

# MEMORIA DESCRIPTIVA DE ACCIONES DE INNOVACIÓN DOCENTE UNIVERSIDAD DE GRANADA

## DATOS IDENTIFICATIVOS

**Título de la acción** Fomento del autoaprendizaje de alumnos de Genética a través de la utilización de recursos informáticos didácticos.

**Resumen de la acción** En proyectos anteriores hemos desarrollado diversos recursos para los alumnos en páginas web de diferentes grupos y diferentes asignaturas. Cada profesor participante se hizo cargo de la elaboración de los contenidos para las asignaturas de las que era responsable. Se incluyeron además servicios externos a la Universidad, como alojamiento de foros y listas de mensajería. En este proyecto hemos reunificado toda esta información y recursos bajo una plataforma común. Para ello hemos la plataforma Moodle, de libre distribución, que permite no sólo albergar bajo una estructura y apariencia común todos recursos que hemos desarrollado sino también hacer uso de las utilidades y herramientas que proporciona esta plataforma de enseñanza virtual. Asimismo, implementamos un sistema de autoevaluación en el que los alumnos pueden, a través de la web, autoevaluarse sobre cualquiera de las materias que deseen. Este programa ya ha sido probado en algún grupo de alumnos, y algunas asignaturas, pero pretendemos su implantación total en las materias que imparten los profesores implicados en la elaboración del presente proyecto. Como todo programa informático, una vez implementado y tras un uso inicial de prueba, puede necesitar reajustes y retoques en el código con objeto de mejorar su eficiencia, solucionar errores y adaptarlo al uso que se hace de él. Este proceso puede ser tanto o más laborioso que el propio desarrollo del programa máxime cuando se pretende adaptarlo para un uso por parte de miles de potenciales usuarios. Además, hemos desarrollado un programa para la realización de cruzamientos virtuales en las prácticas de Genética Cuantitativa, que los alumnos han podido utilizar tanto de forma presencial como en remoto. En este proyecto pretendemos ampliar las capacidades de este programa para que puedan realizarse todo tipo de cruzamientos virtuales con diferentes caracteres, adaptándolo a las necesidades prácticas de otras asignaturas del Departamento, al incluir también cuestiones sobre Genética Mendeliana, Genética Humana, etc.

**Componentes del grupo :**

	<b>Nombre y apellidos</b>	<b>Área de conocimiento</b>	<b>Departamento</b>
<b>Coordinador</b>	Burgos Poyatos, Miguel	Genética	Genética
<b>Componentes</b>	Cabrero Hurtado, Josefa	Genética	Genética
	Garrido Ramos, Manuel Angel	Genética	Genética
	de la Herran Moreno, Roberto	Genética	Genética
	Jiménez Medina, Rafael	Genética	Genética
	López León, María Dolores	Genética	Genética
	Martín Alganza, Angel	Genética	Genética
	Martínez Camacho, Juan Pedro	Genética	Genética
	Perfectti Álvarez, Francisco	Genética	Genética
	Ruiz Rejón, Carmelo	Genética	Genética
	Viseras Alarcón, Esther	Genética	Genética
	Zurita Martínez, Federico	Genética	Genética

**Ámbito de actuación de la acción :**Área de conocimiento Departamento Titulación Centro **Asignaturas afectadas :**

<b>Nombre de la asignatura</b>	<b>Área de Conocimiento</b>	<b>Titulación/es</b>
Genética	Genética	Ldo. Biología
Genética Humana	Genética	Ldo. Biología
Genética de Poblaciones y Evolución	Genética	Ldo. Biología
Citogenética	Genética	Ldo. Biología
Fundamentos de Biología Aplicada I	Genética	Ldo. Biología
Mejora	Genética	Ldo. Ciencia y Tecnología de los Alimentos
Genética y Sociedad	Genética	Libre configuración

# MEMORIA DE LA ACCIÓN

- La Memoria debe contener un mínimo de 10 páginas y un máximo de 15 páginas y debe contener los apartados señalados. Escriba el texto dentro de los recuadros correspondientes.
- En el caso de que durante el desarrollo de la acción se hubieran producido documentos o material dignos de reseñar (CD, páginas web, revistas, vídeos, etc.) se aconseja incluir como anexo una copia de buena calidad de los mismos a efectos de evaluación.

## 1. Introducción (Justificación del trabajo, contexto, experiencias previas...)

Ante la implantación del Espacio Europeo de Educación Superior la metodología de la impartición de la docencia debe cambiarse radicalmente. Las aulas masificadas, con alumnos anónimos a los que solo se conoce por sus nombres escritos en las hojas de exámenes debe dar paso a una atención más personalizada y adaptada a las necesidades de cada uno de ellos. La correcta implantación de un sistema de educación basado en estos principios necesitaría que cada profesor tutelara la educación de un grupo relativamente reducido de alumnos que puede quedar fuera de las posibilidades reales de nuestra Universidad. Sin embargo, la utilización de las nuevas tecnologías, la disponibilidad masiva por parte del alumnado de ordenadores personales y de acceso a Internet permite que el profesor pueda atender de una forma mas personalizada a un número bastante mayor de alumnos proporcionando así una enseñanza y un aprendizaje de mayor calidad y mas personalizado con un mejor aprovechamiento de los recursos docentes, económicos y humanos y haciendo que la inversión tanto económica, como en tiempo y esfuerzo de aprendizaje tanto del profesorado como de los alumnos se rentabilice a corto plazo.

Sin embargo, uno de los principales problemas de la utilización intensiva de recursos informáticos con estos fines, a los que tienen que acceder un gran número de personas de forma remota, es el mantenimiento de niveles aceptables de seguridad y rapidez en los servicios prestados. No solo en cuanto a seguridad de acceso remoto a los recursos, sino también de seguridad en la información contenida en ellos.

En un proyecto de innovación anterior se desarrolló una aplicación informática para que los alumnos pudiesen autoevaluar sus conocimientos mediante la generación automática de exámenes con preguntas de opción múltiple cuyas respuestas eran corregidas de forma automática. El acceso a esta aplicación a través de un interfaz web facilitaba su acceso remoto a los alumnos. Se desarrolló asimismo otra aplicación que permitía simular experimentos relacionados con la genética cuantitativa, con un programa ejecutable bajo el sistema operativo linux, y un interfaz gráfico basado en las librerías GTK. Con esta aplicación se realizaron sesiones prácticas en un aula LTSP que el Departamento de Genética tenía en una de sus dependencias, y que contaba con un ordenador de sobremesa como servidor que servía al aula y que prestaba los servicios web que permitían el acceso remoto a la aplicación de autoevaluación. Se desarrollaron asimismo páginas web de las distintas asignaturas, amantenidas por los respectivos profesores.

## 2. Objetivos (Concretar qué se pretendió con la experiencia)

Aunque como primera aproximación este sistema se estuvo empleando con éxito durante varios años, nos propusimos en éste proyecto, cuya memoria aquí presentamos, alojar los servicios en un servidor con mejores características e implementar un sistema de seguridad que garantizase un acceso correcto al sistema así como la seguridad requerida en los datos contenidos en él, además

de realizar algunas mejoras en las aplicaciones mencionadas. Por tanto los objetivos que nos propusimos fueron los siguientes:

- Hardware y servicios
  - a) instalación de un servidor que aloje los servicios de docencia del Departamento de Genética
  - b) implementar medida de seguridad de acceso
  - c) implementar medidas de seguridad de los datos
- Contenidos docentes
  - a) traslado de los contenidos previos a una plataforma común para todas las asignaturas del Departamento
  - b) mejora de las aplicaciones informáticas desarrolladas para la docencia.

### 3. Descripción de la experiencia (Exponer con suficiente detalle lo realizado en la experiencia)

## Hardware y servicios

### Hardware

Se han adquirido cuatro servidores HP 1U Intel(R) Xeon(TM) CPU 3.20GHz, con 1GB de RAM y disco duro de 80GB, colocados en un rack junto con cuatro SAI y un Switch. con este hardware se han probado dos configuraciones diferentes que se describen a continuación:

#### Configuración 1

Nombramos a los cuatro servidores como: host1, host2, host3 y host4.

host1 dispone de dos tarjetas ethernet, una de ellas, la interfaz externa, conectada a la red de la Universidad, y la otra a una red interna donde se encuentran el resto de servidores. En host1 se instaló el cortafuegos Shorewall (<http://www.shorewall.net/>) basado en IPTABLES, que se configuró para abrir únicamente los puertos 80 para servir las páginas web, y 22 para acceso remoto por ssh. No obstante, como veremos a continuación, esta máquina no era la que prestaba ninguno de estos servicios de cara al exterior, de manera que no es posible acceder a ella desde Internet. A la interfaz interna se le asignó la dirección IP 192.168.0.1

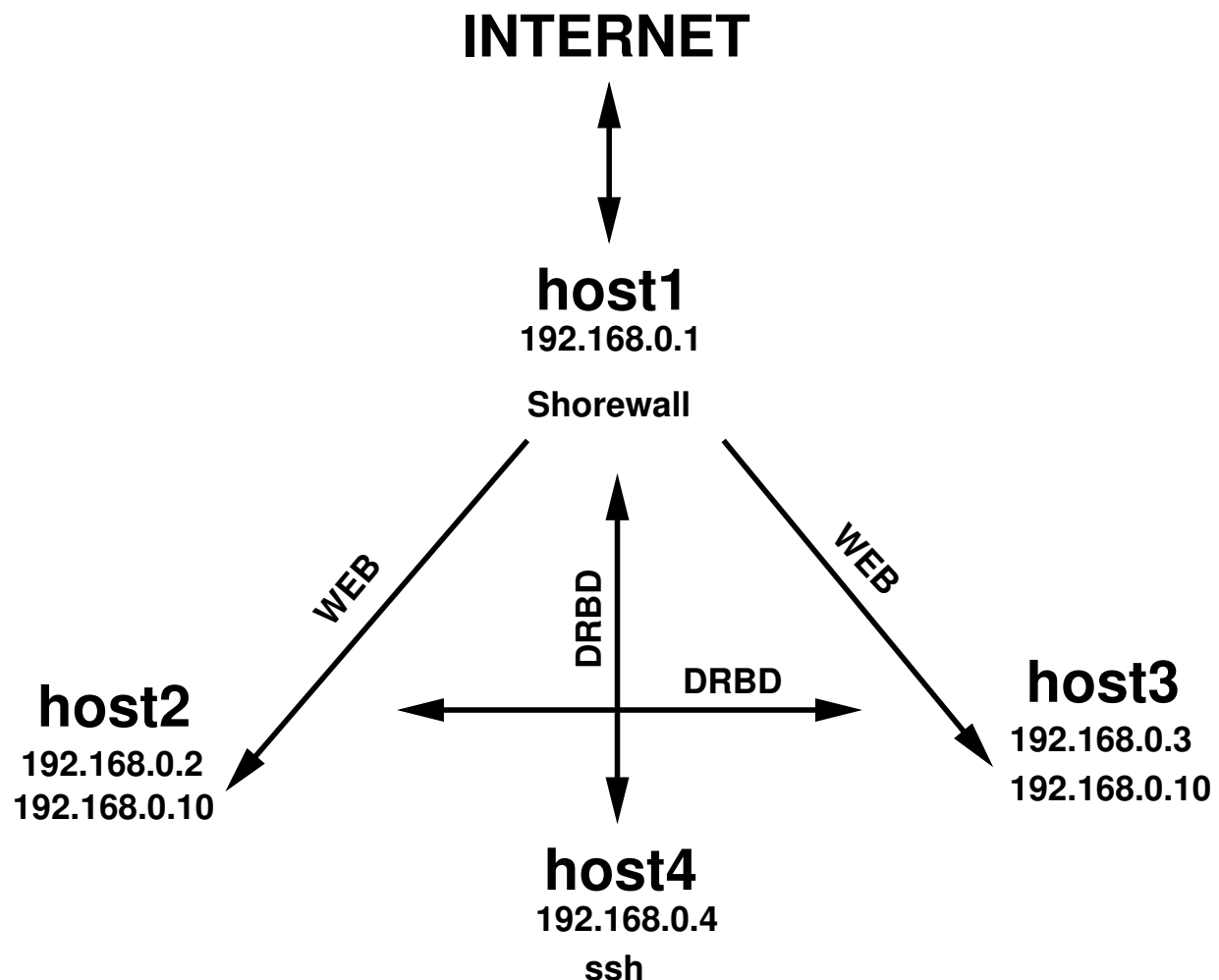
En host2 y host3 se instaló el sistema DRBD (<http://www.drbd.org/>), con el que implementó un RAID 1 a través de IP, de modo que los contenidos de ambas máquinas se mantenían sincronizados. Las direcciones IP asignadas a estas máquinas fueron la 192.168.0.2 y 192.168.0.3 respectivamente. No obstante, se definió en estas máquinas una segunda ethernet virtual, eth0.1, a la que se le asignó la ip 192.168.0.10 en ambas máquinas.

A través de la configuración de Shorewall de host1, las peticiones web al puerto 80 eran desviadas a la IP interna 192.168.0.10, de manera que cualquiera de las dos máquinas, host2 o host3 estaría en condiciones de atender la petición.

De forma rutinaria, la interfaz eth0.1 de host2 se encontraba levantada, mientras que la de host3 estaba deshabilitada.

Esta configuración permite que ante cualquier problema en el servidor web (host2) se puede desctivar eth0.1 en ésta máquina, y activar eth0.1 en host3, que continuaría prestando los servicios web hasta que host2 pudiese estar de nuevo en servicio. Una vez conectado de nuevo host2, DRBD se encarga de realizar una sincronización de los datos recibidos por host3 mientras estaba fuera de servidio host2 y, se activaría de nuevo como disco principal la partición DRBD de host2 volviendo el sistema a su situación normal de trabajo.

Respecto al puerto 22, Shorewall lo redirecciona hacia la dirección interna 192.168.0.4, asignada a host4. Este servidor contiene las cuentas de usuario de los rofesores del Departamento, que carecen de cuentas en las demás máquinas, de modo que cualquier entrada por ssh queda encerrada en host4, que no proporciona ningún otro servicio al exterior, disminuyendo así las probabilidades de un acceso no autorizado a las máquinas que prestan los servicios. Una partición DRBD en host4 contiene los datos de los usuarios, que son replicados en otra partición similar en host1 en tiempo real, por medio de un RAID1 a través de IP similar al implementado entre host2 y host3. A continuación se esquematizan las conexiones entre las cuatro máquinas:



Con esta configuración, Heartbit (<http://www.linux-ha.org/Heartbeat>) puede utilizarse para automatizar el proceso de sustitución de host2 por host3 en caso de caída de los servicios web.

Por debajo de todo este sistema, las máquinas corrían con kernels openmosix (<http://sourceforge.net/projects/openmosix/>) que ya ha dejado de mantenerse por parte de sus desarrolladores, al ser sustituido por otras alternativas. Esto convertía a las cuatro máquinas en

un cluster con reparto de procesos entre ellas, aprovechando así la potencia de los 4 procesadores de doble núcleo.

## Configuración 2

En esta otra alternativa se ha usado la tecnología de virtualización xen (<http://www.xen.org/>) de la siguiente forma:

Al igual que en la configuración anterior, host1 es la única máquina frente al exterior, Shorewall hace de cortafuegos y redirecciona los puertos 22 (ssh) y 80 (http) pero, en esta configuración, host1 exporta por nfs hacia la red interna un directorio que contiene imágenes de máquinas virtuales xen que pueden ejecutarse en alguna de las otras máquinas físicas del cluster, ya que en todas ellas corren kernels xen.

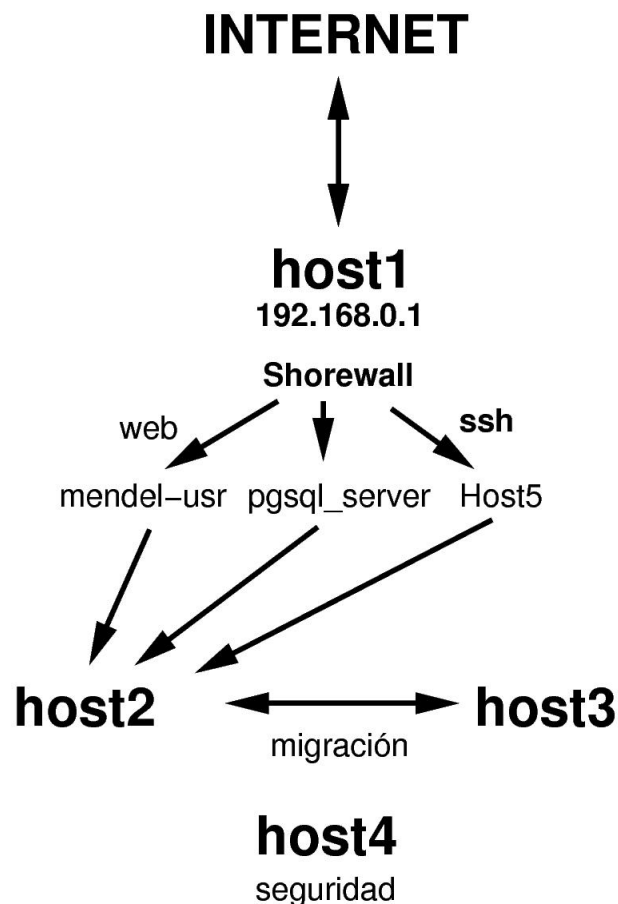
Las imágenes de máquinas virtuales contenidas en este directorio son:

**host5** que proporciona los servicios web. contiene la plataforma moodle y los programas para prácticas de genética cuantitativa.

**pgsql\_server** que es un servidor de bases de datos postgresl

**mendel-usr** servidor virtual para las cuentas de usuarios

Las tres máquinas virtuales corren usualmente en la máquina física host3. En caso en que sea necesario realizar sobre esa máquina operaciones de mantenimiento, las máquinas virtuales se migran a host2 sin que dejen de prestar servicio, tras lo cual puede apagarse host3 sin que el sistema experimente ningún corte en sus servicios. Esta segunda configuración se esquematiza en el siguiente gráfico:



Ante una eventual caída de host3, un sistema heartbit puede arrancar las máquinas virtuales en host2, ya que estas son visibles desde cualquier nodo físico al estar en un directorio exportado por nfs a todos los nodos.

## **Contenidos de docencia**

Los contenidos de docencia se han situado en directorios de host1, exportados por nfs a las máquinas virtuales xen. De esta forma se dispone de un mayor volumen de almacenamiento, y pueden ser accesibles desde cualquier nodo en caso de cambio de configuración.

Se han colocado numerosos contenidos repartidos en asignaturas de cuatro licenciaturas, asignaturas de libre configuración, cursos de doctorado. Se han creado asimismo cursos de uso interno del Departamento de Genética, a través de los cuales se coordinan diversos aspectos relacionados con la docencia. Se han incluido cursos de manejo de moodle, tanto para estudiantes como para profesores, así como algún curso de formación, como el curso de LaTeX, dirigido inicialmente para profesores, pero al que se incorporaron también algunos alumnos.

Entre la información y las herramientas de docencia de los distintos cursos, se han colocado las presentaciones que se utilizan en las clases, foros para las distintas asignaturas y grupos, ejercicios para entregar en clase o a través de la propia plataforma. Horarios, tutorías electrónicas a través de mensajes personales, foros, chats, etc. . .

La gran extensión y variedad de información contenida en la plataforma hace imposible detallarla en una memoria como la que aquí se presenta. Para una evaluación de contenidos nos remitimos a la página principal de nuestra plataforma: <http://mendel.ugr.es>

En la plataforma, los profesores tienen libertad de configurar el acceso a sus cursos de la forma que estimen más conveniente. Así, mientras que algunos cursos exigen el conocimiento de una contraseña para la inscripción, otros admiten la inscripción de cualquier persona interesada, y otros admiten las visitas a invitados.

Adjunto a esta memoria se incluyen algunos ejemplos de utilización de esta plataforma que no pretenden ser exhaustivos, sino meramente ilustrativos del uso que se le está dando a la misma.

La relación de cursos incluidos en la plataforma es la siguiente:

- Licenciado en Biología
  - Genética 2ºA Informe
  - Genética 2ºB Informe
  - Genética 2ºC Informe
  - Genética 2ºD Informe
  - Genética 2ºE Informe
  - Citogenética Informe
  - Fundamentos de Biología Aplicada I
  - Genética Humana
  - Genética de Poblaciones y Evolución
- Licenciado en Bioquímica
  - Biocomputación
- Licenciado en Ciencias Ambientales
  - Genética Evolutiva

- Licenciado en Ciencia y Tecnología de los Alimentos
  - Mejora Genética (MGE)
- Libre Configuración
  - Genética y Sociedad
- Doctorado
  - Discusiones multidisciplinarias en evolución
  - Métodos en Biología Evolutiva
  - Doctorado Técnicas de Análisis Genético (primers para PCR)
  - Análisis del genoma. 2008 (Miguel Burgos)
  - Doctorado 2006-2007 (Miguel Burgos)
  - Doctorado 2005-2006 (Miguel Burgos)
- Departamento
  - Departamento de Genética
  - Nuevo Plan de estudios
  - Profesores
  - Proyectos de Innovación Docente
  - Iniciación a la Docencia Universitaria
- Moodle (cursos)
  - Moodle para Estudiantes
  - Moodle para Profesores
- Miscelánea
  - Transgénesis y Clonación animal
  - LaTeX

## Aplicaciones Informáticas

**Autoeval:** Aplicación para la autoevaluación y generación de exámenes. La parte principal del desarrollo de esta aplicación se realizó en un proyecto de innovación docente anterior. La principal modificación que se ha realizado en esta aplicación ha sido el agrupamiento de todos los cursos de genética General en una única asignatura y la inclusión de preguntas y respuestas en el sistema. La aplicación puede elegir aleatoriamente cuatro respuestas alternativas para cada pregunta, siendo una de ellas cierta y las otras tres falsas, de entre un número cualquiera de posibles respuestas. Esto hace que cada vez que el alumno responde a una pregunta, las respuestas alternativas que encuentra pueden ser diferentes.

