



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

Enseñanza Aprendizaje de la estructura de proteínas utilizando herramientas virtuales

Yuly Marcela Díaz García

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias

Maestría en Enseñanza de las Ciencias Exactas y Naturales

Bogotá, Colombia

2016

Enseñanza Aprendizaje de la estructura de proteínas utilizando herramientas virtuales

Yuly Marcela Díaz García

Trabajo final de maestría presentado como requisito para optar al título de:

Magister en Enseñanza de las Ciencias Exactas y Naturales

Director:

Edgar Antonio Reyes Montaña, M. Sc., Dr. Sci.

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias

Maestría en Enseñanza de las Ciencias Exactas y Naturales

Bogotá, Colombia

2016

Dedicatoria

A mis Padres Luis H. Díaz y Lilia García, ya que con su gran amor, paciencia, comprensión, apoyo y consejos sabios me han sabido guiar. Por ustedes todo ha sido posible en mi vida y le doy gracias a Dios por concederme la dicha de tener unos padres realmente maravillosos.

A mi hermano Jhon A. Díaz quien ha sido mi compañía y una de las personas que ha llenado mi vida de muchas alegrías.

A Alejandra Sastre y Daniel Felipe Díaz quienes llegaron a mi vida para completar la alegría y el amor de mi familia.

A mi esposo Carlos Andrés Chacón por su amor, paciencia, dedicación y apoyo incondicional en cada momento de mi vida.

Agradecimientos

En primer lugar a Dios, nuestro padre creador, quien me ha dado el privilegio de la vida y de cumplir mis sueños, llenándome de mucha fuerza e iluminándome día tras día en el caminar de la vida. A él, le doy gracias por todas las bendiciones que ha derramado sobre mí en muestra de su infinito amor.

Seguidamente a la Universidad Nacional de Colombia y a todos los docentes de la maestría por su dedicación en la enseñanza de las ciencias y por brindarme un espacio académico de calidad

De manera muy sincera le expreso mi gratitud al Dr. Edgar Antonio Reyes Montaña y a la Dra. Nohora Angélica Vega Castro por su apoyo y dedicación en el desarrollo del presente trabajo.

Por último, agradezco al equipo de trabajo que conforma la Dirección Nacional de Innovación Académica -DNIA- por hacer posible el desarrollo del OVA que hizo parte del trabajo realizado.

Resumen

La comprensión del tema de la estructura de las proteínas en los cursos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia genera dificultades en cuanto al entendimiento de las interacciones intramoleculares, las cuales son necesarias para comprender el plegamiento de estas moléculas. Teniendo en cuenta esto, se realizó la implementación de una unidad didáctica basada en un OVA a un grupo experimental y se desarrolló la temática por medio de clases magistrales a un grupo control. Partiendo de lo anterior, se evidenciaron resultados favorables en el grupo experimental, quienes tuvieron en su proceso de enseñanza los recursos virtuales, mientras que en el otro grupo se desarrollaron las temáticas de forma tradicional; si bien ambos presentaron un avance positivo, se evidenció una mayor comprensión en el proceso del grupo experimental. Para medir la comprensión del tema, se aplicó un pre-test de manera tal que se pudieran evidenciar los conocimientos previos de los estudiantes y posterior a la implementación de la estrategia se realizó el pos-test que nos permitió cuantificar el nivel de avance.

Palabras clave: Tecnologías de la información, Objeto Virtual de Aprendizaje, unidad didáctica, proteínas.

Abstract

The understanding of the protein structure in the Biochemistry courses of the National University of Colombia generates difficulties in the understanding of intramolecular interactions, which are necessary to understand the folding of these molecules. Taking into account this, the implementation of a didactic unit was carried out based on an OVA to an experimental group and the subject was developed through master classes to a control group. Based on the above, favorable results were evidenced in the experimental group, who had in their teaching process the virtual resources, while in the other group the subjects were developed in a traditional way; although both showed a positive advance, a greater understanding in the process of the experimental group was evidenced. To measure the understanding of the subject, a pre-test was applied in such a way that the previous knowledge of the students could be evidenced and after the implementation of the strategy the post-test was carried out, which allowed us to quantify the level of progress.

Keywords: Information technology, Virtual Learning Object, Didactic unit, protein.

Contenido

<i>Agradecimientos</i>	<i>V</i>
<i>Resumen</i>	<i>VII</i>
<i>Contenido</i>	<i>IX</i>
<i>Lista de figuras</i>	<i>XI</i>
<i>Lista de tablas</i>	<i>XII</i>
<i>Introducción</i>	<i>13</i>
1. Aspectos Preliminares	15
1.1 Selección y delimitación del tema	15
1.2 Planteamiento del Problema	15
1.2.1 Descripción del problema	15
1.2.2 Formulación de la pregunta	16
1.3 Justificación	16
2. Objetivos	18
2.1.1 Objetivo General	18
2.1.2 Objetivos Específicos	18
3. Marco Referencial	19
3.1 Marco Teórico	19
3.1.1 Componente Histórico-Epistemológico.....	19
3.1.2 Componente didáctico.....	20
3.1.2.1 Enfoque constructivista.....	21

3.1.2.2	Objetos Virtuales de Aprendizaje.....	22
3.2	Marco Conceptual-Disciplinar.....	23
3.2.1	Definición de proteína.....	23
3.2.2	Estructura de las proteínas.....	26
4.	<i>Diseño metodológico: Investigación aplicada</i>	32
4.1	Tipo de Investigación	32
4.2	Instrumento de recolección de información.....	32
4.3	Población y Muestra	33
4.4	Delimitación y Alcance.....	33
5.	<i>Cronograma</i>.....	34
6.	<i>Resultados y análisis de la intervención</i>.....	37
6.1	Fase 1: Fundamentación.....	37
6.2	Fase 2: Identificación.....	37
6.3	Fase 3: Planificación.....	38
6.4	Fase 4: Diseño.....	39
6.5	Fase 5: Intervención en el aula.....	37
7.	<i>Conclusiones y Recomendaciones</i>	48
7.1	Conclusiones.....	48
7.2	Recomendaciones.....	49
	<i>Referencias</i>	51
A.	<i>Anexo: Pre-test y Pos-test</i>.....	54

Lista de figuras

<i>Figura 3-1 Estructura de los Aminoácidos.....</i>	<i>23</i>
<i>Figura 3-2 Representación de la estructura primaria de las proteínas.....</i>	<i>27</i>
<i>Figura 3-3 Enlace peptídico en configuración trans.....</i>	<i>27</i>
<i>Figura 3-4 Estructura de la α-hélice.....</i>	<i>28</i>
<i>Figura 3-5 Estructura de la hélice 3_{10} y la hélice π.....</i>	<i>29</i>
<i>Figura 3-6 Láminas β antiparalela y paralela.....</i>	<i>29</i>
<i>Figura 3-7 Estructura terciaria de una proteína.....</i>	<i>30</i>
<i>Figura 3-8 Estructura cuaternaria de una proteína.....</i>	<i>31</i>
<i>Figura 5-1 Etapas sugeridas por Borrero et al (2009) para el diseño de recursos virtuales.....</i>	<i>35</i>
<i>Figura 6-1 Interfaz del OVA de Proteínas.....</i>	<i>40</i>
<i>Figura 6-2 Diagrama de caja y bigotes para las calificaciones obtenidas por el grupo control y el grupo experimental.....</i>	<i>44</i>

Lista de tablas

<i>Tabla 3-1 Estructura de los 20 aminoácidos proteicos.....</i>	<i>24</i>
<i>Tabla 3-2 Clasificación de los aminoácidos proteicos.....</i>	<i>25</i>
<i>Tabla 5-1 Planificación de actividades.....</i>	<i>34</i>
<i>Tabla 5-2 Cronograma de actividades.....</i>	<i>36</i>
<i>Tabla 6-1 Resultados de la encuesta aplicada al grupo experimental y control.....</i>	<i>41</i>
<i>Tabla 6-2 Resultados de las calificaciones obtenidas por el grupo control y el grupo experimental.....</i>	<i>43</i>
<i>Tabla 6-3 Resultados de las calificaciones obtenidas por el grupo experimental y el grupo control para cada pregunta del pre-test y pos-test.....</i>	<i>46</i>

Introducción

La comprensión del tema de la estructura de proteínas en los cursos básicos de Bioquímica que se ofrecen en los distintos programas de la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional de Colombia, en general, presenta gran dificultad en el entendimiento de las interacciones intramoleculares. Las interacciones son importantes para el plegamiento de las proteínas y su función con otras moléculas.

La Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional de Colombia fue creada en 1965 y está conformada por ocho departamentos, entre los cuales se encuentran Biología, Estadística, Farmacia, Física, Geociencias, Matemáticas, Química y Observatorio Astronómico Nacional –OAN-. La información disponible en su web (Facultad de Ciencias, 2014) señala que debido a sus alcances en formación, investigación y extensión se encuentra situada en primer lugar dentro de las Facultades de Ciencias del País.

Teniendo en cuenta que la Facultad de Ciencias tiene como misión formar profesionales y científicos de calidad, es necesario acceder a experiencias educativas avanzadas, que mejoren la calidad y efectividad en los procesos de aprendizaje (Salinas, 2004), donde se integren las tecnologías de la información y la comunicación en la formación de los estudiantes de los programas curriculares que la integran.

Dado que el estudio de la estructura de proteínas en todos los niveles es de gran importancia para comprender los procesos biológicos que se llevan a cabo en los seres vivos, se debe tener en cuenta que la función de estas moléculas está

directamente relacionada con la estructura tridimensional, por lo cual es necesario tener herramientas virtuales que nos permitan entender cómo es su plegamiento y su interacción con otras moléculas.

Partiendo de lo anterior, se propuso hacer el diseño e implementación de una unidad didáctica con base en un objeto virtual de aprendizaje (OVA) para la enseñanza-aprendizaje de la estructura de proteínas. Dada la complejidad de los componentes de aprendizaje en cuanto al entendimiento de las interacciones que se encuentran involucradas en el plegamiento y acoplamiento con otras moléculas para realizar su función específica, se hizo necesaria la inclusión de una herramienta virtual e interactiva para el desarrollo de los cursos de formación en Bioquímica, que contribuye con la superación de las dificultades en este proceso mediante la interacción y modelamiento de estas estructuras.

Con relación a esta propuesta, el presente documento se ha organizado de la siguiente forma: en primer lugar se da a conocer un marco teórico que incluye el componente histórico-epistemológico del desarrollo del concepto de proteína, el componente didáctico de los Objetos Virtuales de Aprendizaje y el componente disciplinar que presenta los contenidos sobre los cuales se realizó la intervención. En segundo lugar, el diseño e implementación de la unidad didáctica desarrollada en la Universidad Nacional de Colombia; y por último, las conclusiones y recomendaciones para dar continuidad con la implementación de nuevas propuestas que permitan fortalecer el proceso de enseñanza-aprendizaje de dicho concepto.

