



VICERRECTORADO ACADÉMICO

ESCUELA DE POSGRADO

TESIS

**REPERCUSIÓN DEL SOFTWARE MEGA A TRAVÉS DE SECUENCIAS
NUCLEOTÍDICAS EN EL APRENDIZAJE DE LA BIOLOGÍA
MOLECULAR EN LOS ESTUDIANTES DE MEDICINA HUMANA DE LA
UNIVERSIDAD “ALAS PERUANAS”-LIMA AGOSTO-DICIEMBRE 2016.**

PRESENTADO POR:

BACH. CARLOS DAVID NEYRA RIVERA

**PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE MAESTRO EN DOCENCIA
UNIVERSITARIA Y GESTIÓN EDUCATIVA**

LIMA – PERU

2017

DEDICATORIA

A la Facultad de Medicina de la Universidad Alas Peruanas por brindar las facilidades y el apoyo para el desarrollo de la presente investigación.

AGRADECIMIENTO

A mi familia y a mi esposa por su apoyo constante. Al Dr. Gualberto Trelles Yenque y Alex Vizcarra ya que sin su apoyo no se hubiera podido realizar la presente investigación. A mis compañeros de la maestría de la UAP por sus consejos y ánimos para no desistir. A Pedro, Luis y Marcelino, quienes a pesar de la distancia siguen apoyándome en todo y más, demostrándome que “la distancia solo es una cifra”.

RECONOCIMIENTO

Al Mg. Jackson Fuentes Mejía, gracias por el apoyo, ayuda y consejos que me brindó durante el desarrollo de la presente investigación.

CONTENIDO

CARÁTULA.....	i
DEDICATORIA	ii
AGRADECIMIENTO	iii
RECONOCIMIENTO.....	iv
ÍNDICE	v
RESUMEN.....	viii
ABSTRACT.....	ix
INTRODUCCIÓN	x
CAPÍTULO I: PLANTEAMIENTO METODOLÓGICO	12
1.1. Descripción de la Realidad Problemática.....	12
1.2. Delimitación de la Investigación.....	14
1.2.1. Delimitación Espacial	14
1.2.2. Delimitación Social.....	14
1.2.3. Delimitación Temporal	15
1.2.4. Delimitación Conceptual	15
1.3. Problemas de Investigación	15
1.3.1. Problema Principal	15
1.3.2. Problemas Secundarios.....	16
1.4. Objetivos de la Investigación.....	16
1.4.1. Objetivo General	16
1.4.2. Objetivos Específicos.....	16
1.5. Hipótesis y Variables de la Investigación	17
1.5.1. Hipótesis General.....	17
1.5.2. Hipótesis Secundarias	17
1.5.3. Variables (Definición Conceptual y Operacional).....	17
1.6. Metodología de la Investigación.....	20
1.6.1. Tipo y Nivel de Investigación.....	20

a) Tipo de Investigación	20
b) Nivel de Investigación	20
1.6.2. Método y Diseño de la Investigación	21
a) Método de la Investigación.....	21
b) Diseño de la Investigación	21
1.6.3. Población y Muestra de la Investigación	23
a) Población.....	23
b) Muestra.....	23
1.6.4. Técnicas e Instrumentos de recolección de datos	23
a) Técnicas	23
b) Instrumentos	24
c) Plan Pedagógico “Software MEGA y aprendizaje de la Biología Molecular”	24
1.6.5. Justificación, Importancia y Limitaciones de la Investigación	26
a) Justificación.....	27
b) Importancia.....	27
c) Limitaciones	28
CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO.....	29
2.1. Antecedentes de la Investigación	29
2.2. Bases Teóricas	34
2.2.1. Software MEGA.....	34
2.2.1.1. Análisis de secuencias	35
2.2.1.1.1. Secuencias nucleotídicas	37
2.2.1.1.2. Secuencias de aminoácidos	37
2.2.1.2. Análisis evolutivos.....	38
2.2.1.2.1. Árbol Filogenético	39
2.2.2. Aprendizaje de la Biología Molecular	40
2.2.2.1. Concepto	40
2.2.2.2. Tipos de Aprendizaje	41
2.2.2.3. Etapas de aprendizaje	42

2.2.2.4. Proceso de aprendizaje de la Biología Molecular	43
2.2.2.5. Estrategias didácticas para la enseñanza de la Biología Molecular	44
2.3. Definición de términos básicos	51
CAPÍTULO III: PRESENTACIÓN, ANÁLISIS E INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS	55
3.1. Validez y Confiabilidad de los Instrumentos.....	55
3.2. Análisis de Tablas y Gráficos	58
3.3. Prueba de Hipótesis	62
3.4. Discusión de Resultados	70
CONCLUSIONES.....	76
RECOMENDACIONES	78
REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.....	80
ANEXOS	
1. Anexo 1. Matriz de consistencia.	
2. Anexo 2. Instrumento de recolección de datos.	
3. Anexo 3. Plan Pedagógico.	
4. Anexo 4. Validación de instrumento.	
5. Anexo 5. Consentimiento informado.	
6. Anexo 6. Autorización de aplicación del instrumento.	
7. Anexo 7. Relación de participantes.	
8. Anexo 8. Copia de data de resultados.	

RESUMEN

La presente investigación tuvo como objetivo determinar si existe influencia del software MEGA en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la Universidad Alas Peruanas de agosto a diciembre del 2016. El estudio tiene un diseño cuasi experimental. Se trabajó con una muestra de 42 estudiantes.

Se tuvo un grupo experimental y un grupo control. Al grupo experimental se le brindo una serie de seminarios siguiendo una guía didáctica diseñada por el investigador. Además, para la recolección de datos se utilizó un pre test y post test aplicado tanto al grupo control como al grupo experimental (21 estudiantes participaron en cada grupo). Se analizaron la variable Software MEGA, y sus dimensiones análisis de secuencias y análisis evolutivos, y la variable aprendizaje de Biología Molecular. con la información recolectada se procedió a procesarla estadísticamente.

Los resultados obtenidos presentan una validez de contenido ya que al utilizar la V de Aiken se obtuvo un valor de 0,92. También son válidos y confiables ya que se comprobaron con el KR-20 cuyo valor fue de 0,724 lo que significa que la prueba tiene una alta confiabilidad.

Se concluyó que el Software MEGA influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la Universidad Alas Peruanas.

Palabras clave: Software MEGA, aprendizaje de la Biología Molecular, análisis de secuencias nucleotídicas, análisis evolutivo, aprendizaje de medicina genómica, aprendizaje del diagnóstico molecular.

ABSTRACT

The present research had as objective to determinate if there is influence of the MEGA software in the learning of Molecular Biology by students of Human Medicine of Alas Peruanas University from August, 2016 to December, 2016. The study has a quasi-experimental design. We worked with a sample of 42 students.

There was an experimental group and a control group. The experimental group was given a series of seminars following a didactic guide designed by the researcher. In addition, a pre-test and post-test were used for the data collection applied to both the control group and the experimental group (21 students participated in each group). We analyzed the MEGA Software variable, and its dimensions analysis of sequences and evolutionary analysis, and the learning variable of Molecular Biology. With the information collected, it was processed statistically.

The results obtained have a content validity since when using the V of Aiken a value of 0,92 was obtained. They are also valid and reliable since they were checked with the KR-20 whose value was 0,724 which means that the test has a high reliability.

It was concluded that the MEGA Software significantly influences the learning of Molecular Biology in the students of Human Medicine of Alas Peruanas University.

Key words: MEGA software, Molecular Biology learning, nucleotide sequence analysis, evolutionary analysis, genomic medicine learning, molecular diagnosis learning.

INTRODUCCIÓN

La Educación Superior en el Perú está cambiando, esto debido a las medidas que ha adoptado el Gobierno del Perú con el Proyecto Educativo Nacional al 2021 y con la nueva Ley Universitaria (Ley 30220). Esto obliga a las universidades (tanto públicas como privadas) a mejorar su calidad educativa brindando una formación de calidad que contribuya al desarrollo del país.

La Universidad Alas Peruanas (UAP) no es ajena a estos cambios, por ello se está actualizando los sílabos para que estos estén acorde a los avances científicos que se están suscitando tanto a nivel nacional como internacional.

La asignatura de Biología Celular y Molecular, que llevan los estudiantes de la Escuela Profesional de Medicina Humana en el III Ciclo, no es ajena a estos cambios y el sílabo se viene actualizando para incluir los recientes avances que se vienen dando. Dentro de esta actualización, se le debe brindar al estudiante las herramientas que faciliten el aprendizaje de la Biología Molecular ya que es una ciencia que está liderando los avances científicos-tecnológicos en el campo de la Medicina en diferentes países del mundo.

Para contribuir a facilitar este aprendizaje se brindó a un grupo de estudiantes de la Escuela Profesional de Medicina Humana seminarios del Soporte Aplicativo MEGA y se evaluó su influencia en el aprendizaje de la Biología Molecular ya que los estudiantes tuvieron acceso a diferentes herramientas que les ayudaron a tener una mejor comprensión de los conceptos teóricos de la Biología Molecular pudiendo utilizar estos posteriormente de forma práctica.

Por ello la presente investigación se organiza en los siguientes capítulos:

El primer capítulo contiene el Planteamiento Metodológico, en el que se describe la realidad problemática, se realiza la delimitación de la investigación, se plantean los problemas de la investigación, los objetivos de la investigación, las hipótesis y variables de la investigación, la metodología de la investigación, el método y diseño de la investigación, la población y muestra de la investigación, las técnicas e instrumentos de recolección de datos y la justificación, importancia y limitaciones de la Investigación.

En el segundo capítulo se desarrolla el Marco Teórico, que está compuesto por los antecedentes de la investigación, las bases teóricas y la definición de términos básicos.

El tercer capítulo se expone la presentación, análisis e interpretación de resultados. En este capítulo se encuentra la validez y confiabilidad de los instrumentos, el análisis de tablas y gráficos, prueba de hipótesis y discusión de resultados.

Finalmente, se presentan las conclusiones, recomendaciones, fuentes de información y los anexos.

CAPÍTULO I: PLANTEAMIENTO METODOLÓGICO

1.1. Descripción de la Realidad Problemática

La Educación Universitaria en el Perú se encuentra en un proceso de cambio guiada por “El Proyecto Educativo Nacional al 2021” (Consejo Nacional de Educación, 2007) que se inició en el 2007 durante el gobierno del presidente Alan Gabriel Ludwig García Pérez (2006 al 2011) y que está siendo continuado por los presidentes que le sucedieron (Ollanta Moisés Humala Tasso -2011al 2016- y Pedro Pablo Kuczynski Godard -2016 al 2021-). Por ello, se viene dando una reestructuración en el sistema universitario siendo uno de los cambios más significativos el cierre de la Asamblea Nacional de Rectores en cumplimiento de la Disposición Complementaria Séptima de la Ley N° 30220 (Ley Universitaria) siendo la misma ley la que crea la Superintendencia Nacional de Educación Superior (SUNEDU).

En el Capítulo V (Organización Académica) Artículo 33 de la Ley Universitaria se menciona que los Departamentos Académicos son los encargados de estudiar, investigar y actualizar contenidos y preparar los sílabos por curso o materias a requerimiento de las Escuelas Profesionales. Además, en el Artículo 40

se menciona que cada universidad determina el diseño curricular de cada especialidad de acuerdo con las necesidades nacionales y regionales que contribuya al desarrollo del país, se determina en la estructura curricular el nivel de estudios de pregrado y que el currículo se debe actualizar cada tres (3) años o cuando sea conveniente según los avances científicos y tecnológicos.

El presente estudio de investigación aborda una problemática relacionada con la asignatura de Biología Celular y Molecular ya que se ha podido observar deficiencias en el aprendizaje de la Biología Molecular en los Estudiantes que llevaron dicha asignatura en la Facultad de Medicina Humana de la UAP. Por tal motivo, la presente Investigación ha tomado en cuenta dos variables de estudio que son el Software MEGA (del inglés Molecular Evolutionary Genetics Analysis) y se su influencia en el aprendizaje de la Biología Molecular.

El Software MEGA es una herramienta bioinformática que permite trabajar las secuencias nucleotídicas de diferentes especies y a partir de ellas realizar alineamientos automáticos, traducción de secuencias nucleotídicas a aminoácidos, análisis filogenéticos, construcción de árboles filogenéticos, estimaciones sinónimas y no sinónimas entre parejas de secuencias entre otros procesos que pueden ser de utilidad en función del campo de aplicación que tenga el investigador.

El Aprendizaje de la Biología Molecular es muy importante ya que la Biología Molecular es una ciencia que está teniendo un impacto muy importante en las ciencias médicas debido al proyecto genoma humano que ha conseguido determinar las secuencias precisas de los 3,200 millones de bases nitrogenadas consiguiéndose a partir de estas secuencias elaborar un mapa genético y así ubicar aproximadamente a los 40,000 genes (Lander *et al.*, 2001; Venter *et al.*, 2001). En la Medicina, los campos en los que ha impactado directamente la Biología Molecular son la Medicina Molecular, la Medicina Genómica, la Farmacogenómica, el Diagnóstico Molecular y la Terapia Génica (Navarro, Sandoval y Armendáriz, 2008).

El Sílabo del Curso de Biología Celular y Molecular de la Escuela Profesional de Medicina Humana Facultad de Medicina Humana de la UAP está dividido en cuatro unidades siendo estas la Biología Celular como Ciencia de la Vida, Organización de la Célula, Interacción Celular y Continuidad Celular. Este sílabo contempla en su gran mayoría temas relacionados con la Biología Celular dejando de lado la Biología Molecular, cuyo avance actualmente está liderando el descubrimiento de nuevos procesos que mejoran la calidad de vida de las personas, por ello los estudiantes de Medicina Humana de la UAP carecen de los conocimientos básicos que brinda esta ciencia encontrándose deficiencias en la comprensión de los procesos relacionados con la Biología Molecular. Por ello, este trabajo de investigación buscó que una muestra de estudiantes de la Facultad de Medicina Humana de la UAP conozca el software gratuito MEGA y se evaluó su influencia en el aprendizaje de la Biología Molecular para que así este pueda ser incluido en el Sílabo del Curso de Biología Celular y Molecular ya que de acuerdo con el Artículo 33 y 40 de la Ley Universitaria se puede actualizar el sílabo cuando sea conveniente de acuerdo con los avances científicos y tecnológicos.

1.2. Delimitación de la Investigación

A continuación, se realizará la delimitación espacial, social, temporal y conceptual de la presente investigación.

1.2.1. Delimitación Espacial

La tesis se desarrolló en la Facultad de Medicina de la UAP ubicada en el Jirón Pedro Ruiz Gallo N° 251 en el distrito de Pueblo Libre que pertenece a la provincia de Lima, departamento de Lima.

1.2.2. Delimitación Social

La población que participó en la de tesis fueron estudiantes de la Carrera Profesional de Medicina Humana de la UAP que hayan llevado la

asignatura de Biología Celular y Molecular.

1.2.3. Delimitación Temporal

La presente tesis se desarrolló de enero a diciembre del 2016.

1.2.4. Delimitación Conceptual

En la presenta investigación se utilizó como fuentes de información libros, revistas, tesis entre otras fuentes y se obtuvo la información de bibliotecas y de manera digital utilizando la información que se encuentra disponible en el Internet. Se estudiaron dos variables siendo estas el Software MEGA y el aprendizaje de la Biología Molecular, en función de estas variables se desarrollaron los aspectos claves de la investigación. Kumar *et al.* (1994) y Tamura *et al.* (2011) definen el Software MEGA como una herramienta desarrollada para realizar análisis comparativos de secuencias de ADN y proteínas con el objetivo de inferir modelos moleculares de genes, genomas y especies en el tiempo. Gagné (1975) define el Aprendizaje de la Biología Molecular como “un proceso a través del cual se adquieren o modifican habilidades, destrezas, conocimientos, conductas o valores como resultado del estudio, la experiencia, la instrucción, el razonamiento y la observación”.

1.3. Problemas de Investigación

Para el desarrollo de la tesis se contempló el siguiente Problema Principal y los siguientes Problemas Secundarios.

1.3.1. Problema Principal

- ¿De qué manera influye el software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016?

1.3.2. Problemas Secundarios

- ¿De qué manera influye el análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016?
- ¿De qué manera influye el análisis evolutivo de forma automatizada en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016?

1.4. Objetivos de la Investigación

A continuación, se presentan el Objetivo General y los Objetivos específicos que se abordarán en la presente investigación.

1.4.1. Objetivo General

- Determinar la influencia del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

1.4.2. Objetivos Específicos

- Determinar la influencia del análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.
- Establecer si el análisis evolutivo de forma automatizada influye en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

1.5. Hipótesis y Variables de la Investigación

1.5.1. Hipótesis General

- Existe una influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

1.5.2. Hipótesis Secundarias

- Influye significativamente el análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.
- El análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

1.5.3. Variables (Definición Conceptual y Operacional de las Variables)

A continuación, se presenta la definición conceptual y operacional de las variables Software MEGA y el Aprendizaje de la Biología Molecular que se encuentran resumidas en la Tabla 3.

Definición Conceptual

- Software MEGA: El software MEGA se ha desarrollado para realizar análisis comparativos de secuencias de ADN y proteínas con el propósito de inferir modelos evolutivos moleculares de genes, genomas y especies en el tiempo (Kumar et al., 1994; Tamura et al., 2011).
- Aprendizaje de la Biología Molecular: Gagné (1975) define el

Aprendizaje de la Biología Molecular como “un proceso a través del cual se adquieren o modifican habilidades, destrezas, conocimientos, conductas o valores como resultado del estudio, la experiencia, la instrucción, el razonamiento y la observación”.

Definición Operacional de las Variables

Para la definición Operacional de la variable Software MEGA se utilizan las dimensiones e indicadores que se muestran a continuación.

Tabla 1

Dimensiones e Indicadores de la Variable Software MEGA

Dimensiones	Indicadores
Análisis de secuencias	Secuencias nucleotídicas
	Secuencias de aminoácidos
Análisis Evolutivos	Árboles filogenéticos

Fuente: Elaboración propia.

En el caso de la variable Aprendizaje de la Biología las variables e indicadores se muestran a continuación.

Tabla 2

Dimensiones e Indicadores de la Variable Aprendizaje de Biología Molecular

Dimensiones	Indicadores
Aprendizaje de Medicina Genómica	Polimorfismo
	Enfermedades
Aprendizaje del Diagnóstico Molecular	Secuenciación
	Reacción en Cadena de la Polimerasa

Fuente: Elaboración propia.

Tabla 3
Matriz de operacionalización de variables.

Variable	Dimensiones	Indicadores	Preguntas
Software MEGA	Análisis de secuencias	Secuencias nucleotídicas	1. Si se analizan secuencias nucleotídicas, el Software MEGA te permite: 2. Las secuencias nucleotídicas amplificadas utilizando la Reacción en Cadena de la Polimerasa en Tiempo Real ayudan a: 3. Cuando se traducen secuencia nucleotídicas se pueden obtener
		Secuencias de aminoácidos	4. En las secuencias de aminoácidos se pueden encontrar sustituciones sinónimas que son:
	Análisis Evolutivos	Árboles filogenéticos	5. El análisis evolutivo se puede realizar construyendo 6. El análisis de Bootstrap (para la construcción de árboles filogenéticos) es un análisis de tipo:
Aprendizaje de Biología Molecular	Aprendizaje de Medicina Genómica	Polimorfismo	7. Los polimorfismos del Número Variable de Repeticiones en Tándem (VNTR) pueden son.....que se utilizan como marcador molecular
		Enfermedades	8. En Medicina Genómica de las enfermedades los SNIPs son útiles ya que:
	Aprendizaje del Diagnóstico Molecular	Secuenciación	9. En Biología Molecular se utiliza la secuenciación de nucleótidos para la obtención de genes que se almacenan en el NCBI cuyas siglas significan: 10. La Reacción en Cadena de la Polimerasa puede:

Fuente: Elaboración propia.

1.6. Metodología de la Investigación

1.6.1. Tipo y Nivel de Investigación

a) Tipo de Investigación

El presente trabajo se enmarca dentro de una Investigación Aplicada ya que se evaluó la influencia de la variable independiente (Software MEGA) en la variable dependiente (Aprendizaje de Biología Molecular).

Palomino *et al.* (2015) define a la investigación aplicada como una investigación que “su finalidad es la solución de problemas prácticos para transformar las condiciones de un hecho que nos preocupa”.

b) Nivel de Investigación

El trabajo de investigación se desarrolla con un nivel de investigación Descriptivo y Explicativo. Es descriptivo porque se describió la tendencia de la variable aprendizaje de la Biología Molecular al ser expuesta a la variable Software MEGA recogiendo la información obtenida del estudio de dichas variables. Es explicativo ya que existe interés en explicar las causas y posibles consecuencias de la inclusión del soporte aplicativo en la mejora del aprendizaje de la Biología Molecular.