**CuantWeb:** Se ha implementado un interfaz web para nuestra aplicación “GenGine”. Esta aplicación es una evolución de otra anterior “cuant”, en la que se han introducido numerosas modificaciones que han ampliado enormemente sus posibilidades. Esta aplicación permite ahora realizar todo tipo de cruces entre individuos seleccionados de poblaciones para cualquier gen que el usuario pretenda analizar. La aplicación consta de un ejecutable escrito en C++ que lee las instrucciones desde un archivo de entrada, ejecuta las órdenes del usuario, y devuelve los resultados en otro archivo de salida. La aplicación “cuant”, realizaba cruces sencillos sobre caracteres cuantitativos en los que todos los genes que intervenían en el carácter debían tener el mismo peso en el valor fenotípico final del carácter en cada



individuo. Un interfaz realizado con la librerías GTK permitía la recogida de datos proporcionados por el usuario y construía con ellos el archivo de entrada, posteriormente, llamaba al ejecutable y leía los resultados del fichero de salida, mostrándolos al usuario en una forma mas amigable.

A lo largo del desarrollo de este proyecto de innovación docente se han añadido numerosas funcionalidades extra a este ejecutable que permite ahora realizar todo tipo de simulaciones de transmisión de caracteres que dependan de cualquier número de genes, que sean tanto cualitativos como cuantitativos, ligados al sexo o autosómicos, influenciados por el sexo, y cualquier tipo de interacción génica con cualquier número de genes.

El usuario tiene la posibilidad de definir sus propios caracteres, definiendo los genes que intervienen en ellos, y las interacciones entre los mismos. Sin que esto pueda ser previamente conocido por el programa, éste es capaz de calcular los fenotipos de cualquier individuo sobre la base de las definiciones de los caracteres suministradas por el usuario.

Estas características hacen del programa una utilidad que permite el desarrollo de muy diversas prácticas de Genética, de cualquier índole, referentes a la transmisión de los caracteres.

Para añadir estas funcionalidades, el código de “GenGine” ha sido reescrito completamente pero sobre la misma idea en la que se basaba “cuant”. Las interacciones entre genes y el cálculo de los fenotipos de cada individuo se basan en la construcción de redes “petri”. Las redes simulan rutas bioquímicas que conducen a un producto final de cuyo valor depende el fenotipo del individuo. Los “lugares” representan los estados intermedios, y las “transiciones” son los genes que el usuario ha definido. En un nuevo interfaz web que se está desarrollando, y que no forma parte de este proyecto docente, el usuario puede conectar los genes con sus productos, estableciendo así los “arcos” y construyendo la red petri. Cuando el programa genera un nuevo individuo, se construye su red y sus alelos son colocados en las transiciones correspondientes a cada gen. Se sitúa un primer “token” en el primer lugar, y se dispara la red. el valor que aparezca en el último lugar contendrá el valor fenotípico del individuo en función de los alelos que posea en cada gen.

Siguiendo esta estrategia, el programa no tiene porqué conocer todos los posibles modos de herencia, sino que estos son definidos en tiempo de ejecución, y el programa “aprende” a calcular los valores fenotípicos siguiendo las reglas del usuario.

En el contexto de este proyecto de innovación docente se ha utilizado este programa, y uno de sus interfaces web, para la elaboración de varias prácticas de genética cuantitativa: “Estimación del número de loci en que difieren dos líneas puras”, “Estima de la heredabilidad mediante el método de regresión”, y “estima de la heredabilidad mediante el método de selección masal”.

Las dos primeras se realizan durante las prácticas que se imparten en la asignatura de “Fundamentos de Biología Aplicada I”. Para la práctica de Estima de la heredabilidad mediante el método de regresión, el interfaz utiliza el paquete estadístico R para el cálculo de la regresión y la elaboración de la gráfica correspondiente. La tercera práctica se propone como ejercicio que los alumnos pueden realizar fuera de las horas presenciales, a través del interfaz web. En éste último pueden diseñar sus propios caracteres y realizar con ellos los experimentos que crean oportunos para el estudio de la heredabilidad bajo distintas circunstancias. Los resultados de sus experimentos se envían a través de la plataforma Moodle, como una tarea. En los apéndices correspondientes se adjuntan los tutoriales de manejo del interfaz para la realización de estas prácticas, así como el ejercicio propuesto sobre selección masal.

#### 4. Material y métodos (Describir la metodología seguida y, en su caso, el material utilizado)

##### **Sistema Informático**

Todo el sistema ha sido configurado basándose en software libre. Las máquinas corren el sistema operativo Linux Debian estable, con kernel xen y permiten la virtualización por hardware.

El cortafuegos y la redirección de puertos a las máquinas internas se realiza con “Shorewall”

Los servicios web corren a cargo de Apache2

Respecto a la plataforma Moodle, no se ha instalado la correspondiente a la distribución de Linux utilizada, sino que se ha instalado la última versión disponible en el momento de su instalación en la página oficial de Moodle.

Los servicios de bases de datos corren a cargo de postgresql.

##### **Contenidos Docentes**

En los contenidos docentes, cada profesor ha sido responsable de la inclusión de los contenidos propios de su curso.

Entre ellos se cuenta:

- Presentaciones realizadas con diverso tipo de software, dependiendo de cada profesor, principalmente PowerPoint y LaTeX-Beamer
- Información acerca de cada tema en archivos de texto, pdf y páginas web.
- Ejercicios, como cuestionarios “on-line” trabajos para entregar en papel, tareas para entregar a través de la plataforma, etc. . .
- Calendarios, con horarios de clases teóricas, clases de problemas y prácticas.
- Enunciados y soluciones de problemas de Genética
- Guiones u Vídeos de prácticas de genética
- etc. . .

#### 5. Resultados obtenidos y disponibilidad de uso (Concretar y discutir los resultados obtenidos y aquellos no logrados, incluyendo el material elaborado y su grado de disponibilidad).

La integración de todos los contenidos de las asignaturas que imparte el Departamento de Genética ha sido, y seguirá siendo, de una inestimable utilidad para la comunicación diaria con los alumnos, para su seguimiento a lo largo del curso y para favorecer las interacciones entre profesores y alumnos. Los alumnos se inscriben en el sistema y lo van utilizando en sucesivos cursos sin más que inscribirse en las nuevas asignaturas que van cursando. La entrega de trabajos a realizar en horas no presenciales se facilita enormemente, y reciben las puntuaciones y comentarios de sus profesores en el mismo instante en que éstos son evaluados.

Todos los objetivos planteados en este proyecto de innovación docente no solo han sido alcanzados satisfactoriamente, sino que han sido en muchos aspectos superados y, realmente, el proyecto no termina aquí, sino que ha supuesto un cambio sustancial en todas las asignaturas del departamento que continuará aplicándose y extendiéndose en el futuro, de forma independiente a la

solicitud de nuevos proyectos de innovación, ya que ha supuesto un cambio de metodología y de mentalidad, tanto en profesores como alumnos que han visto en ello una sustancial mejora de la docencia y del aprendizaje.

La forma en que el sistema completo está concebido, garantiza una disponibilidad prácticamente continua y prolongada en el tiempo de todos los recursos disponibles de modo que en las ocasiones en que no haya sido así lo ha sido por causas ajenas a nuestro Departamento, como corte de suministro eléctrico o cortes en la red informática de la Universidad.

6. Utilidad de la experiencia (Comentar para qué ha servido la experiencia y a quienes o en qué contextos podría ser útil).

Como se ha podido deducir de apartados anteriores, la utilidad principal de la experiencia ha consistido en una mejora considerable del acceso, por parte de los alumnos, a todo tipo de información relacionada con sus respectivas asignaturas, incluyendo documentos con resúmenes sobre los distintos temas, ejercicios, presentaciones, etc.. así como la implementación de un medio de comunicación entre profesor y alumno. Sin duda la experiencia puede ser útil para cualquier otro Departamento e incluso para unos servicios más centralizados que pudieran ofrecer una plataforma de enseñanza virtual a otros Departamentos.

7. Observaciones y comentarios (Comentar aspectos no incluidos en los demás apartados)

Durante el primer año de desarrollo de este proyecto de innovación docente no se contó con la colaboración de un becario que se concedió para el mismo ya que la beca correspondiente quedó desierta. Así, tuvimos que asumir íntegramente el montaje de la plataforma, que se hizo con la primera configuración descrita en esta memoria. En la convocatoria del año siguiente se solicitó de nuevo el bacario, que fue concedido, y se incorporó al proyecto. Puesto que todo el sistema ya estaba funcionando, se encargó al becario la elaboración de un nuevo interfaz web para el programa GenGine. En el tiempo que ha estado trabajado para el proyecto ha desarrollado un sistema de gestión de usuarios para ese interfaz que mejora considerablemente el control y la gestión de los alumnos que realizan prácticas con esta aplicación. Sin embargo, el desarrollo de nuevas prácticas basadas en esta herramienta no es objeto de este proyecto de innovación docente, por lo que se ha dejado fuera de esta memoria el estado de desarrollo del mismo.

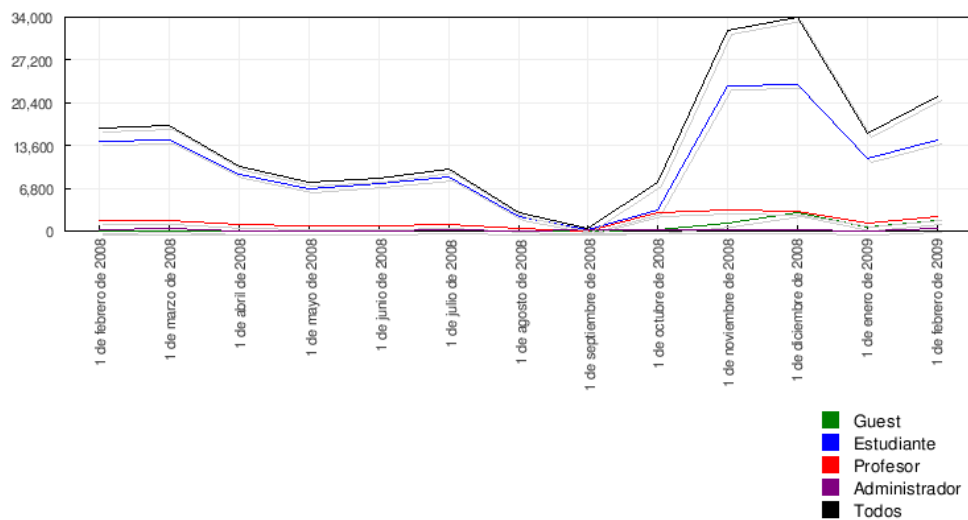
Durante el tiempo de uso de la primera configuración se detectó cierta inestabilidad del sistema, que provocó algunos problemas que fueron solucionados en un tiempo corto. Al parecer, ciertas combinaciones de hardware en conjunción con ciertas versiones del kernel de Linux eran las responsables de esa inestabilidad, por lo que en el curso siguiente nos decidimos implementar la segunda configuración basada en la tecnología de virtualización xen. Esta segunda configuración ha demostrado una mayor estabilidad y su funcionamiento está siendo muy bueno, por lo que probablemente será la que mantengamos para su uso futuro.

8. Autoevaluación de la experiencia (Señalar la metodología utilizada en la evaluación y los resultados de la experiencia)

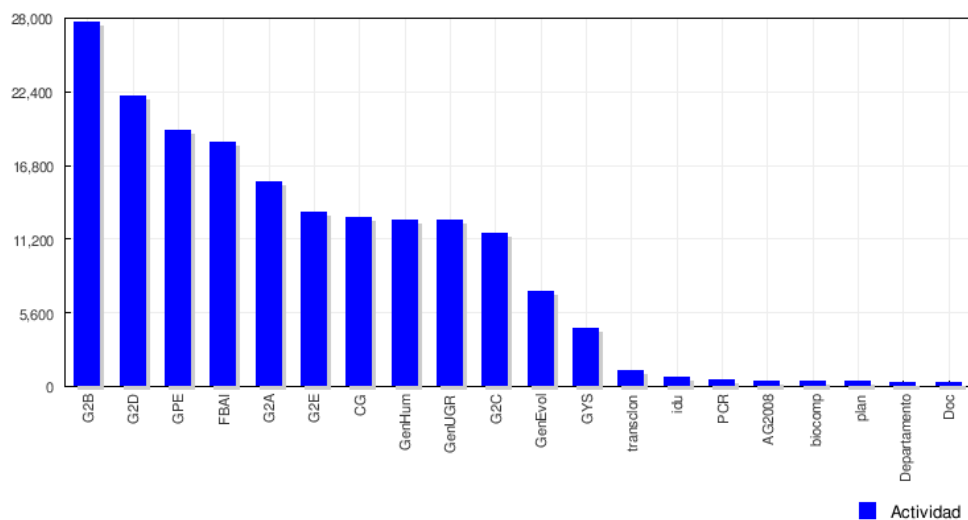
Como ejemplo de la utilización de la plataforma hemos de resaltar que cuenta con más de 600 usuarios al año, de los que se añaden cada año los nuevos alumnos que se incorporan a asignaturas del Departamento, y se dan de baja aquellos que ya no cursan ninguna.

La utilización del sistema se puede seguir día a día a través de las estadísticas elaboradas por la propia plataforma, tanto para la plataforma completa, como para algún curso en particular, o incluso para un alumno en concreto.

Como ejemplo, representamos aquí la utilización de la plataforma en el último año. Como puede observarse en el siguiente esquema, el número de accesos aumenta considerablemente al comienzo de cada curso con las nuevas inscripciones y el acceso de los alumnos a los materiales de sus respectivas asignaturas. El número de accesos se mantiene relativamente constante a un nivel más bajo durante el resto del año, y sufre una bajada, alcanzando los niveles mínimos, al final de las vacaciones durante los últimos días del mes de agosto.



Respecto a la actividad de cada curso, representada en la siguiente gráfica, depende fundamentalmente del número de inscripciones, siendo mucho más alta en las asignaturas y grupos con más alumnos, y menor en aquellos que se utilizan para asuntos internos del departamento, sin acceso de alumnos.



Respecto a la aplicación CuantWeb, se realizan a lo largo del curso más de 600 proyectos que contienen varios experimentos cada uno, por lo que su utilización es intensiva, especialmente durante el período de prácticas de la asignatura de Fundamentos de Biología aplicada.

La aplicación de autoevaluación no tiene la posibilidad de realizar un seguimiento a través de

## 9. Bibliografía <sup>1</sup>

Puesto que en el desarrollo de este proyecto de innovación docente se ha utilizado software libre, nos remitimos a las páginas oficiales de cada software para cualquier consulta sobre la documentación de los mismos. A continuación se listan los sitios web más relevantes:

**Plataforma del Departamento de Genética** <http://mendel.ugr.es>

**Moodle** <http://moodle.org/>

**Apache** <http://www.apache.org/>

**Distribución Debian** <http://www.debian.org/index.es.html>

**shorewall** <http://www.shorewall.net/>

**Linux high availability (Heartbit)** <http://www.linux-ha.org/>

**DRBD** <http://www.linux-ha.org/DRBD>

**Openmosix** <http://openmosix.sourceforge.net/>

**Virtualización Xen** <http://www.xen.org/>

---

<sup>1</sup>Enviar memoria al siguiente correo electrónico: [vicinnova@ugr.es](mailto:vicinnova@ugr.es)

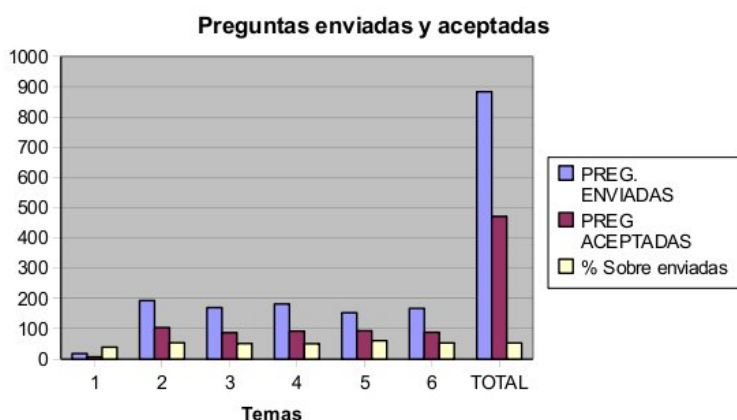
## **APÉNDICES**

## Aplicación de autoevaluación

En el contexto del proyecto de innovación docente “Desarrollo de nuevos métodos didácticos y de evaluación en Genética para la adaptación al EEES”, llevado a cabo durante el curso 2003-2004, nuestro grupo desarrolló un complejo programa destinado a facilitar a los alumnos de nuestras asignaturas el autoaprendizaje mediante la realización de pruebas objetivas de respuesta múltiple que podían ser corregidas automáticamente (en adelante, Programa de Autoevaluación, o PA). En nuestro nuevo proyecto, nos propusimos, entre otras cosas, dotar de contenidos específicos la base de datos sobre la que se sustentaba dicho programa, esto es, introducir preguntas en el mismo. Presentamos a continuación la experiencia detallada en la asignatura de Genética Humana, como ejemplo, con más o menos variaciones, de lo que se hizo en el resto de asignaturas del Departamento.

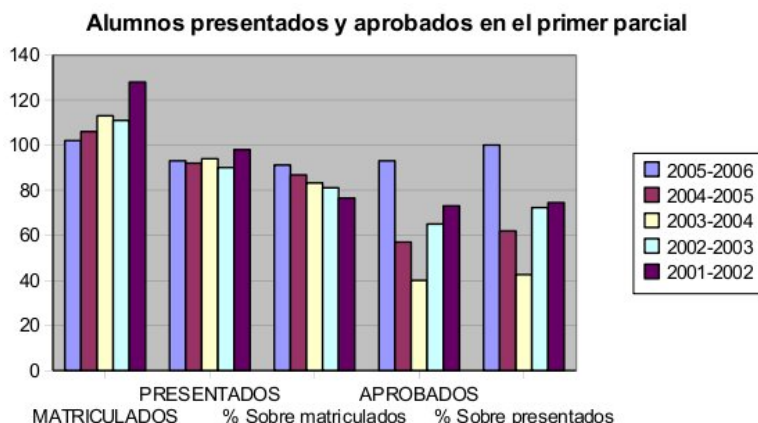
En el curso 2005-2006, la asignatura de Genética Humana tuvo 102 alumnos matriculados. Durante el primer trimestre de dicho curso, se les propuso a los alumnos una actividad que se denominó Ejercicio 1 (E1) que consistía en que enviaran preguntas para el PA sobre los seis primeros temas impartidos. Esas preguntas eran supervisadas y corregidas por la profesora, que a menudo las devolvía a los alumnos para su modificación y finalmente eran rechazadas o aceptadas e introducidas en el PA. El ejercicio incluía el compromiso de que el primer examen parcial de la asignatura se realizaría íntegramente sobre las preguntas incluidas en el PA siempre que alcanzara un número mínimo que rondara las 500 en total. 63 alumnos (61,76 % de los matriculados) participaron en el ejercicio, enviando un total de 883 preguntas, de las que finalmente se incluyeron en el programa 471 (53,34 %, véase tabla a), completándose con algunas otras que la profesora había introducido previamente a modo de ejemplo con el conocimiento de los alumnos.

TEMA	PREG. ENVIADAS	PREG ACEPTADAS	% Sobre enviadas
1	18	7	38,89
2	193	104	53,89
3	170	87	51,18
4	182	92	50,55
5	153	93	60,78
6	167	88	52,69
TOTAL	883	471	53,34



En cuanto a los resultados del primer examen parcial, se pudo observar un incremento significativo con respecto a cursos anteriores tanto en las cifras de alumnos presentados sobre los matriculados (por ejemplo, 4,39 puntos superior al del año 04-05) como en las de alumnos aprobados sobre los presentados (el 100 % de los presentados el curso 05-06 frente al 61,96 % del curso anterior, según se recoge en la siguiente tabla).