1. Aspectos Preliminares

1.1 Selección y delimitación del tema

A partir de los procesos de enseñanza-aprendizaje del concepto de estructura de las proteínas en los cursos básicos de Bioquímica de la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, los docentes en su quehacer en el aula han evidenciado la dificultad existente en cuanto al entendimiento de las interacciones intramoleculares, por lo cual se crea la necesidad de implementar una estrategia didáctica que contribuya con la superación de estas dificultades.

El desarrollo de este trabajo permite identificar como estrategia una unidad didáctica basada en un Objeto Virtual de Aprendizaje para ser implementada y de esta manera poder determinar la relación existente entre su uso y la comprensión de los conceptos relacionados con la estructura de proteínas, comparando los resultados que se obtienen al llevar a cabo su incorporación en el aula frente a la continuación del proceso de enseñanza como tradicionalmente se ha venido desarrollando, pues según lo dan a conocer algunos de los docentes que tienen a cargo estos cursos, las temáticas se dan por medio de clases magistrales.

1.2 Planteamiento del Problema

1.2.1 Descripción del problema

La práctica del ejercicio docente en las asignaturas de Bioquímica de la Facultad de Ciencias, ha permitido evidenciar que los estudiantes presentan dificultades en el entendimiento de los conceptos relacionados con la estructura de proteínas,

pues no logran interpretar lo relacionado con las interacciones intramoleculares que se generan para dar lugar al plegamiento de estas moléculas.

Teniendo en cuenta la importancia de comprender estas interacciones intramoleculares se hace necesario identificar la pertinencia de la implementación de una estrategia didáctica que permita trabajar con herramientas virtuales para fortalecer el proceso de enseñanza-aprendizaje.

1.2.2 Formulación de la pregunta

Con respecto a las posibles herramientas que se pueden implementar en las prácticas académicas, se plantea la siguiente pregunta de investigación: ¿cuál puede ser una estrategia didáctica para la enseñanza-aprendizaje de la estructura de las proteínas con estudiantes de los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia?

1.3 Justificación

El desarrollo de las clases de los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia, en general, tienen un alto contenido disciplinar que pretende tener un gran alcance en la formación de sus estudiantes. Es por esto que en la búsqueda del fortalecimiento de este proceso se requiere innovar pedagógicamente en los temas relacionadas con la estructura de las proteínas, debido a que se han presentado dificultades en la comprensión de las temáticas.

A partir de la iniciativa de tener una innovación pedagógica en el aula de clase se busca determinar la pertinencia de la implementación de una unidad didáctica basada en un Objeto Virtual de Aprendizaje, puesto que en el uso de herramientas virtuales según lo indica la investigación realizada por Alquati (2015) todas las acciones que ejecutan los estudiantes son fundamentales para el aprendizaje, de manera que puedan construir nuevos conocimientos por medio de la interacción que tienen con el mundo. Según lo afirma Ray (2012), los recursos educativos basados en la web han adquirido gran importancia recientemente y cada vez más están haciendo parte de los sistemas educativos.

Teniendo en cuenta lo anterior y haciendo especial énfasis en los resultados de este trabajo, se pretende generar un impacto en la innovación del proceso de enseñanza en los cursos básicos de Bioquímica, pues al ser implementadas las herramientas virtuales en el aula se busca fortalecer el proceso de aprendizaje, específicamente en la comprensión de la estructura de las proteínas.

2. Objetivos

2.1.1 Objetivo General

Proponer una estrategia didáctica para la enseñanza-aprendizaje de la estructura de las proteínas con base en un OVA, para estudiantes de los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia.

2.1.2 Objetivos Específicos

- Seleccionar los conceptos relacionados con la estructura de las proteínas y sus aspectos histórico-epistemológicos.
- Identificar los saberes previos de los estudiantes sobre los conceptos seleccionados.
- Definir los elementos y la estructura de la estrategia didáctica.
- Desarrollar la estrategia didáctica.
- Realizar la validación preliminar de la estrategia didáctica.

3. Marco Referencial

3.1 Marco Teórico

3.1.1 Componente Histórico – Epistemológico

Dadas las investigaciones encaminadas a conocer los principios básicos que contenían los alimentos, en 1827 el químico y médico británico, William Prout clasificó las sustancias que forman los alimentos en tres categorías: las sacarinosas, los actuales azúcares; las oleaginosas, los actuales lípidos, y las albuminosas, lo que hoy se conoce como proteínas (Bernabeu et al., 2008).

Por otra parte, en 1839, el químico y médico holandés G. Mulder analizó algunas albúminas (gelatina, albumina, fibrina, caseína y gluten), a partir de este estudio llegó a la conclusión de que todas eran conformadas por un radical común ($C_{40}H_{31}N_{52}O_{12}$) al que él denominó proteína, de tal forma que cada proteína estaría conformada por n veces este radical junto con fósforo y azufre (Bernabeu et al., 2008). Posterior a este estudio, el científico sueco J. J. Berzelius consideraba que estos compuestos debían ser las sustancias biológicas más importantes por lo cual las denominó proteínas, cuyo nombre deriva del griego *proteios* que significa *lo primero o lo primario* (Melo, 2007).

Hacia el año 1935 ya se conocía que los constituyentes de las proteínas eran unas moléculas con estructura común denominadas *aminoácidos*, de los cuales veinte son los que esencialmente las constituyen. A partir de esto, faltaba descubrir cómo se produce la unión entre estas estructuras para formar cadenas polipeptídicas,

para lo cual los investigadores Franz Hofmeister y Emil Fisher en 1902 describieron que se trataba del enlace peptídico (Valpuesta, 2011).

Posterior a otras investigaciones, el Bioquímico británico Frederick Sanger determinó la secuencia de aminoácidos de la insulina, donde demostró que consta de L-aminoácidos unidos mediante enlaces peptídicos, lo que se conoce como estructura primaria (Berg et al., 2008). Adicional a esto, en 1951 Linus Pauling y Robert Corey propusieron que la cadena polipeptídica se encontraba con una conformación helicoidal llamada hélice α y hoja plegada β , las cuales se mantenían unidas por enlaces de hidrógeno (Asimov, 2003).

A partir de esto, Linus Pauling dio la idea de la tridimensionalidad de las proteínas, la cual está asociada a su función. Para ello, a mediados del siglo XX realizó una serie de contribuciones entre las cuales se resaltan los conceptos de enlaces débiles intra e intermoleculares, los cuales son los que dan origen a la estructura tridimensional (Valpuesta, 2011).

La idea de la tridimensionalidad de estas moléculas biológicas fue reforzada gracias al desarrollo de la técnica de difracción de rayos X, por medio de la cual Maximilian Perutz determinó la estructura de la mioglobina y la hemoglobina. De esta manera se confirmó la existencia de la estructura de la hélice α que fue sugerida por Pauling, además de hacer evidente la relación que existe entre la estructura de las proteínas en mención con su función de transportar oxígeno (Valpuesta, 2011).

3.1.2 Componente didáctico

La propuesta de la unidad didáctica se desarrolla teniendo en cuenta la elaboración de un objeto virtual de aprendizaje (OVA) para la enseñanza aprendizaje del tema de estructura de las proteínas.

3.1.2.1 Enfoque constructivista

El diseño e implementación del objeto virtual de aprendizaje está orientado a desarrollar en el estudiante un enfoque pedagógico que consolide su propio esfuerzo, de manera que se logre apropiarse de su proceso de aprendizaje, en el cual construya conocimiento por sí mismo a medida que va aprendiendo (Hernández, 2008).

El enfoque constructivista lo plantea Martínez (1987) como una concepción de quien aprende como parte activa e interesada en el proceso de aprendizaje y que aporta sus conocimientos previos para construir significados en situaciones nuevas.

El papel que desempeña la tecnología en el proceso de aprendizaje constructivista, según lo menciona Hernández (2008), permite que los ordenadores aporten un medio creativo apropiado para que los estudiantes demuestren los conocimientos que han adquirido y es una nueva manera de comprometerlos con el proceso de aprendizaje.

Estos recursos virtuales, en especial los Objetos Virtuales de Aprendizaje, se pueden ajustar a la teoría del enfoque constructivista debido a que genera un proceso activo en elaboración del conocimiento por parte del estudiante, logrando integrar los siguientes elementos de esta teoría (Del Moral & Cernea, 2005):

- Exploración: libertad para acceder a cada una de las partes que conforman el objeto de aprendizaje y demás recursos educativos referenciados.
- Control del aprendizaje: exploración del objeto de aprendizaje de la manera en que el estudiante lo considere pertinente, de acuerdo a la complejidad que suponga adecuada para cada momento.
- Pensamiento reflexivo y crítico: reconocimiento del recurso y elección de los contenidos que se consideren adecuados para la resolución de un problema.

- Interdisciplinaridad: generalmente pueden tener conexiones con otras disciplinas que logran dotarlo de motivación.
- Representaciones múltiples: se pueden encontrar una variedad de citas bibliográficas recomendadas para que el estudiante seleccione la que considere pertinente.
- Resolución de problemas: el objeto de aprendizaje presenta actividades complementarias o de repaso en las cuales pueden aplicar inmediatamente los conceptos explicados.
- Situaciones reales: se presentan escenarios reales que son utilizados como ejemplo de la aplicación de los conceptos trabajados.

3.1.2.2 Objetos Virtuales De Aprendizaje

Entre los años 2005 y 2011, el Gobierno Nacional promovió la creación de objetos de aprendizaje orientados a la Educación Superior como una herramienta para fomentar el uso de las Tecnologías de la información y la Comunicación definiéndolo en su primer Congreso Nacional de Objetos de Aprendizaje como: *“todo material estructurado de una forma significativa, asociada a un propósito educativo (en este caso para la Educación Superior) y que corresponde a un recurso de carácter digital que pueda ser distribuido y consultado a través de Internet”* (Ministerio de Educación Nacional, 2012).

Algunos aspectos globales que propone el Ministerio de Educación Nacional (2012) como características de orden técnico y funcional que deben incluir los Objetos virtuales de Aprendizaje son: accesibilidad, de tal forma que se garantice la posibilidad de ser consultado y utilizado por la mayor cantidad de personas; durabilidad, que tenga vigencia y validez en el tiempo; flexibilidad, de modo que se pueda adaptar e integrar con facilidad a distintos contextos; usabilidad y reusabilidad, cualidades que permiten la interacción con el usuario y la capacidad de adaptación a diferentes propósitos educativos.

3.2 Marco Conceptual-Disciplinar

3.2.1 Definición de proteína

Las proteínas son las macromoléculas más abundantes y las responsables de prácticamente todas las propiedades que caracterizan a los seres vivos. Se pliegan en una estructura tridimensional que le confiere una gran diversidad de funciones (Brihuega, 2011), entre las cuales se pueden mencionar las funciones enzimáticas, de transporte, almacenamiento, estructural, contráctil, hormonal y de defensa (Horton et al., 2008). Las proteínas se definen como polímeros lineales cuyas unidades monoméricas son los α -aminoácidos, los cuales se unen entre sí mediante enlaces peptídicos (Laguna y Piña, 2002). Éstas pueden presentar en una gran variedad de tamaño, desde los conformados por pocos residuos de aminoácidos, denominados péptidos, hasta polímeros grandes en el orden de millones de residuos (Nelson, 2009).