Un estudio descriptivo “busca especificar propiedades y características importantes de cualquier fenómeno que se analice. Describe tendencias de un grupo o población” y los estudios explicativos “pretenden establecer las causas de los sucesos o fenómenos que se estudian” (Hernández, Fernández y Baptista, 2014, p.92, 95).

1.6.2. Métodos y Diseño de Investigación

a) Método de la Investigación

Para el desarrollo de esta tesis se utilizó un método Hipotético Deductivo.

El método hipotético-deductivo tiene varios pasos esenciales: Observación del fenómeno a estudiar, creación de una hipótesis para explicar dicho fenómeno, deducción de consecuencias o proposiciones más elementales que la propia hipótesis y verificación o comprobación de la verdad de los enunciados deducidos, comparándolos con la experiencia. Este método obliga al científico a combinar la reflexión racional o momento racional (la formación de hipótesis y la deducción) con la observación de la realidad o momento empírico (la observación y la verificación). (Reyes, Reyes y Rodríguez, 2012).

b) Diseño de la Investigación

La tesis presentada tiene un diseño de investigación Cuasi Experimental como se muestra en la Tabla 4.

Los diseños cuasi experimentales también manipulan deliberadamente, al menos, una variable independiente para observar su efecto sobre una o más variables dependientes, sólo que difieren de los experimentos “puros” en el grado de seguridad que pueda tenerse sobre la equivalencia inicial de los grupos. En los diseños cuasi experimentales, los sujetos no se asignan al azar a los grupos ni se emparejan, sino que dichos grupos ya están conformados antes del experimento: son grupos intactos (la razón por la que surgen y la manera como se integraron es independiente o aparte del experimento). (Hernández, Fernández y Baptista, 2014, p.151)

Tabla 4

Diseño de la investigación. Se muestra el diseño de la investigación cuasiexperimental.

Grupo	Pre test	Variable independiente	Post test
GE	O1	X	O2
GC	O3	----	O4

Fuente: Elaboración propia

Donde:

- GE: Grupo experimental.
- GC: Grupo control.
- O1: Medición antes de la Variable Biología Molecular en el grupo experimental.
- X: Intervención de la variable Software MEGA en el grupo experimental.
- O2: Medición después de la Variable Biología Molecular en el grupo experimental.
- O3: Medición antes de la Variable Biología Molecular en el grupo control.
- ----: No intervención de la Variable Software MEGA en el grupo control.
- O4: Medición después de la Variable Biología Molecular en el grupo control.

1.6.3. Población y Muestra de la Investigación

Tanto la población como la muestra fueron estudiantes de la Facultad de Medicina Humana de la UAP (42 estudiantes) de sexo masculino y femenino que hayan llevado la asignatura de Biología Celular y Molecular.

a) Población

La población estuvo compuesta por 42 estudiantes de Medicina Humana de la UAP que hayan llevado la asignatura de Biología Celular y Molecular.

b) Muestra

La muestra es de tipo aleatoria, intencional y por abarcar a toda la población fue una muestra censal. Zarcovich (2005, citado por Castillo, 2017) define una muestra censal como “La muestra censal supone la obtención de datos de todas las unidades del universo acerca de las cuestiones, bloques, que constituyen el objeto del censo. Los datos que se recogen en una muestra que representa el total del universo, dado que la población es pequeña y finita”. Por ello, la muestra fueron 42 estudiantes de la Facultad de Medicina Humana de la UAP, de los que 21 pertenecieron al grupo control y 21 fueron parte del grupo experimental. Al grupo experimental se le brindó seminarios del soporte aplicativo para evaluar la influencia en el Aprendizaje de la Biología Molecular.

1.6.4. Técnicas e instrumentos de recolección de datos

a) Técnicas

Para el desarrollo de este trabajo se utilizó el test retest, que se aplicó tanto al grupo control como al grupo experimental para evaluar la influencia del software MEGA en el aprendizaje de la Biología Molecular.

También, se realizó un Análisis Documental para recabar la información necesaria para la realización del presente trabajo.

b) Instrumentos

El instrumento que se utilizó fue el pre test y post test, que fueron realizados antes del seminario (pre test) y después del seminario (post test) tanto al grupo control como al grupo experimental. Tanto el pre test como el post test tenían información de las variables y dimensiones que se estudiaron (Software MEGA y Aprendizaje de la Biología Molecular) (Tabla 3). El pre test y post test tuvieron 10 preguntas, cada pregunta tuvo una sola alternativa correcta siendo está valorada con dos puntos mientras que si se marcaba la alternativa incorrecta o la dejan en blanco la pregunta fue valorada con cero puntos, las alternativas a las preguntas se muestran en la Tabla 5.

Tabla 5
Rubrica de Evaluación.

Pregunta	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Alternativa	E	D	E	A	D	D	C	B	A	C

Fuente: Elaboración propia.

c) Plan Pedagógico “Software MEGA y aprendizaje de la Biología Molecular”

El autor del plan pedagógico utilizado en la presente investigación es el autor de la presente tesis. Este plan pedagógico (Tabla 6) fue realizado para ayudar a que los estudiantes de Medicina Humana tengan un mejor aprendizaje de la Biología Molecular y así puedan aplicar dichos conocimientos durante el desarrollo de su carrera profesional.

Tabla 6

Plan Pedagógico “Software MEGA y aprendizaje de la Biología Molecular”.

SESIÓN	NOMBRE	FECHA	DURACIÓN	
			Presencial	No presencial
01	La Biología Molecular	21/11/2016	2 horas	2 horas
02	La Biología Molecular y el Software MEGA	23/11/2016	2 horas	2 horas
03	Búsqueda de secuencias nucleotídicas en base de datos online	25/11/2016	2 horas	2 horas
04	Codones de inicio y de fin de lectura de secuencias nucleotídicas	28/11/2016	2 horas	2 horas
05	Alineamiento de secuencias nucleotídicas	30/11/2016	2 horas	2 horas
06	Análisis de regiones codificantes y no codificantes	02/12/2016	2 horas	2 horas
07	Análisis de aminoácidos	05/12/2016	2 horas	2 horas
08	Análisis de sustituciones sinónimas y no sinónimas	07/12/2016	2 horas	2 horas
09 y 10	Realización de árboles filogenéticos y Análisis de Bootstrap	09/12/2016- 12/12/2016	2 horas	2 horas
11	Análisis evolutivo	14/12/2016	2 horas	2 horas
12	Producto final	16/12/2016	2 horas	2 horas

Fuente: Elaboración propia.

La elaboración de este plan pedagógico se basó en información teórica obtenida a través de diversas fuentes bibliográficas, la experiencia como docente e investigador del autor adquirida durante años y el aporte de expertos

en Biología Molecular. El plan pedagógico fue aplicado a 21 estudiantes de Medicina Humana que ya han llevado la asignatura de Biología Molecular desarrollándose las sesiones en los Laboratorios de Computación que tiene la Universidad Alas Peruanas, contándose en todo momento con el interés y la buena disposición de los participantes reflejándose esta en las constantes intervenciones y en la correcta realización de las actividades planteadas por parte de los estudiantes.

El plan pedagógico está compuesto de 12 sesiones, cada sesión tuvo 4 horas (2 presenciales y 2 no presenciales) estando estas dirigidas a mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular utilizando para ello el Software MEGA. Se dividió el plan pedagógico en 2 fases siendo la primera Análisis de Secuencias Nucleotídicas y la segunda Análisis de Datos.

Dentro de la fase Análisis de Secuencias Nucleotídicas se encuentran las temáticas la Biología Molecular, la Biología Molecular y el Software MEGA, búsqueda de secuencias nucleotídicas en base de datos online, codones de inicio y de fin de lectura de secuencias nucleotídicas, alineamiento de secuencias nucleotídicas y análisis de regiones codificantes y no codificantes. La segunda fase (Análisis de Datos) está compuesta de las temáticas análisis de aminoácidos, análisis de sustituciones sinónimas y no sinónimas, realización de árboles filogenéticos y análisis de Bootstrap, análisis evolutivo y producto final.

1.6.5. Justificación, importancia y limitaciones de la Investigación

A continuación, se desarrollarán la Justificación, Importancia y las Limitaciones de la presente Investigación que está relacionada con las variables de estudio Software MEGA y aprendizaje de la Biología Molecular.

a) Justificación

Actualmente, la Educación Universitaria se encuentra en un proceso de cambio y mejora debido a la Ley N° 30220 que da los lineamientos que toda universidad peruana debe de seguir con el objetivo de obtener una Educación Superior de calidad que se alinee a las necesidades del mercado y pueda formar profesionales de alto nivel. De la misma manera, la Biología Molecular avanza de manera acelerada pudiendo citar sus inicios en el año 1869 con el médico Friedrich Miescher quién llamo ácidos nucleicos a una sustancia que encontró en leucocitos de pus de pacientes del posoperatorio, luego en la década de 1930 Phoebus Levene descubrió la composición del ácido nucleico, en 1953 Watson y Crick determinaron la estructura tridimensional del ADN (Tejeda, 2007) y en el año 2015 se ha premiado a Charpentier y Doudna con por sus descubrimiento del CRISPR (del inglés Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat -repeticiones palindrómicas cortas agrupadas a intervalos regulares-) que permiten manipular el ADN (López, 2015). Los nuevos conocimientos que se generan en la Biología Molecular deben ser transmitidos a los estudiantes de Ciencias de Salud para que los puedan aplicar en su desarrollo profesional.

b) Importancia

La importancia de esta investigación radica en la utilización de un soporte aplicativo que puede influir directamente en el aprendizaje de la Biología Molecular. Dicha herramienta es el software MEGA que será enseñado a una muestra de estudiantes de Medicina Humana de la UAP que han llevado la asignatura de Biología Celular y Molecular.

Es obligación de la Universidad brindar todas las herramientas posibles para que el egresado pueda hacer frente a los avances científicos-tecnológicos y utilice estos avances para mejorar su desempeño profesional, así como

también pueda brindar un mejor servicio a la población que se verá directamente beneficiada ya que resolverá de una manera más eficiente los problemas que encuentren durante el desempeño de su labor como profesional de la salud.

c) Limitaciones

Se presentaron dos limitaciones que pusieron en peligro la realización de la investigación, estas fueron:

- Laboratorios de Cómputo de la UAP, debido a que se encontraban en fase de implementación y se habilitaron en noviembre del 2016, mes en el que se brindó el permiso para la utilización de los mismos.
- Participación de los estudiantes en el seminario del Software MEGA, debido a que recién se habilitó el Laboratorio de Computo de la UAP desde noviembre del 2016 fecha que coincidió con las evaluaciones finales de los estudiantes, se tuvo que motivar apropiadamente a los alumnos para que participen y se les informó de los beneficios del aprendizaje del software MEGA en su desarrollo profesional.

CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO

Para el desarrollo del Marco Teórico Conceptual se tuvieron en consideración los Antecedentes del Problema (Nacionales e Internacionales), las Bases Teóricas o Científicas (de las variables Soporte Aplicativo MEGA y el aprendizaje de la Biología Molecular) y la Definición de Términos Básicos que se utilizaron de manera frecuente durante el despliegue de la presente investigación.

2.1. Antecedentes de la Investigación

Dentro de los Antecedentes, se han recopilado Antecedentes Internacionales del año 2012 al 2015 y Antecedentes Nacionales del año 2012 al 2016.

Antecedentes Internacionales

- De la Puente (2012) en su tesis titulada *Mapa genético y análisis de secuencias nucleotídicas de interés en Lens* presentada para optar al grado de Doctor en la Universidad de León ubicada en la ciudad de León-España. En dicha tesis se buscaron nuevos marcadores genéticos en lenteja que permitan la búsqueda de polimorfismos que

sean útiles para la construcción de mapas genéticos y que puedan ser utilizados en estudios de mejora, se realizó un estudio exploratorio, descriptivo, correlacional y explicativo trabajando con una población de 113 individuos pertenecientes a F2 y RIL (línea consanguínea recombinante) del cruzamiento intersubespecífico entre *L. culinaris ssp. culinaris* cv. Lupa x *L. culinaris ssp. orientalis* cv. BG 16880. Para conseguir este objetivo, utilizo diferentes herramientas bioinformáticas entre ellas el software MEGA 4 para realizar el alineamiento de secuencias, el MEGA 5 para alineamientos de secuencias manuales y árboles filogenéticos. Esta tesis doctoral consiguió la obtención de nuevos marcadores moleculares que permitieron realizar un mejor mapa genético, siendo una herramienta muy importante para la consecución de sus objetivos el Software MEGA.

- Miliani (2015) en su tesis titulada *Desarrollo de nuevos Marcadores y Mapeo Genético en Lens* presentada para optar al grado de Doctor en la Universidad de León ubicada en la ciudad de León-España. En esta tesis se planteó como objetivo obtener nuevos marcadores moleculares polimórficos que permitan ampliar el mapa genético de la lenteja y puedan ser empleados como futuras herramientas en los programas de mejoramiento genético realizando un estudio exploratorio, descriptivo, correlacional y explicativo. La autora trabajó con 96 individuos pertenecientes al cruce *L. culinaris subsp. culinaris* cv. Lupa x *L. culinaris subsp. orientalis* (BG16880). Para realizar el análisis de secuencias nucleotídicas utilizó el software MEGA 6 realizando con este el alineamiento de secuencias nucleotídicas, diseño de árboles filogenéticos y cálculo de distancias entre taxones. El trabajo consiguió realizar un mapa de ligamiento e identificar nuevos marcadores moleculares polimórficos siendo el software

MEGA 6 el que contribuyo a poder obtener de manera óptima dichos resultados.

- Rey (2015) en su tesis titulada *Desarrollo de Marcadores Genéticos a partir de secuencias de retrotransposones del genoma de Lenteja, Lens culinaris Medik* presentada para optar al grado de Doctor en la Universidad de León ubicada en la ciudad de León-España. Esta tesis buscó identificar Marcadores Genéticos a partir de retrotransposones del tipo LTR a través de un estudio exploratorio, descriptivo, correlacional y explicativo. Utilizó una población RIL F7 de 94 líneas pertenecientes al cruzamiento entre la forma cultivada *Lens culinaris ssp. culinaris* cv. Lupa y la silvestre *Lens culinaris ssp. orientalis* BG16880, sus resultados fueron analizados con distintos softwares bioinformáticos siendo uno de ellos el MEGA 5 que lo utilizó principalmente para el alineamiento de secuencias y la realización de árboles filogenéticos. La investigadora consiguió realizar los mapas de ligamiento e identificar regiones de retrotransposones gracias a la ayuda del software MEGA 5.
- Coronel (2015) en su tesis titulada *Análisis de variación somaclonal en plantas regeneradas de Arabidopsis thaliana, Oryza sativa y Secale cereale* presentada para optar al grado de Doctor en la Universidad de León ubicada en la ciudad de León-España. En esta tesis doctoral el investigador tuvo como objetivo realizar un análisis molecular de la genética y epigenética que estuviera relacionada con la variación somaclonal en líneas celulares regeneradas de las especies *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa* y *Secale cereale* y en las especies transgénicas de *Arabidopsis thaliana* y *Oryza sativa* siendo un estudio exploratorio, descriptivo, correlacional y explicativo. Para realizar una representación gráfica de la identidad de las muestras

utilizó el software MEGA 6 lo que le ayudo a visualizar la relación entre las plantas regeneradas y las plantas control utilizadas para el estudio.

Antecedentes Nacionales

- Quispe (2012) realizo una tesis titulada *Identificación y caracterización molecular de secuencias homólogas al T-DNA del plásmido Ti de Agrobacterium spp. insertados en el genoma de Ipomoea batatas (L.) Lam "camote" y especies silvestres relacionadas* para optar al grado de Magister en Biología Molecular en la Universidad Nacional Mayor de San Marcos ubicada en la ciudad de Lima-Perú. La investigadora realizo un estudio descriptivo en el que caracterizo la presencia de secuencias homologas T-DNA de *Agrobacterium spp* en el genoma de *Ipomoea batata* utilizando el software MEGA 5 para el estudio de las secuencias nucleotídicas, así como también para la realización de los árboles filogenéticos identificando gracias a esta herramienta una secuencia homologa al T-DNA del plásmido Ti de *Agrobacterium spp*.
- Cruz (2013) realizo una tesis titulada *Caracterización molecular de cepas aisladas de dengue 2 en Perú; 2000-2010* para optar al grado de Magister en Bioquímica en la Universidad Nacional Mayor de San Marcos ubicada en la ciudad de Lima-Perú. Se realizó un estudio de tipo descriptivo en el que se trabajaron con muestras de pacientes febriles asilando de ellas 30 muestras a las que se les extrajo el ARN. Para el análisis filogenético de las muestras se utilizó el software MEGA 5 realizándose con este el árbol filogenético que mejor se ajustaba a dicha investigación.

- Ruiz (2013) realizó una tesis titulada *Aislamiento, identificación, clonación y análisis filogenético de la microalga Prorocentrum minimum (Pavillard) J. Schiller 1933 aislada de la Bahía del Callao-Perú* para optar al grado de Magister en Biotecnología en la Universidad Nacional Mayor de San Marcos ubicada en la ciudad de Lima-Perú. Se realizó un estudio descriptivo en una población de microalgas utilizando el software MEGA 5 para el diseño de árboles filogenéticos. Una de las conclusiones de la autora de la tesis fue que logro construir árboles a nivel molecular para establecer su identificación y localización filogenética, esto lo consiguió debido a la utilización del software MEGA 5. Una de las conclusiones obtenidas en la investigación fue que a partir del análisis filogenético del gen E se confirmaron dos genotipos (americano y americano/asiático) siendo el último predominante en el Perú. Se llegó a esta conclusión gracias al adecuado uso del software MEGA.
- Cotera (2016) en su tesis titulada *Diversidad Molecular de Puccinia striiformis f. sp. Hordei en la Región Norte de Ayacucho* para optar al grado de Magister en Bioquímica y Biología Molecular en la Universidad Peruana Cayetano Heredia ubicada en la ciudad de Lima-Perú. La investigación tuvo como objetivo identificar molecularmente poblaciones diferenciales de *Puccinia striiformis* y determinar una primera aproximación de la diversidad genética y estructura poblacional de este patógeno de cebada para el Perú. Realizo un estudio de tipo descriptivo y explicativo, se trabajó con una población de 84 muestras de Roya Amarilla de cebada, se utilizó el software MEGA 6 para realizar el análisis de secuencias nucleotídicas, así como también para realizar el análisis filogenético. Dentro de las conclusiones que encontró el autor se pueden mencionar que encontró 6 diferentes haplotipos y se pudo estudiar la

estructura poblacional siendo el software MEGA quien contribuyo a realizar dicho análisis.

2.2. Bases teóricas

2.2.1. Software MEGA

La secuenciación de diferentes tipos de genoma está generando una gran cantidad de datos de secuencias de ADN de diferentes organismos, lo que produce que las bases de datos de secuencias nucleotídicas crezcan rápidamente. Para poder analizar esta data de manera adecuada deben de utilizarse softwares que sean fáciles de utilizar, que contengan algoritmos computacionales rápidos y métodos estadísticos útiles. Uno de los softwares que cumple con estos requisitos es el software MEGA.

El software MEGA puede ser definido como un soporte aplicativo capaz de realizar análisis comparativos de secuencias de ADN y proteínas con el propósito de inferir modelos evolutivos moleculares de genes, genomas y especies en el tiempo. La primera versión del software MEGA fue desarrollada en el año 1960 (con las limitaciones computacionales que existían) convirtiéndose en una herramienta útil tanto para la comunidad científica como para la educación. Después, en 1990 se realizó la segunda versión (MEGA v2.0) que podía realizar un análisis más extenso de las secuencias de ADN añadiendo funcionalidades como estimación de distancias, el cálculo de la secuencia molecular, diversidad genética entre y dentro de los grupos, diseño de árboles filogenéticos, análisis de Bootstrap, análisis de probabilidad entre otras funcionalidades. Las posteriores versiones (MEGA 3.0, MEGA 4.0, MEGA 5.0, MEGA 6.0 y MEGA 7.0) fueron mejorando el análisis evolutivo, así como también realizaron interfases que son más amigables para los usuarios (Kumar, Tamura y Nei, 1994; Tamura *et al.*, 2011).

La mayor parte de análisis que realiza el software se basa en el análisis de secuencias nucleotídicas de ADN pudiendo ser utilizada la secuencia de cualquier organismo como por ejemplo virus, bacterias, plantas, animales entre otros organismos.

Para una adecuada comprensión de los procesos que realiza el Software MEGA se deben de tener conocimiento de ciertos conceptos, que constantemente usa el software, siendo los más importantes análisis de secuencias y análisis evolutivos.