CURSO	ALUMNOS				
	MATRICULADOS	PRESENTADOS	% Sobre matriculados	APROBADOS	% Sobre presentados
2005-2006	102	93	91,18	93	100,00
2004-2005	106	92	86,79	57	61,96
2003-2004	113	94	83,19	40	42,55
2002-2003	111	90	81,08	65	72,22
2001-2002	128	98	76,56	73	74,49



Los alumnos de la asignatura que no participaron en el E1 también pudieron utilizar el PA para preparar su examen, lo que en definitiva se tradujo en unas calificaciones globales muy elevadas en ese parcial, siendo la media de 8,58 sobre 10 para los que no se implicaron en el E1 y de 9,29 para los que elaboraron preguntas.

Finalizado el E1 y el primer examen parcial, se pidió a los alumnos de la asignatura que contestaran una encuesta en la que expresaran libremente su opinión sobre el ejercicio, su realización y consecuencias, el uso del PA, etc. Los resultados más relevantes de dicha encuesta se exponen a continuación.

58 alumnos cumplimentaron el cuestionario, de los cuales el 77,59 % había realizado el E1, con un alto grado de satisfacción, ya que el 97,67 % de ellos manifestó que volvería a participar en un ejercicio similar, y el 93,02 % aseguró que le parecía correcto el criterio seguido para aceptar o rechazar las preguntas.

Los participantes en el E1 enviaron una media de 12,71 preguntas cada uno, de las que fueron finalmente aceptadas 8,68, invirtiendo en esta actividad una media de 6,9 horas.

Los motivos por los que los alumnos participaron en el ejercicio E1 fueron principalmente la incidencia del ejercicio en la calificación de la asignatura, bien directamente bien por facilitar la preparación del examen, situando en tercer lugar el propio aprendizaje, objetivos que vieron cumplidos.

De hecho, un 87,5 % de ellos consideró adecuada la puntuación asignada al ejercicio en la calificación global de la asignatura y el número de horas de dedicación que se contabilizaban.

Los alumnos que no participaron en el E1 lo explicaron casi exclusivamente por falta de tiempo, aunque, vistos los beneficios obtenidos por sus compañeros, el 75 % aseguró que participaría en un ejercicio similar a pesar de todo.

Por otra parte, todos los alumnos que contestaron la encuesta se presentaron al primer examen parcial, a cuya preparación dedicaron un tiempo estimado de 28,96 horas por término medio.

De ese tiempo, pasaron el 47,86 % trabajando con el programa de autoevaluación, y ello significó usarlo para testar sus conocimientos y para aprender más que para memorizar las respuestas de las



preguntas.

La utilización del programa de autoevaluación (PA) les supuso un ahorro con respecto a lo que calcularon que habrían dedicado a preparar el mismo examen sin la facilidad que les aportaba el uso del PA.

Además, el 71,43 % consideró la calificación obtenida en el examen bastante aproximada a los conocimientos que había adquirido sobre la materia, reconociendo el 75 % que este sistema les permitía obtener mejores calificaciones.

Preguntados por su opinión sobre características generales del sistema y su utilización en autoaprendizaje, los alumnos consideraron que el número mínimo de preguntas que debería tener un programa de autoevaluación para asegurar que el alumno que aprobara hubiese alcanzado una nota similar sin conocer las preguntas de antemano era de alrededor de 500, debiendo permanecer casi un 20 % de las preguntas ocultas para que la calificación reflejara con mayor fidelidad los conocimientos del alumno. Se trata de una opción de nuestro programa de autoevaluación, que permite al profesor utilizarlo combinando preguntas que están a la vista del alumno con otras que permanecen sólo visibles para el docente.

En cuanto a la autoría de las preguntas del PA, la mayoría de los alumnos (52,63 %) estimaba que debería ser doble, proponiendo algunas los propios estudiantes y otras el profesor. Otra parte muy significativa de los alumnos (43,86 %) se inclinaba porque todas las preguntas fueran redactadas por los estudiantes bajo la supervisión del profesor. Otras opciones, como las de que fueran los alumnos, sin supervisión, los autores de las preguntas, o la alternativa de que fuera exclusivamente el profesor fueron aplastantemente rechazadas. Los alumnos reconocieron que habían usado el PA para contrastar conocimientos, sacar más nota en el examen, y sólo en tercer lugar para aprender, aunque más de la mitad de ellos (55,56 %) manifestaron que la utilización del PA les había ayudado a aprender independientemente de que también les hubiera facilitado el aprobado.

Los principales problemas a los que se habían enfrentado en el uso del programa se refirieron a dificultades derivadas de la redacción o el contenido de las preguntas en sí mismas o a fallos técnicos del sistema. Estos fallos se han revisado y corregido posteriormente, en parte gracias a las observaciones de los alumnos que los han detectado. En todo caso, los alumnos encuestados daban una calificación global muy alta (8,54 sobre 10) al Programa de Autoevaluación, lo que refleja, junto con el resto de preguntas analizadas, un alto grado de satisfacción del mismo por parte del usuario.

Por otra parte, durante el segundo cuatrimestre del curso 2005/2006, la propia profesora fue implementando la base de datos del resto de los temas, introduciendo preguntas en cada uno de ellos que se pusieron a disposición de los alumnos para que los utilizaran con el fin de autoevaluar sus conocimientos. Las preguntas de todos los temas de ésta y el resto de las asignaturas del Departamento se han seguido completando durante los años sucesivos, de modo que el programa no sólo sigue activo en la actualidad sino que es una herramienta de gran utilidad para nuestros alumnos.

Además, el PA resulta idóneo para la generación de exámenes de tipo test en los que los profesores pueden elegir entre preguntas escogidas al azar o preguntas seleccionadas por ellos mismos. Estos exámenes pueden ser generados en varios formatos: LaTeX, pdf y txt. Asimismo, se obtienen plantillas para que los alumnos consignen las respuestas a las preguntas, así como plantillas de corrección para los profesores, todo ello con tantas opciones de examen como el profesor determine.

A continuación se incluyen las preguntas de la encuesta, y los resultados tabulados que avalan las afirmaciones aquí realizadas.

ENCUESTA A LOS ALUMNOS DE GENÉTICA HUMANA SOBRE EL SISTEMA DE  
AUTOEVALUACIÓN Curso 05-06

Esta encuesta es absolutamente anónima y tiene como objeto recabar vuestra opinión principalmente sobre el sistema de autoevaluación en el que hemos trabajado durante el primer cuatrimestre. Te ruego contestes las preguntas con rigor y con libertad, para que las conclusiones (que haré públicas en clase) puedan resultarnos útiles a todos.

1.- ¿Has realizado el ejercicio E1 (envío de preguntas para el sistema de autoevaluación)?  
 Sí (contesta las preguntas nº 2-7)                       No (contesta las preguntas nº 8-9)

2.- ¿Cuánto tiempo has dedicado al ejercicio (nº horas aproximadas, *ya sé que es difícil de calcular*)?  
 \_\_\_\_\_

3.- ¿Cuáles han sido los principales beneficios de la realización del ejercicio? Valora el grado de cada uno de estos posibles beneficios (asigna un 0 si no ha existido el beneficio y un 5 si ha sido muy importante):

Beneficio	0	1	2	3	4	5
Me ha facilitado la preparación del examen						
He aprendido más sobre la materia que si me la hubiera estudiado directamente						
Ha aumentado mi interés por la asignatura						
Otros (indicar):						

4.- ¿Volverías a participar en un ejercicio similar?  
 Sí     No

5.- Valora el grado con que ha influido cada uno de estos posibles motivos para que participaras en el ejercicio (asigna un 0 si no ha existido el motivo y un 5 si ha sido muy importante):

Motivo	0	1	2	3	4	5
Por conseguir puntos para el examen y/o horas de prácticas						
Por curiosidad						
Por desafío						
Por aburrimiento						
Porque me gusta ese tipo de actividad						
Porque siempre hago todo lo que proponen los profesores						
Porque muchos compañeros lo han hecho						
Por aprender más						
Por creer que me facilitaría la preparación del examen						
Porque me interesa mucho todo lo que tenga que ver con esta asignatura						
Porque me atrae cualquier tipo de actividad docente alternativa al examen						
Porque alguna de mis preguntas podría haber caído en el examen						
Otros (indicar):						

6.- Indica, si las recuerdas,

I. El nº de preguntas que has enviado: \_\_\_\_\_

II. El nº de esas preguntas que se han aceptado: \_\_\_\_\_

7.- ¿Crees que ha sido correcto el criterio utilizado para aceptar las preguntas?  
 Sí     No

8.- Valora el grado con que ha influido cada uno de estos posibles motivos para que no participaras en el ejercicio (asigna un 0 si no ha existido el motivo y un 5 si ha sido muy importante):

Motivo	0	1	2	3	4	5
Por pereza						
Por falta de tiempo						
Porque no me enteré a tiempo						
Porque no le veo utilidad						
Porque me aburre						
Porque no estoy muy interesada/o en esta asignatura						
Porque no me voy a presentar a los exámenes de la asignatura						
Porque me parece una chorrada						
Porque no me sentía capaz						
Porque estoy en contra de cualquier innovación metodológica en la evaluación tradicional						
Porque requería un seguimiento continuado de la asignatura						
Otros (indicar):						

9.- Si te lo propusieran ahora, ¿participarías en un ejercicio similar?

- Sí    No

El resto de las preguntas son **para todos**:

10.- ¿Consideras adecuada la puntuación asignada al ejercicio en la calificación global?

- Sí  
 No, es muy poca; yo le habría asignado \_\_\_\_\_  
 No, es excesiva; yo le habría asignado \_\_\_\_\_

11.- ¿Consideras adecuado el número de horas de prácticas asignado al ejercicio?

- Sí  
 No, es muy pequeño; yo le habría asignado \_\_\_\_\_  
 No, es excesivo; yo le habría asignado \_\_\_\_\_

12.- ¿Te has presentado al examen del primer parcial?

- Sí    No

13.- Cuánto tiempo has dedicado a preparar el examen (nº de horas)? \_\_\_\_\_

14.- ¿Qué tanto por ciento de esas horas las has empleado trabajando con el programa de autoevaluación (bien conectada/o a internet o con las preguntas grabadas en fichero o impresas)? \_\_\_\_\_

15.- ¿Crees que el tiempo que has dedicado a la preparación de este examen es mayor o menor que el tiempo que hubieras tenido que dedicarle con otro sistema de evaluación (por ejemplo, con otro tipo de preguntas, sin tenerlas en una base de datos)?

- He dedicado mucho más tiempo                       He dedicado un poco más de tiempo  
 He dedicado algo menos                                       He dedicado mucho menos

16.- ¿Qué porcentaje de las preguntas del sistema de autoevaluación te has aprendido de memoria?

\_\_\_\_\_

- 17.- ¿Crees que la calificación obtenida se ajusta a tus conocimientos sobre la materia?
- Sí, es bastante aproximada       No, yo sé bastante más       No, yo sé bastante menos  
 No, yo sé un poco más       No, yo sé un poco menos
- 18.- ¿Crees que resulta más fácil aprobar o incluso sacar nota si el examen se basa en una serie de preguntas de respuesta conocida, **todas** a disposición de los alumnos?
- Sí, absolutamente       Sí, pero sólo un poco  
 No, casi nada       No, en absoluto
- 19.- ¿Cuál sería, a tu juicio, el nº mínimo de preguntas que debería tener el sistema de autoevaluación para asegurar que el alumno que aprueba con este sistema habría sacado más o menos la misma nota sin conocer las preguntas de antemano (considera que las preguntas fueran similares en dificultad a las que hay)?
- De 50 a 100       De 100 a 300       De 300 a 500       De 500 a 800  
 De 800 a 1.000       De 1.000 a 1.500       De 1.500 a 3.000       Más de 3.000
- 20.- ¿Qué porcentaje de las preguntas que entraran en examen crees que deberían estar ocultas en el sistema (ser desconocidas por los alumnos antes de la prueba) para que la calificación obtenida en el examen reflejara con mayor fidelidad los conocimientos del alumno? \_\_\_\_\_
- 21.- ¿Crees que el uso del programa de autoevaluación, en su caso, te ha ayudado a **aprender** (no pregunto por *aprobar*) sobre la materia?
- Sí, bastante       Sí, un poco       No, muy poco  
 No, nada: sólo me ha servido para comprobar mis conocimientos
- 22.- Valora los posibles motivos por los que has usado el programa de autoevaluación, en su caso (asigna un 0 si no ha existido el motivo y un 5 si ha sido muy importante):

Motivo	0	1	2	3	4	5
Para sacar más nota en el examen						
Para aprender sobre la materia						
Por curiosidad						
Porque la mayoría de los compañeros lo han hecho						
Para contrastar mis conocimientos después de estudiar los apuntes						
Para aclarar dudas						
Otros (indicar):						

- 23.- Con respecto a la autoría de las preguntas del sistema de autoevaluación:
- Creo que todas deberían ser elaboradas por los alumnos sin que el profesor las supervisase  
 Creo que todas deberían ser elaboradas por los alumnos bajo la supervisión del profesor  
 Lo mejor sería que el profesor diseñara algunas y los alumnos otras  
 Deberían ser todas elaboradas por el profesor

- 24.- Valora la importancia de los principales problemas que se te han presentado con el uso del sistema de autoevaluación (asigna un 0 si no ha existido el problema y un 5 si ha sido muy importante):

Problema	0	1	2	3	4	5
Fallos técnicos del propio sistema						
Dificultad de acceso a internet						
Desconocimiento de la existencia del programa						
Desconocimiento de su funcionamiento o poca pericia en su uso						
Preguntas ambiguas o mal redactadas						
Respuestas ambiguas o mal redactadas						
Fallos en la asignación de respuesta correcta						
Existencia de preguntas sobre detalles a los que no se dio importancia en clase						
Otros (indicar):						

25.- Dale una nota (de 0 a 10) al sistema de autoevaluación según tu grado de satisfacción global con él y con su uso en la asignatura \_\_\_\_\_

27.- ¿Hubieras preferido un examen tradicional, de preguntas abiertas en lugar del examen tipo test? (Aquí puedes marcar más de una respuesta, e incluso ordenarlas, si lo deseas):

- No, en ningún caso
- Sí, si no hubiera tenido el programa de autoevaluación
- Sí, aunque no hubiera tenido el programa de autoevaluación
- Hubiera preferido un examen mixto, de preguntas de tipo test combinadas con preguntas breves
- Otra respuesta (indicar):

En el siguiente espacio puedes añadir cualquier comentario que estimes oportuno sobre el ejercicio E1, el sistema de autoevaluación o el examen:

En el siguiente espacio te agradecería cualquier comentario que consideres oportuno sobre la asignatura, contenidos, metodología docente, evaluación, profesores, etc.

Pregunta	Nº respuestas válidas	SI	(% sobre r. vál)	NO	(% sobre r. vál)
1) Ejercicio E1	58	45	77,59	13	22,41
4) Volvería E1	43	42	97,67	1	2,33
7) Criterio correcto	43	40	93,02	3	6,98
9) Participaría E1	12	9	75,00	3	25,00
12) Presentados examen	57	57	100,00	0	0,00

Pregunta	Nº respuestas válidas	TOTAL	MEDIA
2) Nº horas E1	38	262	6,89
6a) Nº preguntas enviadas	41	521	12,71
6b) Nº preguntas aceptadas	41	356	8,68
25) Nota al sistema de evaluación	57	487	8,54

3) Beneficios E1

Beneficio	Nº resp. válidas	VALORA												MEDIA
		0	(% sobre r. vál)	1	(% sobre r. vál)	2	(% sobre r. vál)	3	(% sobre r. vál)	4	(% sobre r. vál)	5	(% sobre r. vál)	
Facilitar examen	44	1	2,27	1	2,27	5	11,36	8	18,18	11	25,00	18	40,91	3,84
Aprender	44	1	2,27	1	2,27	7	15,91	8	18,18	17	38,64	10	22,73	3,57
Aumento interés	44	2	4,55	4	9,09	2	4,55	11	25,00	14	31,82	11	25,00	3,45

OTROS:

Calificación u horas de prácticas: 6

Ayuda comprensión o repaso asignatura: 7



## 5) Motivos sí E1

Motivo	Nº resp. válidas	VALORA												MEDIA
		0	(% sobre r. vál)	1	(% sobre r. vál)	2	(% sobre r. vál)	3	(% sobre r. vál)	4	(% sobre r. vál)	5	(% sobre r. vál)	
Conseguir puntos	43	0	0,00	0	0,00	1	2,33	3	6,98	9	20,93	30	69,77	4,58
Curiosidad	43	8	18,60	8	18,60	11	25,58	10	23,26	5	11,63	1	2,33	1,98
Desafío	43	8	18,60	7	16,28	9	20,93	8	18,60	6	13,95	5	11,63	2,28
Aburrimiento	43	41	95,35	1	2,33	0	0,00	0	0,00	1	2,33	0	0,00	0,12
Me gusta	43	2	4,65	6	13,95	6	13,95	6	13,95	18	41,86	5	11,63	3,09
Propuesta profesor	43	11	25,58	6	13,95	5	11,63	15	34,88	6	13,95	0	0,00	1,98
Muchos compañeros	43	32	74,42	5	11,63	4	9,30	1	2,33	1	2,33	0	0,00	0,47
Aprender	43	1	2,33	2	4,65	10	23,26	6	13,95	14	32,56	10	23,26	3,40
Facilitar examen	43	1	2,33	0	0,00	3	6,98	8	18,60	12	27,91	19	44,19	4,02
Interés asignatura	43	1	2,33	4	9,30	5	11,63	11	25,58	17	39,53	5	11,63	3,26
Activ. doc. alternat.	43	2	4,65	7	16,28	5	11,63	8	18,60	15	34,88	6	13,95	3,05
Posibilidad preg. ex.	43	10	23,26	7	16,28	3	6,98	11	25,58	6	13,95	6	13,95	2,33

## OTROS:

Posibilidad de autochequear la comprensión de la materia: 1

## 8) Motivos no E1

Motivo	Nº resp. válidas	VALORA											MEDIA	
		0	(% sobre r. vál)	1	(% sobre r. vál)	2	(% sobre r. vál)	3	(% sobre r. vál)	4	(% sobre r. vál)	5		(% sobre r. vál)
Pereza	13	2	15,38	5	38,46	2	15,38	2	15,38	1	7,69	1	7,69	1,85
Falta de tiempo	13	1	7,69	0	0,00	1	7,69	2	15,38	4	30,77	5	38,46	3,77
No se enteró	13	12	92,31	0	0,00	0	0,00	1	7,69	0	0,00	0	0,00	0,23
No ve utilidad	13	9	69,23	1	7,69	0	0,00	1	7,69	1	7,69	1	7,69	1,00
Le aburre	13	12	92,31	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	1	7,69	0,38
Falta interés asig.	13	13	100,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0,00
No irá a examen	13	13	100,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0,00
Cree chorrada	13	12	92,31	0	0,00	0	0,00	0	0,00	1	7,69	0	0,00	0,31
No sentía capaz	13	8	61,54	1	7,69	4	30,77	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0,69
Contra innov. met	13	11	84,62	2	15,38	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0	0,00	0,15
Neces. seguim. as.	13	8	61,54	3	23,08	1	7,69	0	0,00	1	7,69	0	0,00	0,69

Pregunta	Nº respuestas válidas	SI	(% sobre r. vál)	NO	(% sobre r. vál)	NO				
						Nº resp. válidas	POCA /PEQUEÑO	(% sobre r. vál)	EXCESIVA /O	(% sobre r. vál)
10) Puntuación adecuada	56	49	87,50	7	12,50	7	3	42,86	4	57,14
11) N° horas adecuado	58	56	96,55	2	3,45	2	2	100,00	0	0,00

Pregunta	Nº resp. válidas	Nº de horas															MEDIA	
		0-10	(% sobre r. vál)	11-20	(% sobre r. vál)	21-30	(% sobre r. vál)	31-40	(% sobre r. vál)	41-50	(% sobre r. vál)	51-60	(% sobre r. vál)	61-70	(% sobre r. vál)	71-80		(% sobre r. vál)
13) Tº preparación examen	53	6	11,32	10	18,87	16	30,19	10	18,87	3	5,66	6	11,32	1	1,89	1	1,89	28,96

Tanto por ciento

Pregunta	Nº resp. Válidas	0-10	% sobre r. vál	11-20	% sobre r. vál	21-30	% sobre r. vál	31-40	% sobre r. vál	41-50	% sobre r. vál	51-60	% sobre r. vál	61-70	% sobre r. vál	71-80	% sobre r. vál	81-90	% sobre r. vál	91-100	% sobre r. vál	MEDIA
14) Progr.	56	3	5,36	6	10,71	5	8,93	6	10,71	11	19,64	4	7,14	11	19,64	5	8,93	4	7,14	1	1,79	47,86
16) Preg. memoria	56	26	46,43	11	19,64	8	14,29	0	0,00	5	8,93	0	0,00	1	1,79	2	3,57	2	3,57	1	1,79	21,43
20) Preg. ocultas	56	26	46,43	12	21,43	5	8,93	1	1,79	7	12,50	2	3,57	3	5,36	0	0,00	0	0,00	0	0,00	19,48

Pregunta	N° resp. Válidas	Tanto por ciento							
		0-10	11-20	21-30	31-40	41-50	51-60	61-70	71-80
14) Progr.	56	3	6	5	6	11	4	11	5
16) Preg. memoria	56	26	11	8	0	5	0	1	2
20) Preg. ocultas	56	26	12	5	1	7	2	3	0

81-90	91-100	MEDIA
4	1	47,86
2	1	21,43
0	0	19,48

15) T° dedicado

N° respuestas válidas	Mucho más	(% sobre r. vál)	Un poco más	(% sobre r. vál)	Algo menos	(% sobre r. vál)	Mucho menos	(% sobre r. vál)	El mismo	(% sobre r. vál)
57	3	5,26	8	14,04	32	56,14	13	22,81	1	1,75



17) Calificación ajustada a conocimientos

Nº respuestas válidas	Sí, bastante aproximada	(% sobre r. vál)	No, yo sé algo más	(% sobre r. vál)	No, yo sé bastante más	(% sobre r. vál)	No, yo sé algo menos	(% sobre r. vál)	No, yo sé bastante menos	(% sobre r. vál)
56	40	71,43	4	7,14	2	3,57	9	16,07	1	1,79

18) ¿Más fácil aprobar?