En la figura 3-1 se evidencia la estructura general de los aminoácidos, en ella el carbono α se encuentra unido a tres sustituyentes comunes: un grupo carboxilo (-COOH), un grupo amino (-NH₂) y un átomo de hidrógeno. El cuarto sustituyente del C α es la cadena lateral R, la cual determina la identidad del aminoácido. (Laguna y Piña, 2002).

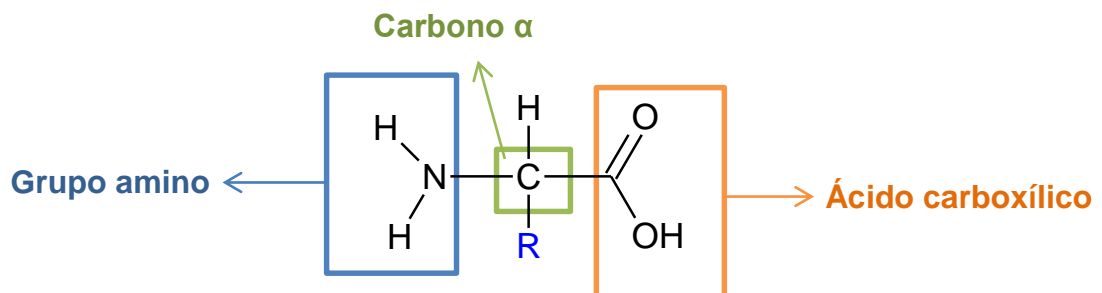
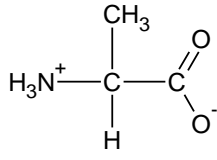
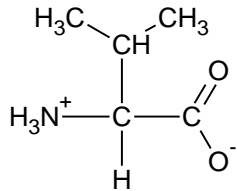
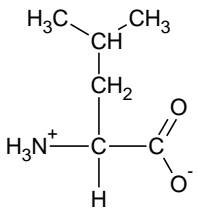
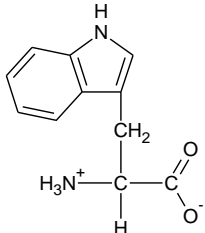
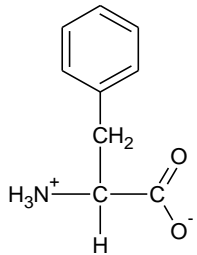
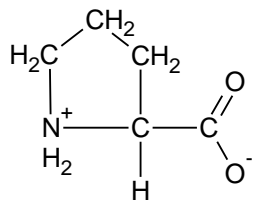
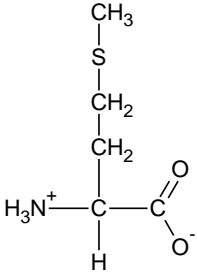
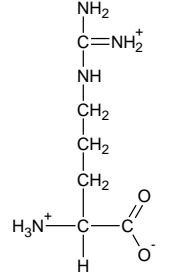
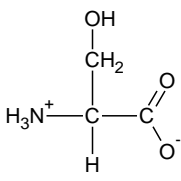
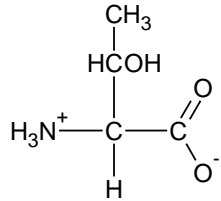
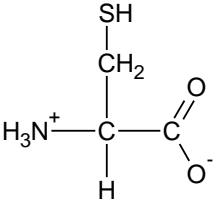
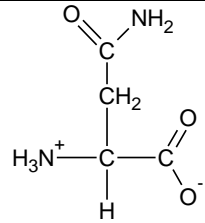
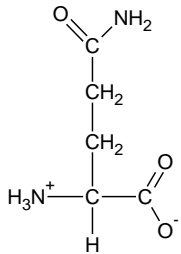
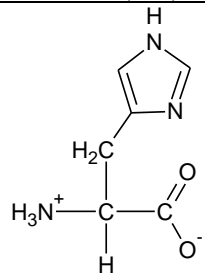
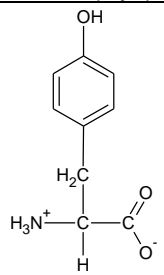
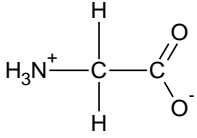


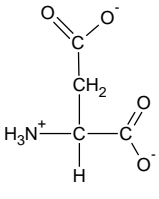
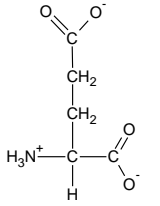
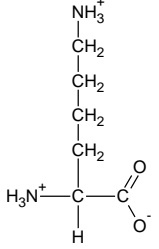
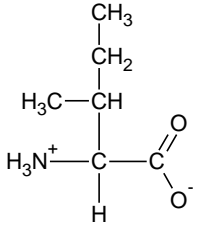
Figura 3-1. Estructura de los Aminoácidos

Todos los organismos utilizan los 20 aminoácidos denominados *comunes, estándar o normales* para constituir las moléculas de proteína (Horton et al., 2008). Como se puede evidenciar en la tabla 3-1, cada aminoácido presenta una cadena lateral R diferente, por lo cual se pueden clasificar según la polaridad y el comportamiento

químico. Adicional a esto, se tiene una tercera clasificación según el requerimiento nutricional.

Tabla 3-1 Estructura de los 20 aminoácidos proteicos (Mathews et al., 2013).

 <p>Alanina (Ala) A</p>	 <p>Valina (Val) V</p>	 <p>Leucina (LEU) L</p>	 <p>Triptófano (Trp) W</p>
 <p>Fenilalanina (Phe) F</p>	 <p>Prolina (Pro) P</p>	 <p>Metionina (Met) M</p>	 <p>Arginina (Arg) R</p>
 <p>Serina (Ser) S</p>	 <p>Treonina (Thr) T</p>	 <p>Cisteína (Cys) C</p>	 <p>Asparagina (Asn) N</p>
 <p>Glutamina (Gln) Q</p>	 <p>Histidina (His) H</p>	 <p>Tirosina (Tyr) Y</p>	 <p>Glicina (Gly) G</p>

 <p>Ácido aspártico (Asp) D</p>	 <p>Ácido glutámico (Glu) E</p>	 <p>Lisina (Lys) K</p>	 <p>Isoleucina (Ile) I</p>
--	--	---	---

De acuerdo con lo anterior, la clasificación de los aminoácidos propuesta por Branden (1999) tiene en cuenta la polaridad, por medio de la cual se categorizan en: aminoácidos cargados, aminoácidos polares o hidrofílicos y aminoácidos no polares o hidrofóbicos. La segunda clasificación mencionada anteriormente, se origina al analizar el comportamiento químico de la cadena lateral según lo propuesto por Horton et al (2008), en donde se categorizan según los siguientes criterios: Grupos R alifáticos, aromáticos, sulfurados, básicos, ácidos y sus amidas derivadas, cadenas laterales con grupo alcohol e iminoácidos. Por último, la tercera clasificación tiene en cuenta el requerimiento nutricional, en el cual se agrupan como aminoácidos esenciales y no esenciales. Los aminoácidos esenciales son aquellos que los seres humanos son incapaces de sintetizar, por lo cual se deben ingerir a través de la dieta, mientras que aquellos aminoácidos que el cuerpo si puede sintetizar se llaman aminoácidos no esenciales y no es necesario suministrarlos en la dieta.

A continuación se presenta la tabla 3-2 que agrupa la clasificación de los aminoácidos según los criterios antes mencionados.

Tabla 3-2 Clasificación de los aminoácidos proteicos

Clasificación	Criterio	Aminoácidos
Según la polaridad (Branden, 1999)	Aminoácidos cargados	Ácido aspártico (Asp), ácido glutámico (Glu), lisina (Lys), arginina (Arg).
	Aminoácidos polares o hidrofílicos	Serina (Ser), treonina (Thr), cisteína (Cys), asparagina (Asn), tirosina (Tyr), triptófano (Trp), glutamina (Gln), histidina (His).

	Aminoácidos no polares o hidrofóbicos	Alanina (Ala), valina (Val), leucina (Leu), isoleucina (Ile), fenilalanina (Phe), prolina (Pro), metionina (Met).
Según el comportamiento químico de la cadena lateral (Horton et al., 2008)	Grupos R alifáticos	Glicina (Gly), alanina (Ala), valina (Val), leucina (Leu), isoleucina (Ile).
	Grupos R aromáticos	Fenilalanina (Phe), tirosina (Tyr), triptófano (Trp).
	Grupos R sulfurados	Cisteína (Cys), metionina (Met).
	Cadenas laterales con grupos alcohol	Serina (Ser), treonina (Thr)
	Grupos R básicos	Histidina (His), lisina (Lys), arginina (Arg)
	Grupos R ácidos y sus amidas derivadas	Ácido aspártico (Asp), ácido glutámico (Glu), asparagina (Asn), glutamina (Gln)
	Iminoácido	Prolina (Pro)
Requerimiento nutricional (Berg et al., 2008)	Esenciales	Fenilalanina (Phe), leucina (Leu), isoleucina (Ile), lisina (Lys), metionina (Met), treonina (Thr), triptófano (Trp), valina (Val), histidina (His).
	No esenciales	Ácido aspártico (Asp), ácido glutámico (Glu), alanina (Ala), arginina (Arg), cisteína (Cys), glicina (Gly), prolina (Pro), serina (Ser), tirosina (Tyr), asparagina (Asn), glutamina (Gln).

3.2.2. Estructura de las proteínas

Con relación a la estructura de las proteínas, es posible distinguir cuatro niveles de organización: estructura primaria, secundaria, terciaria y cuaternaria (Laguna y Piña, 2002).

Estructura primaria

Se encuentra determinada por la secuencia y el análisis de los aminoácidos de la cadena polipeptídica, la cual determina los demás niveles estructurales y la función de la proteína (Laguna y Piña, 2002).



Figura 3-2. Representación de la estructura primaria de las proteínas

Fuente: OVA diseñado

La cadena polipeptídica presenta enlaces covalentes, principalmente enlaces peptídicos y puentes disulfuro que unen los aminoácidos (Nelson, 2009). En el caso de los enlaces peptídicos, los aminoácidos se unen para formar las proteínas mediante una reacción de condensación, en la cual se forma un enlace amida entre el grupo carboxilo de un aminoácido y el grupo amino de otro.

Los átomos que se encuentran alrededor del enlace peptídico pueden adquirir dos posibles configuraciones, *cis* y *trans*, debido a que el enlace $C_{CO}-N$ limita la rotación. La forma *trans* (figura 3-3) se encuentra en la mayoría de los enlaces peptídicos debido a que genera menos impedimentos estéricos con las otras cadenas laterales, o grupos R, de la proteína.