2.2.1.1. Análisis de secuencias

El uso de herramientas informáticas está siendo cada vez más importante en la Biología desde que empezó el proyecto Genoma Humano (Dahl y Strausberg, 1996). Concluido el proyecto Genoma Humano, las herramientas informáticas han sido utilizadas en diferentes aplicaciones biológicas.

Se puede definir el análisis de secuencias como el descubrimiento de similitudes funcionales y estructurales, así como también las diferencias entre múltiples secuencias biológicas. El análisis de secuencias se realiza comparando secuencias desconocidas (secuencias nuevas) con secuencias conocidas y bien estudiadas. Científicos han encontrado que secuencias similares que pertenecen a diferentes organismos pueden tener la misma función y estructura de la proteína, estas secuencias son denominadas secuencias homologas (Phoebe, 2005).

Por ello, el análisis de las secuencias se ha convertido en una de las partes más importantes de la computación biológica siendo el montaje y el alineamiento de secuencias las partes más laboriosas e importantes de todo el análisis.

Para poder realizar un adecuado análisis de secuencias se deben de tener en consideración diferentes conceptos como montaje de secuencias, alineamiento de secuencias, secuencias nucleotídicas y secuencias de aminoácidos.

Montaje de Secuencias

El montaje de secuencias es utilizado para recuperar fragmentos y así poder reconstruir los fragmentos originales siendo una actividad bastante laboriosa en función del tamaño de los fragmentos del genoma con los que se esté trabajando (Myers, 2009).

Alineamientos de Secuencias

Alinear secuencias consiste en escribirlas una encima de otra de modo que el número de símbolos que coinciden en una misma posición sea máximo (Gonzales, 2015). El acelerado avance de la tecnología, en lo que corresponde a la secuenciación de diferentes genomas, unido al notable incremento de proyectos de genomas está incrementando las bases de datos de secuencias nucleotídicas que existen, pero esta información no es de utilidad si no se descifra el mensaje genético que tienen dichas secuencias (Vijan y Mehra, 2011). Por ello, una de las primeras cosas que se realiza es comparar dos secuencias (la secuencia obtenida en una determinada secuenciación con las bases de datos libres que existen) para resaltar sus similitudes y diferencias que puede tener con secuencias nucleotídicas de otras especies, que ya han sido estudiadas, con esto se consigue realizar un alineamiento preliminar de las secuencias nucleotídicas que ayudará a inferir posibles funciones de las secuencias nucleotídicas en estudio (Medina *et al.*, 2015). Cuando se realiza el alineamiento de secuencias es común hablar en términos de similitud y homología, terminología que debe de ser entendida para poder optimizar la comprensión y la utilidad del alineamiento de secuencias. Medina *et al.* (2015)

define la similitud como “el resultado del análisis (observación cuantitativa) de la estructura primaria de dos o más secuencias; las secuencias pueden ser ácidos nucleicos o proteínas” y Meneses, Rozo y Franco (2011) definen homología cuando “dos secuencias son descendientes de un origen evolutivo común, se dice que tienen una relación homóloga u homología.”.

2.2.1.1.1. Secuencias nucleotídicas

Las secuencias nucleotídicas están conformados por nucleótidos que son los componentes principales de los ácidos nucleicos (ADN y ARN) y están compuestos por una pentosa, un grupo fosfato y una base nitrogenada. Los nucleótidos pueden ser Timina (T), Adenina (A), Citocina (C), Guanina (G) y Uracilo (U) (Lewin, 2008). Las secuencias nucleotídicas que se pueden encontrar pueden ser parte del ADN (ácido desoxirribonucleico) o en el ARN (ácido ribonucleico). El ADN es una molécula de doble hélice que está conformada por millones de nucleótidos los que se encuentran unidos entre sí por enlaces fosfodiéster mientras que las dos cadenas antiparalelas están unidas por enlaces tipo puente de hidrogeno pudiendo tener estas un doble enlace (A=T) o un triple enlace (C≡G). La diferencia principal entre las secuencias de ADN de diferentes especies es la forma en que están distribuidos los cuatro tipos de nucleótidos que los conforman (A, T, C y G). En las moléculas de ADN se pueden encontrar regiones codificantes (exones) y regiones no codificantes (intrones) siendo los exones los que contienen la información genética que se transcribirá posteriormente a un tipo de ARN el que luego se traducirá en una proteína (Alberts, 2010).

2.2.1.1.2. Secuencias de aminoácidos

Las secuencias de aminoácidos son un conjunto de aminoácidos que forman una proteína. Un aminoácido es un ácido orgánico en el que el carbono está unido a un grupo carboxilo (-COOH) que a su vez está unido a un grupo

amino (NH_2), esta estructura está unido a un H y a un grupo residual R que serán diferentes en cada tipo de aminoácido. Existen 20 tipos diferentes de aminoácidos los que pueden ser ácidos, básicos, neutros polares y neutros no polares. Las proteínas resultan de una combinación aminoácidos, si están compuestos por dos aminoácidos se conocen como dipéptido, por tres tripéptidos, por unos pocos oligopéptidos y si están formados por varios polipéptidos (De Robertis y Hib, 2004). En el presente trabajo se analizaron las sustituciones sinónimas y no sinónimas para los aminoácidos analizando estas sustituciones a nivel de nucleótidos. Las sustituciones sinónimas son aquellas en las que se produce un cambio de nucleótidos en un codón, pero no produce un cambio de aminoácido. Las sustituciones no sinónimas son aquellas en las que se produce un cambio de nucleótidos en un codón y produce un cambio de aminoácido.

2.2.1.2. Análisis Evolutivos

De acuerdo con Vinuesa (2008) el análisis evolutivo estudia los mecanismos y procesos que han llevado a la formación de caracteres, desde el nivel de posiciones de un codón hasta la organización y estructura genómica y anatómica de un organismo, en un marco de biología comparada en contextos tanto de poblaciones (microevolución) como de linajes. Para ello requiere de la hipótesis evolutiva de relaciones entre entidades revelada por una filogenia. La Real Academia Española (2016) define la filogenia como “parte de la biología que se ocupa de las relaciones de parentesco entre los distintos grupos de seres vivos” y como acepción de Biología “origen y desarrollo evolutivo de las especies, y en general, de las estirpes de seres vivos”.

El software MEGA realiza análisis evolutivos utilizando la filogenética que se define como “la ciencia de construir y evaluar hipótesis acerca de los patrones históricos de descendencia en forma de árboles evolutivos” (Gregory, 2008) siendo

la filogenética no solo utilizada para clasificar, identificar y nombrar organismos sino también para localizar el origen de una enfermedad en particular (Heeney, Dalglish, y Weiss, 2006), identificar cepas que pudieran propagarse rápidamente en el futuro (Smith, 2006) o para diferenciar diferentes tipos de tumores cancerígenos (Abu-Asab, Chaouchi y Amri, 2006). Debido a ello, es importante que los futuros profesionales de la salud tengan conocimientos sólidos de la utilidad de los análisis filogenéticos relacionados con las ciencias de la salud.

Para realizar los análisis evolutivos una de las herramientas que brinda mayor cantidad de información es el árbol filogenético por ello a continuación se procederá a desarrollar brevemente los aspectos más importantes del árbol filogenético.

2.2.1.2.1. Árbol Filogenético

Eguiarte, Souza y Aguirre (2007) definen un árbol filogenético como “Un grafo que describe las relaciones de parentesco, ancestría y descendencia, entre un conjunto de genes, de organismos, de especies o de taxa superiores”. Gregory (2008) define un árbol filogenético como “una representación esquemática de entidades biológicas que están conectadas por descendencia común, pueden ser especies o grupos taxonómicos mayores”. Estos árboles filogenéticos pueden ser creados a través de secuencias de ADN, ARN o proteínas. Las moléculas de ADN se utilizan cuando se van a analizar especies que se encuentren cercanamente emparentadas mientras que las secuencias de aminoácidos se utilizarán cuando se desee analizar especies que se encuentren más lejanamente emparentadas (Simmons y Freudenstein, 2002).

Los métodos para diseñar arboles filogenéticos pueden ser métodos basados en matrices de distancia y los métodos basados en datos de caracteres discretos (nucleótidos de ADN, ARN o aminoácidos de proteínas). Dentro de

los métodos que utilizan matrices de distancia uno de los más utilizados es el Neighbor-Joining (unión de vecinos). Dentro de los métodos basados en datos más conocidos se encuentran Máxima Parsimonia (MP), Maximum Likelihood (ML, Máxima Verosimilitud) e Inferencia Bayesiana (Mendoza, 2012).

Dentro de los diferentes tipos de árboles filogenéticos que se encuentran se pueden mencionar modelos como el de Hasegawa-Kishino-Yano (HKY), Kimura (K), Tamura (T) y Jukes-Cantor (JK).

Un análisis estadístico que generalmente se realiza durante la construcción de árboles filogenéticos es el análisis de Bootstrap. El Bootstrap es un análisis estadístico introducido por Efron (1979) que consiste en la estimación de errores en situaciones no estándares utilizando múltiples re muestreos de un conjunto de datos para tener una distribución contra la cual se pueda probar una hipótesis. Este análisis ha sido introducido al estudio filogenético, siendo adaptado como un método para obtener filogenias con un determinado límite de confianza (Felsenstein, 1985). La reconstrucción filogenética puede utilizar una matriz de taxa (puede ser de especies o poblaciones) o caracteres (por ejemplo, secuencias de ADN) (Soltis y Soltis, 2003). El valor del Bootstrap es presentado en los nodos de los árboles filogenéticos siendo estos los que brindan la validez a dicho árbol, por convención para que un nodo sea aceptado su valor de Bootstrap debe de ser de al menos 50%.

2.2.2. Aprendizaje de la Biología Molecular

2.2.2.1. Concepto

El aprendizaje tiene diferentes definiciones en función del autor, así por ejemplo Gonzales (2003) lo define como la adquisición cognoscitiva que explica la transformación y enriquecimiento de las estructuras internas y que

ayuda al individuo a comprender y actuar sobre su entorno, Sort y Corpas (2003) lo definen como un cambio relativamente permanente en la conducta del individuo que se explica en términos de experiencia y práctica siendo el objetivo de la experiencia generar un cambio duradero relacionado con la asimilación de nuevos conocimientos y Tallis (2004) lo define como un proceso mediante el cual el individuo interacciona con el medio e incorpora información suministrada por el medio a través de estructuras cognitivas que posea, las necesidades que tenga y el interés que manifieste para así modificar su conducta aceptando de esta forma nuevas propuestas y realizando transformaciones que habitualmente no realizaría en el ámbito que le rodea.

2.2.2.2. Tipos de Aprendizaje

Gonzales (2003) plantea tres tipos de aprendizaje que son aprendizaje social, aprendizaje verbal y conceptual y aprendizaje de procedimientos.

Aprendizaje Social

Este tipo de aprendizaje hace referencia a la adquisición de pautas de conducta y conocimientos relacionados con las relaciones sociales. Dentro de este tipo de aprendizaje se pueden distinguir el aprendizaje de habilidades sociales, las actitudes o tendencias adquiridas para comportarse de una forma determinada en ciertas situaciones o con determinadas personas, entre otras (Gonzales, 2003).

Aprendizaje verbal y conceptual

Gonzales (2003) define al aprendizaje verbal y conceptual como la adquisición de información verbal o incorporación de ciertos hechos no dándoles un significado específico, también lo define como el aprendizaje y comprensión conceptos que brindan un significado a los hechos que encuentra un individuo y los interpreta dentro de un marco conceptual.

Aprendizaje de Procedimientos

Gonzales (2003) define este tipo de aprendizaje como la adquisición y mejora de las habilidades o destrezas que permiten a un individuo realizar cosas concretas

2.2.2.3.Etapas del aprendizaje

Yáñez (2016) menciona que existen nueve etapas del proceso de aprendizaje (motivación, interés, atención, adquisición, comprensión, asimilación, aplicación, transferencia y evaluación) que ocurren de manera gradual e interconectada. A continuación, se definirán brevemente las etapas planteadas por Yáñez (2016).

- Motivación, requisito fundamental para que empiece el aprendizaje. La motivación es un proceso individual y que es distinta en cada persona por ello es que el profesor debe de saber despertar está en el estudiante para maximizar el aprendizaje (Yáñez, 2016).

- Interés, hace referencia a la intencionalidad de una persona para alcanzar algún objetivo por lo que se dice que el interés está condicionado por las necesidades del individuo (Yáñez, 2016).

- Atención, es una actividad del proceso de aprendizaje que se encuentra ligada a las actividades cognitivas percepción y el pensamiento (Yáñez, 2016).

- Adquisición, hace referencia a cuando el estudiante se pone por primera vez en contacto con los contenidos de una asignatura. Generalmente, las ideas importantes y útiles son retenidas a corto plazo olvidándose el conocimiento que no se utiliza (Yáñez, 2016).

- Comprensión, etapa del aprendizaje que se encuentra relacionada

con la capacidad crítica del estudiante (Yáñez, 2016), mientras más comprenda un contenido el estudiante lo juzgará relacionándolo con contenidos previos y conceptualizándolo con nuevos casos (Díaz, Alvarino y Carrascal, 2011).

- Asimilación, etapa del aprendizaje en la que el estudiante almacena o guarda conocimientos positivos o experiencias a los que estuvo expuesto y que le pueden servir a mediano o largo plazo ya sea porque le ayudan a satisfacer ciertas necesidades o porque es un conocimiento que le interesa o porque puede utilizarlo en su vida diaria (Yáñez, 2016).

- Aplicación, esta etapa se da cuando los conocimientos adquiridos son puestos en práctica. Para realizar esta etapa se deben de haber realizado las etapas anteriores (Yáñez, 2016).

- Transferencia, Yáñez (2016) la define como “el efecto que una tarea de aprendizaje produce sobre otra”.

- Evaluación, es la etapa final e imprescindible del proceso de aprendizaje que puede realizarse de diferentes formas (observación directa, test, entre otros procedimientos) y que dependerá del momento y la forma en que se realice.

2.2.3. Proceso de aprendizaje de la Biología Molecular

Según Díaz (1985) la base de la construcción de conocimiento científico está basada en la construcción de modelos que brinden una buena representación y explicación de las Ciencias Biológicas y que permitan predecir algunos comportamientos. También Gispert (2006) menciona que los conocimientos que se adquieren en las Ciencias Biológicas son el resultado de una transposición didáctica entre los profesores, estudiantes y contenidos con el objetivo de que los estudiantes obtengan aprendizajes significativos que les ayuden a ser buenos

investigadores.

Por ello, es fundamental que se les brinde a los estudiantes las herramientas necesarias para un adecuado aprendizaje de las Ciencias Biológicas ya que ellas serán la base para que puedan ser buenos investigadores y por ende profesionales que tengan los conocimientos adecuados para ayudar a la población.

La biología molecular puede ser definida como una disciplina que se ocupa del estudio de la vida a nivel molecular (Navarro *et al.*, 2008). Gagné (1975) define el Aprendizaje de la Biología Molecular como “un proceso a través del cual se adquieren o modifican habilidades, destrezas, conocimientos, conductas o valores como resultado del estudio, la experiencia, la instrucción, el razonamiento y la observación”.

2.2.3.1. Estrategias didácticas para enseñar la Biología Molecular

Enseñar ciencias es diferente a enseñar otras asignaturas debido a que se debe de “hacer ciencia” para poder “hablar de ciencia” (Candela, 1991; Lemke, 1997). Por ello, para el desarrollo de la presente tesis se han utilizado dos estrategias de enseñanza, siendo estas la Indagación dialógica problematizadora (IDP) y las Tecnologías de la Información y de la Comunicación (TIC).

Indagación dialógica problematizadora (IDP)

La IDP enfatiza la circularidad del proceso de la comunicación donde los roles de emisor y receptor cambian constantemente siendo la labor del docente promover que se dé una situación de referencia y un contexto favorable para un adecuado aprendizaje (De Longhi *et al.*, 2012).

Durante el desarrollo de la clase la circularidad del proceso comunicativo se da debido a las actividades que se plantean en clase y las

intervenciones que se realizan. De esta manera se van incrementado de forma gradual y progresiva la frecuencia de participación de los estudiantes, la variedad de intervenciones, se incluyen en las intervenciones términos específicos, la discusión de los significados que se van aprendiendo, entre otros procesos propios de la ciencia (Jorba y Sanmartí, 1996). El objetivo de este dialogo es la construcción de un conocimiento científico entre el estudiante y el docente y con ello se provocan situaciones de reflexión, justificación y meta análisis del conocimiento que se imparte ya sea verbalmente o para poder resolver una determinada actividad (De Longhi *et al.*, 2012).

Debido a que la IDP hace que los estudiantes participen y se involucren en el análisis del problema y la legitimización de la respuesta se considera que la IDP se enmarca en un posicionamiento constructivista que considera que la reconstrucción del conocimiento dentro del aula se debe a un intercambio constante entre los participantes y de ellos con el conocimiento (Coll, 2011).

A continuación, se procederá a desarrollar cada uno de los conceptos relacionados con la IDP: Indagación, problematización y dialogicidad.

- Indagación: Proceso por el cual el docente utiliza el dialogo para trabajar y analizar un tema obteniendo de esta forma los saberes previos y/o cotidianos para así poder buscar diferentes puntos de análisis a partir de algo presentado como un problema, argumentando, estableciendo relaciones entre conceptos y/o procesos. Por ello, la conversación en la clase y las propuestas de actividades traen como consecuencia un proceso de investigación verbal sobre un tema en particular generando una dinámica en espiral para abordar el tema-problema (De Longhi *et al.*, 2012).
- Dialogicidad: Para comprender la dialogicidad primero se debe de

tener en claro lo que significa el dialogo. Dialogo de acuerdo a la primera acepción de la RAE (2017) significa “Plática entre dos o más personas, que alternativamente manifiestan sus ideas o afectos”. De Longhi *et al.* (2014) reconocen “una intencionalidad anclada en la idea de dialogicidad en el proceso social de la enseñanza” para que el docente no solo transmita mensajes estructurados sino también cumpla el rol de animar y ayudar al estudiante buscando de esta manera que se dé la circularidad del proceso. Como resultado de esta circularidad del proceso se puede obtener una mejor descripción, reflexión, explicación, discusión y fundamentación de las ideas.

- **Problematización:** Para comprender lo que es problematización primero debe de conocerse lo que significa el termino problema. De acuerdo con la quinta acepción de la RAE (2017) problema es un “Planteamiento de una situación cuya respuesta desconocida debe obtenerse a través de métodos científicos”. Por ello, enfrentarse a situaciones problemáticas brindan un hilo conductor que ayuda a abordar los temas y a apertura nuevas interrogantes (Verdú *et al.*, 2002). La problematización es importante por tres motivos: i) La solución de soluciones problemáticas podría despertar el interés en los estudiantes y así mejorar el aprendizaje (Gil Pérez *et al.*, 1999); ii) Incrementa los niveles de comprensión de los estudiantes (Bermudez y De Longhi, 2011); y iii) Los problemas deben de estar acorde con la realidad encontrándose en ellas todas las posibles complicaciones lo que posibilite que los estudiantes estén inmersos en el mundo y puedan enfrentarse a nuevos retos (Cyrino y Toralles-Pereira, 2004).

Tecnologías de la información y de la Comunicación (TIC)

Para poder abordar apropiadamente las TIC primero se debe de

conocer su definición siendo Cobo (2009, p. 312) quien define a las TIC como “dispositivos tecnológicos (hardware y software) que permiten editar, producir, almacenar, intercambiar y transmitir datos entre diferentes sistemas de información que cuentan con protocolos comunes”. Además, Faúndez (2017) menciona que las TIC ayudan a explorar nuevos significados, así como también intentar brindar criterios para mejorar la calidad de la educación ya que consigue diversificar las relaciones y roles de tipo estudiante-profesor, estudiante-estudiante y estudiante-tecnología. Por ello, la utilización de las TIC debería de implementarse para mejorar el aprendizaje en las instituciones educativas tanto en el nivel primario, secundario o superior. En el caso de asignaturas de ciencias la utilización de las TIC resulta indispensable ya que pueden ser utilizadas para complementar la información teórica que se brinda en las aulas. A pesar de esta evidente necesidad, algunos docentes encuentran obstáculos para integrar las TIC en el desarrollo de sus asignaturas. Estudios realizados por ISEI-IVEI (2004), Bo y Sáez (2005) y Fuentes *et al.* (2005) señalan que los principales obstáculos que encuentran los docentes para la implementación de las TIC en sus asignaturas son la escasez de recursos, falta de formación de los docentes, carencia tanto de materiales, así como también de modelos curriculares y la falta de tiempo y motivación. Estudios realizados en Estados Unidos ha encontrado 04 criterios que deberían de cumplirse para poder integrar las TIC en las aulas, estos son el acceso al hardware, adecuada conexión a internet, disponibilidad de software y docentes capacitados (Lara, 2006).