Nº respuestas válidas	Sí, absolutamente	(% sobre r. vál)	Sí, pero sólo un poco	(% sobre r. vál)	No, casi nada	(% sobre r. vál)	No, en absoluto	(% sobre r. vál)
56	42	75,00	14	25,00	0	0,00	0	0,00

19) N° mínimo de preguntas

N° respuestas válidas	50-10 0	(% sobre r. vál)	100-30 0	(% sobre r. vál)	300-50 0	(% sobre r. vál)	500-80 0	(% sobre r. vál)	800-1. 000	(% sobre r. vál)	1.000- 1.500	(% sobre r. vál)	1.500- 3.000	(% sobre r. vál)	>3.000	(% sobre r. vál)
52	2	3,85	5	9,62	15	28,85	13	25,00	6	11,54	5	9,62	5	9,62	1	1,92

21) ¿Ayudado a aprender?

Nº respuestas válidas	Si, bastante	(% sobre r. vál)	Si, un poco	(% sobre r. vál)	No, muy poco	(% sobre r. vál)	No, nada	(% sobre r. vál)
54	30	55,56	19	35,19	3	5,56	2	3,70

## 22) Motivos uso programa

Motivo	VALORA													MEDIA
	Nº resp. válidas	0	(% sobre r. vál)	1	(% sobre r. vál)	2	(% sobre r. vál)	3	(% sobre r. vál)	4	(% sobre r. vál)	5	(% sobre r. vál)	
Sacar más nota examen	56	1	1,79	2	3,57	5	8,93	7	12,50	14	25,00	27	48,21	4,00
Aprender	55	0	0,00	6	10,91	3	5,45	11	20,00	18	32,73	17	30,91	3,67
Curiosidad	56	18	32,14	6	10,71	12	21,43	15	26,79	3	5,36	2	3,57	1,73
Mayoría compañeros	57	45	78,95	6	10,53	2	3,51	4	7,02	0	0,00	0	0,00	0,39
Contrastar conocimientos	57	1	1,75	1	1,75	2	3,51	2	3,51	17	29,82	34	59,65	4,37
Aclarar dudas	55	4	7,27	5	9,09	3	5,45	9	16,36	15	27,27	19	34,55	3,51

## OTROS:

Facilitar la realización del examen: 3

23) Autoría preguntas

Nº respuestas válidas	Alumnos sin supervisión	(% sobre r. vál)	Alumnos con supervisión	(% sobre r. vál)	Profesor y alumnos	(% sobre r. vál)	Sólo profesor	(% sobre r. vál)
57	0	0,00	25	43,86	30	52,63	2	3,51

24) Problemas uso programa

Problema	VALORA													MEDIA
	Nº resp. válidas	0	(% sobre r. vál)	1	(% sobre r. vál)	2	(% sobre r. vál)	3	(% sobre r. vál)	4	(% sobre r. vál)	5	(% sobre r. vál)	
Fallos técnicos sistema	56	12	21,43	9	16,07	10	17,86	15	26,79	2	3,57	8	14,29	2,18
Dificultad acceso internet	56	28	50,00	4	7,14	5	8,93	6	10,71	5	8,93	8	14,29	1,64
Desconoc. existencia progr.	56	51	91,07	3	5,36	0	0,00	1	1,79	0	0,00	1	1,79	0,20
Desconoc. funcionam. progr.	56	47	83,93	6	10,71	1	1,79	0	0,00	1	1,79	1	1,79	0,30
Preguntas ambiguas	56	6	10,71	12	21,43	20	35,71	11	19,64	4	7,14	3	5,36	2,07
Respuestas ambiguas	56	4	7,14	20	35,71	15	26,79	9	16,07	5	8,93	3	5,36	2,00
Fallos asignación respuesta	56	30	53,57	12	21,43	6	10,71	3	5,36	2	3,57	3	5,36	1,00
Preguntas sobre detalles	56	7	12,50	5	8,93	6	10,71	6	10,71	15	26,79	17	30,36	3,21

OTROS:

Preguntas muy difíciles o rebuscadas: 3

Preguntas reiterativas: 1

26) ¿Mejor examen tradicional?

N° respuestas válidas	No	(% sobre r. vál)	Si, sin el programa	(% sobre r. vál)	Si, aún sin el programa	(% sobre r. vál)	Mixto	(% sobre r. vál)
58	30	51,72	13	22,41	4	6,90	11	18,97



## **Prácticas de Genética Desarrolladas con CuantWeb y Gengine**

# Genética Cuantitativa

## Fundamentos de Biología Aplicada

### Índice

1. Estima del número de loci en que difieren dos líneas puras 1
2. Estima de la heredabilidad por el método de regresión 8

### 1. Estima del número de loci en que difieren dos líneas puras

En este ejercicio partiremos de una población generada aleatoriamente en la que consideraremos un carácter cuantitativo. A partir de ésta generación obtendremos dos líneas puras, una con alto y otra con bajo valor fenotípico. Cruzando individuos de ambas líneas obtendremos una  $F_1$  y una  $F_2$  a partir de las cuales calcularemos en cuantos loci difieren las líneas puras que hemos obtenido.

Utilizaremos para ésto el programa *CuantWeb*, al que podéis acceder en: <http://mendel.ugr.es/cuantweb3>, o bien desde la página de la asignatura en la plataforma moodle: <http://mendel.ugr.es/genetica>. La página inicial del programa es la siguiente:

The screenshot shows the CuantWeb interface. At the top, a dark blue banner contains the text "CUANTWEB Prácticas de Genética Usuario: invitado Tipo:Invitado". Below this is a yellow bar with the text "Para empezar a utilizar Cuantweb debes identificarte primero". The main content area is divided into two sections: "Identificación Usuarios" and "Alta Usuarios". The "Identificación Usuarios" section has input fields for "Login:" and "Password:" and a button labeled "Identificar Usuario". The "Alta Usuarios" section has input fields for "Login:", "Password:", and "Repetir Password:" and a button labeled "Nuevo Usuario".

En primer lugar deberás identificarte con tu *login* y *password*. Si es la primera vez que entras deberás darte de alta en el sistema. Elige un nombre de

usuario (que contenga sólo letras, números o caracteres de subrayado, sin espacios en blanco) y tecléalo en el apartado **Alta Usuarios**, en el campo *Login*:. A continuación teclea dos veces la contraseña que elijas en los campos *Password*: y *Repetir Password*. Cuando piques sobre el botón **Nuevo Usuario** se creará una cuenta en el sistema donde se guardarán todos tus proyectos, a los que podrás volver a acceder cada vez que te identifiques.

Sabremos que el sistema nos ha identificado porque aparecerá nuestro nombre y tipo de usuario en la barra superior de la página, así como unas breves instrucciones en el recuadro amarillo.

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

[Inicio](#) | [Proyectos](#) | [Caracteres](#) |

Bienvenido . Ya puedes empezar a realizar experimentos con Cuantweb. Primero comprueba que tienes los [Caracteres](#) que vas a necesitar. Para cruzar individuos y poblaciones utiliza los [Proyectos](#)

En *CuantWeb* todos los experimentos que quieras simular se realizan en el contexto de un *proyecto*, por lo que una vez identificado deberás picar en la pestaña **Proyectos**. Aparecerá la ventana de tus proyectos que, la primera vez, debería estar vacía:

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

[Inicio](#) | [Proyectos](#) | [Caracteres](#) |

[Lista proy.](#) | [Datos Proy](#) | [Generaciones](#) | [Calculos](#) |

**Lista de Proyectos**

**Lista de Proyectos Sel. para borrar**

---

**Crear Nuevo Proyecto**

Nombre:

Creas un proyecto nuevo eligiendo para él el nombre que creas conveniente y tecléandolo en el campo *Nombre*:

Tras picar en el botón **Crear Proyecto** nos aparecerá una lista de posibles caracteres a considerar en nuestro proyecto. Podremos elegir uno de ellos, o crear otros a través de la pestaña **Caracteres**, pero para éste ejercicio elegiremos uno de la lista. Para ello marcaremos el casillero junto al carácter **altura** y picamos sobre el botón **Añadir Caracteres Seleccionados**. El carácter elegido aparecerá entonces en la lista de caracteres seleccionados:

**Caracteres Seleccionados**

Caracter	Efecto Ambiente	Sel. para elim.
altura	<input type="text" value="0"/>	<input type="checkbox"/>

Podremos ahora especificar el efecto que el ambiente podrá tener sobre el carácter seleccionado. Para ello introduciremos un número entre 1 y 10000 en el campo correspondiente. Cuanto mayor sea el número, mayor puede llegar a ser la influencia que el ambiente ha tenido en el fenotipo de un individuo en particular. Aún así, la influencia ambiental será aleatoria, lo que generará cierta variabilidad en las poblaciones por causas ambientales. Pondremos, por ejemplo, un valor de 500, tras lo cual almacenaremos este valor para nuestro proyecto en particular pulsando sobre el botón **Guardar datos ambiente**.

Ya podemos crear una primera población con genotipos aleatorios, a partir de la cual podremos obtener nuestras líneas puras mediante selección de los progenitores a lo largo de varias generaciones. Picaremos sobre la pestaña **Generaciones** para crear nuestra primera población:

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

[Inicio](#) | [Proyectos](#) | [Caracteres](#) |  
[Lista proy.](#) | [Datos Proy.](#) | [Generaciones](#) | [Calculos](#)

**Crear Generación Inicial**

Tamaño Población:

Elegimos un tamaño de población (200 individuos en éste caso) y pulsamos el botón **Crear Generación Inicial**. Veremos los individuos de la nueva población, así como algunos datos estadísticos de la misma.

CUANTWEB Prácticas de Genética Usuario: Miguel Tipo:Alumno

Inicio | Proyectos | Caracteres |  
 Lista proy. | Datos Proy. | Generaciones | Cálculos

**Crear Nueva Generación**

Generación Id. Ind Sexo Fenotipo Sel. Prog.

Tamaño Población: 200

**Generaciones Aleatorias**

Crear Generaciones Aleatorias:  Total Generaciones a crear: 0 Generación de los progenitores: 0

Tipo Selección Progenitores: Aleatoria:  Asociativa (próximos):

Crear Generación | Eliminar Progenitores de la selección

Generaciones Gen.0

**Generación 0**

**Progenitores de la generación**

**Generación Id. Ind Sexo Fenotipo**

**Datos estadísticos**

**Media Progenitores Varianza Progenitores Media Población Varianza Población**

0 0 23.725506 24.2544065213

**Individuos**

Seleccionar Progenitores

Id.	Ind	Sexo	Fenotipo	Sel.	Prog.
36	F		36.1692	<input type="checkbox"/>	
182	F		36.0612	<input type="checkbox"/>	
120	M		?? 8068	<input type="checkbox"/>	

Comenzaremos ahora el proceso de selección para obtener nuestra línea pura de alto valor fenotípico. Marcamos algunos machos y hembras de entre los individuos con mayor valor fenotípico (de entre los primeros de la lista, puesto que se encuentra ordenada) y picamos sobre el botón **seleccionar progenitores**. Los individuos seleccionados aparecerán en el formulario para crear una nueva generación:

CUANTWEB Prácticas de Genética Usuario: Miguel Tipo:Alumno

Inicio | **Proyectos** | Caracteres |  
 Lista proy. | Datos Proy. | **Generaciones** | Cálculos

**Crear Nueva Generación**

Generación	Id.	Ind	Sexo	Fenotipo	Sel.	Prog.
0	36	F	36.1692	<input type="checkbox"/>		
0	88	M	32.8064	<input type="checkbox"/>		
0	160	M	33.5968	<input type="checkbox"/>		
0	182	F	36.0612	<input type="checkbox"/>		

Tamaño Población: 200

**Generaciones Aleatorias**

Crear Generaciones Aleatorias:  Total Generaciones a crear: 0 Generación de los progenitores: 0

Tipo Selección Progenitores: Aleatoria:  Asociativa (próximos):

Crear Generación | Eliminar Progenitores de la selección

En el campo *Tamaño Población* introduciremos el tamaño de la nueva población que vamos a crear pulsando posteriormente sobre el botón **Crear Generación**.

Veremos los resultados de forma similar a los que veíamos antes en la generación inicial. A la izquierda tenemos enlaces a las generaciones que vamos creando, y en la pestaña **Cálculos** podremos ver un resumen de nuestros cruza-

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

Inicio | **Proyectos** | Caracteres

Lista proy. | Datos Proy | **Generaciones** | Calculos

Sel.	Generacion N°	Ind.	Gen.	Prog.	Media Prog.	Varianza Prog.	Media Poblacion	Varianza Poblacion
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 0</a>	200			0.00	0.00	23.73	24.25
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 1</a>	200	0(4)		34.66	2.20	33.62	9.94

Calcular Regresión

Operacion:

Calcular =

En la pestaña **Generaciones** podremos continuar con nuestro proceso de selección, eligiendo los progenitores de la generación 1 para obtener la generación 2 y, posteriormente, eligiendo los progenitores de la generación 2 para obtener la 3, y así sucesivamente. En el resumen mostrado en la pestaña **Cálculos** podremos ver cuántos progenitores se han seleccionado de cada generación, y veremos también si nuestro proceso de selección tiene éxito, lo que se pondrá de manifiesto con un incremento en el valor fenotípico medio de cada generación. Cuando hayamos obtenido una línea pura, esperamos que ese valor no continúe aumentando, puesto que todos los individuos deberían ser genéticamente idénticos. Sólo podríamos apreciar algunas diferencias que tendrían causas ambientales. En el ejemplo vemos como, tanto la generación 2 como la 3, tienen el mismo valor fenotípico medio, por lo que podríamos considerar que hemos obtenido ya una línea pura.

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

Inicio | **Proyectos** | Caracteres

Lista proy. | Datos Proy | **Generaciones** | Calculos

Sel.	Generacion N°	Ind.	Gen.	Prog.	Media Prog.	Varianza Prog.	Media Poblacion	Varianza Poblacion
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 0</a>	200			0.00	0.00	23.73	24.25
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 1</a>	200	0(4)		34.66	2.20	33.62	9.94
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 2</a>	200	1(4)		41.04	0.32	40.09	1.23
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 3</a>	200	2(4)		41.96	0.00	40.09	1.35

Calcular Regresión

Operacion:

Calcular =

Partiendo ahora de nuevo de la población heterogénea inicial, a la que podremos acceder pulsando sobre el enlace *Gen0* en la lista de generaciones de la pestaña **Generaciones**, realizaremos un proceso de selección favorable a valores fenotípicos bajos (los individuos del final de la lista), hasta que consigamos otra línea pura.

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

Inicio | **Proyectos** | Caracteres |

Lista proy. | Datos Proy | Generaciones | **Calculos** |

Sel.	Generacion	Nº Ind.	Gen. Prog.	Media Prog.	Varianza Prog.	Media Poblacion	Varianza Poblacion
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 0</a>	200		0.00	0.00	23.73	24.25
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 1</a>	200	0(4)	34.66	2.20	33.62	9.94
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 2</a>	200	1(4)	41.04	0.32	40.09	1.23
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 3</a>	200	2(4)	41.96	0.00	40.09	1.35
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 4</a>	200	0(4)	13.96	2.32	14.12	13.65
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 5</a>	200	4(4)	7.70	0.00	8.00	0.05
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 6</a>	200	5(4)	7.61	0.00	8.01	0.05

Calcular Regresión

Operacion:

Calcular =

En el ejemplo, vemos como podemos considerar la generación 3 como nuestra línea de alto valor fenotípico, y la 6 como la línea de bajo.

Ahora deberemos obtener una  $F_1$  cruzando un individuo de cada una de las líneas puras. En el ejemplo, picaríamos sobre el enlace [Gen3](#) para ver los individuos de esa generación, elegimos uno cualquiera de ellos y lo seleccionamos como progenitor. Hacemos lo mismo con otro de sexo contrario de la generación 6. Elegimos el número de descendientes de la  $F_1$  ...

Inicio | **Proyectos** | Caracteres |

Lista proy. | Datos Proy | Generaciones | **Calculos** |

**Crear Nueva Generación**

Generacion	Id.	Ind	Sexo	Fenotipo	Sel.	Prog.
3	7		F	42	<input type="checkbox"/>	
6	133		M	8.3808	<input type="checkbox"/>	

Tamaño Población:

y pulsamos el botón **Crear Generación**. La generación 7 será la  $F_1$ , y deberá tener un valor fenotípico medio intermedio entre las dos líneas puras.

Elegimos dos individuos cualesquiera de esta generación 7 y los cruzamos para obtener la  $F_2$ , que será la generación 8.

El número de loci en que difieren las líneas puede estimarse con la aplicación de la siguiente fórmula:

$$n = \frac{(P_1 - P_2)^2}{8(VF_2 - VF_1)}$$

Donde  $P_1$  y  $P_2$  son los valores fenotípicos medios de las líneas puras, y  $VF_2$  y  $VF_1$  son las varianzas de la  $F_2$  y la  $F_1$  respectivamente.

Para realizar los cálculos, disponemos de un campo en la página de la pestaña **Cálculos** donde podemos escribir cualquier operación algebraica que queramos que el sistema resuelva. En nuestro ejemplo, tomando los valores de la tabla resumen, y teniendo en cuenta que la sintaxis de las potencias es  $pow(base, exponente)$ , teclearíamos lo siguiente:

Inicio	Proyectos	Caracteres	
Lista proy.	Datos Proy	Generaciones	Calculos

Sel.	Generacion	Nº ind.	Gen. Prog.	Media Prog.	Varianza Prog.	Media Poblacion	Varianza Poblacion
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 0</a>	200		0.00	0.00	23.95	30.20
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 1</a>	200	0(4)	37.07	1.22	36.96	6.87
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 2</a>	200	1(4)	41.77	0.00	39.92	1.29
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 3</a>	200	2(4)	41.89	0.00	39.92	1.29
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 4</a>	200	0(4)	10.87	2.91	11.12	7.56
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 5</a>	200	4(4)	7.63	0.00	7.98	0.05
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 6</a>	200	5(4)	7.62	0.00	7.98	0.05
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 7</a>	200	3(1),6(1)	25.16	281.39	24.00	0.48
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Gen 8</a>	200	7(2)	25.15	0.00	23.60	30.90

Calcular Regresión

Operacion:   = 4.19199375411



## 2. Estima de la heredabilidad por el método de regresión

En primer lugar nos deberemos identificar ante el sistema, si no lo hemos hecho antes, de la misma forma que se ha descrito en la practica anterior.

Seguidamente crearemos un nuevo proyecto, en el ejemplo lo llamamos *hereda1*.

**CUANTWEB Prácticas de Genética** Usuario: Miguel Tipo:Alumno

[Inicio](#) | [Proyectos](#) | [Caracteres](#) |

[Lista proy.](#) | [Datos Proy](#) | [Generaciones](#) | [Calculos](#) |

### Lista de Proyectos

Lista de Proyectos		Sel. para borrar
<a href="#">primero</a>	<a href="#">Ver Datos</a>	<input type="checkbox"/>

Eliminar proyectos seleccionados

### Crear Nuevo Proyecto

Nombre:

Crear Proyecto

A continuación especificamos el efecto del ambiente, por ejemplo 2000. Recuerda que el valor máximo es 10.000.

### Caracteres Seleccionados

Caracter	Efecto Ambiente	Sel. para elim.
altura	<input type="text" value="2000"/>	<input type="checkbox"/>

Guardar datos ambiente    Eliminar Caracteres Seleccionados

Después creamos la población inicial, eligiendo un tamaño de población de 200 individuos.

Inicio	Proyectos	Caracteres	
Lista proy.	Datos Proy	Generaciones	Calculos

**Crear Generación Inicial**

Tamaño Población:

Una vez que tenemos la población inicial, vamos a estimar el valor de la heredabilidad del carácter elegido en esa población. Para ello deberemos realizar cierto número de cruces entre individuos de ésta generación y comparar la media de su valor fenotípico con la media del valor fenotípico de sus hijos.