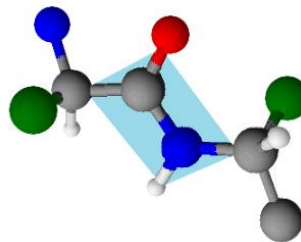


Figura 3-3. Enlace peptídico en configuración trans

Fuente: OVA diseñado

Estructura secundaria

El conocimiento sobre la estructura secundaria de una proteína fue propuesta por el químico Linus Pauling y sus colaboradores, quienes lograron determinar un pequeño número de conformaciones regulares que cumplían con los siguientes criterios: las longitudes y los ángulos de enlace no deben desviarse según los hallazgos obtenidos a partir de la difracción de rayos X; dos átomos no se pueden acercar a una distancia menor a la que permiten sus radios de van der Waals; el

grupo amida debe permanecer en la configuración *trans*, como se muestra en la figura 3-3; presenta algún tipo de enlace no covalente para estabilizar un plegado regular, el cual se da por el enlace de hidrógeno entre los protones de la amida y los oxígenos del grupo carbonilo (Mathews et al., 2013).

Las estructuras propuestas eran unas helicoidales conformadas por una sola cadena polipeptídica, denominadas hélice α ; y otras en forma de lámina formadas por cadenas adyacentes a las que llamaron hojas β (Mathews et al., 2013).

Las hélices α se presentan cuando los residuos de un grupo de aminoácidos generan una estructura helicoidal repetitiva, en la que se forma un puente de hidrógeno entre el hidrogeno unido al nitrógeno del aminoácido n y el oxígeno del carbonilo distanciado cuatro aminoácidos hacia el extremo ($n + 4$). Al generarse vueltas sucesivas se forma un conjunto de puentes de hidrógeno de forma casi paralela al eje de la hélice (Laguna y Piña, 2002).

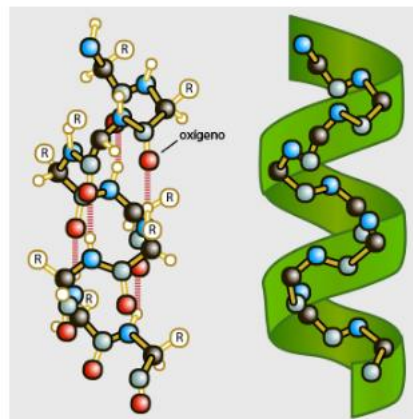


Figura 3-4. Estructura de la α -hélice

Fuente: OVA diseñado

El sentido de giro de una hélice se puede dar hacia la derecha, dextrógiro, o hacia la izquierda, levógiro; pero prácticamente todas las hélices α giran hacia la derecha debido a que el giro levógiro presenta impedimentos estéricos en el C_{β} con relación al siguiente giro de la hélice (Laguna y Piña, 2002).

Se pueden observar otros tipos de hélices menos comunes (figura 3-5), la hélice 3_{10} y la hélice π . La hélice 3_{10} es más delgada que la hélice α debido a que presenta

el puente de hidrógeno a una distancia de tres aminoácidos hacia el extremo ($n + 3$), mientras que la hélice π es más extendida porque el puente de hidrógeno se forma con el aminoácido hacia el extremo ($n + 5$) (Laguna y Piña, 2002).

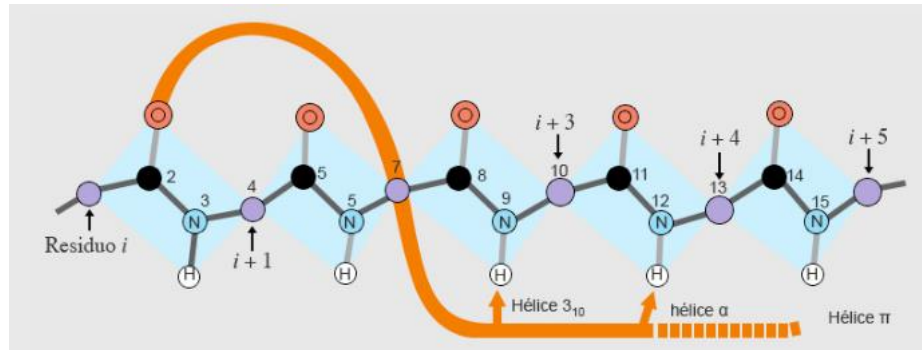


Figura 3-5. Estructura de la hélice 3_{10} y la hélice π
Fuente: OVA diseñado

Por otro lado, las hojas β también llamadas láminas β , están conformadas por dos o más cadenas polipeptídicas llamadas hebras β , las cuales se encuentran casi completamente extendidas y cuya distancia entre aminoácidos adyacentes es aproximadamente $3,5 \text{ \AA}$ a diferencia de la distancia en una hélice α que es de $1,5 \text{ \AA}$. La lámina β se origina al unir dos o más hebras β por medio de enlaces de hidrógeno entre el grupo NH y el grupo CO de un aminoácido de la cadena adyacente. Estas cadenas adyacentes pueden estar dirigidas en sentidos opuestos (figura 3-5), dando lugar a la lámina β antiparalela, o en el mismo sentido originando la lámina β paralela (Berg et al., 2008).

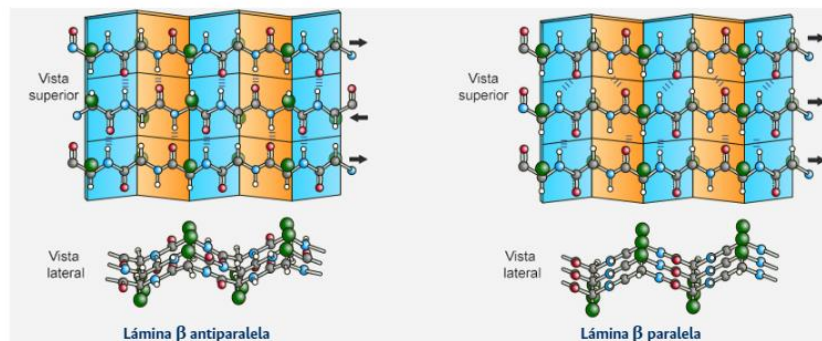


Figura 3-6. Láminas β antiparalela y paralela
Fuente: OVA diseñado

Estructura terciaria

El tercer nivel de organización tal y como se mencionó anteriormente corresponde a la estructura terciaria, la cual está determinada por la interrelación de los elementos de la estructura secundaria definidos en forma tridimensional, es decir, el arreglo de todos átomos en el espacio mediante interacciones no covalentes y/o puentes disulfuro entre las cadenas laterales de los residuos de aminoácidos, casi siempre hidrofóbicas (Horton et al., 2008).

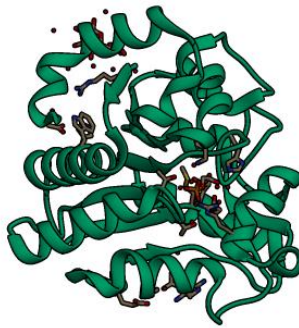


Figura 3-7. Estructura terciaria de una proteína

Fuente: PDB, código 5HJ5, cadena B

Al mencionar estos niveles superiores de estructura, se puede indicar una clasificación de las proteínas en dos principales grupos: **proteínas fibrosas**, que tienen forma filamentosa o alargada que están constituidas en su mayoría por un único tipo de estructura secundaria, y las **proteínas globulares** que presentan las cadenas polipeptídicas plegadas en formas globulares o esféricas, las cuales contienen varios tipos de estructura secundaria (Nelson, 2009). Dentro de este último tipo de molécula proteica, se encuentra un plegamiento local que forma alguna estructura secundaria, pero para que la estructura pueda ser globular, las regiones se deben plegar unas sobre otras, dando origen a la estructura terciaria, la cual le concede a la molécula la forma tridimensional total (Mathews et al., 2013).

Estructura cuaternaria

La organización estructural de muchas proteínas puede alcanzar un cuarto nivel, el cual corresponde a la estructura cuaternaria, ésta se encuentra determinada por el

número y orientación relativa de las subunidades, las cuales están formadas por la asociación no covalente de dos o más cadenas polipeptídicas. Estas proteínas se conocen como oligómeros, los más sencillos son dímeros formados por subunidades idénticas o diferentes, denominadas homodímeros o heterodímeros respectivamente. También existen trímeros, tetrámeros y complejos macromoleculares formados por decenas de subunidades (Laguna y Piña, 2002).

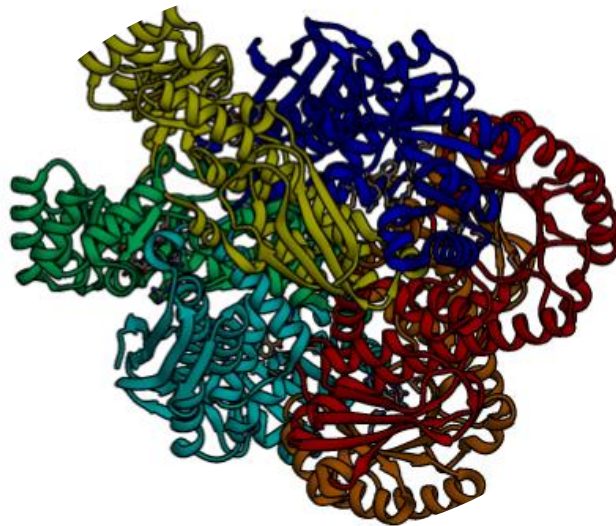


Figura 3-8. Estructura cuaternaria de una proteína
Fuente: PDB, código 5AYY, cadenas A, C, D, G, H, I.

4. Diseño metodológico

4.1 Tipo de Investigación

Este proyecto se enmarca dentro de la investigación correlacional, debido a que se busca determinar el grado de relación existente entre dos variables (Arias, 2006), en este caso la utilización de una unidad didáctica con base en un OVA como estrategia y la comprensión de los conceptos de estructura de proteínas por parte de los estudiantes de los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia.

4.2 Instrumento de recolección de información

Como herramienta para la recolección de información que permita dar cumplimiento a los objetivos planteados, en los cuales se propuso identificar los saberes previos de los estudiantes y realizar la validación preliminar de la estrategia didáctica, se utilizaron como fuentes primarias una encuesta y dos pruebas. La primera, buscó obtener información acerca de la formación que han recibido los estudiantes en el área de la Bioquímica, debido a que por tratarse de estudiantes universitarios a quienes se les aplicó dicha estrategia era muy probable que ya hubieran tomado algún curso anterior; las pruebas fueron utilizadas para recolectar la información de los saberes previos, denominado pre-test, y para realizar la validación de la implementación de la estrategia, mencionado como pos-test.

La información obtenida por medio de estas fuentes primarias, permitirán analizar más adelante la relación obtenida entre la implementación de la estrategia didáctica y la comprensión de los conceptos, todo esto comparado con los resultados

obtenidos del desarrollo de las clases de la forma en la que tradicionalmente se han venido desarrollando.

4.3 Población y Muestra

La implementación de la estrategia didáctica se realizó en la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. Para esto, se tomaron dos grupos: el primero, denominado *grupo control*, fue conformado inicialmente por 37 estudiantes del curso Principios de Bioquímica de la carrera de Biología; el segundo, que se denomina *grupo experimental*, formaron en su parte inicial 38 estudiantes del curso Bioquímica de las carreras de Química y Química Farmacéutica. Teniendo en cuenta que tan solo 23 estudiantes del grupo control y 20 del grupo experimental culminaron el proceso, obteniendo resultados tanto para el pre-test como para el pos-test, se tomarán como población a analizar.