Burbules y Callister (2008, p19) mencionan que en el campo educativo las tecnologías podrían ser consideradas como un “territorio potencial de colaboración, un lugar en el que pueden desarrollarse actividades de enseñanza y aprendizaje” por ello hay que tener en claro que las mejoras que se obtienen con las TIC traen consigo la necesidad de actuar con imaginación, planificar con cuidado y superar desafíos inimaginados que pudieran surgir en

el camino.

La utilización de las TIC, por parte de los docentes y estudiantes, es un reto que la universidad no debe de evadir (Linn, 2002) ya que tener implementada las TIC no garantizan por si mismas generar un aprendizaje significativo (Sanmartí e Izquierdo, 2001).

En la Biología Molecular las TIC juegan un papel fundamental en la mejora del aprendizaje esto debido a que existe una relación de necesidad entre la teoría y el trabajo práctico por lo que sólo una enseñanza teórica se considera incompleta. Por ello, es de vital importancia implementar sistemas experimentales vinculados a las TIC ya que permitirán una interacción entre el estudiante con el campo experimental contribuyendo con un aprendizaje significativo (López y Morcillo, 2007). Pontes (2005) encontró algunas actividades que se pueden realizar utilizando las TIC en las ciencias, pero se especificaran a continuación las que podrían estar vinculadas con el aprendizaje de la Biología Molecular siendo estas:

- Herramientas de apoyo a las explicaciones.
- Elaboración de trabajos de los estudiantes.
- Desarrollar tareas de aprendizaje empleando softwares específicos con simulaciones, experiencias virtuales, entre otras actividades.
- Utilizar la computadora para la adquisición y análisis de datos de experiencias realizadas en el laboratorio.

El uso de las TIC para mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular permite que los estudiantes no solo sean receptores de datos y explicaciones por parte del docente, sino que ellos puedan discutir, relacionar, utilizar y aprender de una manera más apropiada (Carlino *et al.*, 2010). Para conseguir

este objetivo, los docentes deben vincular apropiadamente tanto los conocimientos teóricos vertidos con las actividades prácticas propuestas para los estudiantes ya que solo así se puede conseguir que ellos puedan encontrar el sentido en comprender dichos saberes.

Los aprendizajes importantes para tener en consideración dentro de la Biología Molecular para el campo de la Medicina Humana son el aprendizaje de la Medicina Genómica, la Farmacogenómica, el Diagnóstico Molecular y la Terapia Génica

Aprendizaje de Farmacogenómica

Para un adecuado aprendizaje de Farmacogenómica se debe de estudiar la influencia de distintos tipos de polimorfismos y como estos intervienen en la respuesta a ciertos tipos de fármacos lo que permite crear fármacos específicos para el genotipo del paciente (Pfost, Boyce-Jacino y Grant, 2000).

Aprendizaje de Terapia Génica

El aprendizaje de la Terapia Génica se basa en el aprendizaje de cómo realizar la introducción o transferencia de material genético para la modificar funciones de las células con la finalidad de curar diferentes tipos de enfermedades. Para buscar la cura de enfermedades el aprendizaje de la terapia génica requiere aprender a utilizar adición de genes, corrección de genes defectuosos, supresión génica entre otros procedimientos (Navarro *et al.*, 2008).

Aprendizaje de la Medicina Genómica

El aprendizaje de la Medicina Genómica está relacionado con el estudio los polimorfismos y su relación con las enfermedades (Navarro *et al.*, 2008). Existen diferentes definiciones de Medicina Genómica así por ejemplo

Beaudet (1999) la define como el uso de análisis genotípicos rutinarios para mejorar los cuidados de la salud de un individuo mientras que Ginsburg y Willard (2009) y Feero *et al.* (2010) la definen como “el uso de la información de los genomas y sus derivados (ARN, proteínas y metabolitos) que permite guiar la toma de decisiones médicas, es un componente clave de la medicina personalizada”. De estas definiciones se puede inferir que la Medicina Genómica es la forma más avanzada de lidiar con los problemas médicos y sanitarios que se pueden presentar en el futuro ya que se incorpora el conocimiento del genoma humano (March, 2007).

Los genes no tienen como función ser los causantes de enfermedades, pero defectos genéticos asociados a diferentes enfermedades sirven para descubrir que genes podrían estar implicados (Dosne, 2001) convirtiéndose las enfermedades genéticas como una de las principales dentro de la clasificación de las enfermedades humanas (Kumar, 2008).

Un adecuado aprendizaje de la medicina genómica permite saber identificar y utilizar apropiadamente valiosa información a tener en consideración cuando se detectan genes que podrían estar vinculados con el desarrollo de ciertas enfermedades. Además, permite identificar personas con riesgo a desarrollar enfermedades comunes antes de que aparezcan los síntomas y así poder retrasar las manifestaciones, complicaciones y secuelas (March, 2007).

Aprendizaje del Diagnóstico Molecular

El aprendizaje del Diagnóstico Molecular requiere aprender técnicas moleculares de diagnóstico que tienen una mayor sensibilidad, especificidad, rapidez y tienen requisitos mínimos en comparación con las técnicas de diagnóstico convencionales (Navarro *et al.*, 2008). El diagnóstico es una etapa crítica ya que a partir de este se tomarán las decisiones que correspondan

para que progrese adecuadamente la salud del paciente. Por ello, la utilización del diagnóstico molecular viene incrementándose en los centros de salud ya que ayuda a tener un diagnóstico rápido y preciso de diferentes patologías optimizando de esta forma los tratamientos médicos. Se puede definir el diagnóstico molecular como un conjunto de técnicas de biología molecular que se utilizan en beneficio de la salud humana, detectando y/o cuantificando secuencias genéticas específicas que pueden ser de ADN, ARN o proteínas. El diagnóstico molecular ha tenido un crecimiento sostenible durante los últimos años (alrededor del 12% anual) estimándose que en el año 2017 este alcanzará un mercado superior a los 60 billones de dólares ya que debido al avance de la tecnología se han incrementado las técnicas moleculares para poder diagnosticar enfermedades como el cáncer y las enfermedades genéticas ya que la información que brinda optimiza el tratamiento que se le brinda a un paciente (Farfán, 2015).

La técnica molecular que ha permitido poder realizar el diagnóstico molecular es la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) ya que utilizando la PCR se puede efectuar un diagnóstico a partir de pequeñas muestras.

2.3. Definición de términos básicos

- ADN. Molécula que se encuentra presente en todas las células vivas de la Tierra donde se guarda toda su información hereditaria (Alberts *et al.*, 2010).
- Aminoácido. Es un ácido orgánico en el que el carbono está unido a un grupo carboxilo (-COOH), a un grupo amino (NH₂), a un H y a un grupo residual R. Existen 20 tipos de aminoácidos (De Robertis y Hib, 2004).
- Aprendizaje de Biología Molecular. Proceso a través del cual se

adquieren o modifican habilidades, destrezas, conocimientos, conductas o valores como resultado del estudio, la experiencia, la instrucción, el razonamiento y la observación (Gagné, 1975).

- Aprendizaje significativo. aprendizaje con sentido, que consiste en utilizar los conocimientos que ya posee el alumno y la alumna para construir uno nuevo, es decir, que el nuevo conocimiento o aprendizaje depende del que ya posee el alumnado (Coello, 2012)
- Árbol Filogenético. Es una representación gráfica de entidades biológicas que están conectadas por descendencia común, pueden ser especies o grupos taxonómicos mayores (Gregory, 2008)
- Bootstrap: Análisis estadístico que consiste en la estimación de errores en situaciones no estándares utilizando múltiples re muestreos de un conjunto de datos para tener una distribución contra la cual se pueda probar una hipótesis (Efron, 1979).
- Codón. Triplete de aminoácidos que codifican para un aminoácido (Alberts *et al.*, 2010).
- Dinámica en espiral. Cambios en las funciones instruccionales de los segmentos de interactividad, en los patrones de actuación y en la presentación del contenido (Coll, Onrubia y Majós, 2008)
- Estrategias didácticas. Contemplan las estrategias de aprendizaje y las estrategias de enseñanza (Díaz y Hernández, 1999).
- Estrategias de aprendizaje. Procedimiento o conjunto de pasos o habilidades que un estudiante adquiere y emplea de forma intencionada como herramienta flexible para aprender significativamente y solucionar problemas y demandas académicas

(Díaz y Hernández, 1999).

- Estrategias de enseñanza. Son todas aquellas ayudas que plantea el docente y que se proporcionan al estudiante para facilitar un procesamiento más profundo de la información (Díaz y Hernández, 1999).
- Exones. Regiones codificantes del ADN que contienen información para la biosíntesis de proteínas (Tejeda, 2007)
- Indagación dialógica problematizadora. Enfatiza la circularidad del proceso de la comunicación donde los roles de emisor y receptor cambian constantemente siendo la labor del docente promover que se dé una situación de referencia y un contexto favorable para un adecuado aprendizaje (De Longhi *et al.*, 2012).
- Intrones: Regiones no codificantes del ADN que no contienen información de un individuo (Torrades, 2002).
- Meta análisis. Mecanismo de resumen de múltiples estudios relacionados con una pregunta específica (Giménez, 2012).
- Mutaciones: Alteraciones genéticas que pueden causar enfermedades hereditarias (Pastor *et al.*, 2002).
- Nucleótidos. Molécula compuesta por una pentosa, un grupo fosfato y una base nitrogenada (Lewin, 2008).
- Software. Conjunto de programas, instrucciones y reglas informáticas para ejecutar ciertas tareas en una computadora (Real Academia Española, 2016).

- TIC. Dispositivos tecnológicos (hardware y software) que permiten editar, producir, almacenar, intercambiar y transmitir datos entre diferentes sistemas de información que cuentan con protocolos comunes (Cobo, 2009, p. 312).

CAPÍTULO III: PRESENTACIÓN, ANÁLISIS E INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS

Para la recolección de datos se trabajó con 42 estudiantes de la Facultad de Medicina Humana de la UAP que hayan llevado el curso de Biología Celular y Molecular. Al grupo experimental se le brindó seminarios del software MEGA mientras que el grupo control no recibió información adicional referente a la Biología Molecular. Con los datos recolectados se procedió a realizar el procesamiento de los mismo siendo los resultados presentados a continuación.

3.1. Validez y Confiabilidad de los instrumentos

Para evaluar la validez del pre test y post test se realizó el juicio de expertos utilizando la ficha de validación del instrumento de investigación - Juicio de Expertos proporcionado por la UAP que tiene una escala de 0 a 20 y aplica los criterios de aplicabilidad presentados en la Tabla 7.

Tabla 7

Criterios de aplicabilidad de la ficha de validación del instrumento de investigación - Juicio de Expertos proporcionado por la UAP.

Valoración Cuantitativa	Valoración Cualitativa	Opinión de aplicabilidad
De 01 a 09	Deficiente	No valido, reformular
De 10 a 12	Regular	No valido, modificar
De 12 a 15	Bueno	Valido, mejorar
De 15 a 18	Muy bueno	Valido, precisar
De 18 a 20	Excelente	Valido, aplicar

Fuente: Elaboración propia.

Los expertos que realizaron la validación del pre test y post test fueron 05 doctores contando dos de ellos con experiencia en Metodología de Investigación (Dra. Carolina Blossiers Mazzini y el Dr. Ronald Alarcón Anco) mientras que los otros tres son expertos de reconocida trayectoria en Biología Molecular (Dr. Marcelino Pérez de la Vega, Dr. Pedro García García y el Dr. Luis Sáenz de Miera y Carnicer). Los resultados obtenidos se presentan en la Tabla 8.

Tabla 8

Validación de Juicio de Expertos.

Experto	Grado e Institución	Valoración cuantitativa y cualitativa	Opinión de aplicabilidad
Carolina Blossiers Mazzini	Doctora en Ciencias de la Salud, Universidad Arzobispo Loayza	20,0 Excelente	Valido, aplicar
Ronald Alarcón Anco	Doctor en Administración, UAP	18,8 Excelente	Valido, aplicar
Marcelino Pérez de la Vega	Doctor en Biología, Universidad de León	18,0 Excelente	Valido, aplicar
Pedro García García	Doctor en Biología, Universidad de León	18,4 Excelente	Valido, aplicar
Luis Sáenz de Miera y Carnicer	Doctor en Biología, Universidad de León	18,0 Excelente	Valido, aplicar

Fuente: Elaboración propia.

Con los resultados obtenidos del juicio de expertos se procedió a validar la claridad, objetividad, actualidad, organización, suficiencia, intencionalidad, consistencia, coherencia, metodología y la pertinencia de los ítems del test (pre test y post test) utilizando para ello el coeficiente de Aiken (Tabla 9). El coeficiente de Aiken puede tener valores que van de 0 a 1, mientras el valor esté más cerca de 1 el ítem analizado tendrá una mayor validez de contenido. En la presente investigación la V de Aiken obtenida de cada experto tuvo un valor igual o mayor a 0,88. Todos los ítems tuvieron un V de Aiken mayor a 0,80 siendo la Claridad (esta formulado en un lenguaje apropiado) el que obtuvo un menor valor (V de Aiken = 0,80) mientras que la Metodología (cumple con los lineamientos metodológicos) obtuvo el mayor valor (V de Aiken = 1,00). Para el test el valor de V de Aiken obtenido fue de 0,92 por lo que se puede concluir que el contenido utilizado en el test es válido.

Tabla 9
Coefficiente de la validez de la prueba según Aiken.

Ítem	Expertos					V de Aiken
	1	2	3	4	5	
Claridad	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,95
Objetividad	1,00	0,75	0,75	0,75	0,75	0,80
Actualidad	1,00	1,00	1,00	0,75	1,00	0,95
Organización	1,00	1,00	0,75	1,00	0,75	0,90
Suficiencia	1,00	1,00	1,00	1,00	0,75	0,95
Intencionalidad	1,00	0,75	0,75	1,00	1,00	0,90
Consistencia	1,00	1,00	0,75	1,00	0,75	0,90
Coherencia	1,00	1,00	1,00	0,75	1,00	0,95
Metodología	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Pertinencia	1,00	0,75	0,75	0,75	1,00	0,85
V de Aiken promedio	1,00	0,93	0,88	0,90	0,88	0,92
V de Aiken total						0,92

Fuente: Elaboración propia.

La confiabilidad del cuestionario fue evaluada realizando una prueba piloto aplicada dos veces a 10 estudiantes de Medicina Humana de la UAP que hayan cursado la asignatura de Biología Celular y Molecular, se obtuvieron valores muy similares en las dos pruebas piloto aplicadas. Con esta data se calculó el estadístico KR-20 (Kuder-Richardson Formula 20) utilizando el software estadístico IBM SPSS Statistics v23.0 (del inglés Statistical Package for the Social Sciences –Paquete Estadístico para las Ciencias Sociales) y los comandos Analizar, Escala y Análisis de Fiabilidad. Los resultados obtenidos se muestran a continuación.

Tabla 10

KR-20 calculado con el software estadístico IBM SPSS Statistics v23.0. El valor mostrado es el obtenido en la prueba piloto.

KR-20	Número de elemento
0,724	10

Fuente. Elaboración propia

3.2. Análisis de tablas y gráficos

Para el desarrollo de la presente tesis se ha utilizado un pre test y un post test. El pre test y el post test fueron aplicados tanto al grupo control como al grupo experimental en dos momentos diferentes antes de iniciar los seminarios y cuando concluyeron los seminarios.

En la Tabla 11 se pueden observar las notas obtenidas tanto por el grupo control como por el grupo experimental. En el pre test del grupo control se obtuvo como nota mínima 02 y como nota máxima 10 con una nota promedio fue de 5,9. En el pre test del grupo experimental la nota mínima fue de 02 y la nota máxima de 12 con una nota promedio de 7,0. En el post test del grupo control se obtuvo nuevamente como nota mínima 02 y como nota

máxima 10 y en esta prueba la nota promedio fue de 5,6. En el post test del grupo experimental la nota mínima fue de 10 y la nota máxima de 20 con una nota promedio de 14,5.

Tabla 11

Notas obtenidas en el pre test y post test tomado a estudiantes de la Facultad de Medicina de la UAP.

ALUMNO	CONTROL		EXPERIMENTAL	
	Pre Test	Post Test	Pre Test	Post Test
Alumno 01	02	04	08	18
Alumno 02	06	10	04	16
Alumno 03	04	06	08	14
Alumno 04	10	06	12	20
Alumno 05	06	06	06	16
Alumno 06	04	04	06	14
Alumno 07	06	06	06	12
Alumno 08	04	06	06	12
Alumno 09	08	02	10	14
Alumno 10	06	06	08	10
Alumno 11	10	02	10	12
Alumno 12	02	04	08	10
Alumno 13	06	08	08	16
Alumno 14	02	10	10	14
Alumno 15	04	02	00	16
Alumno 16	08	04	02	12
Alumno 17	04	06	06	16
Alumno 18	10	08	06	16
Alumno 19	08	04	08	16
Alumno 20	08	10	06	16
Alumno 21	06	04	08	16
Promedio	5,9	5,6	7,0	14,5

Fuente: Elaboración propia.

En la Figura 1 se observan los porcentajes que representan las notas al ser comparadas con la nota máxima que se puede obtener en el test (20). Las notas del pre test y post test del grupo control tienen un porcentaje similar (30% y 28% respectivamente) mientras que en las notas del post test del grupo experimental se observa un incremento del porcentaje de la puntuación (73%)

al ser comparadas con las notas del post test del grupo control (35%). Si se comparan los porcentajes del pre test en el grupo control y experimental los valores obtenidos son similares (30% y 35% respectivamente) pero ello no ocurre al comparar los porcentajes del post test en el grupo control y experimental ya que se observa un incremento de más del 50% (28% en el post test del grupo control y 73% en el post test del grupo experimental).

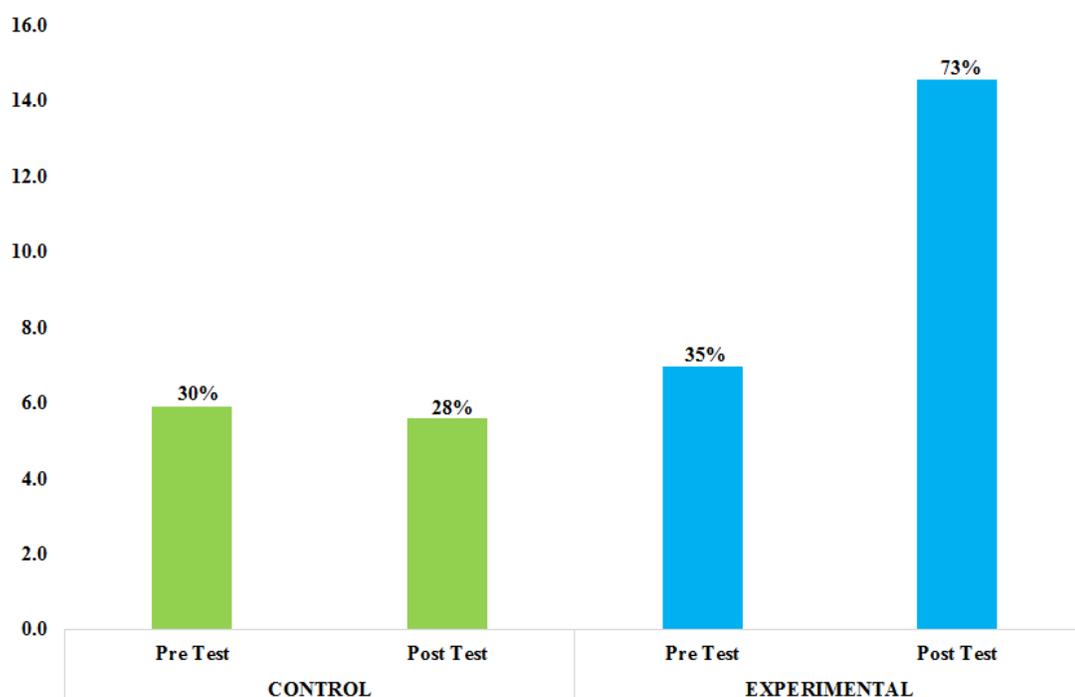


Figura 1. Notas promedio obtenidas en el grupo control y el grupo experimental (Fuente: Elaboración propia).

Se realizó el análisis de las dimensiones Análisis de secuencias (D1) y Análisis Evolutivos (D2) de la variable MEGA así como también de la variable Aprendizaje de Biología Molecular (BM) tanto en el grupo control como en el grupo experimental. Como se muestra en la Tabla 12, los valores de la D1, D2 y BM en el grupo control son similares tanto en el pre test (1,6; 2,2 y 2,1 respectivamente) como en el post test (1,4; 2,5 y 2,7 respectivamente) mientras que se observa un incremento de los mismos en al comparar las D1, D2 y BM del pre test (1,3; 2,9 y 2,8 respectivamente) y post test (3,2; 5,0 y 6,4

respectivamente) del grupo experimental siendo el valor que sufre un mayor incremento la variable BM.