Si la heredabilidad del carácter en esa población fuese alto, las diferencias fenotípicas entre los distintos individuos de esa población tendrán principalmente causas genéticas. Esto hará que los valores fenotípicos medios de los hijos se parezcan a los de sus padres, y una regresión entre los valores fenotípicos medios de los padres y los de sus hijos nos dará un coeficiente de regresión próximo a 1. Sin embargo, si las diferencias fenotípicas entre los individuos de la generación inicial son debidas a causas ambientales, El valor fenotípico medio de los hijos no tendrá relación con el valor fenotípico medio de sus padres ya que todos los individuos de la generación parental tendrán genes similares. Por lo tanto el coeficiente de regresión será próximo a 0. Así, este coeficiente de regresión tiene un comportamiento similar al que tendría el valor de la heredabilidad y, por esto, nos puede servir como estima del valor de ésta heredabilidad.

Crearemos por tanto varias generaciones partiendo de diferentes individuos de la generación 0. *QuantWeb* nos permite también realizar cruces en serie, eligiendo los parentales siempre de la misma generación. Utilizaremos esto para generar, por ejemplo, 10 generaciones eligiendo como parentales a distintas parejas de la generación 0. Para ello marcamos la opción de *Crear generaciones Aleatorias*, y en *Total Generaciones a crear* ponemos 10. La *Generación de los progenitores* es la 0, y como *Tipo Selección Progenitores* elegimos la *Asociativa*, lo que significa que ambos parentales tendrán siempre valores fenotípicos parecidos entre sí.

Inicio	Proyectos	Caracteres	
Lista proy.	Datos Proy	Generaciones	Calculos

### Crear Nueva Generación

Generacion	Id.	Ind	Sexo	Fenotipo	Sel.	Prog.	
Tamaño Población:						200	
<b>Generaciones Aleatorias</b>							
Crear Generaciones Aleatorias:	<input checked="" type="checkbox"/>	Total Generaciones a crear:		10			
Generación de los progenitores:						0	
Tipo Selección Progenitores:	Aleatoria:		<input type="radio"/>	Asociativa (próximos):			<input type="radio"/>
<input type="button" value="Crear Generacion"/>		<input type="button" value="Eliminar Progenitores de la selección"/>					

Pulsamos entonces el botón  y se nos crearán las 10 generaciones. En la página que nos aparece veremos la última de ellas, pero podemos elegir cualquier otra en la lista de generaciones de la izquierda.

Miramos a continuación en la pestaña , veremos nuestras 10 generaciones, así como la generación inicial. Todas aparecen seleccionadas. Puesto que la generación 0 no tiene progenitores y, es más, es de donde han salido los progenitores de las demás generaciones, deberemos quitar la marca para que no se incluya en la regresión.

CUANTWEB Prácticas de Genética Usuario: Miguel Tipo:Alumno

Inicio | Proyectos | Caracteres | Lista proy. | Datos Proy | Generaciones | Calculos

Sel.	Generacion	Nº Ind.	Gen. Prog.	Media Prog.	Varianza Prog.	Media Poblacion	Varianza Poblacion
<input type="checkbox"/>	Gen 0	200		0.00	0.00	24.21	40.64
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 1	200	0(2)	32.40	4.28	30.11	36.79
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 2	200	0(2)	16.68	8.74	17.93	15.22
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 3	200	0(2)	25.63	20.59	24.55	24.90
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 4	200	0(2)	24.13	0.16	25.98	25.85
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 5	200	0(2)	28.87	2.52	26.25	34.17
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 6	200	0(2)	13.53	8.33	14.27	16.69
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 7	200	0(2)	26.55	13.05	25.14	27.43
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 8	200	0(2)	23.07	87.52	19.98	22.89
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 9	200	0(2)	22.15	9.27	21.28	25.71
<input checked="" type="checkbox"/>	Gen 10	200	0(2)	26.47	46.74	25.16	27.64

Calcular Regresión

Pulsamos ahora sobre el botón `Calcular Regresión`, que calculará la regresión entre los valores fenotípicos medios de padres e hijos.

**Call:**

`lm(formula = hijos ~ padres, data = dummy)`

**Residuals:**

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.37611	-0.36731	0.01491	0.19354	2.77472

**Coefficients:**

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	3.72906	2.00545	1.859	0.1
padres	0.80747	0.08179	9.872	9.34e-06 ***

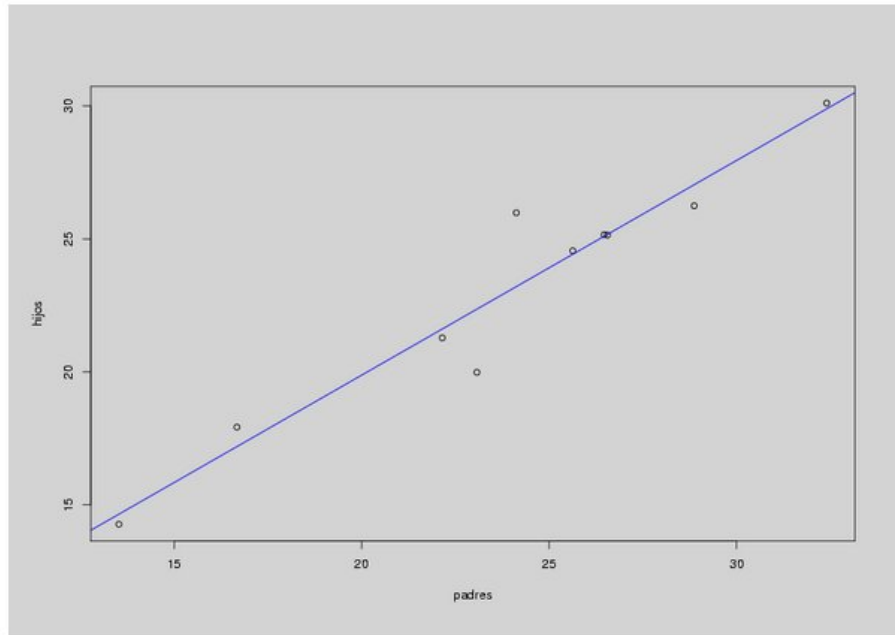
---  
**Signif. codes:** 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

**Residual standard error:** 1.361 on 8 degrees of freedom  
**Multiple R-Squared:** 0.9241, **Adjusted R-squared:** 0.9147  
**F-statistic:** 97.46 on 1 and 8 DF, **p-value:** 9.342e-06

La estima del valor de la heredabilidad será el coeficiente de regresión  $\pm$  el

error estándar. Es decir:  $0,80747 \pm 0,08179$  y el valor de  $P = 9,342e - 06$  nos indica un resultado altamente significativo.

Asimismo, se nos mostrará una representación gráfica de la recta de regresión obtenida.



Podríamos crear diferentes caracteres en los que intervinieran distinto número de genes, o genes con distintos tipos de alelos, lo que contribuiría a una mayor variabilidad genética de la población inicial, o elegir distintos valores para la influencia del ambiente en el carácter, y ver así la influencia que éstos parámetros tienen sobre la heredabilidad del carácter en esa población.

## **1. Tarea propuesta para realizar con CuantWeb y GenGine**

# Trabajos FBAI

## Métodos de estima de la heredabilidad

### Índice

1. Trabajo previo	1
2. Creación de nuevo usuario	1
3. Creación de caracteres	2
4. Experimentos a realizar	3
5. Interpretación de resultados	3
6. Dudas y aclaraciones	4

### 1. Trabajo previo

El propósito de éste seminario es desarrollar un ejercicio con CuantWeb que nos permita estimar la heredabilidad de un carácter en una población mediante un método distinto al que se ha empleado durante las prácticas, y observar cómo varía el valor de la heredabilidad frente a distintas circunstancias.

El método elegido es el de la selección masal.

Para la realización del seminario deberéis redactar de manera lo más clara y escueta posible, en qué consiste este método de estima de la heredabilidad, y enviar el texto (preferiblemente en pdf para que no pueda ser alterado) a través del moodle (se habilitará una tarea para el envío de los seminarios).

### 2. Creación de nuevo usuario

Una vez se tenga claro en qué consiste éste método de estima. Se realizarán varios experimentos Como distintos proyectos de CuantWeb.

Para ello tenéis que dar de alta a un usuario nuevo en el que hagais los diferentes proyectos.

Teneis que enviar ese nombre de usuario asi como la contraseña a la siguiente dirección de correo electrónico:

miguel.mburgos@gmail.com

en el asunto del correo debereis poner:

**[HEREDA] Seminario FBAI Heredabilidad**

y en el cuerpo del mensaje el nombre de usuario y contraseña elegidos para la realización del seminario y la lista de componentes del grupo que lo realizaréis.

### 3. Creación de caracteres

En primer lugar debereis diseñar vuestros propios caracteres para los experimentos que vayais a realizar.

Para eso debeis seguir las siguientes instrucciones:

- Picar sobre la pestaña “caracteres”
- poner un nombre al carácter en el apartado “crear nuevo carácter”
- comprobar que se encuentra seleccionado “cuantitativo”
- pulsar el botón “crear carácter”

Aparecerá entonces un formulario para asignar genes y alelos al carácter. En principio el formulario contiene espacio para 4 genes y para 4 alelos en cada gen. Si se van a asignar menos de 4 genes o menos de 4 alelos, se dejan vacíos los campos que no sea necesario utilizar. Si se pretende asignar más de 4 genes, cuando se rellenen los 4 disponibles, aparecerá automáticamente un quinto por si se quiere utilizar, y así sucesivamente sin ningún límite preestablecido. Lo mismo ocurre si quisiéramos asignar más de 4 alelos, aunque es bastante improbable que ésto se necesite.

como ejemplo describiré la creación de un carácter llamado “numsemillas”, al que asignaré dos genes con dos alelos cada uno. Este carácter representará el número de semillas por fruto y pretendo que varíe entre 200 y 50, aproximadamente, como valores máximos y mínimos. Si pretendo asignar dos genes, en total habrá 4 alelos, por lo que los alelos que contribuyan al número máximo de semillas tendrán un valor de  $\frac{200}{4} = 50$ . Del mismo modo, los alelos que contribuyan al valor mínimo deberán tener un valor de  $\frac{50}{4}$  pero, puesto que este valor proporciona un número con decimales, me decido finalmente por un valor mínimo de 40 semillas por fruto, que me proporciona un valor de  $\frac{40}{4} = 10$ . Por tanto rellenaré con esos valores el formulario:

1. *Gen 1:*

**Nombre:** A

**Nombre Alelo:** A **Valor:** 50

**Nombre Alelo:** a **Valor:** 10

2. *Gen 2:*

**Nombre:** B

**Nombre Alelo:** B **Valor:** 50

**Nombre Alelo:** b **Valor:** 10

El resto de los campos los dejo en blanco. Pero antes de guardar los datos del carácter, deberemos comprobar que, en la parte superior, junto al nombre del gen la opción “público” NO APARECE SELECCIONADA.

Si un carácter se hace “visible”, podremos ver los genes y alelos que influyen en él picando sobre el nombre del carácter en distintos lugares de la web. Para unas prácticas



se puede ocultar estos datos a los alumnos no haciéndolo visible, pero para el seminario es indiferente ya que sois vosotros mismos los que creáis los caracteres, así que podéis dejarlos visibles. El hacer un carácter público implica que cualquier usuario puede ver ese carácter en la lista de caracteres y hacer uso de él en sus proyectos, por lo que vuestros caracteres no podrán ser públicos, de modo que solo vosotros tengáis acceso a ellos. Puesto que la aparición de múltiples caracteres en las prácticas puede entorpecer el desarrollo de la misma, se borrará cualquier carácter que se haga público así como los proyectos asociados a él, por lo que perderíais el trabajo realizado. Por tanto insisto “NO SE DEBEN HACER PÚBLICOS LOS CARACTERES CREADOS PARA REALIZAR PRUEBAS PERSONALES O SEMINARIOS”.

Pulsando sobre el botón “Guardar datos carácter”, guardaremos nuestro carácter, y podremos utilizarlo en nuestros proyectos, ya que aparecerá entre la lista de caracteres posibles a seleccionar.

Teneis que diseñar dos caracteres, uno en el que intervenga un solo gen con dos alelos, y otro en el que intervengan al menos 3 genes con dos alelos. Las diferencias entre los valores máximos y mínimo de cada carácter deberán de ser suficientes para diferenciar claramente entre ellos.

#### **4. Experimentos a realizar**

Mediante el método de selección masal se puede realizar una estima de la heredabilidad en una población obteniendo únicamente una nueva generación a partir de ella. Eso nos permite estimar fácilmente ese valor en gran número de generaciones sin tener que realizar un número elevado de cruces.

Para este trabajo, debereis obtener una población inicial aleatoria especificando unos efectos ambientales débiles, por ejemplo 200 (o cualquier otro valor relativamente pequeño) y estimar la heredabilidad en varias generaciones sucesivas de selección para observar como varía este valor, hasta que se llegue a un punto en el que se estime que ese valor no variaría si se realizasen estimas en posteriores generaciones. Esta selección la podréis realizar hacia valores fenotípicos altos o bajos a vuestra elección, pero no es necesario hacerlo para los dos casos.

Este experimento se realizará por separado para cada uno de los dos caracteres que hayais diseñado, en dos proyectos independientes del mismo usuario.

A continuación realizareis otros dos experimentos similares especificando un valor alto para la influencia ambiental, por ejemplo 5000.

En todos los cruces se deberán elegir un mínimo de 10 individuos como parentales de cada nueva generación, y los tamaños de población serán de 200 individuos.

#### **5. Interpretación de resultados**

Se deberá realizar un informe, lo más claro y escueto posible, indicando los resultados obtenidos así como las posibles interpretaciones de los mismos, demostrando que se tienen lo suficientemente claras las razones por las que se hayan obtenido cada uno de los resultados. Si se considera oportuno se podrán establecer comparaciones entre los resultados de los distintos proyectos para clarificar el porqué de las diferencias o similitudes de cada uno de ellos.

## **6. Dudas y aclaraciones**

Para cualquier duda o aclaración se utilizará preferentemente el foro de Genética cuantitativa, por lo que debeis asegurarnos que todos los componentes de grupos de seminarios se encuentren suscritos a ese foro y reciben sus mensajes o lo visitan con cierta frecuencia.

# Opiniones de algunos de los profesores que usan la plataforma

Como ejemplo de la opinión del profesorado usuario del sistema Moodle, reproducimos aquí las de algunos de los participantes.

## Manuel Garrido Ramos. Genética General

Mi impresión general ha sido muy buena. La participación se concreta en que la inscripción en el curso ha sido entre el 95 y 99 % de los alumnos matriculados por curso y un seguimiento diario de los recursos y actividades que se han ido poniendo semana a semana por parte de la mayoría de esos alumnos. La información sobre el reporte de actividades realizadas por cada alumno diariamente es una herramienta muy útil para realizar un seguimiento del éxito del uso de la plataforma.

Como recursos generales que se han puesto en la cabecera del curso, aparece información sobre:

- Página web de la asignatura
- Información sobre actividades y evaluación del Curso
- Guías didácticas de los Temas de la asignatura
- Calendarios de clases de problemas
- Calendarios de prácticas
- Grupos de prácticas
- Vídeos de prácticas de laboratorio
- Descarga del Practical Genetics (Programa de simulación de cruzamiento genéticos)
- Lista de seminarios propuestos
- Horarios de autorización para seminarios así como de exposición de los mismos

Siguiendo un diagrama semanal, cada semana se han incorporado los siguientes recursos, informaciones y actividades:

- Clases de la semana: información puntual de la materia que se estudia en clase durante la semana
- Archivo pdf de la Presentación del tema que se estudia cada semana
- Guía didáctica del tema de la semana
- Archivo pdf de las cuestiones sometidas a debate cada semana
- Archivo pdf con Presentaciones adicionales utilizadas en clase
- Preparación de las clases de la siguiente semana: información puntual para la preparación de las clases que se desarrollarán durante la siguiente semana

- Información de actividades adicionales de cada semana: clases de problemas, clases de prácticas,...
- Cuestiones y actividades programadas para su realización por parte del alumno en horas no presenciales y presentación en clase. También se pueden presentar las respuestas vía Moodle.
- Trabajos propuestos del mes: cada mes se propone la elaboración de un pequeño trabajo de investigación bibliográfica
- Información útil para el seguimiento de la asignatura: soluciones a problemas, respuestas a exámenes y controles realizados,...

Además, el Moodle, se utiliza como foro de debate y discusión. Con cada tema se abre un foro de debate mediante mensaje que es enviado vía Moodle por correo electrónico a cada uno de los alumnos inscritos. A ese mensaje, vía Moodle, puede responder cualquier alumno inscrito mediante un correo electrónico que llega a todos los alumnos. En este foro de debate pueden incluirse cualquier duda que algún alumno quiera resolver o cualquier cuestión o sugerencia que sobre el contenido del tema correspondiente se quiera hacer. Es un foro abierto, de tal forma que además del profesor puede entrar en el debate cualquier alumno en cualquier momento. Dependiendo de los temas, el debate puede ser más o menos intenso, existiendo casos de hasta 35 entradas en un tema.

Dada la dinámica de estos foros de debate, está claro que el sistema sirve como tutoría electrónica. De hecho, así funciona para resolver o aclarar dudas de los contenidos del tema y para aclarar o resolver cuestiones referentes a los trabajos de clase y a los seminarios.

El foro puede utilizarse y, de hecho se utiliza, como sistema emisor de casos prácticos. El profesor elabora una cuestión práctica sobre el tema que se está estudiando en clase durante la semana correspondiente y lanza preguntas al respecto, dejando un tiempo de varios días para que los alumnos debaten vía Moodle sobre la posible o posibles soluciones.

Por último, la utilidad del foro como foro de noticias es inmejorable. Día a día, cualquier anuncio o aviso que se precise realizar por parte del profesor tanto sobre la marcha habitual del curso como sobre cualquier incidencia que surja, se puede utilizar el foro como sistema de mensajería que rápidamente llega a todos los alumnos inscritos vía Moodle por correo electrónico.

En definitiva, la utilidad de la plataforma Moodle para el desarrollo del curso siguiendo nuestro modelo de docencia es innegable. Resulta muy útil, facilita la labor docente del profesor y ayuda mucho a los alumnos a seguir la asignatura (información y actividades).

Una perspectiva futura podría ser virtualizar completamente la asignatura: preparación de las clases, sesiones de debate, cuestiones y trabajos, evaluación,...

### **Juan Pedro Martínez Camacho. Genética de Poblaciones y Evolución**

La plataforma Moodle se ha convertido en el punto de referencia y encuentro permanente entre profesor y alumnos de esta asignatura.

**Genética de Poblaciones y Evolución**

Ud. está en el sistema como Martínez Camacho Juan Pedro. (Salir)

GenUGR ► GPE

**Diagrama de temas**

Profesor: **Juan Pedro Martínez Camacho**

- Foro de Novedades
- Foro curso 2008-2009
- Presentación de la asignatura
- Calendario de Problemas y Prácticas
- Recursos
- Temario
- Foro de Noticias 2008-2009
- Noticias recientes sobre Evolución
- Comienzan las Prácticas Experimentales: elige cuál quieres realizar

- Tema 1: Evidencias de la evolución**  
03/10/08... Presentación por el profesor y debate  
Tarea\_1  
Tarea\_1\_bien resuelta
- Tema 2: Variabilidad genética**  
07/10/2008... Presentación del profesor  
10/10/2008... Debate y ejercicios  
Cuestionario\_2
- Tema 3: Genética de poblaciones, Equilibrio Hardy-Weinberg**  
14/10/2008... 1ª Parte: Presentación por el profesor  
17/10/2008... Ejercicios y debate  
21/10/2008... 2ª Parte: Presentación por el profesor  
24/10/2008... Ejercicios y debate

Terminado

Es el lugar donde se encuentra toda la programación de la asignatura, de forma permanente durante todo el curso. El lugar donde profesor y alumnos pueden consultar, en cualquier momento, todos los aspectos relacionados con la asignatura,

**GPE: Presentación de la asignatura**

GenUGR ► GPE ► Recursos ► Presentación de la asignatura

Nombre	Tamaño	Modificado
1_-_objetivos.html	1.3kb	30 de agosto de 2008, 09:30
2_-_el_credito_ects.html	4.1kb	30 de agosto de 2008, 09:30
3_-_actividades_docentes.html	1.5kb	23 de septiembre de 2008, 20:10
4_-_bibliografia.html	1.5kb	23 de septiembre de 2008, 19:32
5_-_evaluacion.html	3.9kb	23 de septiembre de 2008, 19:39

Moodle Docs para esta página

Ud. está en el sistema como Martínez Camacho Juan Pedro. (Salir)

GPE

Terminado

tales como los objetivos;

**Objetivos**

Considero que el profesor universitario es un entrenador del aprendizaje de los alumnos, por lo que enfocaré todos mis esfuerzos a conseguir que los alumnos realicen el máximo trabajo personal enfocado a la obtención de una serie de conocimientos conceptuales y de aptitudes metodológicas y de razonamiento, en el campo de la biología evolutiva.