4.4 Delimitación y Alcance

Con relación a la misión que tiene la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional de Colombia, en cuanto a formar profesionales y científicos de calidad, se busca por medio de este trabajo que los estudiantes puedan tener experiencias educativas que permitan mejorar la calidad y efectividad en los procesos de aprendizaje, implementando herramientas virtuales como lo es en este caso un Objeto Virtual de Aprendizaje.

5. Cronograma

En la tabla 5-1 se relaciona el cronograma de planificación de actividades llevada a cabo para el desarrollo del trabajo final.

Tabla 5-1 Planificación de actividades

FASE	OBJETIVOS	ACTIVIDADES
Fase 1: Fundamentación	Seleccionar los conceptos relacionados con la estructura de las proteínas y sus aspectos histórico-epistemológicos.	1.1. Revisión bibliográfica sobre los aspectos histórico-epistemológicos. 1.2. Revisión bibliográfica sobre los conceptos relacionados con la estructura de proteínas
Fase 2: Identificación	Identificar los saberes previos de los estudiantes sobre los conceptos seleccionados.	2.1. Diseño y construcción del pre-test para evaluación de los preconceptos.
Fase 3: Planificación	Definir los elementos y la estructura de la estrategia didáctica.	3.1. Planificación de la unidad didáctica y del OVA en el cual se basa, teniendo en cuenta algunas fases sugeridas por Borrero et al (2009) para el diseño de estos recursos virtuales. Figura 5-1.
Fase 4: Diseño	Desarrollar la estrategia didáctica.	4.1. Diseño de actividades que conforman la unidad didáctica. 4.2. Desarrollo de la fase de ingeniería del OVA en cuanto al desarrollo de contenidos, diseño gráfico y virtualización.
Fase 5: Intervención en el aula	Realizar la validación preliminar de la estrategia didáctica.	5.1. Aplicación del pre-test para evaluación de los preconceptos. 5.2. Implementación de la unidad didáctica propuesta. 5.3. Aplicación del pos-test para determinar el grado de relación existente entre la utilización de la estrategia y la comprensión de los conceptos de estructura de proteínas

Con relación a la fase 3 correspondiente a la planificación del OVA, se tuvo en cuenta las etapas sugeridas por Borrero et al (2009) para el diseño de estos recursos virtuales, tal y como se evidencia en el siguiente esquema:

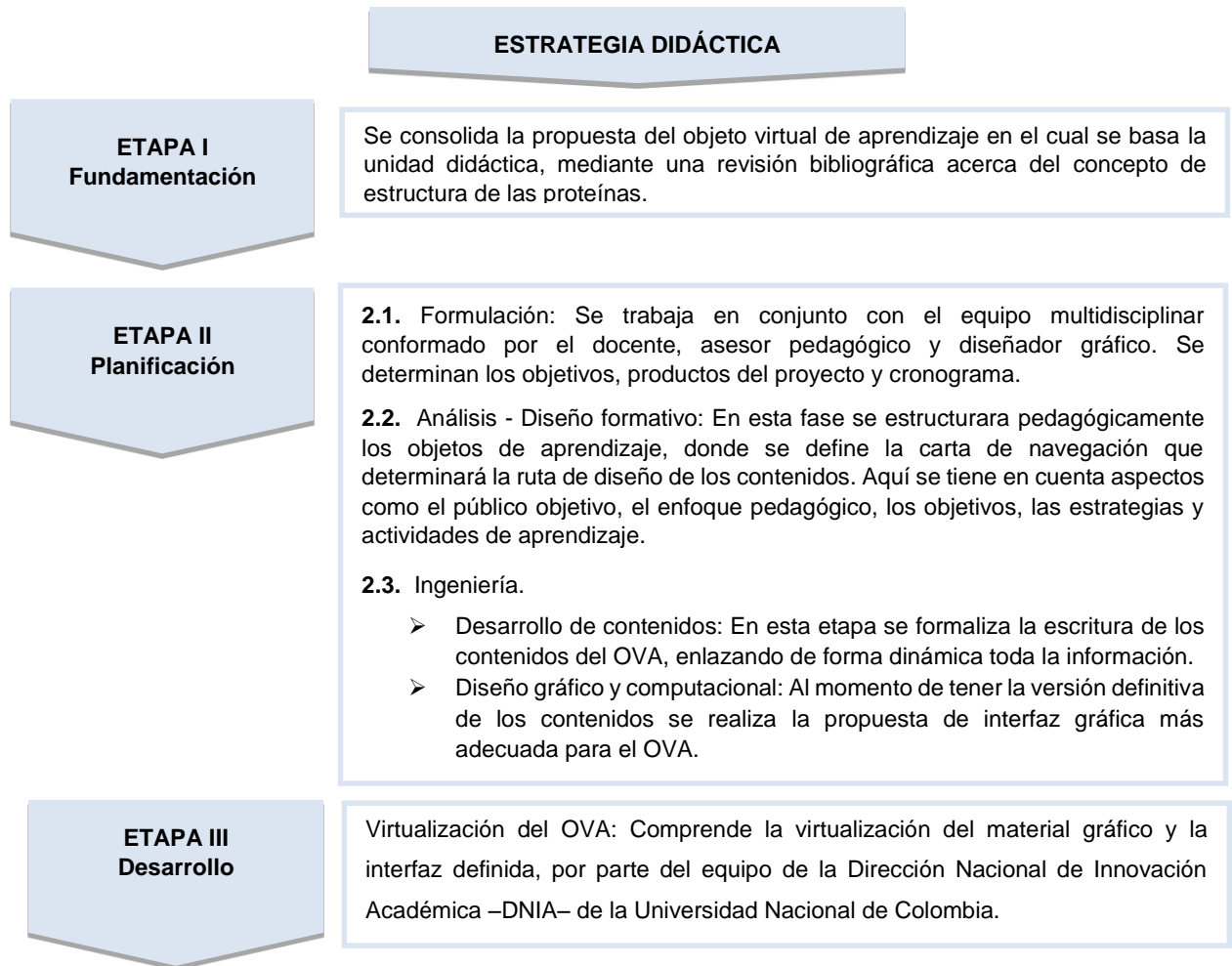


Figura 5-1 Etapas sugeridas por Borrero et al (2009) para el diseño de recursos virtuales

Teniendo en cuenta la planificación de actividades, se presenta a continuación el cronograma ejecutado para el desarrollo del trabajo, el tiempo se encuentra dividido en 16 semanas, las cuales corresponden al periodo comprendido entre la tercera semana del mes de junio de 2016 y la cuarta semana del mes de septiembre de 2016.

6. Resultados y Análisis de la Intervención

6.1 Fase 1: Fundamentación

Con este trabajo se buscó que los estudiantes de los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia pudieran utilizar en su proceso de aprendizaje herramientas virtuales, específicamente un Objeto Virtual de Aprendizaje, al cual pudieron acceder mediante la URL http://168.176.60.11/cursos/ciencias/mtria_ensenanza/proteinas/. Este recurso sirve como insumo no solo para los estudiantes que tomaron los cursos de bioquímica en el periodo 2016-III, sino al contrario, la validación de esta estrategia permitirá evaluar si puede ser incorporado en los cursos que se llevarán a cabo de ahora en adelante.

Por lo anterior, la revisión bibliográfica realizada permitió seleccionar los conceptos de aminoácidos, enlace peptídico, estructura y función de las proteínas y sus aspectos histórico-epistemológicos que servirían como material de trabajo para la fase de diseño que se menciona en el apartado 6.4 y a partir del cual que consolidaron los contenidos del OVA y de la unidad didáctica.

6.2 Fase 2: Identificación

Para la identificación de los saberes previos de los estudiantes con relación a los conceptos seleccionados en la fase de fundamentación, se diseñó un pre-test que al ser aplicado permitió evaluar los preconceptos que cada estudiante tenía sobre dichas temáticas. Esta prueba se puede encontrar en el anexo A del presente trabajo y sus resultados serán expuestos en el apartado 6.5 correspondiente a la

intervención en el aula, de tal manera que puedan ser comparados con los resultados del pos-test, obtenidos luego de la aplicación de la estrategia didáctica.

6.3 Fase 3: Planificación

La planificación del OVA en el cual se basa la unidad didáctica se realizó teniendo en cuenta algunas fases sugeridas por Borrero et al (2009) para el diseño de estos recursos virtuales, figura 5-1. Como resultado de en estas etapas se evidencian los siguientes aspectos:

- **Formulación de los objetivos:** Se plantearon los objetivos que el estudiante debe alcanzar con la implementación del OVA en su proceso de aprendizaje:
 - Identificar los conceptos fundamentales que se asocian a la formación de las proteínas.
 - Observar los diferentes niveles estructurales que tienen las proteínas y la importancia de cada uno de éstos.
 - Conocer las diferentes interacciones presentes en las proteínas y que son esenciales para ejercer su función.
- **Diseño de contenidos:** Se realizó el diseño de la carta de navegación de tal forma que la secuencia llevada en el recurso virtual permitiera adquirir los conocimientos necesarios para llegar a comprender la temática central, estructura de las proteínas. Lo anterior puede ser observado en el OVA diseñado, específicamente en el menú de navegación, opción mapa.
- **Público objetivo:** El Objeto Virtual de Aprendizaje se diseñó teniendo en cuenta la profundidad de las temáticas trabajadas en los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá.
- **Enfoque pedagógico:** El tipo de aprendizaje que se genera con este recurso virtual corresponde al enfoque constructivista.

- **Estrategias y actividades de aprendizaje:** Haciendo especial énfasis en que el propósito de la implementación del Objeto Virtual de Aprendizaje busca alcanzar un aprendizaje complementario al adquirido en el aula de clase de forma presencial a partir de la unidad didáctica diseñada en el apartado 6.4, se generaron actividades complementarias como ejercicios y lecturas de interés, las cuales permiten la participación activa de los estudiantes en su proceso, obteniendo la retroalimentación necesaria para que ellos conozcan su nivel de avance

6.4 Fase 4: Diseño

El diseño comprende el desarrollo de la fase de ingeniería propuesta en la tabla 5-1, esto con relación al desarrollo de contenidos, diseño gráfico y virtualización. Este proceso fue llevado a cabo por la docente con colaboración del equipo conformado por la asesora pedagógica y la diseñadora gráfica de la Dirección Nacional de Innovación Académica –DNIA– de la Universidad Nacional de Colombia

Producto de este proceso se obtiene el OVA que se encuentra en la URL http://168.176.60.11/lpv/proteinas_v1.4/, en donde se encuentra inicialmente la interfaz desarrollada junto con los paneles de navegación, figura 6-1, en los cuales el estudiante puede acceder a la información general del recurso: la bienvenida dirigida a los estudiantes de los cursos básicos de Bioquímica de la Facultad de Ciencias, la introducción al tema de proteínas, los objetivos que se quieren alcanzar con el recurso virtual, el mapa que indica los temas que se van a estudiar y por último los contenidos, los cuales incluyen la epistemología del concepto de proteína, lo relacionado con aminoácidos y enlace peptídico para comprender finalmente el concepto central del recurso virtual, las proteínas. Adicional a esto, en la navegación correspondiente a los contenidos, se encuentra el acceso a un laboratorio virtual, el cual no fue implementado en esta intervención pero se encuentra completamente estructurado.