Tabla 12

Puntuación obtenida en las dimensiones Análisis de secuencias (D1) y Análisis Evolutivos (D2) de la variable MEGA y de la variable Aprendizaje de Biología Molecular (BM) en el pre test y post test tomado a estudiantes de la Facultad de Medicina de la UAP.

ALUMNO	CONTROL						EXPERIMENTAL					
	Pre Test			Post Test			Pre Test			Post Test		
	MEGA		BM	MEGA		BM	MEGA		BM	MEGA		BM
	D1	D2		D1	D2		D1	D2		D1	D2	
Alumno 01	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	6,0	2,0	4,0	6,0	8,0
Alumno 02	4,0	2,0	0,0	0,0	6,0	4,0	0,0	2,0	2,0	4,0	4,0	8,0
Alumno 03	0,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	0,0	2,0	6,0	4,0	4,0	6,0
Alumno 04	2,0	6,0	2,0	2,0	2,0	2,0	2,0	6,0	4,0	4,0	8,0	8,0
Alumno 05	0,0	2,0	4,0	2,0	2,0	2,0	0,0	4,0	2,0	2,0	6,0	8,0
Alumno 06	0,0	4,0	0,0	2,0	2,0	0,0	4,0	0,0	2,0	0,0	6,0	8,0
Alumno 07	0,0	2,0	4,0	0,0	4,0	2,0	2,0	4,0	0,0	2,0	2,0	8,0
Alumno 08	2,0	2,0	0,0	2,0	4,0	0,0	2,0	2,0	2,0	2,0	6,0	4,0
Alumno 09	4,0	2,0	2,0	2,0	0,0	0,0	2,0	2,0	6,0	2,0	6,0	6,0
Alumno 10	2,0	2,0	2,0	0,0	4,0	2,0	0,0	6,0	2,0	4,0	0,0	6,0
Alumno 11	4,0	2,0	4,0	2,0	0,0	0,0	0,0	4,0	6,0	4,0	2,0	6,0
Alumno 12	0,0	0,0	2,0	2,0	0,0	2,0	4,0	2,0	2,0	2,0	6,0	2,0
Alumno 13	2,0	2,0	2,0	0,0	4,0	4,0	2,0	2,0	4,0	4,0	6,0	6,0
Alumno 14	0,0	0,0	2,0	4,0	4,0	2,0	2,0	4,0	4,0	4,0	4,0	8,0
Alumno 15	2,0	2,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	2,0	8,0	6,0
Alumno 16	2,0	4,0	4,0	0,0	2,0	2,0	0,0	2,0	0,0	4,0	4,0	4,0
Alumno 17	2,0	4,0	2,0	2,0	0,0	4,0	2,0	0,0	4,0	4,0	4,0	8,0
Alumno 18	2,0	0,0	2,0	2,0	4,0	2,0	0,0	4,0	2,0	4,0	6,0	6,0
Alumno 19	2,0	6,0	0,0	0,0	4,0	0,0	4,0	2,0	2,0	4,0	6,0	6,0
Alumno 20	2,0	0,0	6,0	4,0	4,0	2,0	2,0	2,0	2,0	4,0	6,0	6,0
Alumno 21	2,0	0,0	4,0	0,0	4,0	0,0	0,0	4,0	4,0	4,0	6,0	8,0
Promedio	1,6	2,2	2,1	1,4	2,5	1,7	1,3	2,9	2,8	3,2	5,0	6,4

Fuente: Elaboración propia.

En la Figura 2 se muestran una comparación entre los valores obtenidos de la D1, D2 y BM en el grupo control y experimental en el pre test. Existe una diferencia del 1%, 2% y 3% para la D1, D2 y BM respectivamente al comparar las puntuaciones obtenidas en el pre test para el grupo control y

experimental. Mientras que en el post test hay una diferencia del 9%, 13% y 23% para la D1, D2 y BM respectivamente al comparar el grupo control con el grupo experimental.

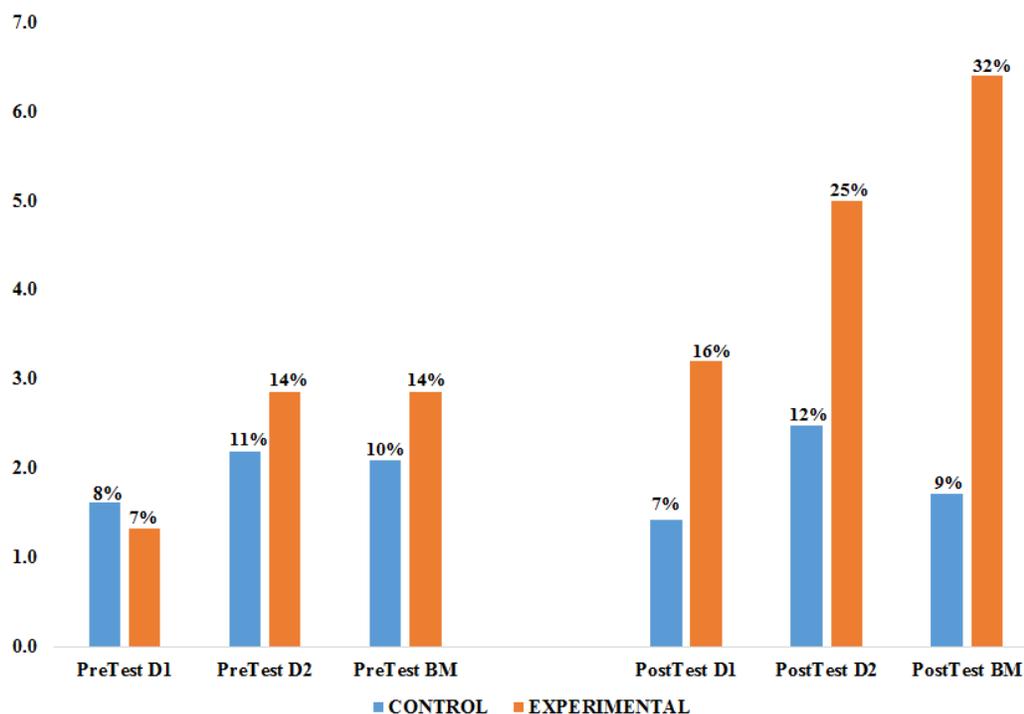


Figura 2. Comparación de notas obtenidas entre el pre test y post test para el grupo control y experimental (Fuente: Elaboración propia).

3.3. Prueba de hipótesis

Prueba de normalidad

Como paso preliminar a la prueba de hipótesis se realizó la prueba de normalidad para tomar la decisión si la presente investigación es paramétrica o no paramétrica. Si se obtiene una distribución normal la prueba es paramétrica mientras que si se obtiene una distribución no normal la prueba es no paramétrica.

Para ello, se utilizó el estadístico Shapiro-Wilk ya que se está

trabajando con una muestra menor a 50 datos. Para el cálculo de dicho estadístico se utilizó el software SPSS v23.0 con un nivel de significancia igual al 0,05 ($\alpha=0,05$) aplicando los comandos Analizar, Estadísticos Descriptivos, Explorar y en apartado de Gráficos se marcó Niveles de factores junto y Gráficos con normalidad de pruebas. Los resultados obtenidos se muestran en la siguiente Tabla.

Tabla 13

Prueba de normalidad realizada con el Software SPSS v23.0.

Prueba de normalidad				
		Shapiro-Wilk		
Nota promedio del pre test-post test	Grupo	Estadístico	gl	Sig.
	Control	0,208	42	0,047
	Experimental	0,168	42	0,009

Fuente: Elaboración propia.

En la Tabla 13 se observan los resultados obtenidos con el estadístico Shapiro-Wilk. Para el grupo Control la significancia es menor que 0,05 ($0,047 < 0,05$) por lo tanto la distribución no es normal (no paramétrica) y para el grupo experimental la significancia también es menor que 0,05 ($0,009 < 0,05$) por lo tanto la distribución no es normal (no paramétrica). Al analizar ambos resultados se infiere que la presente investigación es de tipo no paramétrico, no tiene una distribución normal y se puede trabajar con un diseño cuasi experimental.

Debido a que la presente investigación es no paramétrica, para realizar la prueba de hipótesis se utilizarán los estadísticos U de Mann-Whitney y Wilcoxon.

Análisis de Hipótesis General

HA: Existe una influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

HO: No existe una influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

Esta hipótesis se evaluó utilizando la prueba U de Mann-Whitney para el grupo del pre test y el estadístico Wilcoxon para el grupo del post test debido a que los datos no tienen una distribución normal. Los resultados obtenidos se muestran en la Tabla 14 obtenida utilizando el software SPSS v23.0 utilizando un nivel de significancia igual al 0,05 ($\alpha=0,05$).

Tabla 14

Prueba de U de Mann-Whitney y Wilcoxon utilizando el software SPSS v23.0

PREGUNTAS	GRUPO		TEST
	Control (n=21)	Experimental (n=21)	U de Mann - Whitney
Correctas	29,52%	38,89%	Z=-0,077 p \geq 0,140
Incorrectas	70,48%	61,11%	
TOTAL	100,00%	100,00%	
Post-test			Wilcoxon
	Control (n=21)	Experimental (n=21)	
Correctas	28,10%	72,86%	Z= -4,172 ^a
Incorrectas	71,90%	27,14%	p < 0,000
TOTAL			

a: Se basa en rangos negativos

Fuente. Elaboración propia.

En base a los resultados obtenidos, se puede observar que los resultados de la influencia del software MEGA en el aprendizaje de la Biología Molecular en el pre test del grupo control y experimental presentan resultados

iniciales similares (U de Mann – Whitney: $p \geq 0,140$) en relación con los puntajes obtenidos.

Con los valores obtenidos, se observa que al comparar los resultados de la influencia del software MEGA en el aprendizaje de la Biología Molecular en el grupo control y experimental del post test presentaron un nivel de significancia que es menor a 0,05 (Wilcoxon: $p=0,000 < 0,05$) por lo tanto se rechaza la hipótesis nula con un nivel de confianza del 95% y por ello en el post test si existen diferencias significativas entre los puntajes obtenidos.

Se concluye que existe influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016. Esto se puede observar en la siguiente figura.

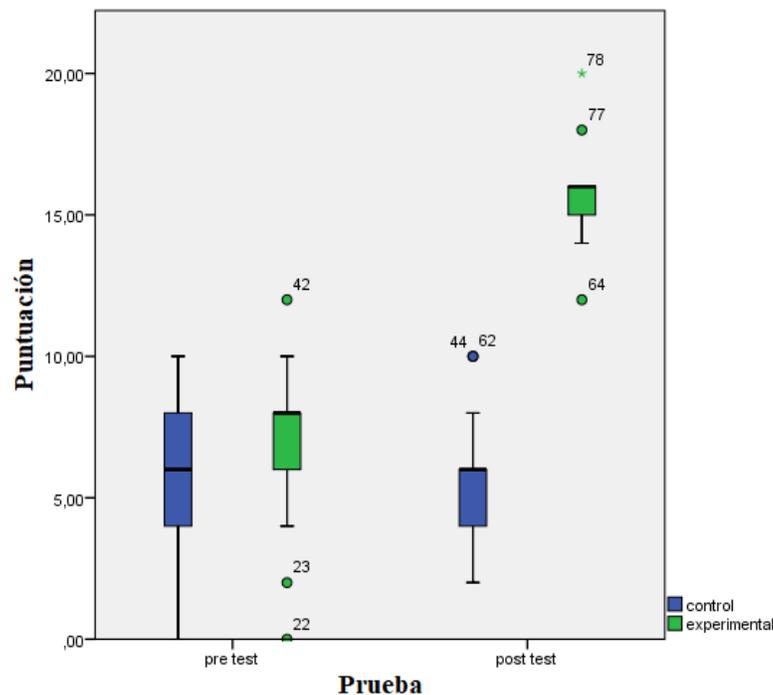


Figura 3. Resultado de la influencia del software MEGA en el aprendizaje de la Biología Molecular aplicada al grupo control y experimental según pre test y post test. Adaptado de la “Prueba de Hipótesis SPSS v23.0”. Lima, Perú. (Fuente: Elaboración propia).

Análisis de Hipótesis Específicas

Las hipótesis específicas se analizaron utilizando la prueba estadística U de Mann-Whitney debido a que los datos no tienen una distribución normal.

H1A: Influye significativamente el alineamiento de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

H1O: No influye significativamente el alineamiento de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

Los resultados del análisis estadístico de la Hipótesis H1 analizados con un nivel de significancia igual al 0,05 ($\alpha=0,05$) se muestran en la Tabla 15.

Tabla 15

Prueba de U de Mann-Whitney y Wilcoxon utilizando el software SPSS v23.0

PREGUNTAS	GRUPO		TEST
	Control (n=21)	Experimental (n=21)	U de Mann - Whitney
Correctas	25,40%	34,92%	Z=-0,733
Incorrectas	74,60%	65,08%	$p \geq 0,464$
TOTAL	100,00%	100,00%	
	Post-test		Wilcoxon
	Control (n=21)	Experimental (n=21)	
Correctas	29,37%	79,37%	Z= -4,051 ^a
Incorrectas	70,63%	20,63%	$p < 0,000$
TOTAL	100,00%	100,00%	

a: Se basa en rangos negativos
Fuente. Elaboración propia.

En base a los resultados obtenidos, se puede observar que los resultados de la influencia del análisis de secuencias en el aprendizaje de la

Biología Molecular en el pre test del grupo control y experimental presentan resultados iniciales similares (U de Mann – Whitney: $p \geq 0,464$) en relación con los puntajes obtenidos.

Con el valor del estadístico obtenido se observa que al comparar los resultados de la influencia del análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular en el grupo control y experimental del post test el nivel de significancia es menor que 0,05 ($0,001 < 0,05$), se rechaza la hipótesis nula con un nivel de confianza del 95% y por lo tanto en el post test existen diferencias significativas en los puntajes obtenidos.

Se concluye que influye significativamente el análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016. Esto se puede observar en la siguiente figura.

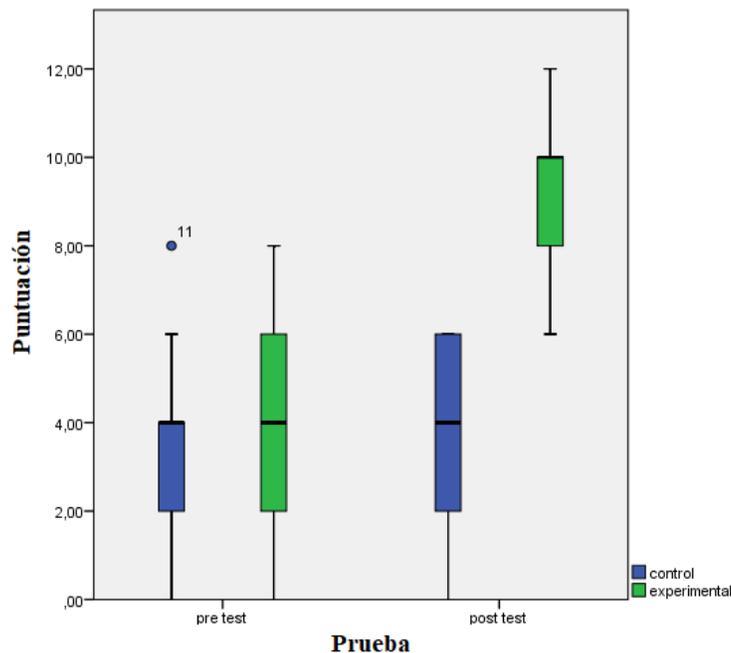


Figura 4. Resultado de la influencia del análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular aplicada al grupo control y experimental según pre test y post test. Adaptado de la “Prueba de Hipótesis SPSS v23.0”. Lima, Perú. (Fuente: Elaboración propia).

H2A: El análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

H2O: El análisis evolutivo de forma automatizada no influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

Los resultados del análisis estadístico de la Hipótesis H2 con un nivel de significancia igual al 0,05 ($\alpha=0,05$) se muestran en la siguiente Tabla.

Tabla 16

Prueba de U de Mann-Whitney y Wilcoxon utilizando el software SPSS v23.0

PREGUNTAS	GRUPO		TEST
	Control (n=21)	Experimental (n=21)	U de Mann - Whitney
Correctas	27,38%	31,55%	Z=-0,119
Incorrectas	72,62%	68,45%	p \geq 0,905
TOTAL	100,00%	100,00%	
	Post-test		Wilcoxon
	Control (n=21)	Experimental (n=21)	
Correctas	26,19%	72,02%	Z = -4,503 ^a
Incorrectas	73,81%	27,98%	p < 0,000
TOTAL	100,00%	100,00%	

a: Se basa en rangos negativos
Fuente. Elaboración propia.

En base a los resultados obtenidos, se puede observar que los resultados de la influencia del análisis evolutivo en el aprendizaje de la Biología Molecular en el pre test del grupo control y experimental presentan resultados iniciales similares (U de Mann – Whitney: $p \geq 0,905$) en relación con los puntajes obtenidos.

Con el valor del estadístico obtenido se observa que al comparar los resultados de la influencia del análisis evolutivo en el aprendizaje de la Biología Molecular en el grupo control y experimental del post test el nivel de significancia es menor que 0,05 ($0,000 < 0,05$), se rechaza la hipótesis nula con un nivel de confianza del 95% por lo que se puede afirmar que existen diferencias significativas entre los puntajes obtenidos.

Se concluye que el análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016. Esto se puede observar en la siguiente figura.

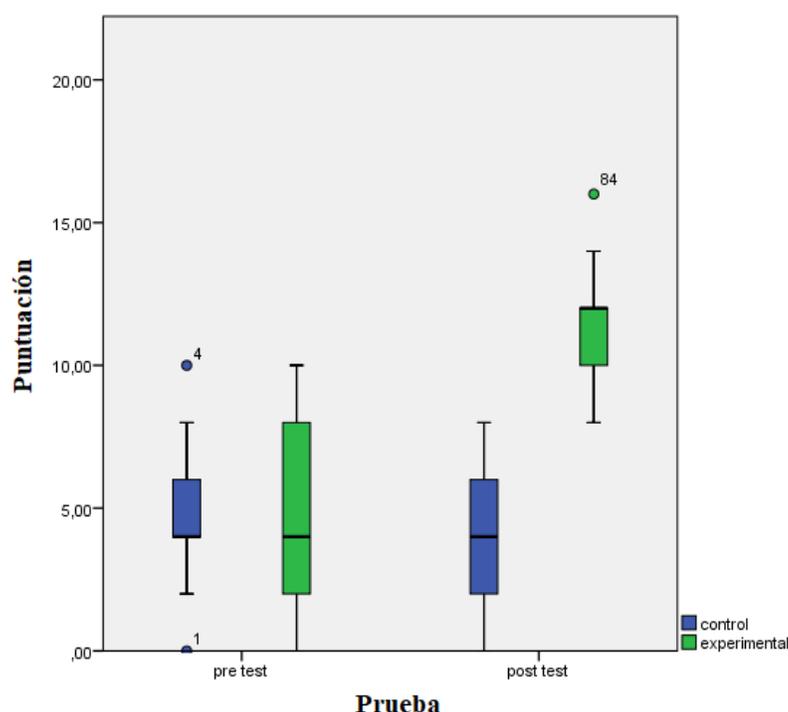


Figura 5. Resultado de la influencia del análisis evolutivo en el aprendizaje de la Biología Molecular aplicada al grupo control y experimental según pre test y post test. Adaptado de la “Prueba de Hipótesis SPSS v23.0”. Lima, Perú. (Fuente: Elaboración propia).

3.4. Discusión de resultados

Los expertos dieron una valoración cuantitativa de los ítems y una valoración cualitativa que ayudaron a mejorar algunos aspectos del pre test y post test. Estos aportes ayudaron a mejorar la validez de contenidos, así como también la confiabilidad del instrumento.

Para evaluar la validez de contenido se utilizó la prueba V de Aiken y se obtuvo un valor superior a 0,80 para cada ítem analizado (claridad, objetividad, actualidad, organización, suficiencia, intencionalidad, consistencia, coherencia, metodología). De acuerdo con García y García (2014) la V de Aiken permite “cuantificar la relevancia de cada ítem respecto a un dominio de contenido formulado por N jueces” oscilando su valor entre 0 y 1 representando 1 un acuerdo perfecto entre los jueces. Además, Merino y Livia (2009) mencionan que un valor superior a 0,70 hacen que el ítem sea considerado como válido. En la presente investigación, se obtuvo un valor V de Aiken mínimo de 0,80 para cada ítem por lo que se procedió a considerar todos los ítems como válidos.