En concreto, pretendo conseguir los siguientes objetivos generales:

1. Despertar en los alumnos la afición por el estudio de la evolución
2. Que los estudiantes aprendan a pensar en términos evolutivos y que sean capaces de mantener discusiones científicas.
3. Estimular su espíritu crítico.
4. Que los estudiantes comprendan que la teoría evolutiva es la única teoría unificadora de todas las Ciencias Biológicas, cuya utilidad para ellos es no sólo profesional sino que también les proporcionará respuestas a algunas de las preguntas más trascendentales que los humanos solemos hacernos.
5. Estimular las capacidades de análisis y de síntesis de los alumnos, así como de comunicación escrita y oral de resultados científicos.

cómo se reparten las horas de los estudiantes con los créditos ECTS,

	Horas Presenciales	Horas no presenciales	Exámenes	Total
Clases de Teoría	40	80	4	124
Clases de Problemas	12	24	4	40
Prácticas Experimentales	4	10		14
Prácticas Ordenador	6	12	2	20
Noticia sobre evolución		3		3
Ejercicios Web		24		24
<b>Total</b>	<b>62</b>	<b>153</b>	<b>10</b>	<b>225</b>

cómo se evalúa la asignatura,

**Evaluación**

El profesor ha elaborado una relación de **competencias imprescindibles** que todo alumno deberá demostrar, en cualquiera de los dos sistemas de evaluación. Para ello, cada examen constará de una primera parte de preguntas o problemas diseñadas para evaluar estas capacidades.

Cada alumno podrá optar por uno de los dos siguientes sistemas de evaluación:

1) **Evaluación por curso:**

- o Dos exámenes parciales, escritos, incluyendo teoría y problemas, cada uno valorado en 70 puntos. Cada uno de estos exámenes tendrá una repesca y todo alumno podrá presentarse a cada examen y su repesca, descartándose la nota más baja de las dos que obtenga.
- o Un examen de prácticas de ordenador valorado en 20 puntos.
- o Cuestionarios de cada tema contestados en Moodle antes de cada clase (hasta 20 puntos).
- o Preguntas y ejercicios resueltos en clase de teoría y de problemas (hasta 20 puntos).
- o Tareas encomendadas a través de la plataforma web MOODLE (hasta 30 puntos).
- o Participación en clase (hasta 20 puntos).
- o Presentación de una noticia sobre un descubrimiento reciente en evolución (hasta 20 puntos).
- o Prácticas experimentales (hasta 30 puntos).

Desglose de los puntos	Teoría + Problemas	Prácticas
Exámenes (2 parciales)	140	20
Cuestionarios	20	
Preguntas y ejercicios de clase	20	
Tareas en Moodle	30	
Participación en clase	20	
Presentación de noticias		20
Prácticas Experimentales		30
Total	230	70

Con este reparto, los exámenes suponen el 53% de la nota, la Teoría pesa el 65% (2/3 de los créditos son de teoría) y las Prácticas el 33%.

**Calificaciones:**

- **Aprobado:** 135 puntos (equivalente a 4,5)
- **Notable:** 195 puntos (equivalente a 6,5)
- **Sobresaliente:** 255 puntos (equivalente a 8,5)
- **Matrícula de Honor:** Las N/20 mejores notas, siendo N el nº de alumnos matriculados

2) **Examen Final** del programa completo de la asignatura, para los alumnos que no hayan conseguido aprobar por curso.

la descripción de todas las actividades docentes,

**Actividades Docentes**

**Clases teóricas (Martes de 10 a 11h, y viernes de 11 a 12, Aula A22):**

Cada tema está dividido en 1-3 partes, según su extensión, y cada parte se desarrollará en dos sesiones de 1 hora de clase. En la primera hora (los martes a las 10 de la mañana) el profesor explicará los aspectos más importantes del tema, mientras que la segunda hora (los viernes a las 11 de la mañana) se dedicará a la realización de ejercicios relacionados con el tema explicado y al debate y aclaración de los aspectos que hayan revestido mayor dificultad para los alumnos.

Es recomendable que el alumno lea el material correspondiente al tema de cada clase con antelación a la misma, ya que deberá responder a un cuestionario antes de la clase del martes, a través de la plataforma Moodle, y a una pregunta escrita en la clase del viernes.

Otras actividades a desarrollar en las clases de los viernes serán la resolución de cuestiones y ejercicios y la presentación, por parte de los estudiantes, en 5 minutos, de un resumen de un artículo reciente sobre biología evolutiva.

**Clases prácticas (Miércoles de 19-21h)**

- Resolución de problemas
- Ejercicios de simulación con ordenador.
- Prácticas Experimentales
- Presentaciones orales de los resultados de las Prácticas Experimentales (con ayuda de ordenador)

la bibliografía recomendada,

Mozilla Firefox

http://mendel.ugr.es/genetica/file.php/20/Presentacion/4\_-\_bibliografia.html

## Bibliografía recomendada

Usaremos principalmente los siguientes cuatro libros:

- Falconer DS and Mackay TFC (2001) Introducción a la genética cuantitativa. Editorial Acribia.
- Fontdevila, A. y Moya, A. (1999). Introducción a la genética de poblaciones. Editorial Síntesis, Madrid.
- Fontdevila, A. y Moya, A. (2003). Evolución: origen, adaptación y divergencia de las especies. Editorial Síntesis, Madrid.
- Freeman, S. y Herron J.C. (2002). Análisis Evolutivo. PrenticeHall-Pearson Educación, Madrid.

Pero estos otros pueden ser también de utilidad:

- Benito Jiménez, C. 1997. 360 Problemas de Genética, resueltos paso a paso. Editorial Síntesis.
- Futuyma, D.J. 1998. Evolutionary Biology. 3rd ed. Sinauer
- Li, W-H, 1997. Molecular Evolution. Sinauer.
- Ridley, M. 1996. Evolution. Blackwell.
- Rubio, J. y otros. 1982. Problemas de Genética. Akal.
- Skelton, P. (ed) 1993. Evolution: A biological and paleontological approach. Addison Wesley.
- Soler, M. (ed.) 2002. Evolución: la base de la biología
- Strickberger, M.W. 1995. Evolución. Omega.

Terminado

y el acceso a todos los recursos

GPE: Recursos - Mozilla Firefox

http://mendel.ugr.es/genetica/mod/resource/view.php?id=911

## Genética de Poblaciones y Evolución

GenUGR > GPE > Recursos > Recursos

Editar archivos Actualizar Recurso

Nombre	Tamaño	Modificado
generales	255kb	23 de septiembre de 2008, 20:19
prácticas	889kb	30 de agosto de 2008, 09:29
presentaciones	17.6Mb	30 de agosto de 2008, 09:29
problemas	7.6Mb	30 de agosto de 2008, 09:29

Moodle Docs para esta página

Ud. está en el sistema como Martínez Camacho Juan Pedro. (Salir)

GPE

Terminado

proporcionados por el profesor:

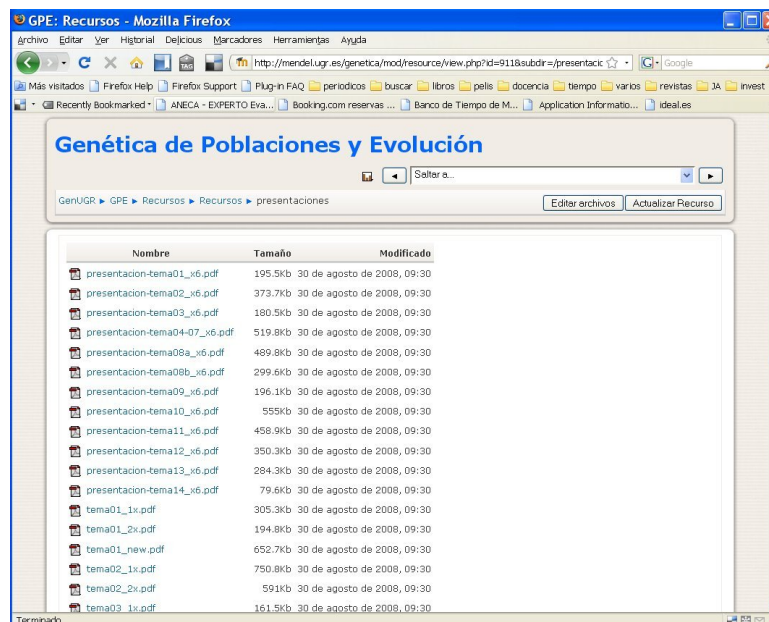
- los temas escritos por él, que los alumnos pueden descargarse en PDF,





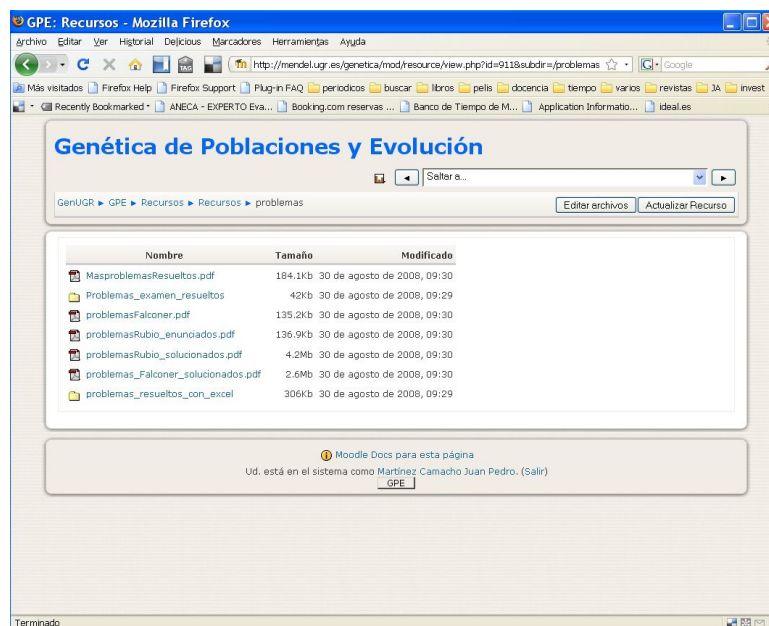
y que minimizan la toma de apuntes en las clases de teoría,

- las presentaciones de todos los temas, también en PDF,



que sirven a los alumnos como resumen de cada tema,

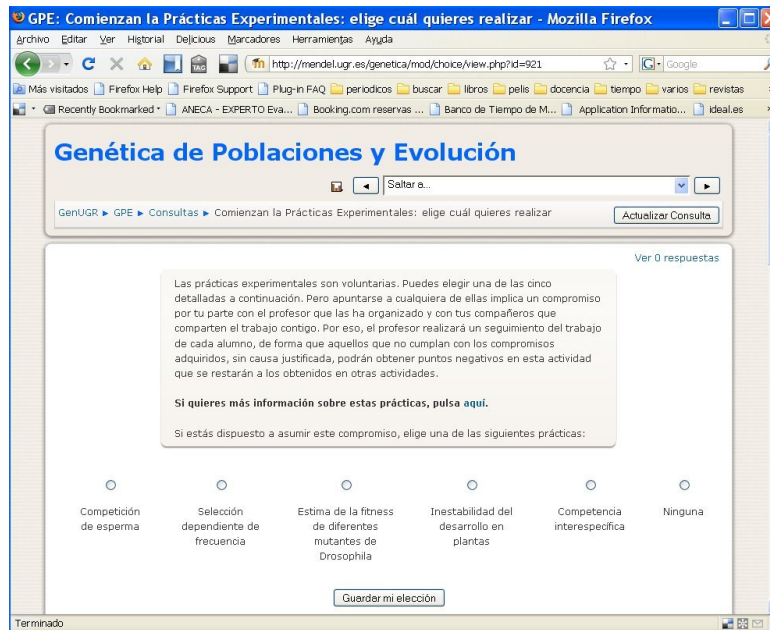
- Varias relaciones de problemas resueltos,



- Guiones de las prácticas experimentales y de las de ordenador, estas últimas enfocadas hacia la consecución de una cierta destreza de los alumnos construyendo modelos de genética de poblaciones mediante hoja de cálculo, y
- Otros documentos tales como la información completa sobre la asignatura (informacion.sobre.la.asignatura.pdf), los libros recomendados (libros.especialmente.recomendados.pdf), las competencias que el profesor considera imprescindibles para aprobar la asignatura, las instrucciones para realizar el seminario en el que tienen que redactar, y exponer en clase, una noticia reciente sobre evolución, a partir de un artículo de investigación publicado en una revista de prestigio, y otros documentos que el profesor necesita hacer llegar a los alumnos, tales como listas de notas, soluciones de los exámenes, etc.

Asimismo, utilizamos varios foros que resultan muy útiles para varios propósitos. El Foro de Novedades permite al profesor hacer llegar cualquier información a todos los alumnos, incluyendo el envío automático, por parte de Moodle, de un correo electrónico a cada alumno. El Foro del curso permite realizar una tutoría electrónica colectiva, donde los alumnos plantean sus preguntas y el colectivo de alumnos y el profesor responden a las mismas. El Foro de Noticias sirve para que los alumnos comuniquen al resto de la clase su reseña escrita del seminario. Finalmente, usamos también un Foro de Prácticas Experimentales, donde los alumnos del grupo que realiza cada experimento se comunican entre sí y con el profesor que coordina la práctica.

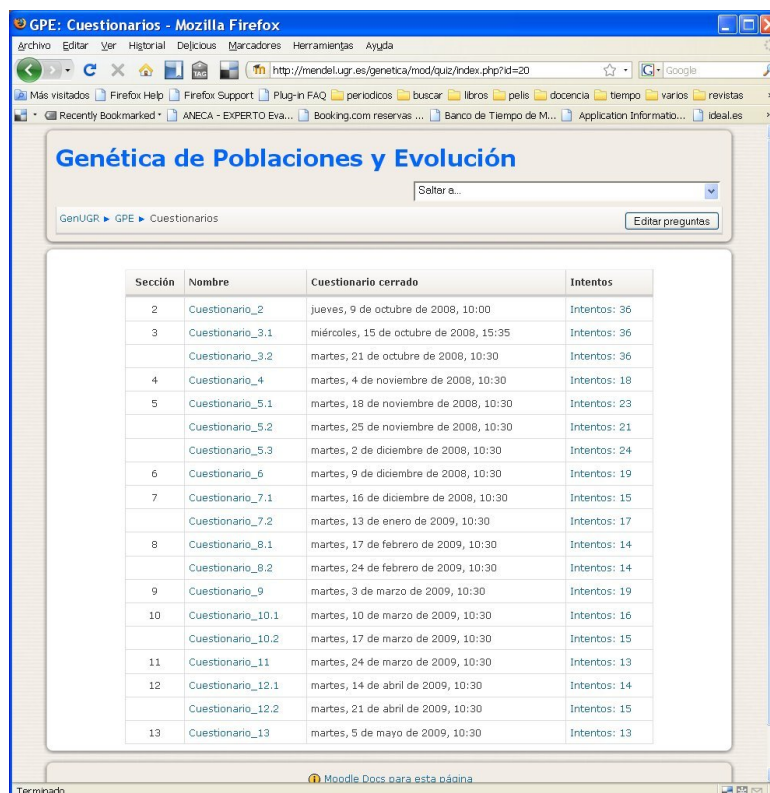
Otras utilidades de Moodle son las Consultas, como la que hacemos para que los alumnos elijan la práctica experimental que deseen,



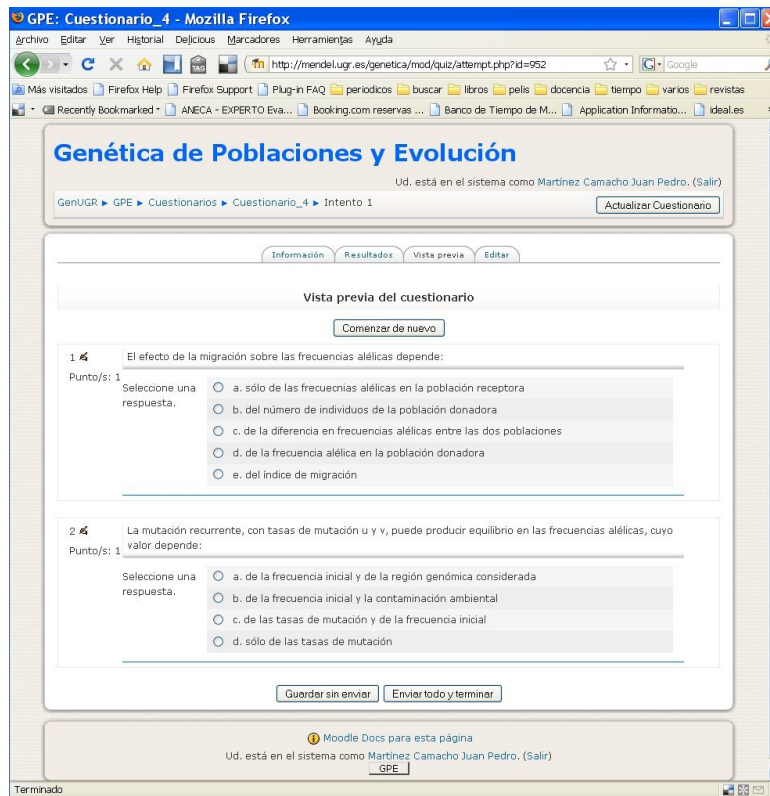
estableciendo así Moodle, automáticamente, los grupos de prácticas.

Las clases de teoría están todas programadas en Moodle. Cada tema del programa es impartido en una o varias semanas. Cada semana consta de dos horas de teoría, la primera de las cuales es utilizada por el profesor para explicar la parte del tema correspondiente, y la segunda hora es una clase de debate donde los alumnos plantean sus dudas, el profesor pregunta sobre el tema, se realizan ejercicios, etc. Todo ello está indicado en Moodle.

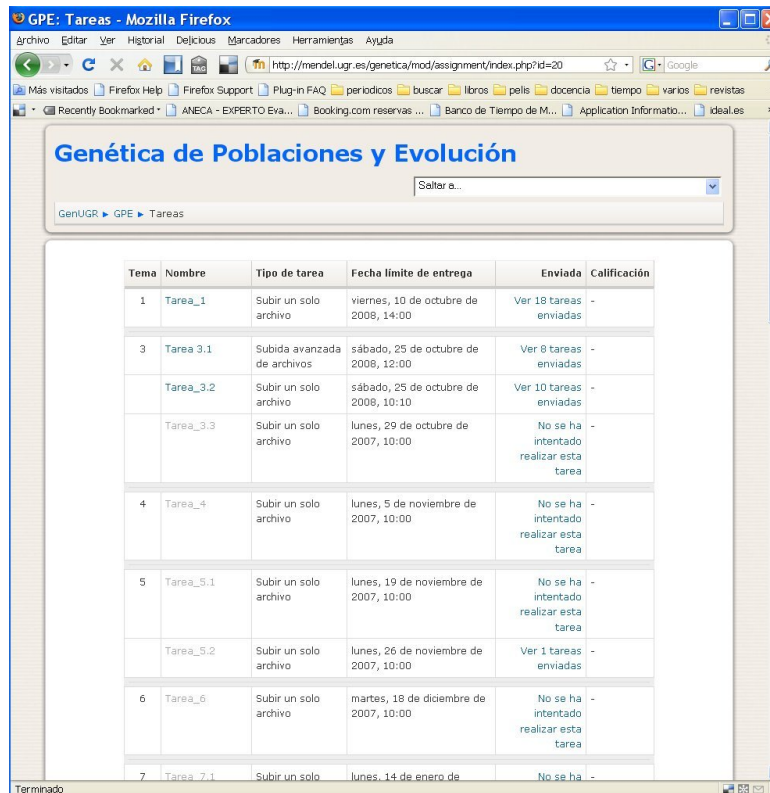
Asociadas a las dos horas de clase de cada semana, el profesor ha diseñado dos actividades en Moodle: un cuestionario, que deberán contestar antes de la clase de explicación



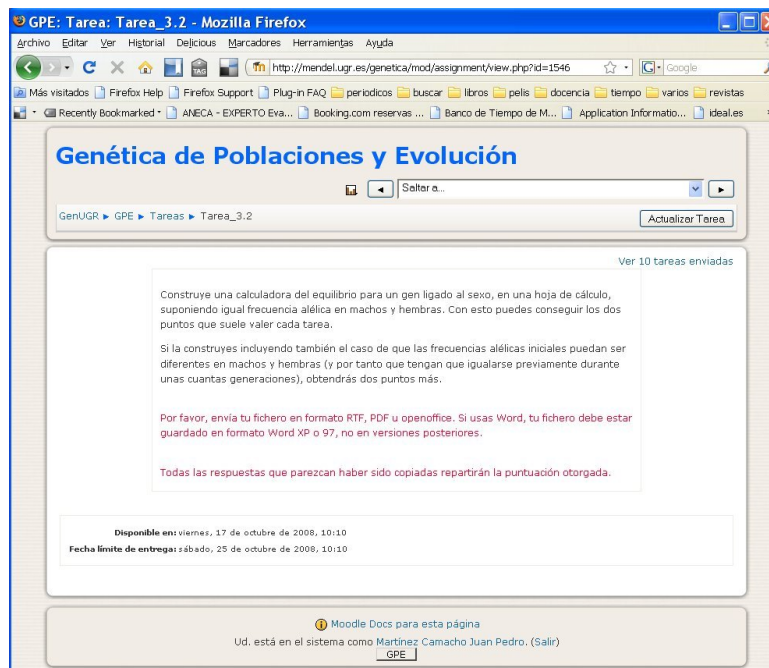
véase cuestionario 4 a modo de ejemplo,



y una tarea



que deberán realizar en la semana siguiente a la clase de debate – véase la tarea 3.2 como ejemplo.