Figura 6-1. Interfaz del OVA de Proteínas

La Unidad Didáctica planteada abordó las temáticas necesarias para comprender el concepto central, que en este caso se trató de las proteínas. Para esto se diseñaron las siguientes actividades:

Actividad 1. Determinación e interpretación del punto isoeléctrico pI en los aminoácidos.

Actividad 2. Identificación del enlace peptídico y diseño de péptidos.

Actividad 3. Secuenciación de estructura primaria.

Actividad 4. Exploración del OVA

Las actividades 1, 2 y 3 se diseñaron con relación al orden en el que se encuentran las temáticas en el OVA y corresponden a la manera como el docente desarrolló el proceso de enseñanza de la asignatura de Bioquímica, población que se tomó como grupo experimental.

Con relación a la actividad 4, que corresponde a la exploración del OVA, se aplicó como la herramienta que presta apoyo constantemente al trabajo llevado a cabo en clase. Es por esto que en el recurso virtual se plantearon actividades que complementan las mencionadas anteriormente en las cuales el estudiante puede asignar propiedades, resolver actividades de selección múltiple, resolver ejercicios llenando espacios en blanco, diseñar péptidos y tener lecturas de interés por cada temática trabajada.

Como se mencionó anteriormente, el OVA incluye en su navegación el acceso a un laboratorio virtual que no fue implementado en esta intervención pero se encuentra en proceso de desarrollo como parte de las recomendaciones sugeridas en el presente trabajo. Es por esto que el recurso se encontrará posteriormente en la sección de Innovaciones Académicas, específicamente en la RED de Maestría en Enseñanza de las Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad Nacional de Colombia en la URL <http://virtual.unal.edu.co/innovaciones/red-maestria-ciencias>.

6.5 Fase 5: Intervención en el aula

La implementación de la propuesta se realizó a dos grupos de Bioquímica de la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional de Colombia en la sede Bogotá, el primero corresponde al grupo experimental, conformado por 38 estudiantes de las carreras de Química y Química Farmacéutica; y el segundo, es el grupo control, conformado por 37 estudiantes de la carrera de Biología.

Como se mencionó en el diseño metodológico, sección 4.2, se realizó una encuesta que buscó obtener información acerca que la formación que han recibido los estudiantes en el área de la Bioquímica, esto debido a que por tratarse de estudiantes universitarios pudieron haber recibido algún curso del área antes del segundo semestre de 2016, tiempo en el cual se implementó la propuesta. Los resultados obtenidos se relacionan en la tabla 6-1:

Tabla 6-1 Resultados de la encuesta aplicada al grupo experimental y control

Grupo Experimental			Grupo Control		
¿Ha visto algún curso de Bioquímica?			¿Ha visto algún curso de Bioquímica?		
SI	NO	NO RESPONDE	SI	NO	NO RESPONDE
18	18	2	6	30	1
47.4%	47.4%	5.3%	16.2%	81.1%	2.7%

Como se puede evidenciar, los resultados presentados en la tabla 6-1 permiten observar que el grupo experimental tiene la misma cantidad de estudiantes que ya han tomado algún curso de Bioquímica con relación a aquellos que lo toman por

primera vez durante esta aplicación. El caso contrario se demuestra en el grupo control, donde se encuentra la mayor población que no ha recibido formación en esta área.

Posterior a la encuesta, se aplicó la prueba denominada pre-test que buscó indagar sobre los saberes previos que tenían los estudiantes sobre la temática antes de realizar la intervención, ésta se encuentra en el anexo 1. La prueba contenía 16 preguntas relacionadas con las temáticas necesarias para comprender el tema de estructura de proteínas, los cuales son: aminoácidos, péptidos y proteínas; dicha prueba estuvo conformada por preguntas abiertas y de selección múltiple que fueron aplicadas tanto al grupo experimental como al grupo control.

Posterior a esto, en el grupo experimental se implementó la estrategia que consistió en el desarrollo de una unidad didáctica basada en un Objeto Virtual de aprendizaje que se encuentra detallada en la sección 6.1. En cuanto al grupo control, se desarrollaron las mismas temáticas de la forma en la que tradicionalmente se han venido trabajando, mediante clases magistrales.

Una vez culminó la fase de intervención en el aula, se aplicó la prueba denominada pos-test, la cual contenía las mismas preguntas realizadas inicialmente. Cabe resaltar que los estudiantes no tenían conocimiento que la prueba que iban a responder al final de las temáticas era la misma que ya habían resuelto. La comparación de los resultados de las dos pruebas en cada uno de los grupos, experimental y control, puede indicar la relación existente entre la utilización de la estrategia y la comprensión de los conceptos de estructura de proteínas.

Como se mencionó antes, el grupo control inició la aplicación con 37 estudiantes, de los cuales tan solo 23 culminaron el proceso, obteniendo resultados tanto para el pre-test como para el pos-test. Lo mismo ocurrió con el grupo experimental, de los cuales 20 estudiantes terminaron el proceso de los 38 que iniciaron. Teniendo en cuenta lo anterior, se debe aclarar que de ahora en adelante se tomará como población a analizar a aquellos estudiantes que presentaron las dos pruebas.

A continuación se dan a conocer los resultados obtenidos tanto por el grupo control como por el grupo experimental para el pre-test y el pos-test, en donde se evidencian las notas obtenidas en cada prueba, cuya escala de calificación se da de 0 a 5.

Tabla 6-2 Resultados de las calificaciones obtenidas por el grupo control y el grupo experimental

Grupo Control			Grupo Experimental		
Estudiante	Pre-test	Pos-test	Estudiante	Pre-test	Pos-test
1	2,28	3,93	1	2,37	3,62
2	0,625	2,57	2	1,56	3,7
3	0,73	2,93	3	2,28	4,2
4	1,29	3,37	4	0,84	3,25
5	1,15	3,84	5	1,75	4,06
6	0,7	1,35	6	3,35	4,23
7	1,87	3,39	7	2,59	4,32
8	2,54	3,7	8	1,75	3,28
9	1,04	3,07	9	1,65	2,73
10	0,28	3,25	10	1,21	4,06
11	1	3,25	11	1,71	3,01
12	0,28	3,12	12	2,4	3,2
13	0,65	2,82	13	2,26	3,71
14	3,07	3,45	14	2,62	4,2
15	1,37	2,95	15	3,92	4,87
16	0,42	3,65	16	2,37	3,1
17	0,25	3,5	17	0,75	4,39
18	0,89	2,7	18	2,43	3,5
19	0,73	3,28	19	3,5	4,12
20	1,39	2,82	20	2,1	4,59
21	0,75	2,75	-	-	-
22	1,59	3,01	-	-	-
23	1,17	2,81	-	-	-

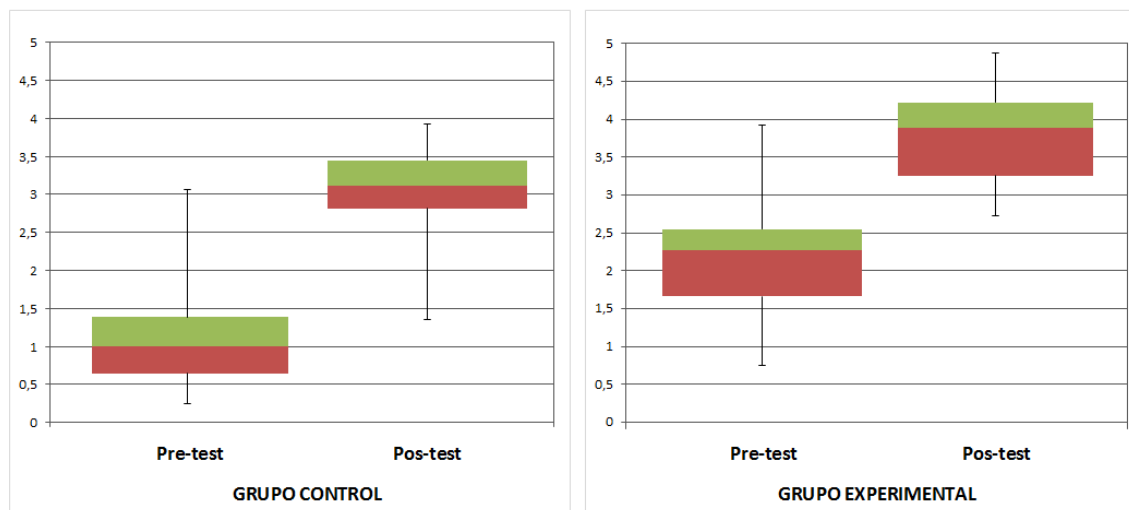


Figura 6-2 Diagrama de caja y bigotes para las calificaciones obtenidas por el grupo control y el grupo experimental

Con relación a la tabla 6-2 se construyó la figura 6-2, que corresponde a un diagrama de caja y bigotes. En el diagrama se puede observar que el color rojo corresponde a los valores situados en el cuartil 1, lo que hace referencia a aquellas notas que se encuentran por debajo de la mediana, mientras que el cuartil 3 indica aquellas notas que superan la mediana y se representan con el color verde.

Este diagrama inicialmente permite identificar por medio de los bigotes inferior y superior, que las notas del grupo control para el pre-test se encuentran en el rango comprendido entre 0.25 y 3.07, con una simetría en los cuartiles 1 y 3. Posterior a la intervención, se observa que el rango de notas disminuyó, quedando entre 1.35 y 3.93, permaneciendo la simetría en los cuartiles ya mencionados; adicional a esto, la mediana aumentó a 3.12 frente al 1.0 que se obtuvo inicialmente, lo que indica que el desempeño en la segunda prueba aumentó.

Continuando con el análisis de la figura 6-2, se puede observar el diagrama de caja y bigotes correspondiente a los resultados obtenidos por el grupo experimental, a quienes se les aplicó la unidad didáctica. En este diagrama se evidencia la dispersión de los datos tanto en el pre-test como en el pos-test. El rango de notas obtenido para el pos-test disminuyó con relación al pre-test y se observa que la mediana aumentó a 3.88 con relación al 2.27 que se tuvo inicialmente. Para este

caso, tanto en el pre-test como en el pos-test se tiene una mayor concentración de datos en cuartil 3, lo que indica que la mayor cantidad de estudiantes obtuvieron notas superiores a la mediana. En el caso del pos-test se evidencia un incremento en el desempeño de la prueba.

Ahora bien, ya que se ha analizado el desempeño de los dos grupos en las pruebas del pre-test y pos-test, se tendrá en cuenta las gráficas correspondientes al pos-test del grupo control y del grupo experimental para comparar los resultados obtenidos y determinar la relación existente entre la utilización de la estrategia y la comprensión de los conceptos de estructura de proteínas frente al desarrollo de las clases de la manera en la que tradicionalmente se ha venido enseñando, es decir, por medio de clases magistrales.

