ¿Qué fue lo que más te gustó de *InterAAcciones*?
- 12. ¿Qué aspectos mejorarías en el diseño o dinámica del juego?
- 13. ¿Recomendarías *InterAAcciones* a otros estudiantes de bioquímica? ¿Por qué?
- 14. ¿Crees que el juego podría adaptarse para otras áreas de la ciencia? Si es así, ¿cuáles?

Agradecemos mucho tu participación y tus respuestas. Tus comentarios serán valiosos para mejorar esta herramienta educativa.