Para analizar la confiabilidad del instrumento se realizó una prueba piloto a 20 estudiantes y se utilizó el estadístico KR-20 ya que se trabajó con respuestas dicotómicas (se asignó dos (2) a las preguntas correctas y cero (0) a las preguntas incorrectas). La prueba KR-20 aplicada dio un valor de 0,724 que según la escala propuesta por Ruiz (2000) es considerado como un valor de alta de confiabilidad, por ello se procedió a aplicar la prueba a la muestra seleccionada para el experimento.

Al realizar la comparación de los puntajes entre el pre test y post test, se puede observar que los valores promedio son similares antes de aplicar el tratamiento tanto en el grupo control como el grupo experimental (5,9 y 7,0 respectivamente) pero se presenta una diferencia cuando se comparan ambos valores promedio luego de aplicar el tratamiento al grupo experimental (14,5)

en comparación con el grupo control (5,6). En función del porcentaje, se observa una diferencia del 5% entre el pre test del grupo control y experimental y esta diferencia se incrementa al 38% entre el post test del grupo control y experimental. Estos datos coinciden con los obtenidos por Díaz (2013) quien aplicó análisis la influencia del software de “Geogebra” en el aprendizaje y obtuvo valores similares en el pre test del grupo control y experimental y un incremento en los valores del post test del grupo experimental al compararlos con el post test del grupo control y que prueba que existe diferencias significativas entre dichos valores (post test del grupo control y experimental).

En la presente investigación, se disgregaron las dimensiones Alineamiento de Secuencias y Análisis Evolutivos de la variable MEGA y el Aprendizaje de la Biología Molecular y se observó que los valores de estas dimensiones y de la variable en el pre test tanto para el grupo control como para el grupo experimental variaban de un 1% a un 4% mientras que se incrementaron estas diferencias (entre un 9% a 23%) al comparar el post test del grupo experimental y del grupo control, se obtuvo en todos los casos porcentajes más altos en el grupo experimental siendo el que obtuvo un mayor valor e incremento la variable Aprendizaje de la Biología Molecular.

Antes de desarrollar el apartado de las pruebas de hipótesis se evaluó la normalidad de los datos (si estos presentaban una distribución normal o no). Para ello se utilizó la prueba de normalidad de Shapiro-Wilk ya que la muestra con la que se trabajó con 42 estudiantes y de acuerdo a Shapiro (1965) si la muestra con la que se trabaja es pequeña y tiene un valor menor a 50 observaciones puede utilizarse para el test de normalidad la prueba de Shapiro-Wilk considerándose una de las pruebas más poderosas para probar la normalidad de un grupo de datos. El valor obtenido para el grupo es menor que 0,05 (distribución no normal –no paramétrica-) mientras que para el grupo experimental también fue menor a 0,05 (distribución no normal –no paramétrica-) por lo que se concluye que la investigación presenta una

distribución no paramétrica (no normal). Debido a este resultado, se procedió a utilizar el estadístico no paramétrico de comparación de 02 grupos independientes U de Mann Whitney para el pre test y Wilcoxon para el post test que es una prueba no paramétrica para comparar la media de dos muestras relacionadas.

Para la realización de todas las pruebas de hipótesis se utilizó un nivel de significancia de 0,05 y se plantearon hipótesis alternativas y nulas tanto para el objetivo general como para los objetivos específicos. Si en el pre test el valor obtenido con el estadístico U de Mann Whitney era mayor que 0,05 se encontraban valores iniciales similares en relación con los puntajes obtenidos, pero si en post test el valor obtenido con el estadístico Wilcoxon era menor que 0,05 se rechazaba la hipótesis nula y se aceptaba la hipótesis alternativa.

Al realizar el análisis de la hipótesis general en el pre test con el estadístico U de Mann Whitney, se obtuvo un nivel de significancia de 0,140 por lo que se encontraron en el pre test del grupo control y experimental valores iniciales similares en relación con los puntajes obtenidos. En el análisis de la hipótesis general para el post test del grupo control y experimental con el estadístico Wilcoxon se obtuvo un nivel de significancia de 0,000 por lo que se rechazó la hipótesis nula y se concluyó que existe influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

Como se observa en el estudio realizado existe una influencia significativa del software MEGA en el aprendizaje de la Biología Molecular. Estos resultados coinciden con lo propuesto Kumar, Tamura y Nei (1994) y Tamura et al., (2011) quienes fueron los desarrolladores del software y mencionaron que este podría ser aplicado como una herramienta útil para temas de educación ya que permite realizar trabajar con el ADN de manera

práctica y así se pueden aplicar los conocimientos teóricos obtenidos durante el desarrollado de la asignatura Biología Molecular.

En el caso de la primera hipótesis específica en el pre test con el estadístico U de Mann Whitney, se obtuvo un nivel de significancia de 0,464 por lo que se encontraron en el pre test del grupo control y experimental valores iniciales similares en relación con los puntajes obtenidos. En el análisis de la específica para el post test del grupo control y experimental con el estadístico Wilcoxon se obtuvo un nivel de significancia de 0,000 por lo que se rechazó la hipótesis nula y se concluyó que influye significativamente el análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

Como menciona Dahl y Strausberg (1996) el análisis de secuencias se ha convertido en algo muy importante desde que se inició el proyecto Genoma Humano radicando allí la importancia de utilizar el análisis de secuencias en la primera hipótesis específica ya que resulta innegable la utilidad de estas en el desarrollo profesional de carreras relacionadas con la salud de los seres humanos. La importancia de utilizar como indicador las secuencias nucleotídicas es que estas pueden ser parte del ADN que es la molécula de la vida y en ella se encuentran codificados los genes que al ser influidos por el medio ambiente permitirán que se expresen las características de un individuo (Alberts, 2010), comprender como realizar un adecuado análisis permiten mejorar el aprendizaje de las funciones que ellas realizan. En el caso del segundo indicador utilizado, secuencias de aminoácidos, estas son las encargadas de formar las proteínas que utilizan todos los organismos para sus procesos biológicos (De Robertis y Hib, 2004), saber interpretar que proteína se forma permite mejorar el aprendizaje de las funciones que pueden desempeñar las mismas. Por ello, al corroborar que el análisis de secuencias influye en el aprendizaje de la Biología Molecular justifica la utilidad de estas por lo que se le debe de dar la importancia que corresponda en las asignaturas

vinculadas con Biología Molecular ya que esto podría permitir un mejor aprendizaje y a su vez una mejor comprensión de los procesos que están relacionados con la salud de los seres humanos.

Para la última hipótesis específica se obtuvo en el pre test con el estadístico U de Mann Whitney, se obtuvo un nivel de significancia de 0,905 por lo que se encontraron en el pre test del grupo control y experimental valores iniciales similares en relación con los puntajes obtenidos. En el análisis de la hipótesis específica para post test del grupo control y experimental con el estadístico Wilcoxon se obtuvo un nivel de significancia de 0,000 por lo que se rechazó la hipótesis nula y se concluyó que el análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

El software MEGA permite construir y evaluar hipótesis acerca de los patrones históricos de descendencia en forma de árboles evolutivos (Gregory, 2008). En Medicina Humana la utilidad radica en saber el origen de una enfermedad (Heeney, Dalglish, y Weiss, 2006) o en identificar que microorganismos podrían generar enfermedades en un futuro (Smith, 2006), entre otras utilidades. Por ello, resultó importante incluir esta dimensión en la segunda hipótesis ya que saber interpretar estos resultados permitirá al futuro profesional de la salud lidiar apropiadamente con las nuevas patologías que se pudieran presentar durante su desarrollo profesional.

En los estudiantes se pudo observar un mejor aprendizaje de la Biología Molecular ya que mejoraron sus habilidades, conductas, experiencia, razonamiento y observación características que menciona Gagné (1975) en su definición del aprendizaje de la Biología Molecular. También, se consiguió mejorar el aprendizaje y la comprensión de la Medicina Genómica, a través de los indicadores polimorfismos y enfermedades genéticas, ya que al tener un

mejor aprendizaje de la Medicina Genómica los estudiantes podrían lidiar con los problemas médicos y sanitarios que se podrían presentar en el futuro ya que se incorporó conocimientos relacionados con el genoma humano (March, 2007). En el caso del Diagnóstico Molecular, a través de sus indicadores PCR y secuenciación, se requirió aprender y comprender técnicas moleculares de diagnóstico que tienen una mayor sensibilidad, especificidad, rapidez y tienen requisitos mínimos en comparación con las técnicas de diagnóstico convencionales (Navarro et al., 2008).

Resulta de vital importancia dotar al estudiante de Medicina Humana de las herramientas básicas que le permitan observar el valor agregado que tienen los conocimientos adquiridos durante el desarrollo de la asignatura de Biología Molecular, esto se puede conseguir mejorando el aprendizaje a través de diferentes herramientas que influyan en el aprendizaje de la Biología Molecular pudiendo ser una de ellas el Software MEGA.

CONCLUSIONES

- Se confirma la hipótesis general ya que la puntuación obtenida en el post test del grupo experimental presenta diferencias significativas al ser comparado con la puntuación obtenida del grupo control (Wilcoxon: $0,000 < 0,05$), además de presentar mayor puntuación, lo que es altamente significativo. Por tanto, con las evidencias estadísticas se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alternativa quedando demostrado con evidencias estadísticas se concluye que: Existe influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.
- Se confirma la hipótesis 1 ya que los resultados obtenidos en el post test del grupo experimental presentaron diferencias significativas al ser comparado con la puntuación obtenida del grupo control (Wilcoxon $0,000 < 0,05$), además de presentar mayor puntuación, lo que es altamente significativo. Por tanto, con las evidencias estadísticas se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alternativa quedando demostrado que: Influye significativamente el alineamiento de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.
- Se confirma la hipótesis 2 ya que los resultados obtenidos en el post test del grupo experimental presentaron diferencias significativas al ser comparado con la puntuación obtenida del grupo control (Wilcoxon: $0,000 < 0,05$), además de presentar mayor puntuación, lo

que es altamente significativo. Por tanto, con las evidencias estadísticas se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alternativa quedando demostrado con evidencias estadísticas se concluye que: El análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

RECOMENDACIONES

- Se recomienda a las Facultad de Medicina Humana integrar el software al proceso de aprendizaje de la Biología Molecular ya que como se evidencia este tiene efectos positivos que mejoran el aprendizaje porque ponen en práctica los conocimientos teóricos obtenidos durante el desarrollo de la asignatura y en esta investigación se ha demostrado la influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre 2016.
- Se recomienda a los futuros investigadores realizar investigaciones de otras herramientas informáticas que puedan mejorar y facilitar el aprendizaje de diferentes asignaturas en diferentes carreras y/o cursos que se imparten en distintas universidades ya que el uso de estas herramientas superan los límites de ubicación, tiempo y espacio ya que se ha comprobado con la presente investigación la influencia significativa del alineamiento de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.
- Se recomienda a los docentes investigadores, directores de escuela, decanos y rectores realizar implementaciones de programas de actualización en aplicaciones de las nuevas tecnologías que pueden ayudar a mejorar el proceso de aprendizaje de diferentes asignaturas ya que de esta forma se conseguirá un efecto multiplicador en la actividad docente hacia los estudiantes ya que ellos serán directamente beneficiados y así podrán contribuir al desarrollo del país porque contarán con las herramientas necesarias para realizar un mejor desempeño profesional ya que mejoran su aprendizaje algo

que se ha comprobado con los resultados de la presente investigación con importantes niveles de validez y confiabilidad que el análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abu-Asab, M.; Chaouchi, M. y Amri, H. (2006). Phyloproteomics: what phylogenetic analysis reveals about serum proteomics. *Journal of Proteome Research* 5: 2236-2240
- Alberts, B.; Jhonson, A.; Lewis, J.; Raff, M.; Roberts, K. y Walter, P. (2010). *Biología Molecular de la Célula*. España: Editorial Omega.
- Beaudet, A. L. (1999). Making genomic medicine a reality. *American Journal of Human Genetics* 64: 1-13.
- Bermudez, G. y De Longhi, A. (2011). Niveles de comprensión del equilibrio químico en estudiantes universitarios a partir de diferentes estrategias didácticas. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias* 10: 264-88.
- Bo, R. y Sáez, A. (2005). Dimensiones obtenidas en los obstáculos percibidos para la integración de las nuevas tecnologías de la información y la comunicación (NTIC) por parte de los profesores de la Comunidad Valenciana. Actas del XII Congreso Nacional de Modelos de Investigación Educativa. Disponible en: <http://www.uv.es/aidipe/XIICongreso/ActasXIIcongreso.pdf>.
- Burbules, N. y Callister, T. (2008). Educación: riesgos y promesas de las nuevas tecnologías de la información. Buenos Aires: Granica.
- Candela, M.A. (1991). Argumentación y conocimiento científico escolar. *Infancia y aprendizaje* 55: 13-28.
- Carlino, P.; Iglesia, P. y Laxalt, I. (2010). Leer y escribir en la formación de profesores secundarios de diversas disciplinas: qué dicen los docentes que se hace. Jornadas Nacionales Cátedra UNESCO de

Lectura y Escritura Lectura, escritura y aprendizaje disciplinar.
Facultad de Ciencias Humanas, Universidad Nacional de Río Cuarto,
9-10 de sep 2010.

Castillo, A. (2017). *Gestión supervisora para el cumplimiento de la Planificación en la ejecución del proyecto de gasificación nacional en el Municipio los Guayos*. (Tesis de maestría). Universidad de Carabobo, Valencia, Venezuela. Disponible en: <http://riuc.bc.uc.edu.ve/bitstream/123456789/4456/1/acastillo.pdf>

Cobo, C. (2009). El concepto de tecnologías de la información. Benchmarking sobre las definiciones de las TIC en la sociedad del conocimiento. *Zer 14*: 295-318.

Coello, A. (2012). Aprendizaje significativo. *Publicaciones Didacticas 21*: 169-170.

Coll, C. (2011). Aprender y enseñar con las TIC: expectativas, realidad y potencialidades. En R. Carneiro, J. C. Toscano y T. Díaz (Eds.), *Los desafíos de las TIC para el cambio educativo* (pp. 113-126). Madrid, España: OEI/ Fundación Santillana.

Coll C.; Onrubia, J. y Majós, T. (2008). Ayudar a aprender en contextos educativos: el ejercicio de la influencia educativa y el análisis de la enseñanza. *Revista de Educación 346*: 33-70.

Consejo Nacional de Educación. (2007). *Proyecto Educativo Nacional al 2021. Ministerio de Educación del Perú*. Disponible en <http://www.cne.gob.pe/docs/cne-pen/PEN-Oficial.pdf>.

- Coronel, C. J. (2015). *Análisis de variación somaclonal en plantas regeneradas de Arabidopsis thaliana, Oryza sativa y Secale cereale* (Tesis doctoral). Universidad de León, León, España.
- Cotera, C. O. (2016). *Diversidad Molecular de Puccinia striiformis f. sp. hordei en la región norte de Ayacucho* (Tesis de maestría). Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú.
- Cruz, C. D. (2013). *Caracterización molecular de cepas aisladas de dengue 2 en Perú; 2000-2010* (Tesis de maestría). Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.
- Cyrino, E. y Toralles-Pereira, M. (2004). Trabalhando com estratégias de ensino-aprendizado por descoberta na área da saúde: a problematização e a aprendizagem baseada em problemas. *Cadernos de Saúde Pública* 20: 780-788.
- Dahl, C. A. y Strausberg, R. L. (1996). Revolutionizing Biology Through Leveraging Technology. *Engineering in Medicine and Biology Magazine* 15: 106-110.
- De la Puente, R. (2012). *Mapa Genético y Análisis de secuencias nucleotídicas de interés en Lens* (Tesis doctoral). Universidad de León, León, España.
- De Longhi, A. L., Bermudez, G. M. A., Abensur, P. L. D. & Ruiz-Moreno, L. (2014). Una estrategia didáctica para la formación de educadores de salud en Brasil: la indagación dialógica problematizadora. *Interface (Botucatu)* 18: 759-769.
- De Longhi, A.L.; Ferreyra, A.; Peme, C.; Bermudez, G.M.A.; Quse, L.; Martínez S.; Iturralde, C. y Campaner, G. (2012). La interacción comunicativa en clases de ciencias naturales. Un análisis didáctico a

través de circuitos discursivos. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 9: 178-195.

De Robertis, E. y Hib, J. (2004). *Fundamentos de Biología Celular y Molecular*. Buenos Aires-Argentina. Editorial El Ateneo.

Díaz, A. (1985). *Didáctica y Currículum*. México: Nuevomar.

Díaz, E., Alvarino, G. y Carrascal, N. (2011). *Enfoques de aprendizaje y niveles de comprensión*. Montería-Colombia: Universidad de Córdoba.

Díaz, F. y Hernández, G. (1999). *Estrategias Docentes para un Aprendizaje Significativo: Una interpretación constructivista*. México: Mcgrawhill Interamericana, S.A.

Díaz, L. A. (2013). *La influencia del Software "Geogebra" en el aprendizaje de la geometría en los alumnos de 4to año de secundaria de la Institución Educativa Trilce de la Molina, periodo 2012* (Tesis de Magister). Universidad Nacional de Educación Enrique Guzmán y Valle, Lima, Perú.

Dosne, C. (2001). El Genoma Humano. *Medicina* 61: 243-246

Efron, B. (1979). Bootstrap methods: Another look at the jackknife. *Annals of Statistics* 7: 1-26.

Eguiarte, L. E.; Souza, V. y Aguirre, X. (2007). *Ecología Molecular*. Disponible en <http://www2.inecc.gob.mx/publicaciones/download/530.pdf>.

Farfán, M. (2015). Biología Molecular aplicada al diagnóstico clínico. *Revista Médica Clínica Las Condes* 26: 788-793.

- Faúndez, C.; Bravo, A.; Ramírez, G. y Astudillo, H. (2017). Tecnologías de la Información y la Comunicación (TIC) en el Proceso de Enseñanza-Aprendizaje de Conceptos de Termodinámica como Herramienta para Futuros Docentes. *Formación Universitaria* 10: 43-53.
- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783-791.
- Feero, W. G.; Guttmacher, A. E. y Collins, F. S. (2010). Genomic medicine-an updated primer. *The New England Journal of Medicine* 362: 2001-2011.
- Fuentes, J.; Ortega, J. y Lorenzo, M. (2005). Tecnofobia como déficit formativo. Investigando la integración curricular de las TIC en centros públicos de ámbito rural y urbano. *Educar* 36: 169-180.
- Gagné, R. (1975). *Principios básicos del aprendizaje e instrucción*. México: Diana.
- García, M. A. y García, C. Estimación de la validez de contenido en una escala de valoración de grado de violencia de género doportado en adolescents. *Acción Psicológica* 10: 41-58.
- Gil Pérez, D., Furió Más, C., Valdés, P., Salinas, J., Dumas Carré, A., Martínez-Torregrosa, J. & Pessoa de Carvalho, A. M. (1999). ¿Tiene sentido seguir distinguiendo entre aprendizaje de conceptos, resolución de problemas de lápiz y papel y realización de prácticas de laboratorio? *Enseñanza de las Ciencias* 17: 311-320.
- Giménez, A. (2012). ¿Qué es un meta-análisis? y ¿cómo leerlo?. *Biomedicina* 7: 16 - 27.

- Ginsburg, G. S. y Willard, H. F. (2009). Genomic and personalized medicine: foundations and applications. *Translational Research* 154: 277-287.
- Gispert, C. (2006). *Aprender a aprender: Técnica de estudio*. Barcelona-España: Océano.
- Gregory, T.R. (2008). Understanding evolutionary trees. *Evolution: Education and Outreach* 1: 121-137.
- Gonzales, V. (2003). *Estrategias de enseñanza y aprendizaje*. México D. F., México: Pax México.
- Heeney, J. L.; Dalgleish, A. G. y Weiss, R. A. (2006). Origins of HIV and the evolution of resistance to aids. *Science* 13: 462-466.
- Hernández, R.; Fernandez, C. y Baptista, M. (2014). *Metodología de la Investigación*. México D. F., México: McGraw-Hill Education.
- ISEI-IVEI, (2004). Investigación: Integración de las TIC en centros de ESO. Disponible en <http://www.isei-ivei.net/cast/inves/invindex.htm>
- Jorba, J. y Sanmartí, N. 1996. *El desarrollo de las habilidades cognitivo-lingüísticas en la enseñanza de las Ciencias*. Mimeo , Barcelon.
- Kumar, S; Tamura, K y Nei, M. (1994). MEGA: molecular evolutionary genetics analysis software for microcomputers. *Computer Applications in the Biosciences* 10: 189-191.
- Kumar, D. (2008). Disorders of the genome architecture: a review. *Genomic Medicine* 2: 69-76.
- Lander, E. S. *et al.* (2001). Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 409: 860-921.