Con relación al diagrama de la figura 6-2, se comparan los resultados finales de los dos grupos. En cuanto a las notas obtenidas, se evidencia que la mediana del grupo experimental, la cual equivale a la nota 3.88 es superior a la del grupo control, que fue 3.12. Igualmente se compara que las notas alcanzadas por el grupo experimental son más altas, pues el límite del bigote superior indica que la nota mayor fue 4.87 frente al 3.93 logrado por el grupo control.

Complementando esta información, es posible analizar que la concentración de las notas en el grupo control se encuentran distribuidas simétricamente, comparadas con las del grupo experimental en la cual se resalta la concentración de datos en el cuartil 3, es decir, hay más estudiantes cuyas notas superan la mediana.

Es necesario aclarar que el grupo control tuvo una mejoría notable en los resultados obtenidos en el pos-test, sin embargo en el grupo experimental se puede analizar que es una buena herramienta de aprendizaje para los estudiantes que tomaron por primera vez el curso y para afianzar los conocimientos de aquellos que ya lo habían tomado anteriormente, todo esto con base en las notas registradas en la tabla 6-2.

Lo anterior evidencia que el grupo experimental tuvo un buen desempeño en la prueba realizada para determinar la comprensión de las temáticas, esto permite

establecer como respuesta al quinto objetivo del trabajo final que si existe una relación entre la utilización de la unidad didáctica con base en un OVA y la comprensión de los conceptos, debido a que permitió mejorar el desempeño en la prueba.

Continuando con la exploración de los resultados de las pruebas del pre y pos-test, debido a que hasta el momento solo se tiene el análisis general de las notas obtenidas, es necesario realizar el estudio de las calificaciones alcanzadas para cada una de las preguntas que hacían parte del examen. Como se mencionó anteriormente, la prueba contenía 16 preguntas, cada una calificada en la escala de 0 a 1, dando lugar a la tabla 6-3.

Dicha tabla resume las calificaciones obtenidas para cada pregunta, indicando solo el valor de la media aritmética (\bar{X}) y la desviación estándar (σ) como medida de dispersión.

Tabla 6-3 Resultados de las calificaciones obtenidas por el grupo experimental y el grupo control para cada pregunta del pre-test y pos-test

		Pregunta																
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	
Grupo Control	Pre-test	\bar{X}	0.08	0.68	0.05	0.48	0.22	0.09	0.09	0.26	0.37	0.59	0	0.03	0.17	0.12	0.22	0.20
		σ	0.16	0.28	0.13	0.51	0.42	0.29	0.29	0.45	0.40	0.29	0	0.17	0.36	0.25	0.42	0.27
	Pos-test	\bar{X}	0.30	0.96	0.20	1.0	1.0	0.57	0.15	0.85	0.63	0.83	0.15	0.75	0.88	0.63	0.61	0.44
		σ	0.30	0.10	0.21	0.0	0.0	0.48	0.35	0.35	0.35	0.23	0.35	0.37	0.30	0.27	0.50	0.24
Grupo Experimental	Pre-test	\bar{X}	0.09	0.93	0.15	0.85	0.60	0.75	0.35	0.45	0.65	0.66	0.05	0.47	0.25	0.26	0.25	0.21
		σ	0.19	0.20	0.23	0.37	0.50	0.44	0.49	0.51	0.33	0.27	0.22	0.49	0.41	0.33	0.44	0.20
	Pos-test	\bar{X}	0.55	0.98	0.52	1.0	1.0	1.0	0.95	0.63	0.90	0.87	0.45	0.50	0.75	0.79	0.80	0.53
		σ	0.34	0.09	0.25	0.0	0.0	0.0	0.22	0.48	0.21	0.15	0.46	0.51	0.36	0.23	0.41	0.28

De la tabla 6-3 se van a analizar los resultados obtenidos para la prueba correspondiente al pos-test de los grupos control y experimental, de tal manera que

se puedan indicar las preguntas que le generaron mayor dificultad a los estudiantes y en las cuales los resultados obtenidos fueron bajos.

Teniendo en cuenta la información suministrada en la tabla 6-3, se puede evidenciar que para los dos grupos los resultados más bajos se obtuvieron en las preguntas 1, 3, 11, 12 y 16, las cuales correspondieron a lo relacionado con el desarrollo epistemológico del concepto de proteína, la clasificación de los aminoácidos según la polaridad y el comportamiento químico, la representación de los isómeros Cis y Trans de un péptido, la representación de los puentes de hidrógeno y el reconocimiento de las funciones que cumplen las proteínas.

Si bien los dos grupos presentaron bajos resultados en estas preguntas, se puede observar que la media obtenida en cada una es superior en el grupo experimental, lo que indica que la implementación de la estrategia didáctica contribuyó de alguna manera en la comprensión de las temáticas pero se requiere el diseño de nuevas actividades que permitan superar estas dificultades de aprendizaje.

En cuanto al grupo control, se resalta la dificultad que se presentó al contestar las preguntas 6 y 7, que correspondieron a la determinación del punto isoeléctrico de dos aminoácidos, uno con 2 valores de pK_a y el otro con 3 valores, mientras que el grupo experimental obtuvo altos resultados con una baja dispersión en los datos

Por último, con relación al grupo experimental, adicional a las preguntas ya mencionadas, se obtuvo bajo rendimiento en la pregunta número 8, que correspondía a la representación de los puentes de hidrógeno en las cadenas polipeptídicas, para lo cual surge la primera recomendación del presente trabajo, de tal manera que haciendo uso de otras herramientas virtuales, los estudiantes puedan reconocer los arreglos espaciales que permiten que estas cadenas adquieran las posibles conformaciones α o β , correspondientes a la estructura secundaria de la proteína.

7. Conclusiones y Recomendaciones

7.1 Conclusiones

Se elaboró una unidad didáctica basada en un Objeto Virtual de Aprendizaje a partir de la revisión bibliográfica, la cual permitió seleccionar los conceptos relacionados con la estructura de las proteínas y sus aspectos histórico-epistemológicos, de tal manera que se logró obtener el componente teórico adecuado para los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, el cual se empleó como material de trabajo para la fase de diseño

La fase de identificación permitió conocer los preconceptos que tienen los estudiantes al iniciar los cursos de Bioquímica. De esta manera se pudo orientar en la fase de planificación todo lo relacionado con la estrategia didáctica elaborada, de tal manera que se tuvieron en cuenta las temáticas relacionadas con aminoácidos, enlace peptídico, estructura y función de las proteínas, para que el estudiante finalmente pudiera adquirir los fundamentos teóricos que le permitieron comprender lo relacionado con la estructura de las proteínas.

El diseño del Objeto Virtual de Aprendizaje del concepto de proteína permitió fortalecer las temáticas de aminoácidos, enlace peptídico, estructura y función de las proteínas, de tal manera que se lograron superar algunas dificultades de aprendizaje que presentaban los estudiantes de los cursos básicos de Bioquímica de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

La validación de la estrategia permitió establecer que existe una relación entre su utilización y la comprensión de los conceptos, pues los estudiantes que la trabajaron presentaron mayor desempeño en las pruebas diseñadas, esto con relación al grupo control que trabajó las temáticas por medio de clases magistrales, que aunque tuvieron buenos resultados, es notorio que el grupo experimental obtuvo mejores calificaciones.

Se reconoce la necesidad de implementar otra herramienta virtual que complemente la unidad didáctica planteada, de tal manera que se pueda superar la dificultad de la identificar y representar los puentes de hidrógeno en las cadenas polipeptídicas. Por este motivo se estructuró en el OVA diseñado un acceso a un laboratorio virtual que permite la modelación de estructuras y la identificación de estas interacciones.

7.2 Recomendaciones

Teniendo en cuenta que el OVA tiene acceso a un laboratorio virtual, el cual no fue aplicado en esta intervención, se recomienda continuar con su desarrollo para ser implementado en primera instancia en dos dimensiones mediante la modelación en programas tales como UCSF Chimera y posteriormente en 3 dimensiones haciendo uso de la realidad virtual. Esto puede ser posible debido a que este proyecto se encuentra financiado por la Universidad Nacional de Colombia por medio de la convocatoria de investigación sobre innovación pedagógica sede Bogotá 2015, mediante la tipología de proyectos 2010100 investigación básica y código 32626

Adicionalmente, se recomienda realizar la validación luego de implementar el laboratorio virtual, donde se evalúe la pertinencia de su aplicación. Para esto, se propone tomar tres grupos experimentales y un grupo control, donde el primero tenga tanto el laboratorio virtual como el OVA, el siguiente trabaje solo con el laboratorio virtual, el otro solo maneje el OVA y el último desarrolle las temáticas por medio de clases magistrales. De esta manera se pueden obtener mayor

cantidad de datos que podrán ser analizados para evaluar la herramienta virtual y determinar si permite mejorar el proceso de enseñanza-aprendizaje para esta temática. Se debe aclarar que el grupo control no puede hacer uso de las herramientas virtuales durante el proceso de evaluación de la estrategia, pero una vez terminado sí tendrá la posibilidad de utilizarlas antes de culminar el curso, de tal manera que las puedan tener como refuerzo de las temáticas vistas.

Referencias

- Alquati, C; Valentini, C. y Rech, K. (2015) Teacher education for inclusion: Can a virtual learning object help?, *Computers & Education*, 85, pp. 203-210.
- Arias, F. (2006). *El proyecto de investigación*. 5th ed. Caracas: Episteme.
- Asimov, I. (2003). *Breve historia de la química*. Madrid: Alianza Editorial.
- Berg, J., Tymoczko, J., y Stryer, L. (2008). *Bioquímica* (6th ed.). Barcelona: Editorial Reverté, S.A. pp. 36.
- Bernabeu, J., Sanz, J., Wanden-Berghe, C., Castiel, L., Landaeta, M., y Anderson, H. (2008). *Investigación e Innovación Tecnológica en la Ciencia de la nutrición*. Alicante: Editorial Club Universitario.
- Borrero, M., Cruz, E., Mayorga, S., y Ramírez, K. (2009). Una metodología para el diseño de objetos de aprendizaje. La experiencia de la Dirección de Nuevas Tecnologías y Educación Virtual, Dintev, de la Universidad del Valle. En: *Objetos de aprendizaje: prácticas y perspectivas educativas*. Santiago de Cali: Pontificia Universidad Javeriana, pp. 37-59
- Branden, C. I. (1999). *Introduction to protein structure*. 2nd ed. New York: Garland.
- Brihuega, D. A. (2011). *Jerarquía estructural de las proteínas*. San Vicente [del Raspeig], Alicante: Club Universitario.
- Del Moral, M. y Cernea, D. (2005). Diseñando Objetos de Aprendizaje como facilitadores de la construcción del conocimiento. Disponible en <http://www.uoc.edu/symposia/spdece05/pdf/ID16.pdf>