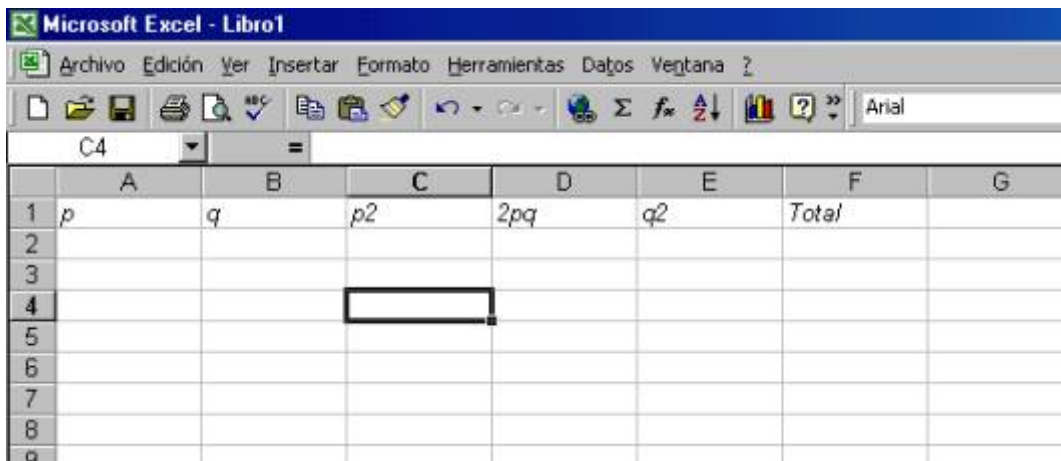
A continuación se reproducen algunos de estos documentos mencionados en esta opinión y resumen de uso de la plataforma en esta asignatura.

## Prácticas de Genética de Poblaciones

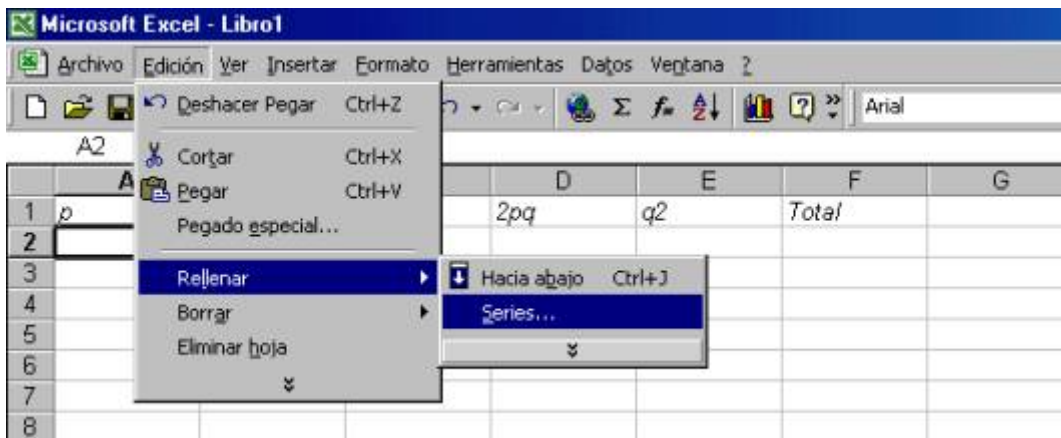
### 1) Equilibrio Hardy-Weinberg

#### a) Creación de un gráfico que muestre los valores posibles de $p^2$ , $2pq$ y $q^2$ en función de $p$ :

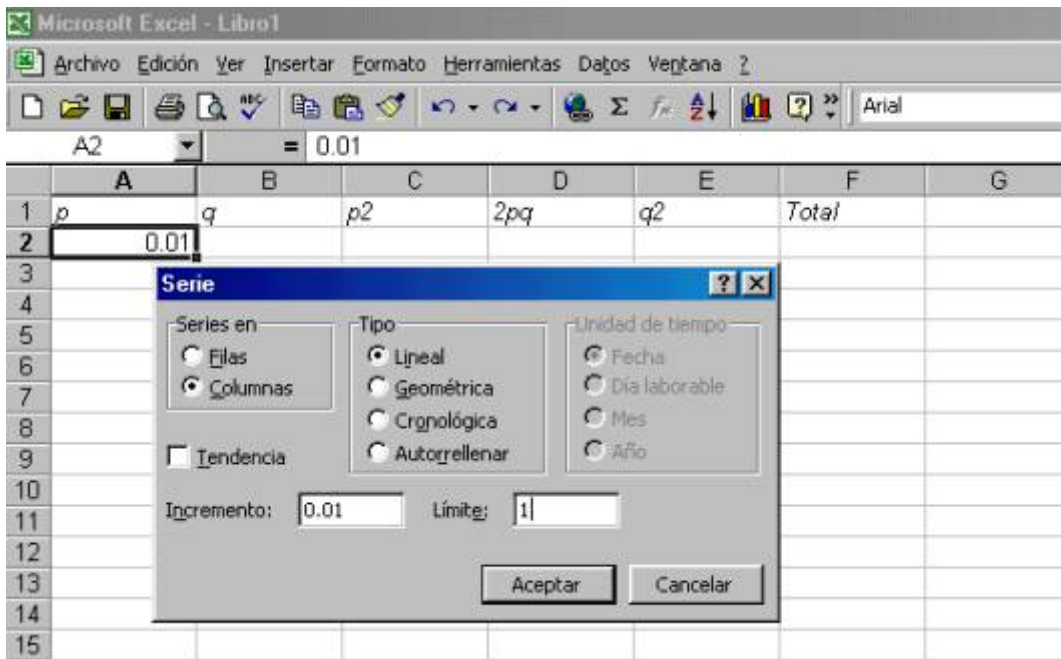
Abrir el programa EXCEL y escribir los valores  $p$ ,  $q$ ,  $p^2$ ,  $2pq$ ,  $q^2$  y  $Total$  en la primera fila:



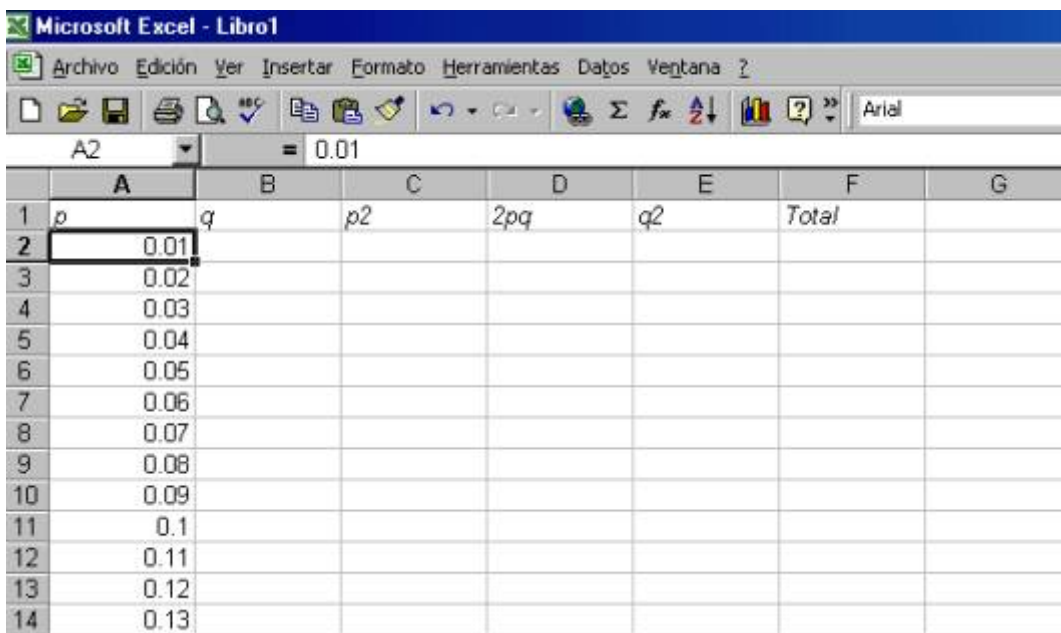
Ahora, rellenamos valores de  $p$ , automáticamente, desde 0.01 hasta 1, escribiendo el primer valor (0.01) en la casilla inmediatamente inferior a  $p$  y abriendo el menú Edición, Rellenar, Series:



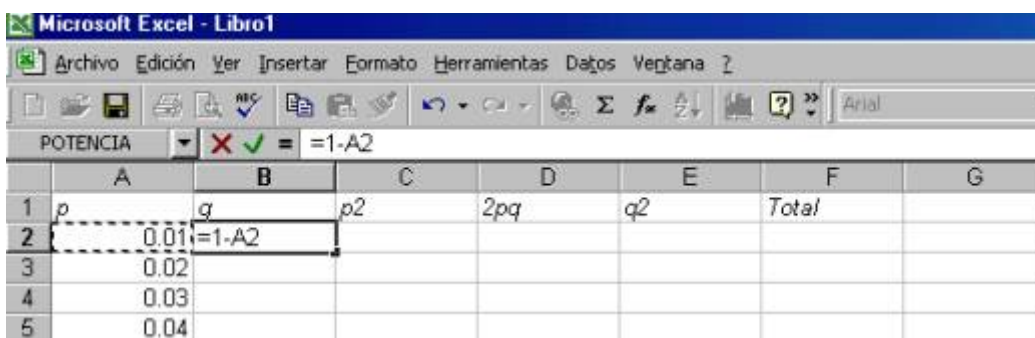
donde especificamos las opciones: Series en **columnas**, Tipo **lineal**, Incremento **0.01** y Límite **1**:



El programa rellena así todos los valores de  $p$  desde 0.01 hasta 1, con incrementos de 0.01:



Ahora, en la fila 2, definimos  $q=1-p$ . Para ello, en la casilla B2 escribimos  $=1-A2$ :



y, tras pulsar Enter, el programa hace la operación especificada en B2:

	A	B	C	D	E	F	G
1	$p$	$q$	$p^2$	$2pq$	$q^2$	Total	
2	0.01	0.99					
3	0.02						
4	0.03						

Ahora definimos  $p^2$  en la casilla C2. Como es una potencia, la definimos con el botón  $f_x$ :

	A	B	C	D	E	F
1	$p$	$q$	$p^2$	$2pq$	$q^2$	Total
2	0.01	0.99	=			

que nos abre el siguiente cuadro de diálogo:

**Pegar función**

Categoría de la función: Usadas recientemente

Nombre de la función: POTENCIA

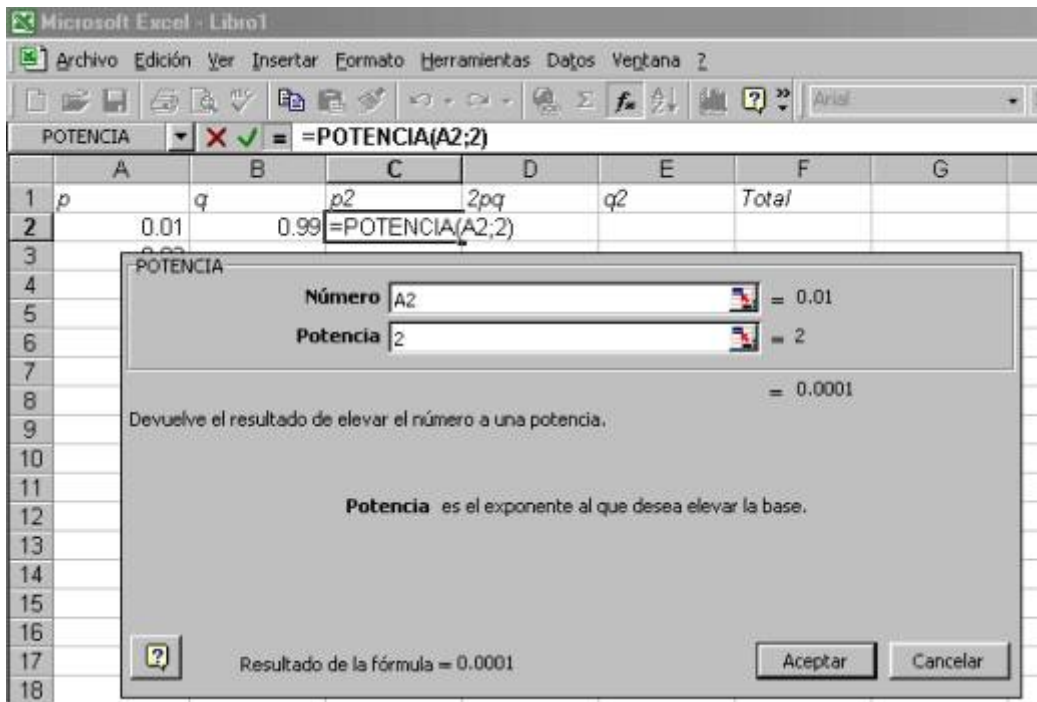
**POTENCIA(número;potencia)**

Devuelve el resultado de elevar el número a una potencia.

Aceptar Cancelar

donde señalamos POTENCIA y pulsamos ACEPTAR, abriéndose así el siguiente cuadro de diálogo:

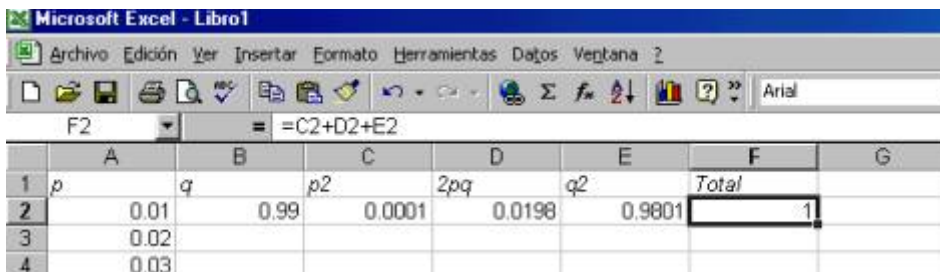




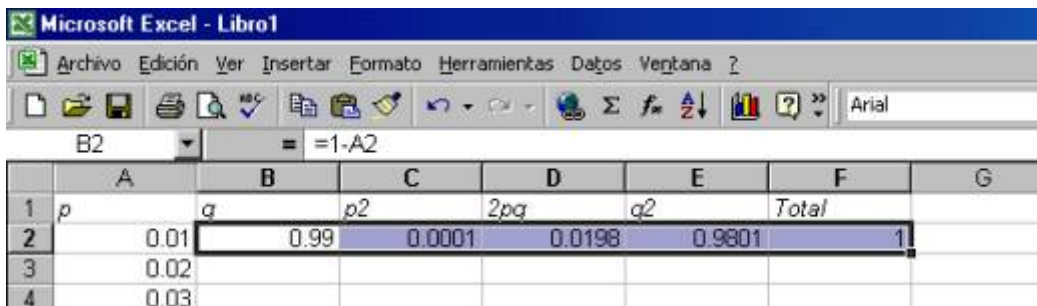
donde especificamos que el número es el que haya en la casilla A2 ( $p$ ) y la potencia el cuadrado.

Cuando pulsamos aceptar, el programa calcula y escribe  $p^2$  en C2.

Ahora definimos  $2pq$  en D2 simplemente escribiendo  $=2*A2*B2$ , y  $q^2$  en E2 siguiendo el mismo método que para  $p^2$ , pero usando B2 como el número a elevar al cuadrado. Finalmente, definimos *Total* como la suma de las casillas C2, D2 y E2, y lo utilizamos para controlar que  $p^2+2pq+q^2$  suman 1:



A continuación, copiaremos las definiciones que acabamos de hacer en la fila 2 para el resto de las filas. Para ello, marcamos las casillas B2 a F2:



y pulsamos, a la vez, las teclas Ctrl y C (con lo que copiamos lo marcado). Observarás que queda rodeado por una línea de puntos intermitente:

	A	B	C	D	E	F	G
1	$p$	$q$	$p^2$	$2pq$	$q^2$	Total	
2	0.01	0.99	0.0001	0.0198	0.9801	1	
3	0.02						
4	0.03						

Ahora pulsamos la tecla SHIFT (la que sirve para escribir una mayúscula) y, simultáneamente la flecha del cursor que desplaza hacia abajo:

	A	B	C	D	E	F	G
1	$p$	$q$	$p^2$	$2pq$	$q^2$	Total	
2	0.01	0.99	0.0001	0.0198	0.9801	1	
3	0.02						
4	0.03						
5	0.04						
6	0.05						
7	0.06						

La región marcada se va ampliando hacia abajo. Debes llegar hasta el final:

97	0.96						
98	0.97						
99	0.98						
100	0.99						
101	1						

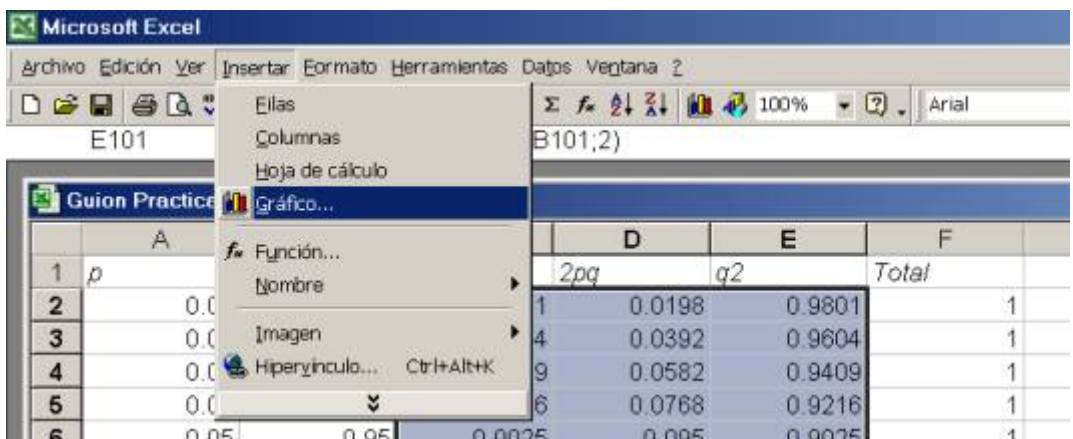
Ahora pulsamos Enter y el programa copiará las definiciones realizadas en la fila 2 en las filas marcadas:

	A	B	C	D	E	F	G
1	$p$	$q$	$p^2$	$2pq$	$q^2$	Total	
2	0.01	0.99	0.0001	0.0198	0.9801	1	
3	0.02	0.98	0.0004	0.0392	0.9604	1	
4	0.03	0.97	0.0009	0.0582	0.9409	1	
5	0.04	0.96	0.0016	0.0768	0.9216	1	
6	0.05	0.95	0.0025	0.095	0.9025	1	
7	0.06	0.94	0.0036	0.1128	0.8836	1	
8	0.07	0.93	0.0049	0.1302	0.8649	1	

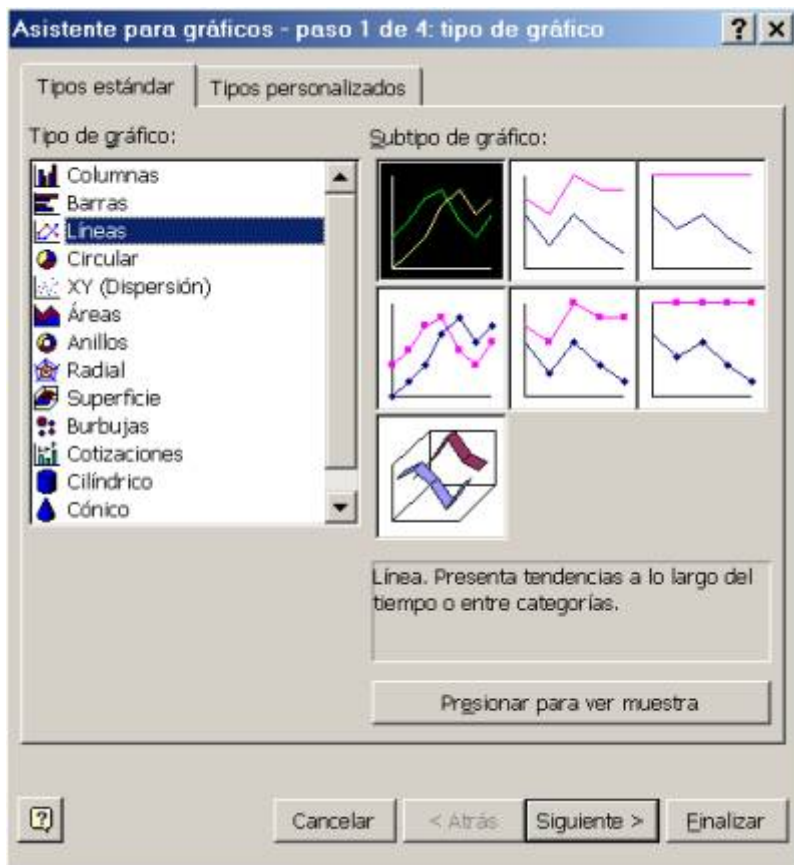
Ya tenemos los datos necesarios para construir la gráfica. Primero marcamos todos los datos numéricos de  $p^2$ ,  $2pq$  y  $q^2$ :