- Lara, S. (2006). Preparing Teachers and Schools for the 21st Century in the Integration of Information and Communication Technologies. Review of Recent Report in the U.S. *Interactive Educational Multimedia* 12: 44-61.
- Lemke J. L. (1997). *Aprender hablar Ciencia: Lenguaje*. Aprendizaje y valores. Paidós. Barcelona.
- Lewin, B. (2008). *Genes IX*. México D. F, México: McGraw Hill.
- Linn, M. C. (2002). Promover la educación científica a través de las tecnologías de la información y comunicación (TIC). *Enseñanza de las ciencias* 20: 347-355.
- Lopez, F. (2015). CRISPR, el sueño divino hecho realidad. *Revista de la Facultad de Medicina de la UNAM* 58: 55-60.
- López M y Morcillo JG. (2007). Las TIC en la enseñanza de la Biología en la educación secundaria: los laboratorios virtuales. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias* 6: 562-576.
- March, M. (2007). *Guía de la salud*. Santiago, Chile: Editorial Televisa.
- Medina, J.; Garzon, F.; Tafurth, P.; Barbosa, J.; Williams, Y. y Perdomo, M.A. (2015). *Introducción a la Bioinformática*. Bogota D.C. Colombia.
- Mendoza, J. (2012). Aportes de la filogenética a la investigación médica. *Revista Medica Herediana* 23: 119-127.
- Meneses, C.A.; Rozo, L. V. y Franco, J. (2011). Tecnologías bioinformáticas para el análisis de secuencias de ADN. *Scientia et Technica Año XVI* 49: 116-121.

- Merino, C. y Livia, J. (2009). Intervalos de confianza asimétricos para el índice de validez de contenido: Un programa Visual Basic para la V de Aiken. *Anales de psicología*, 25: 169-171.
- Myers, E. M. Toward Simplifying and Accurately Formulating Fragment Assembly. *Journal of Computational Biology* 2: 275-290.
- Miliani, A. S. (2015). *Desarrollo de nuevos Marcadores y Mapeo Genético en Lens* (Tesis doctoral). Universidad de León, León, España.
- Navarro, J.; Sandoval, A. N. y Armendáriz, J. (2008). Biología Molecular en Medicina. *Mensaje Bioquímico* 32: 163-173. Disponible en http://bq.unam.mx/wikidep/uploads/MensajeBioquimico/Mensaje_Bioq08v32p163_174_Armendariz.pdf.
- Palomino, J. A.; Peña, J. D.; Zevallos, G. y Orizano, L. A. 2015. *Metodología de la Investigación*. Lima, Perú: San Marcos.
- Pastor, I.; Roa, S.; Rodríguez, R. E. y González, R. (2002). Bases genéticas de las enfermedades hereditarias. *Medicine* 8: 4414-4421.
- Pfost, D. R.; Boyce-Jacino, M.T. y Grant, D. M. (2000). A SNPshot: pharmacogenetics and the future of drug therapy. *Trends in Biotechnology* 18: 334-338.
- Phoebe, Y. (2005). *Bioinformatics Technologies*. Berlin, Alemania: Springer-Verlag Berlin Heidelberg.
- Pontes, A. (2005). Aplicaciones de las tecnologías de la información y de la comunicación en la educación científica. Primera parte: funciones y recursos. *Revista Eureka sobre Enseñanza y Divulgación de las Ciencias* 2: 2-18

- Quispe, D. G. (2012). *Identificación y caracterización molecular de secuencias homólogas al T-DNA del plásmido Ti de Agrobacterium spp. insertados en el genoma de Ipomoea batatas (L.) Lam "camote" y especies silvestres relacionadas* (Tesis de maestría). Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.
- Real Academia Española. (2016). *Diccionario de la lengua española*. Disponible en <http://dle.rae.es/?id=DglqVCC>.
- Rey, M. R. (2015). *Desarrollo de Marcadores Genéticos a partir de secuencias de retrotransposones del Genoma de Lenteja, Lens culinaris Medik* (Tesis doctoral). Universidad de León, León, España.
- Reyes, O.; Reyes, M. y Rodríguez, P. (2012). Percepción docente de la calidad del servicio educativo universitario. *Sotavento M.B.A.* 19: 114-127.
- Ruiz, C. (2000). *Instrumentos de Investigación Educativa. Procedimientos para su diseño y validación*. Barquisimeto, Venezuela: CIDEG, C. A.
- Ruiz, C. M. (2013). *Aislamiento, identificación, clonación y análisis filogenético de la microalga Prorocentrum minimum (pavillard) J. Schiller 1933 aislada de la Bahía del Callao - Perú* (Tesis de maestría). Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.
- Sanmartí, N. e Izquierdo, M. (2001). Cambio y conservación en la enseñanza de las ciencias ante las TIC. *Alambique: Didáctica de las Ciencias Experimentales* 29: 71-83.
- Shapiro, S. S. 1965. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52: 591-611.

- Simmons, M. P. y Freudenstein, J. V. (2002). Artifacts of coding amino acids and other composite characters for phylogenetic analysis. *Cladistics* 18: 354-365.
- Smith, D. (2006). Predictability and preparedness in influenza control. *Science* 312: 392-394.
- Soltis, P. S. y Soltis, D. E. (2003). Applying the Bootstrap in Phylogeny Reconstrucion. *Statistical Science* 18: 256-267.
- Sort, J. y Corpas, M. (2003). *La didáctica en el proceso educativo*. Barcelona, España: Trillas.
- Tallis, J. (2004). *El aprendizaje en el desarrollo de la estructura cognitiva*. México.
- Tamura, K; Peterson, D; Peterson, N; Stecher, G; Nei, M y Kumar, S. (2011). MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using máximo likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution* 28: 2731-2739.
- Tejada, V. A. (2007). Genética y Biología Molecular. *Revista Médica de la Universidad Veracruzana* 4: 38-53.
- Torrades, S. (2002). Diversidad del genoma humano: los polimorfismos. *Revista de la Oficina de Farmacia* 21: 122-126.
- Verdú, R.; Martínez, J. y Osuna, L. (2002). Enseñar y aprender en una estructura problematizada. *Alambique: Didáctica de las Ciencias Experimentales* 34: 47-55.
- Venter, J. C. et al. (2001). The sequence of the human genome. *Science* 291: 1304-1351.

Vijan, S. y Mehra, R. (2011). Biological Sequence Alignment for Bioinformatics Applications Using MATLAB. *International Journal of Computer Science & Emerging Technologies* 2: 310-315.

Yañez, P. (2016). El proceso de aprendizaje: fases y elementos fundamentals. *Revista San Gregorio* 11: 70-81.

ANEXOS

1. Anexo 1. Matriz de consistencia

TÍTULO: REPERCUSIÓN DEL SOFTWARE MEGA A TRAVÉS DE SECUENCIAS NUCLEOTIDICAS EN EL APRENDIZAJE DE LA BIOLOGIA MOLECULAR EN LOS ESTUDIANTES DE MEDICINA HUMANA DE LA “UNIVERSIDAD ALAS PERUANAS”-LIMA AGOSTO-DICIEMBRE 2016

PROBLEMA	OBJETIVOS	HIPÓTESIS	VARIABLES	DIMENSIONES E INDICADORES	METODOLOGÍA
<p>General ¿De qué manera influye el software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016?</p> <p>Específicos ¿De qué manera influye el análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016?</p>	<p>General Determinar la influencia del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.</p> <p>Específicos Determinar la influencia del análisis de secuencias en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.</p>	<p>General HA: Existe una influencia significativa del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.</p> <p>Específicas Influye significativamente el análisis de secuencias en el aprendizaje de Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.</p>	<p>Variable X: SOFTWARE MEGA</p>	<p>Dimensión: Análisis de secuencias.</p> <p>Indicador: X1: Secuencias nucleotídicas.</p> <p>X2: Secuencias de aminoácidos.</p> <p>Dimensión: Análisis evolutivos.</p> <p>X3: Árboles filogenéticos.</p>	<p>Método: El método utilizado en la investigación es el hipotético-deductivo.</p> <p>Tipo de investigación: Aplicada</p> <p>Nivel de investigación: Descriptivo y Explicativo</p> <p>Diseño de investigación: Cuasi Experimental</p> <p>Diagrama: GE: O1 X O2 GC: O3 ---- O4</p> <p>Donde: GE: Grupo experimental. GC: Grupo control. O1: Medición antes de la Variable Biología Molecular en el grupo experimental.</p>

<p>¿De qué manera influye el análisis evolutivo de forma automatizada en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016?</p>	<p>Establecer si el análisis evolutivo de forma automatizada influye en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.</p>	<p>El análisis evolutivo de forma automatizada influye significativamente en el aprendizaje de la Biología Molecular de los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.</p>	<p>Variable Y: APRENDIZAJE DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR</p>	<p>Dimensión: Aprendizaje de la Medicina Genómica.</p> <p>Y1: Polimorfismos.</p> <p>Y2: Enfermedades genéticas.</p> <p>Dimensión: Aprendizaje del diagnóstico molecular.</p> <p>Indicadores:</p> <p>Y3: Secuenciación.</p> <p>Y4: Reacción en cadena de la polimerasa.</p>	<p>X: Intervención de la variable Software MEGA en el grupo experimental.</p> <p>O2: Medición después de la Variable Biología Molecular en el grupo experimental.</p> <p>O3: Medición antes de la Variable Biología Molecular en el grupo control.</p> <p>----: No intervención de la Variable Software MEGA en el grupo control.</p> <p>O4: Medición después de la Variable Biología Molecular en el grupo control.</p> <p>Población: La población estuvo conformada por 42 estudiantes de Medicina Humana de la Universidad Alas Peruanas que hayan llevado la asignatura de Biología Celular y Molecular.</p> <p>Muestra: La muestra estuvo conformada por 42 estudiantes de Medicina Humana de la Universidad Alas Peruanas. La muestra es de tipo aleatoria, intencional y por abarcar a toda la población fue una muestra censal.</p> <p>Técnica de recolección de datos: Se utilizó la técnica del test retest con los instrumentos pre test y post test.</p> <p>Análisis de datos: Estadísticos descriptivos e inferenciales. Comparación de medias, prueba de confiabilidad KR-20, prueba V de Aiken, prueba de normalidad Shapiro-Wilk y pruebas de hipótesis utilizando el estadístico Wilcoxon y U de Mann-Whitney</p>
--	---	--	---	--	--

2. Anexo 2. Instrumento de recolección de datos



PRUEBA DE RENDIMIENTO

REPERCUSIÓN DEL SOFTWARE MEGA A TRAVÉS DE SECUENCIAS NUCLEOTÍDICAS EN EL APRENDIZAJE DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR EN LOS ESTUDIANTES DE MEDICINA HUMANA DE LA UNIVERSIDAD “ALAS PERUANAS”-LIMA AGOSTO-DICIEMBRE 2016

ESTUDIANTE:.....PUNTUACIÓN:.....

MARQUE LA ALTERNATIVA QUE UD. CONSIDERE MÁS ADECUADA, CADA PREGUNTA CORRECTA TENDRA 2.0 PUNTOS Y LA INCORRECTA O NO CONTESTADA 0.0 PUNTOS.

1. Si se analizan secuencias nucleotídicas, el Software MEGA te permite:
 - a) Estudiar enzimas y proteínas.
 - b) Estudiar aminoácidos y proteínas.
 - c) Estudiar el ADN y el ARN.
 - d) Estudiar secuencias nucleotídicas.
 - e) Todas son correctas.
2. Las secuencias nucleotídicas amplificadas utilizando la Reacción en Cadena de la Polimerasa en Tiempo Real ayudan a:
 - a. Visualizar las copias de ADN en tiempo real.
 - b. Cuantificar las copias de ADN en tiempo real.
 - c. Ver las estructuras de las proteínas en tiempo real.
 - d. La A y la B son correctas.
 - e. Ninguna es correcta.
3. Cuando se traducen secuencia nucleotídicas se pueden obtener:
 - a) Enzimas.
 - b) Proteínas.
 - c) Aminoácidos.
 - d) Hormonas.
 - e) Todas son correctas.
4. En las secuencias de aminoácidos se pueden encontrar sustituciones sinónimas que son:
 - a) Cambios de posición de un nucleótido que te da el mismo aminoácido.

- b) Cambios de posición de un nucleótido que te da un aminoácido diferente.
 - c) Cambios en la posición de aminoácidos que produce una misma hormona.
 - d) Cambios en la posición de aminoácidos que produce una hormona distinta.
 - e) La c y la d son correctas.
- 5. El análisis evolutivo se puede realizar construyendo:**
- a) Raíces filogenéticas.
 - b) Ramas filogenéticas.
 - c) Hojas filogenéticas.
 - d) Árboles filogenéticos.
 - e) Tallos filogenéticos.
- 6. El análisis de Bootstrap (para la construcción de árboles filogenéticos) es un análisis de tipo:**
- a) Farmacológico.
 - b) Genético.
 - c) Molecular.
 - d) Estadístico.
 - e) Diagnóstico Molecular.
- 7. Los polimorfismos del Número Variable de Repeticiones en Tándem (VNTR) pueden ser.....que se utilizan como marcador molecular:**
- a) Repeticiones de 1-50 pares de bases.
 - b) Repeticiones de 6-70 pares de bases.
 - c) Repeticiones de 9-100 pares de bases.
 - d) Repeticiones de 30-70 pares de bases.
 - e) Ninguna es correcta.
- 8. En Medicina Genómica de las enfermedades los SNIPs son útiles ya que::**
- a) Están conformados por 2 a 3 nucleótidos.
 - b) Son los más abundantes.
 - c) Son mutaciones irreversibles.
 - d) Se encuentran solo en el genoma humano.
 - e) Se utilizan para realizar creación de anticuerpos monoclonales.
- 9. En Biología Molecular se utiliza la secuenciación de nucleótidos para la obtención de genes que se almacenan en el NCBI cuyas siglas significan:**
- a) Centro Nacional para la Información Biotecnológica.
 - b) Centro Nacional para la Biología e Información.
 - c) Centro Nacional de Bases de Información.
 - d) Centro Nacional de Bioestadística e Informática.
 - e) Ninguna es correcta.
- 10. La Reacción en Cadena de la Polimerasa puede:**
- a) Amplificación de fragmentos de ADN y así obtener 2^{n+1} copias iguales.
 - b) Amplificación de fragmentos de ADN y así obtener 2^{n-1} copias iguales.
 - c) Amplificación de fragmentos de ADN y así obtener 2^n copias iguales.
 - d) Amplificación de fragmentos de ADN y así obtener 2^{n^2-1} de copias iguales.
 - e) Ninguna es correcta.

3. Anexo 3. Plan Pedagógico.



PLAN PEDAGOGICO

“SOFTWARE MEGA Y APRENDIZAJE DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR”



ÍNDICE

Introducción	3
Descripción del Plan Pedagógico.....	4
Objetivos del Plan Pedagógico.....	5
Estructura del Plan Pedagógico	6
Plan Pedagógico	7

INTRODUCCIÓN

El presente plan pedagógico ha sido desarrollado para mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular utilizando para ello una herramienta informática amigable utilizada en diferentes países para comprender como funcionan las secuencias de ADN. Esta herramienta informática (específicamente bioinformática) es el software MEGA (del inglés Molecular Evolutionary Genetics Analysis).

Probablemente luego de llevar la asignatura Biología Molecular te has quedado con las ganas de aplicar el conocimiento adquirido y que este no quede solo en teoría. Por ello es importante tener en consideración el siguiente mensaje:

“Dime y lo olvido, enséñame y lo recuerdo, involúcrame y lo aprendo”

Benjamín Franklin

El plan pedagógico “Software MEGA y aprendizaje de la Biología Molecular” busca mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular en estudiantes de Medicina Humana para que ellos puedan poner en práctica los conocimientos teóricos aprendidos y así puedan utilizar dicho conocimiento para mejorar su desarrollo profesional.

DESCRIPCIÓN DEL PLAN PEDAGÓGICO

El presente Plan Pedagógico está diseñado para mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular utilizando el Software MEGA. Dentro de los materiales que se utilizarán en el presente Plan Pedagógico se encuentran el cuadernillo del docente y la computadora que utilizará el estudiante.

El docente tiene su cuadernillo en el que se encuentran las actividades programadas para mejorar el desarrollo de las tareas educativas de la Biología Molecular, se encuentra el soporte teórico que facilita el desarrollo de los seminarios y una serie de actividades que ayudarán a mejorar la comprensión de la Biología Molecular.

La computadora que se le facilita al estudiante contendrá el software MEGA que es una herramienta amigable, sencilla y que sólo requiere un conocimiento básico de informática.

El Plan Pedagógico consta de 12 sesiones académicas prácticas de una duración aproximada de 40-45 minutos que han sido diseñadas para ser llevadas a cabo por docentes que tengan a su cargo la asignatura de Biología Molecular. Utilizando el presente Plan, los docentes podrán utilizar una metodología dinámica, entretenida y con participación activa del estudiante que ayudará a mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular.

OBJETIVOS DEL PLAN PEDAGÓGICO

Objetivo General

El objetivo del Plan Pedagógico “SOFTWARE MEGA Y APRENDIZAJE DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR” es ayudar a que los estudiantes de Medicina Humana tengan una mejor aprendizaje de la Biología Molecular para que puedan aplicar dichos conocimiento durante el desarrollo de su carrera profesional.

Objetivos Específicos

- Conocer la relación entre Biología Molecular y el Software MEGA.
- Determinar la utilidad de la secuencias nucleotídicas para mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular.
- Determinar si el alineamiento de secuencias mejora el aprendizaje de la Biología Molecular.
- Establecer si el análisis evolutivo de forma automatizada ayuda en el aprendizaje de la Biología Molecular.
- Fomentar la utilización de herramientas bioinformáticas para mejorar la comprensión de la Biología Molecular.

ESTRUCTURA DEL PLAN PEDAGÓGICO

El autor del presente plan pedagógico es el investigador que desarrolla el presente trabajo. Este plan pedagógico se realizó para ayudar al aprendizaje de la Biología Molecular de estudiantes de Medicina Humana de la Universidad Alas Peruanas.

El tiempo de aplicación de cada sesión será de 2 horas presenciales y 2 horas no presenciales (24 horas en total). El plan pedagógico está dividido en dos fases y consta de 12 sesiones (06 sesiones por cada fase) dirigidas a mejorar el aprendizaje de la Biología Molecular utilizando el software MEGA, teniendo cada sesión un objetivo y contenidos específicos. Su despliegue se dará de la siguiente forma:

SESIÓN	NOMBRE	FECHA	DURACIÓN	
			Presencial	No presencial
01	La Biología Molecular	21/11/2016	2 horas	2 horas
02	La Biología Molecular y el Software MEGA	23/11/2016	2 horas	2 horas
03	Búsqueda de secuencias nucleotídicas en base de datos online	25/11/2016	2 horas	2 horas
04	Codones de inicio y de fin de lectura de secuencias nucleotídicas	28/11/2016	2 horas	2 horas
05	Alineamiento de secuencias nucleotídicas	30/11/2016	2 horas	2 horas
06	Análisis de regiones codificantes y no codificantes	02/12/2016	2 horas	2 horas
07	Análisis de aminoácidos	05/12/2016	2 horas	2 horas
08	Análisis de sustituciones sinónimas y no sinónimas	07/12/2016	2 horas	2 horas
09 y 10	Realización de árboles filogenéticos y Análisis de Bootstrap	09/12/2016-12/12/2016	2 horas	2 horas
11	Análisis evolutivo	14/12/2016	2 horas	2 horas
12	Producto final	16/12/2016	2 horas	2 horas

Fuente: Elaboración propia.

PLAN PEDAGOGICO

Primera fase: Análisis de secuencias nucleotídicas

Sesión 01: La Biología Molecular

- Realización del Pre Test.
- Brindar la definición de la Biología Molecular, así como también los avances que han surgido relacionados con la Medicina Humana (Medicina genómica, Diagnóstico Molecular, Farmacogenómica y Terapia Génica).
- Realizar un cuestionario electrónico referente a los avances realizados en la Biología Molecular relacionado con la Medicina Humana.

Sesión 02: La Biología Molecular y el Software MEGA

- Realizar una comparación entre los conceptos teóricos de la Biología Molecular y los softwares que existen para utilizar los conceptos aprendidos. Se mencionarán diferentes Software poniendo mayor énfasis en el Software MEGA ya que es una herramienta bioinformática de acceso libre, amigable y fácil de utilizar.
- Actividad práctica: Conocer y probar el Software MEGA y la visualizar las bondades más importantes que esta presenta.

Sesión 03: Búsqueda de secuencias nucleotídicas en base de datos online

- Explicar los fundamentos básicos de las secuencias nucleotídicas poniendo especial interés en la clasificación, los tipos de enlace y su representación.
- Realizar el ingreso a la Base de Datos del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) a través del Software MEGA para proceder a la búsqueda de la secuencia nucleotídica del Gen *Apirase*, *Citocromo C* y el *BRCA-1* siendo estas secuencias descargadas y alineadas en el Software MEGA.

- Actividad práctica: Descargar de 10 secuencias nucleotídicas de genes que tengan menos de 2000pb.