- Facultad de Ciencias (2014). Facultad de Ciencias Universidad Nacional de Colombia. Recuperado 20 de marzo de 2016, disponible en <http://ciencias.bogota.unal.edu.co/>
- Hernández, S. (2008). El modelo constructivista con las nuevas tecnologías: aplicado en el proceso de aprendizaje. *Revista de Universidad y Sociedad del Conocimiento*, 5(2), 26-35.
- Horton, H., Moran, L., Scrimgeour, K., Perry, M., & Rawn, D. (2008). *Principios de Bioquímica*. 4th ed. México: Pearson Educación.
- Laguna, J., Piña, E. (2002). *Bioquímica de Laguna*. México, D.F.: Editorial El Manual Moderno. pp. 87-134
- Martínez, J. (1987). Un enfoque constructivista para el desarrollo del currículo en ciencias. *II Congreso Internacional sobre Investigación en la Didáctica de las Ciencias y las Matemática* (pp. 109-1020). Valencia. Disponible en <http://www.raco.cat/index.php/ensenanza/article/viewFile/51075/92742>
- Mathews, C., Van Holde, K., Appling, D. & Anthony-Cahill, S. (2013). *Bioquímica*. 4th ed. Madrid: PEARSON EDUCACIÓN.
- Melo, V., y Cuamatzi, O. (2007). *Bioquímica de los procesos metabólicos* (2nd ed.). Barcelona: Editorial Reverté, S.A.
- Ministerio de Educación Nacional. (2012). Recursos Educativos Digitales Abiertos. Bogotá D.C., Colombia.
- Nelson, D. & Cox, M. (2009). *Principios de Bioquímica*. 5th ed. Barcelona: Omega.
- Ray, S; Koshy, N; Reddy, P. y Srivastav, S. (2012). Virtual labs in proteomics: new E-learning tools, *Journal of Proteomics*, 75, pp. 2515-2525.
- Salinas, J. (2004). Innovación docente y uso de las TIC en la enseñanza universitaria, *Revista Universidad y Sociedad Del Conocimiento*, 1(1), pp. 1-16.

Valpuesta, J. (2011). Relaciones históricas entre la química, la bioquímica y la biología molecular. *Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular*, 169, 7-10.

A. Anexo: Pre-test y Post-test

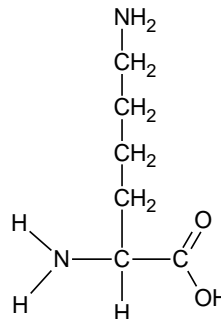
NOMBRE: _____ GRUPO: _____

1. Relacione los autores mencionados en la columna A con los aportes realizados por cada uno de ellos en la columna B.

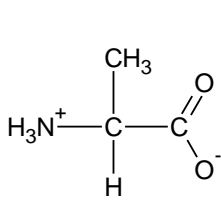
A	B
Jöns Jakob Berzelius	Sugirió que la cadena polipeptídica se encontraba plegada en forma de α -hélice
Hermann Emil Fischer	Determino la primera estructura primaria de una proteína
Frederick Sanger	Determinó la formación de un enlace peptídico
Linus Carl Pauling	Fue el primero en utilizar el término <i>proteína</i>

2. En la estructura del aminoácido Lisina identifique:

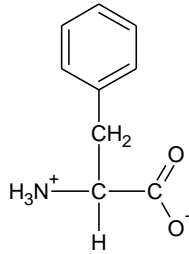
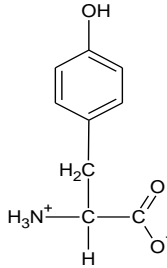
- a. El grupo amino
- b. El grupo carboxilo
- c. La cadena lateral
- d. El carbono alfa ($C\alpha$)



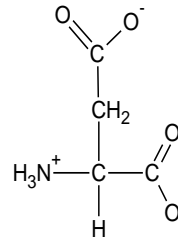
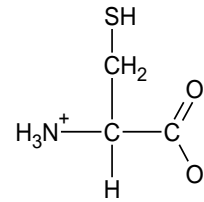
3. Clasificar los siguientes aminoácidos según su polaridad y según su comportamiento químico.



Alanina (Ala) A

Fenilalanina
(Phe) F

Tirosina (Tyr) Y

Ácido aspártico
(Asp) D

Cisteína (Cys) C

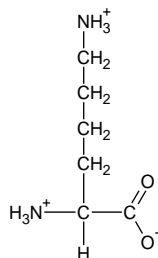
Clasificación según polaridad

Clasificación según comportamiento químico

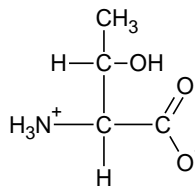
4. El Triptófano es un ejemplo de aminoácido esencial porque:

- El ser humano es incapaz de sintetizarlo
- Está en todos los alimentos
- No es necesario suministrarlo en la dieta
- El cuerpo lo puede sintetizar

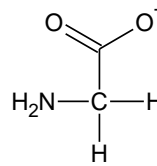
5. Identifique cuál de las siguientes estructuras de aminoácidos es un Zwitterion



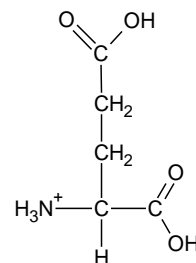
a.



b.

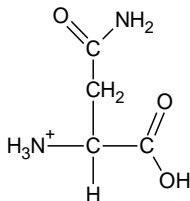


c.

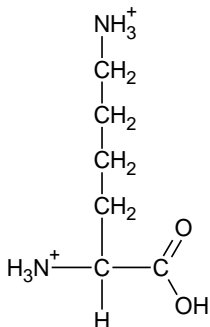


d.

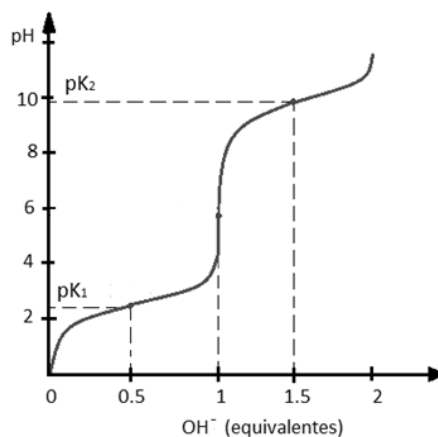
6. Indique el valor aproximado del punto isoeléctrico (pI) del aminoácido Asparagina, teniendo en cuenta que el valor de pK_a del grupo COOH es 2.0 y el pK_a del grupo NH_3^+ es 8.8. Realice el procedimiento.



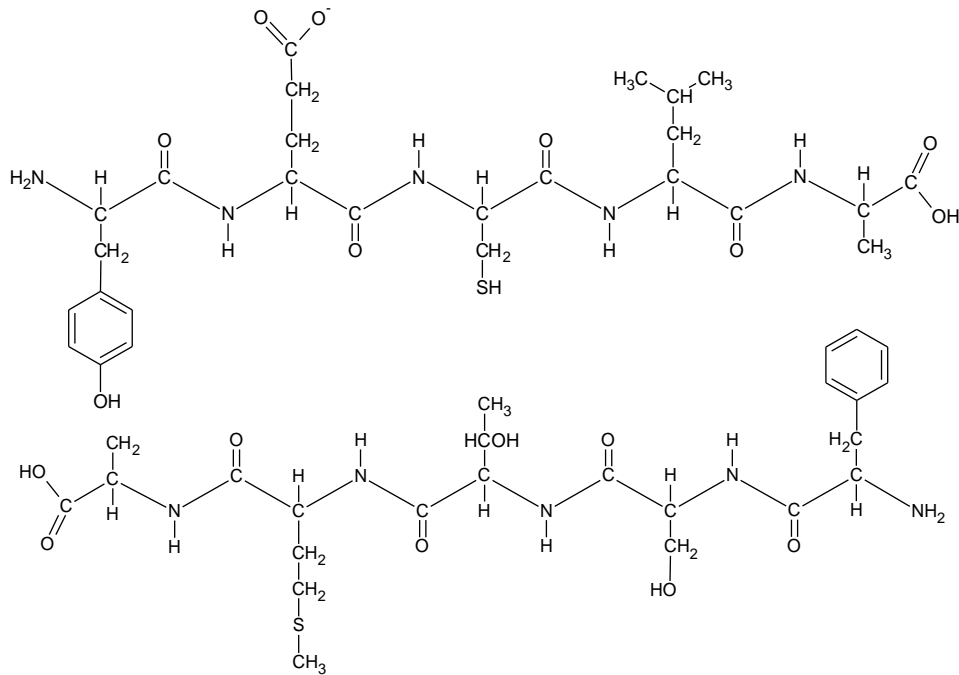
7. Determine el valor aproximado del pI del aminoácido Lisina, teniendo en cuenta que el valor de pK_a del grupo COOH es 2.2, el pK_a del grupo NH_3^+ es 9.0 y el pK_a de la cadena lateral (R) es 10.0. Realice el procedimiento.



8. A continuación se presenta la curva de titulación del aminoácido glicina con una base fuerte (NaOH), en ella indique dónde no se cumple la condición en la cual el aminoácido es un buen buffer biológico.

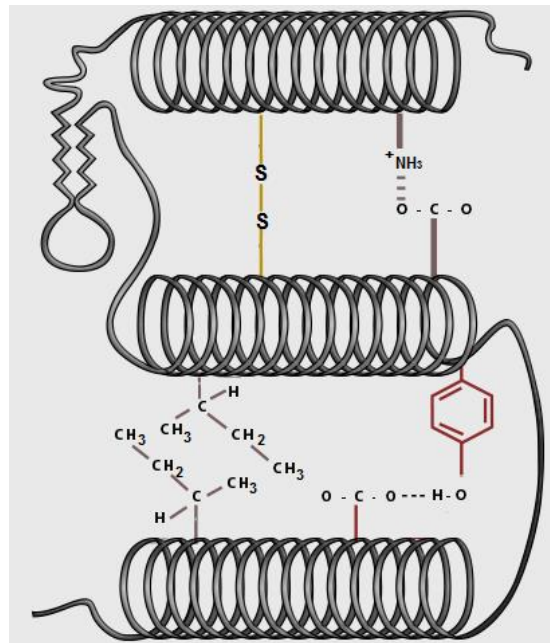


9. Los aminoácidos se unen para formar las proteínas mediante una reacción de condensación, en la cual se forma un enlace tipo amida denominado *enlace*



13. Realice una representación de una α -hélice y una hoja β

14. El siguiente esquema representa la estructura terciaria de una proteína. Señale cada una de las interacciones que dan origen a este tipo de estructura e indique de cual se trata.



- 15.** La estructura cuaternaria de las proteínas se caracteriza por:
- a.** Tener cofactores orgánicos en una cadena polipeptídica
 - b.** No poseer estructura terciaria
 - c.** Tener dos o más cadenas polipeptídicas y grupos adicionales
 - d.** Formarse únicamente por enlaces covalentes entre cadenas polipeptídicas

16. Mencione 5 funciones que cumplen las proteínas en los seres vivos

1. _____
2. _____
3. _____
4. _____
5. _____