Sesión 04: Codones de inicio y de fin de lectura de secuencias nucleotídicas

- Brindar la teoría del código genético y porque este esta degenerado. Los estudiantes deberán reconocer los marcos de lectura y los codones de inicio y fin que presentan los genes.
- Realizar con el software MEGA la lectura de 10 genes e indicar los marcos de lectura y los codones de inicio y de fin.
- Actividad Práctica: Descargar 10 genes (no mayores a 2000pb) e indicar los marcos de lectura y los codones de inicio y fin.

Sesión 05: Alineamiento de secuencias nucleotídicas

- Buscar que los estudiantes aprendan como realizar un adecuado alineamiento de secuencias nucleotídicas. Para ello se les facilitará 05 secuencias nucleotídicas de 1000pb del gen *Convicilina* de *Lens culinaris*.
- Utilizar el software MEGA para realizar la descarga de 05 secuencias nucleotídicas de un mismo gen en diferentes especies y se realizar el alineamiento de las secuencias nucleotídicas.
- Actividad Práctica: Realizar el alineamiento de 05 secuencias nucleotídicas de 1000pb del gen *Apirasa* de *Lens culinaris*.

Sesión 06: Análisis de regiones codificantes y no codificantes

- Explicar el fundamento de las regiones codificantes (exones) y no codificantes (intrones) dando especial énfasis en la funcionalidad de cada una.

- Actividad Práctica: Descargar con el Software MEGA 10 genes de tamaño no mayor a 1000 e identificar las regiones codificantes y no codificantes de las secuencias.

Segunda fase: Análisis de datos

Sesión 07: Análisis de aminoácidos

- Conocer las definiciones, características, tipos y nomenclatura de los aminoácidos.
- Realizar con el software MEGA la descarga de 10 genes (menor de 1000pb) transformando la secuencia de nucleótidos a secuencia de aminoácidos. Se analizarán los aminoácidos identificando los tipos y la carga que puede tener los genes analizados.
- Actividad Práctica: Descargar 05 genes de tamaño menor a 500pb y se clasificarán los aminoácidos por carga y se definirá la carga que posee.

Sesión 08: Análisis de sustituciones sinónimas y no sinónimas

- Explicar los conceptos de sustituciones sinónimas y no sinónimas relacionado con regiones exónicas.
- Analizar con el software MEGA las sustituciones sinónimas y no sinónimas que se le presenten derivadas del análisis genético de 05 secuencias exónicas.
- Actividad Práctica: Descargar 05 secuencias nucleotídicas y realizar el análisis de secuencias sinónimas y no sinónimas.

Sesión 09 y 10: Realización de árboles filogenéticos y Análisis de Bootstrap

- Conocer las definiciones de árboles filogenéticos, tipos de árboles filogenéticos y análisis de Bootstrap.

- Realizar con 05 secuencias nucleotídicas, facilitadas por el docente, el análisis del árbol filogenético más probable, además realizar el análisis de Bootstrap para visualizar la confiabilidad de cada rama del árbol.
- Actividad Práctica: Descargar 05 secuencias nucleotídicas de genes de la misma especie y con ello construir un árbol filogenético teniendo en consideración el árbol más probable y realizando el análisis de Bootstrap.

Sesión 11: Análisis evolutivo

- Definir como se realiza un análisis evolutivo utilizando herramientas de la Biología Molecular.
- Realizar con el software MEGA un árbol filogenético y su posible interpretación del análisis evolutivo. Para ello se contará con 10 secuencias nucleotídicas de un mismo gen pero pertenecientes a diferentes especies.
- Actividad Práctica: Descargar las secuencias nucleotídicas del gen *Convicilina* de *Lens culinaris*, *Vicia faba* y *Oryza sativa* y realizar el árbol filogenético y una posible interpretación del análisis evolutivo.

Sesión 12: Producto Final

- Actividad Práctica El producto final que realizará el estudiante será la búsqueda de 05 secuencias nucleotídicas específicas (gen A, gen B, gen C, gen D y gen E, genes definidos por el docente), realización de análisis nucleotídico, de aminoácidos, de sustituciones sinónimas y no sinónimas, búsqueda del árbol filogenético más probable, análisis de Bootstrap y realización del árbol filogenético e interpretación del posible análisis evolutivo.
- Realización del Post Test.



UAP | UNIVERSIDAD ALAS PERUANAS

ESCUELA DE POSTGRADO FICHA DE VALIDACIÓN DEL INSTRUMENTO DE INVESTIGACIÓN JUICIO DE EXPERTOS

- I. DATOS GENERALES
- 1.1 APELLIDOS Y NOMBRES : *Marcelina Pérez de la Vega*
- 1.2 GRADO ACADÉMICO : *Magister*
Profesora de Genética (Cataluña)
- 1.3 INSTITUCIÓN QUE LABORA : *Universidad de León, España*
- 1.4 TÍTULO DE LA INVESTIGACIÓN : *Repercusión del Software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los Estudiantes de Medicina Humana de la Universidad "Alas Peruanas"-Lima Agosto-Diciembre 2016.*
- 1.5 AUTOR DEL INSTRUMENTO : *Carlos David Neyra Rivera.*
- 1.6 MAESTRÍA : *Maestría.*
- 1.7 MENCIÓN : *Docencia Universitaria y Gestión Educativa.*
- 1.8 NOMBRE DEL INSTRUMENTO : *Pre y Post Test.*
- 1.9 CRITERIOS DE APLICABILIDAD :
- a) De 01 a 09: (No valido, reformular) d) De 15 a 18: (Valido, precisar)
- b) De 10 a 12: (No valido, modificar) e) De 18 a 20: (Valido, aplicar)
- c) De 12 a 15: (Valido, mejorar)

II. ASPECTOS A EVALUAR

INDICADORES DE EVALUACION DEL INSTRUMENTO	CRITERIOS CUANTITATIVOS	Deficiente (01-09)	Regular (10-12)	Bueno (12-15)	Muy Bueno (15-18)	Excelente (18-20)
		01	02	03	04	05
1. CLARIDAD	Está formulado con lenguaje apropiado					X
2. OBJETIVIDAD	Está expresado con conductas observables				X	
3. ACTUALIDAD	Adecuado al avance de la Ciencia y Tecnología					X
4. ORGANIZACIÓN	Existe un constructo lógico en los items.				X	
5. SUFICIENCIA	Valora las dimensiones en cantidad y calidad					X
6. INTENCIONALIDAD	Adecuado para cumplir con los objetivos trazados.				X	
7. CONSISTENCIA	Basado en el aspecto teórico científico y del tema de estudio.				X	
8. COHERENCIA	Entre Hipótesis, dimensiones e indicadores.					X
9. METODOLOGÍA	Cumple con los lineamientos metodológicos.					X
10. PERTINENCIA	Es asertivo y funcional para la Ciencia.				X	
Sub total					20	25
Total				45		

VALORACIÓN CUANTITATIVA (Total x 0.4) : $45 \times 0.4 = 18$

VALORACIÓN CUALITATIVA : *Excelente*

OPINIÓN APLICABILIDAD : *Valida, Aplicar*

Lugar y Fecha: *León, 16 de Enero, 2017*

Firma y Postfirma del experto

DNI: *51761032*

Marcelina Pérez de la Vega



5. Anexo 5. Consentimiento Informado



CONSENTIMIENTO INFORMADO

TÍTULO: “Repercusión del Software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la Universidad “Alas Peruanas”-Lima. Agosto-Diciembre 2016”

El investigador Carlos David Neyra Rivera, me ha solicitado que participe en el estudio titulado “Repercusión del Software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la Universidad “Alas Peruanas”-Lima. Agosto-Diciembre 2016”. Estando de acuerdo en participar de manera libre y voluntaria en el presente estudio, manifiesto lo siguiente:

YO ENTIENDO QUE:

- a) El presente estudio es desarrollado en la Universidad Alas Peruanas dentro del programa de Post Grado De Docencia Universitaria y Gestión Educativa. Se está realizando este estudio para determinar la influencia del software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la UAP de agosto-diciembre del 2016.
- b) El presente estudio no incluye riesgos que me perjudiquen. El tiempo utilizado para la realización del pre test, seminarios y post test no perjudicará las actividades de aprendizaje que realice durante el ciclo 2016-II.
- c) Dentro de los beneficios que obtendré de participar en la presente investigación será que mejoraré mi conocimiento referente a la Biología Molecular ya que pondré en práctica los conocimientos teóricos obtenidos. Además, seré capacitado(a) en herramientas de bioinformática que podría utilizar durante mi desarrollo profesional.
- d) Cualquier pregunta, duda o consulta que tenga en relación al estudio o a mi participación deberá ser contestada por el investigador Carlos David Neyra Rivera.
- e) No deberé pagar nada por la participación en el presente estudio. No recibiré ningún pago ni ningún incentivo de otra índole por mi participación.
- f) Mi información será manejada de manera anónima, y se identificará a cada participante por códigos asignados aleatoriamente y no con nombres. En caso los resultados sean publicados, estos no llevarán ninguna codificación que pueda vincular al participante evitando de esta forma que pudiera ser identificado.
- g) En caso desee retirarme del presente estudio, puedo realizarlo en cualquier momento sin dar explicaciones y que sin esto me perjudique.

Por lo anterior expuesto, acepto voluntariamente participar en el estudio: “Repercusión del Software MEGA a través de secuencias nucleotídicas en el aprendizaje de la Biología Molecular en los estudiantes de Medicina Humana de la Universidad “Alas Peruanas”-Lima. Agosto-Diciembre 2016”.

FIRMA
PARTICIPANTE
Nombres y apellidos:
.....
DNI N°:.....
Fecha: 25/11/2016

FIRMA
INVESTIGADOR
Carlos David Neyra Rivera
DNI N° 42528324
Teléfono: 9434-98300
Fecha: 25/11/2016

6. Anexo 6. Autorización de Investigación.



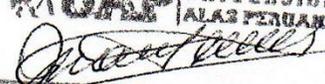
CONSTANCIA DE INVESTIGACIÓN

EL DIRECTOR DE LA ESCUELA PROFESIONAL DE MEDICINA HUMANA DE LA FACULTAD DE MEDICINA HUMANA Y CIENCIAS DE LA SALUD DE LA UNIVERSIDAD ALAS PERUANAS HACE CONSTAR QUE:

El docente NEYRA RIVERA, CARLOS DAVID identificado con DNI N° 42528324, realizo seminarios-taller con los estudiantes de Medicina Humana acerca de "Repercusión del Software MEGA en el Aprendizaje de la Biología Molecular" durante el semestre académico 2016-II.

Se expide la presente constancia, a solicitud del interesado con la finalidad de poder seguir sus trámites administrativos correspondiente para la sustentación del grado académico respectivo.

Lima, 05 de diciembre del 2016.



DR. JUAN GUALBERTO TRELLES YENGUE
DECANO DE LA FACULTAD DE
MEDICINA HUMANA Y CIENCIAS DE LA SALUD

7. Anexo 7. Relación de participantes.

Tabla 14

Nombres, Apellidos y Número de Documento Nacional de Identidad (DNI) de estudiantes que participaron en el pre test y post test.

N°	ESTUDIANTE	DNI	N°	ESTUDIANTE	DNI
1	Ana Lucia Véliz Sánchez	70433484	22	Alejandra López Ruíz	72138181
2	Laura Silva Calle	72515002	23	Giancarlo Cancho Jannampa	72138181
3	Wendy Farfan	75334461	24	Katiusca Garcia Mundaca	77162063
4	Cynthia Mora Candia	90584373	25	Cristyan Gil Romero	75331879
5	Mabel Malca Salazar	44999977	26	Rober Revollau Aullcatico	42484228
6	Fiorela Garcia Cabrera	72030161	27	Briayan Castillo Hurtado	72841142
7	Gilber Renato Davila Calderon	44089066	28	Cristina Bohorquez Crispin	75959367
8	Consuelo Ochochoque Quispe	46349645	29	Maita Benocal Junehaya	45233168
9	Angie Espinoza Arizaga	70564424	30	Gaby Carita Almanza	70201325
10	Lourdes Diaz	44537242	31	Maria rebeca Ccallo Surco	70878554
11	Guadalupe Pocco Gallardo	73060430	32	Pamela Vera Palacios	71476680
12	Liliana Castelo Zevallos	41712742	33	Luis Alfredo Castro Pinedo	71632535
13	Shoyovert Mogollon Medina	47089605	34	Renato Villar Vargas	71829778
14	Alexandra Guadalupe Antun Ñique	71446654	35	Ali Bardalez Salirrosas	46876511
15	Bety Alondra Medina Vega	76783611	36	Ledly Becerra Paredes	23947879
16	Cristopher Dipaz Magallanes	70284458	37	Jorge Vattvone Echevaria	41885572
17	Bryan Darwin Navarro Chuchón	72379511	38	Frank Catillo Curi	70705843
18	Kelly Alarcon Tito	73101391	39	Roberto Quiroga Perez	23926471
19	Pamela Vallenos Mexico	90065681	40	Anthony Salazar Flores	72724983
20	Shabell Palomino Tatge	74217435	41	Ali Johan Crisanto Ruiz	71796618
21	Anthony Loza Quispe	73941995	42	Carmen Ramírez Huaytalla	75174337

8. Anexo 8. Tablas de datos de resultados.

Tabla 15

Puntuaciones de la muestra piloto utilizados para realizar la prueba de confiabilidad (KR-20)

Estudiantes	Pgta 1	Pgta 2	Pgta 3	Pgta 4	Pgta 5	Pgta 6	Pgta 7	Pgta 8	Pgta 9	Pgta 10	NOTA
Estudiante 1	0	2	0	2	0	0	2	0	0	0	6
Estudiante 2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
Estudiante 3	0	0	0	2	2	0	0	2	0	2	8
Estudiante 4	2	0	0	0	0	2	0	0	2	0	6
Estudiante 5	0	2	2	0	0	0	2	0	0	2	8
Estudiante 6	0	0	0	2	0	0	0	0	2	0	4
Estudiante 7	2	0	2	2	0	2	2	0	0	2	12
Estudiante 8	2	0	2	2	2	2	0	0	2	0	12
Estudiante 9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Estudiante 10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Estudiante 11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Estudiante 12	2	0	2	2	2	0	2	0	2	2	14

Fuente. Elaboración propia

Tabla 16

Datos del pre test del grupo control utilizados para realizar las pruebas estadísticas en el SPSS v23.0

Estudiantes	Pgta 1	Pgta 2	Pgta 3	Pgta 4	Pgta 5	Pgta 6	Pgta 7	Pgta 8	Pgta 9	Pgta 10	NOTA
Estudiante 01	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
Estudiante 02	0	0	0	0	2	2	2	0	0	0	6
Estudiante 03	0	0	0	2	0	0	2	0	0	0	4
Estudiante 04	0	0	2	0	0	2	2	0	2	2	10
Estudiante 05	0	0	2	2	0	0	0	0	2	0	6
Estudiante 06	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	4
Estudiante 07	0	0	2	2	0	0	0	0	2	0	6
Estudiante 08	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	4
Estudiante 09	0	0	2	0	2	2	2	0	0	0	8
Estudiante 10	0	2	0	0	2	0	0	0	0	2	6
Estudiante 11	2	0	0	2	2	2	0	0	0	2	10
Estudiante 12	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Estudiante 13	0	2	0	0	0	2	0	0	0	2	6
Estudiante 14	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Estudiante 15	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	4
Estudiante 16	2	0	0	2	2	0	2	2	0	0	10
Estudiante 17	0	2	0	0	0	2	0	0	2	2	8
Estudiante 18	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	4
Estudiante 19	0	0	0	0	2	0	2	0	2	2	8
Estudiante 20	2	0	2	2	2	0	0	0	0	0	8
Estudiante 21	2	0	0	2	2	0	0	0	0	0	6

Fuente. Elaboración propia

Tabla 17

Datos del post test del grupo control utilizados para realizar las pruebas estadísticas en el SPSS v23.0

Estudiantes	Pgta 1	Pgta 2	Pgta 3	Pgta 4	Pgta 5	Pgta 6	Pgta 7	Pgta 8	Pgta 9	Pgta 10	NOTA
Estudiante 01	0	0	0	2	0	0	2	0	2	2	8
Estudiante 02	0	0	0	2	0	0	0	0	2	0	4
Estudiante 03	2	2	0	2	0	0	0	2	0	0	8
Estudiante 04	2	0	0	2	0	2	2	0	2	2	12
Estudiante 05	0	0	0	2	0	0	2	0	2	0	6
Estudiante 06	0	0	2	0	2	2	0	0	0	0	6
Estudiante 07	0	0	0	0	2	0	2	0	0	2	6
Estudiante 08	0	0	0	2	0	2	0	0	2	0	6
Estudiante 09	0	2	2	2	2	0	0	0	0	2	10
Estudiante 10	0	0	0	2	0	0	2	0	2	2	8
Estudiante 11	2	0	2	2	0	0	0	2	0	2	10
Estudiante 12	0	0	0	2	2	2	2	0	0	0	8
Estudiante 13	0	0	2	2	2	0	0	0	2	0	8
Estudiante 14	0	0	2	2	0	2	2	2	0	0	10
Estudiante 15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Estudiante 16	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2
Estudiante 17	2	0	2	0	0	2	0	0	0	0	6
Estudiante 18	0	0	0	2	0	0	0	0	2	2	6
Estudiante 19	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	8
Estudiante 20	0	0	0	2	2	0	0	0	0	2	6
Estudiante 21	0	2	2	0	0	0	2	0	0	2	8

Fuente. Elaboración propia

Tabla 18

Datos del pre test del grupo experimental utilizados para realizar las pruebas estadísticas en el SPSS v23.0

Estudiantes	Pgta 1	Pgta 2	Pgta 3	Pgta 4	Pgta 5	Pgta 6	Pgta 7	Pgta 8	Pgta 9	Pgta 10	NOTA
Estudiante 01	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	4
Estudiante 02	0	0	2	2	0	0	2	0	2	2	10
Estudiante 03	2	0	0	0	2	0	0	0	2	0	6
Estudiante 04	0	0	2	0	2	0	0	0	2	0	6
Estudiante 05	0	0	2	0	0	2	2	0	0	0	6
Estudiante 06	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	4
Estudiante 07	2	0	0	0	0	0	0	2	0	2	6
Estudiante 08	0	0	0	0	2	0	2	0	0	2	6
Estudiante 09	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
Estudiante 10	0	0	0	2	0	0	0	0	2	2	6
Estudiante 11	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
Estudiante 12	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	4
Estudiante 13	0	0	2	2	0	0	2	0	0	2	8
Estudiante 14	0	0	0	2	2	2	2	0	2	0	10
Estudiante 15	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Estudiante 16	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	4
Estudiante 17	2	0	2	0	0	2	0	0	0	0	6
Estudiante 18	2	0	0	0	2	0	0	0	2	2	8
Estudiante 19	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0	4
Estudiante 20	0	0	2	0	2	2	0	0	2	2	10
Estudiante 21	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	4

Fuente. Elaboración propia

Tabla 19

Datos del post test del grupo experimental utilizados para realizar las pruebas estadísticas en el SPSS v23.0

Estudiantes	Pgta 1	Pgta 2	Pgta 3	Pgta 4	Pgta 5	Pgta 6	Pgta 7	Pgta 8	Pgta 9	Pgta 10	NOTA
Estudiante 01	2	2	2	2	2	2	2	2	2	0	18
Estudiante 02	2	2	2	2	2	2	2	2	0	0	16
Estudiante 03	2	0	2	2	2	2	2	0	0	2	14
Estudiante 04	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	20
Estudiante 05	2	2	2	2	0	2	2	2	2	0	16
Estudiante 06	2	2	2	2	0	0	2	0	2	2	14
Estudiante 07	2	2	2	2	0	2	0	0	2	0	12
Estudiante 08	0	2	2	0	2	0	2	0	2	2	12
Estudiante 09	2	0	2	2	2	0	2	0	2	2	14
Estudiante 10	2	0	2	2	2	2	0	0	0	0	10
Estudiante 11	0	2	2	2	2	2	2	0	0	0	12
Estudiante 12	0	0	0	2	2	0	2	2	0	2	10
Estudiante 13	0	2	2	2	2	2	2	0	2	2	16
Estudiante 14	2	2	2	2	2	2	0	2	2	0	16
Estudiante 15	2	0	2	2	2	0	2	2	2	2	16
Estudiante 16	2	0	0	2	2	2	2	0	0	2	12
Estudiante 17	2	2	2	2	2	2	0	0	2	2	16
Estudiante 18	2	0	2	2	2	2	2	0	2	2	16
Estudiante 19	2	0	2	2	2	2	0	2	2	2	16
Estudiante 20	2	0	2	2	2	2	2	0	2	2	16
Estudiante 21	2	2	2	2	2	2	2	2	2	0	18

Fuente. Elaboración propia