	A	B	C	D	E	F	G
91	0.9	0.1	0.81	0.18	0.01	1	
92	0.91	0.09	0.8281	0.1638	0.0081	1	
93	0.92	0.08	0.8464	0.1472	0.0064	1	
94	0.93	0.07	0.8649	0.1302	0.0049	1	
95	0.94	0.06	0.8836	0.1128	0.0036	1	
96	0.95	0.05	0.9025	0.095	0.0025	1	
97	0.96	0.04	0.9216	0.0768	0.0016	1	
98	0.97	0.03	0.9409	0.0582	0.0009	1	
99	0.98	0.02	0.9604	0.0392	0.0004	1	
100	0.99	0.01	0.9801	0.0198	0.0001	1	
101	1	0	1	0	0	1	

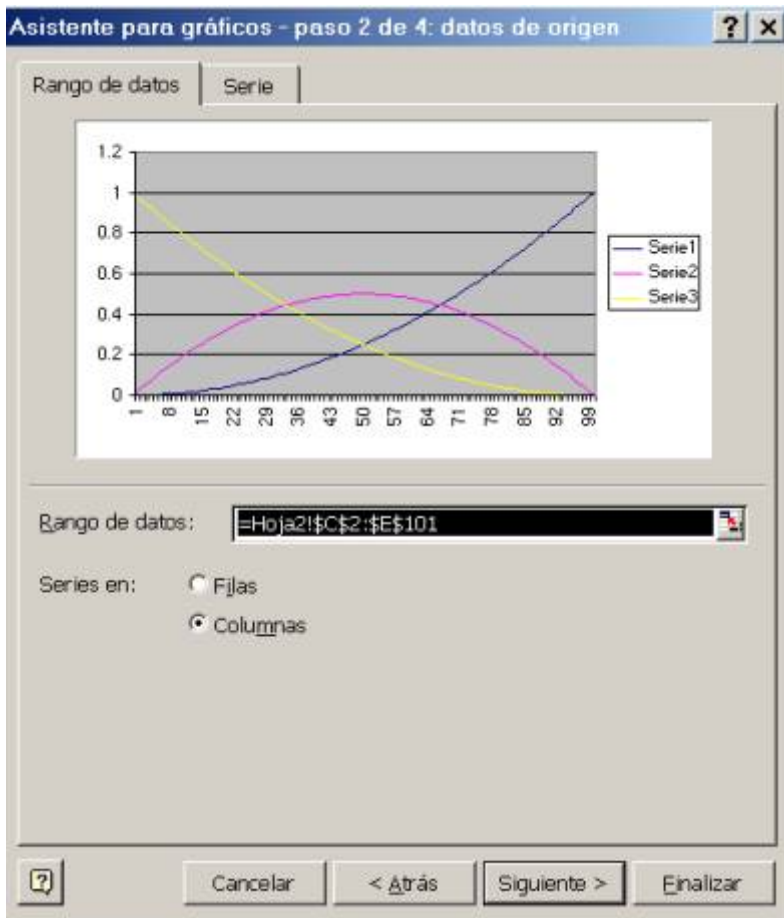
En el menú Insertar, escogemos la opción Gráfico:



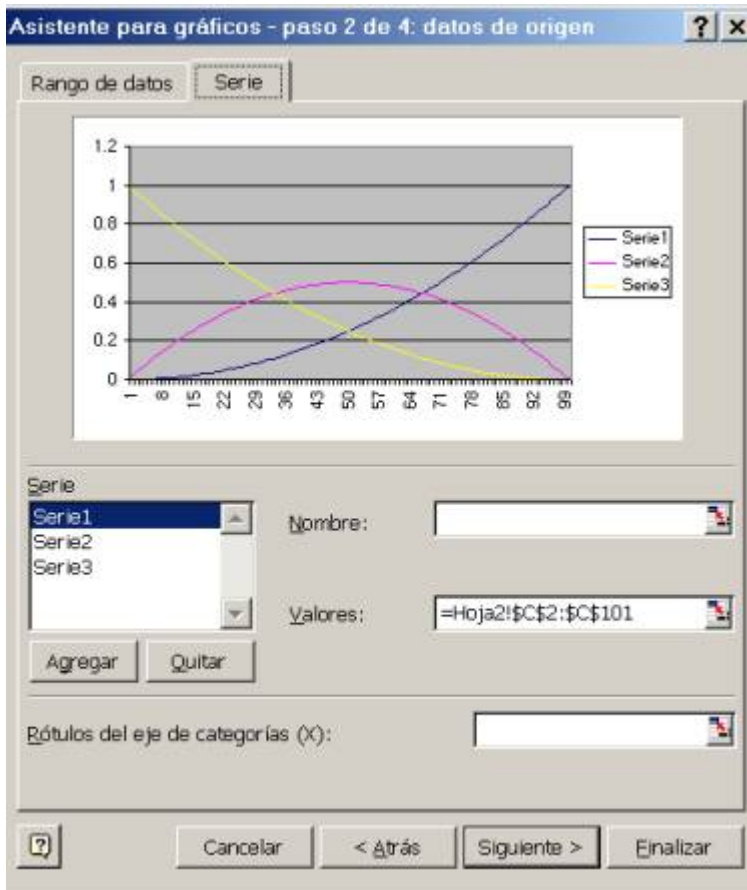
y obtenemos el Asistente para gráficos, donde elegimos la opción Líneas y presionamos Siguiente:



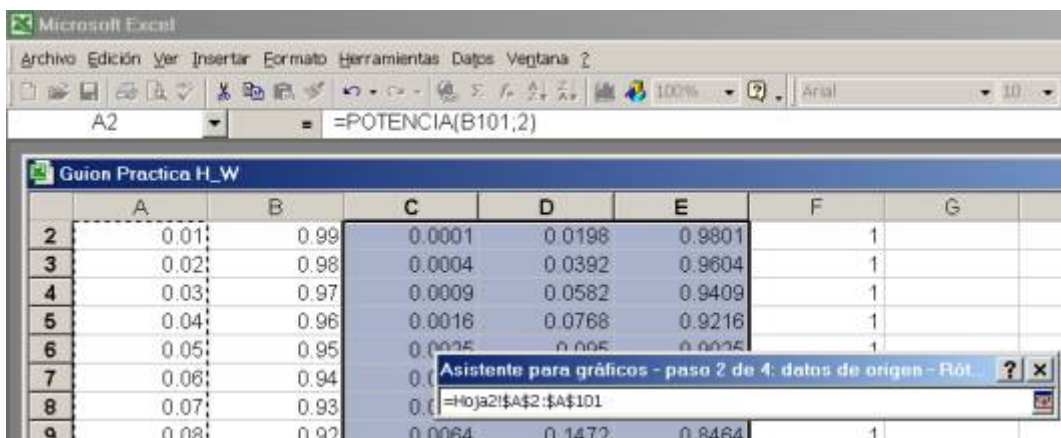
y observamos:



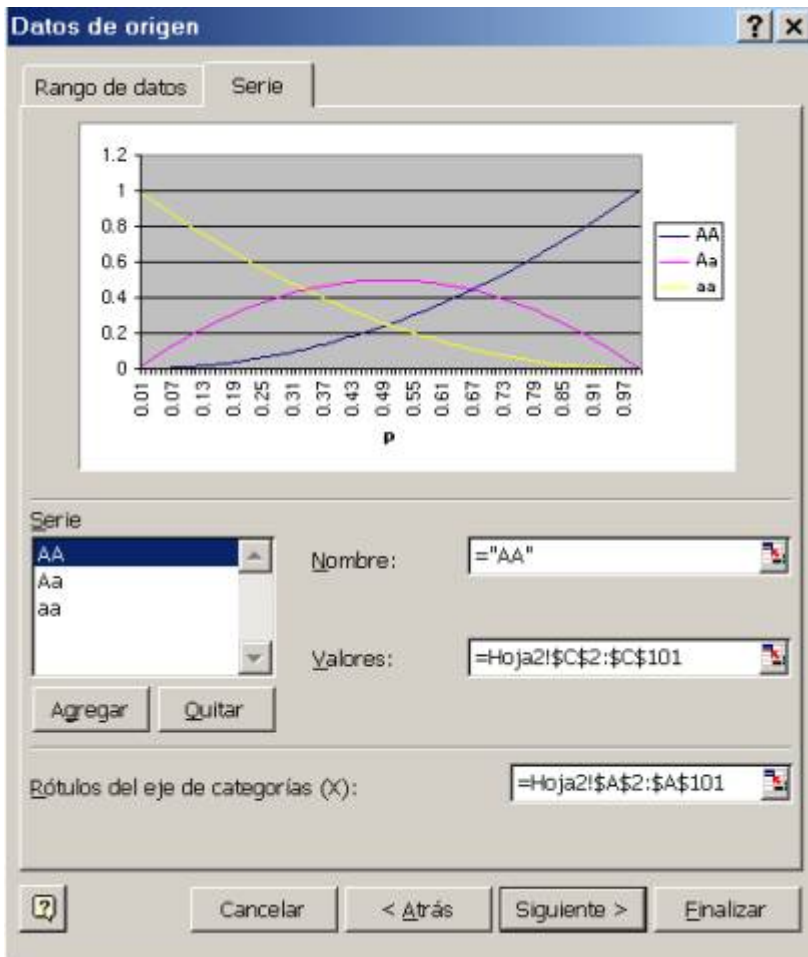
Ahora presionamos en la pestaña Serie:



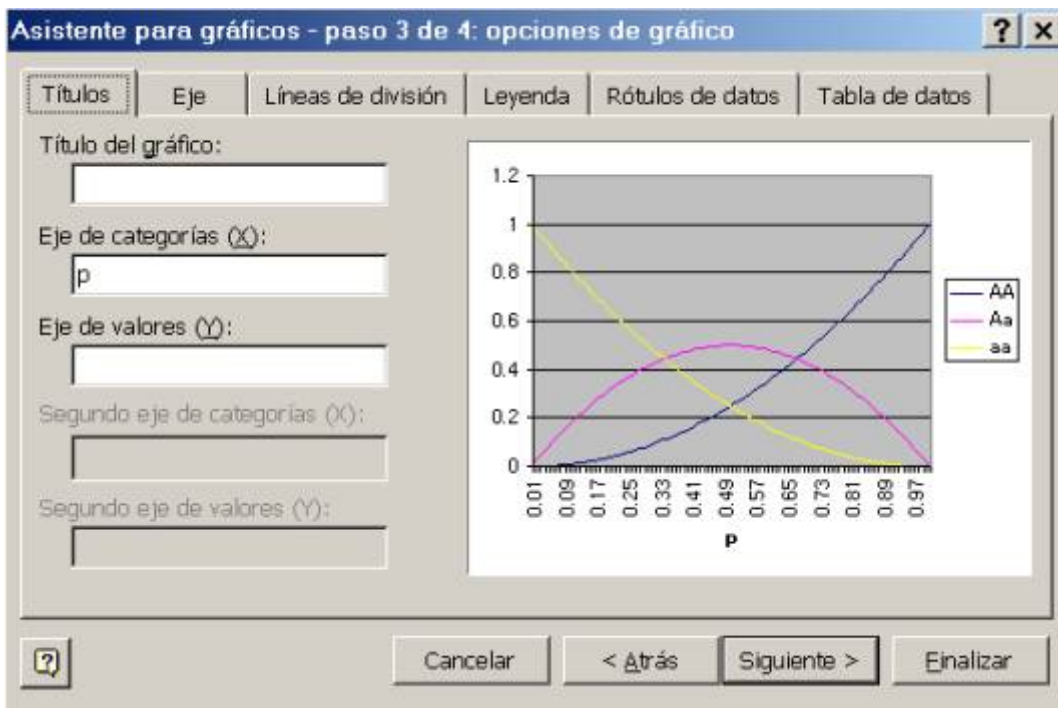
A la serie 1 la denominamos AA, a la 2 Aa y a la 3 aa. Ahora pulsamos sobre el botón coloreado situado a la derecha de la ventana vacía de la parte inferior, para especificar donde están los datos del eje X y aparece una barra vacía, que se llenará de datos cuando marquemos desde el primer al último valor de  $p$ :



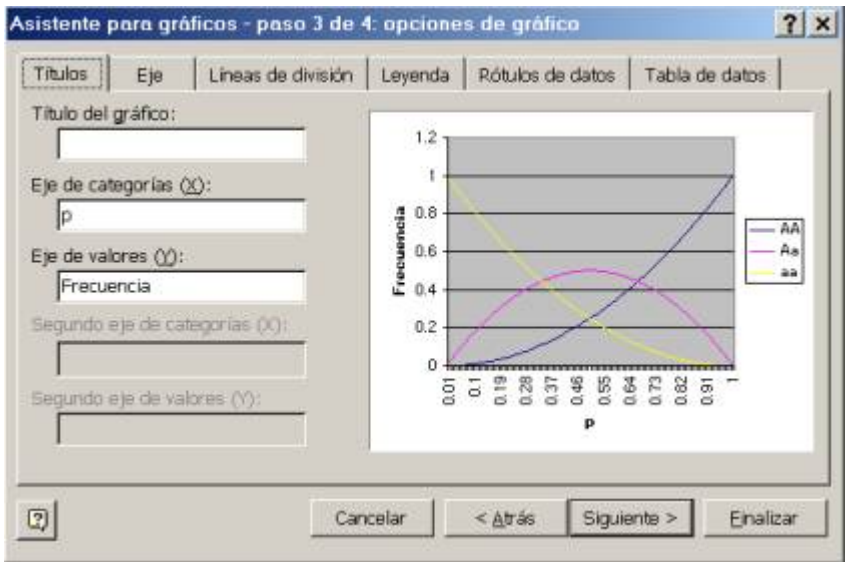
Pulsamos Enter y recuperamos el Asistente de Gráficos:



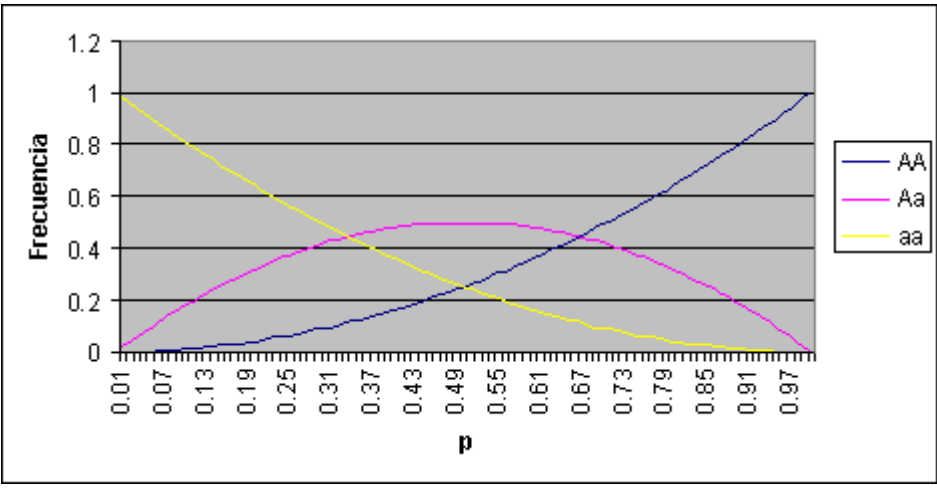
Pulsamos en Siguiente y aparece el siguiente cuadro:



Escribimos Frecuencia para el eje Y:



Y pulsamos Finalizar para obtener el Gráfico terminado:



Si se quiere cambiar el aspecto, con doble clic sobre el gráfico aparece un menú.

**b) Construir una gráfica que muestre la evolución de las frecuencias alélicas en machos (pm), hembras (ph) y en total (pt), para un carácter ligado al sexo:**

Escribe lo siguiente en la primera fila:

	A	B	C	D	E
1	Generacion	pm	ph	pt	pm-ph
2					

Ahora rellenamos el número de generaciones desde 1 hasta 10, y escribimos los valores iniciales de pm (0.2) y ph (0.5):

	A	B	C	D	E
1	Generacion	pm	ph	pt	pm-ph
2		1	0.2		0.5
3		2			
4		3			

Definimos pt como  $1/3$  de pm más  $2/3$  de ph, y la casilla E2 como la diferencia entre pm y ph:

	A	B	C	D	E
1	Generacion	pm	ph	pt	pm-ph
2		1	0.2	0.4	-0.3
3		2			

Calculamos ahora los valores de la generación 2, de forma que pm en la generación 2 es igual a ph de la generación anterior, y ph es la media aritmética de pm y ph de la generación anterior:



Microsoft Excel - Libro2

Archivo Edición Ver Insertar Formato Herramientas Datos Ventana ?

E3 = =B3-C3

	A	B	C	D	E
1	Generacion	pm	ph	pt	pm-ph
2	1	0.2	0.5	0.4	-0.3
3	2	0.5	0.35	0.4	0.15
4	3				

Marcamos desde B3 hasta E3, copiamos, desplazamos la marca hasta la generación 10 y pulsamos Enter, con lo que obtendremos los valores de todas las generaciones:

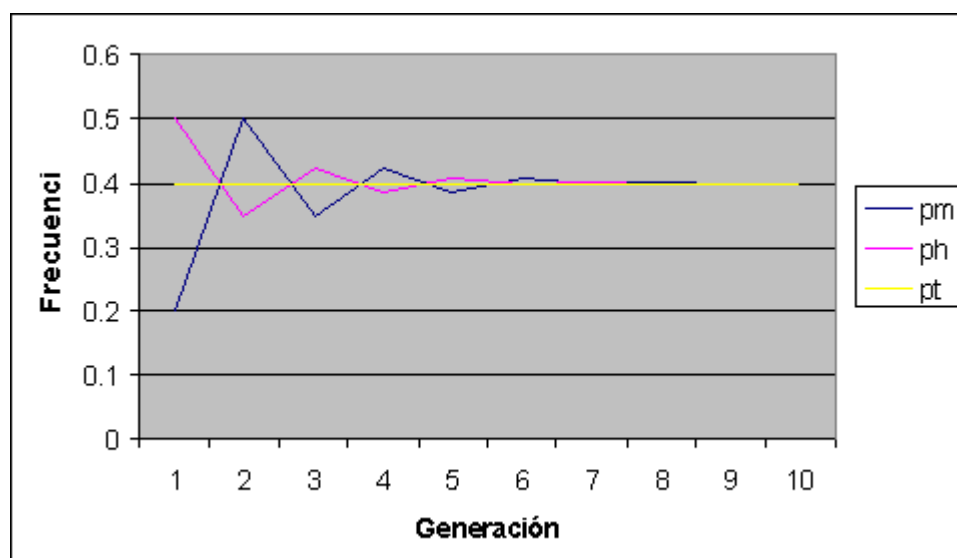
Microsoft Excel - Libro2

Archivo Edición Ver Insertar Formato Herramientas Datos Ventana ?

B3 = =C2

	A	B	C	D	E
1	Generacion	pm	ph	pt	pm-ph
2	1	0.2	0.5	0.4	-0.3
3	2	0.5	0.35	0.4	0.15
4	3	0.35	0.425	0.4	-0.075
5	4	0.425	0.3875	0.4	0.0375
6	5	0.3875	0.40625	0.4	-0.01875
7	6	0.40625	0.396875	0.4	0.009375
8	7	0.396875	0.4015625	0.4	-0.0046875
9	8	0.4015625	0.39921875	0.4	0.00234375
10	9	0.39921875	0.40039063	0.4	-0.00117188
11	10	0.40039063	0.39980469	0.4	0.00058594

Finalmente, marcando los valores de pm, ph y pt en las 10 generaciones, y con el Asistente para Gráficos, generamos el siguiente gráfico:



**3) Construcción de un gráfico que muestre la diferencia, en valor absoluto, entre pm y ph. Intenta construirlo sin ayuda.**

# GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

Prof. Juan Pedro Martínez Camacho; email: jpmcamac@ugr.es

Ésta es una asignatura optativa ofertada en el curso 3º de la Licenciatura en Biología de la Universidad de Granada. Es una asignatura de curso completo, con 6 créditos de teoría más 3 de prácticas. Sus contenidos están enfocados principalmente sobre los mecanismos genéticos de evolución, bajo la perspectiva teórica de la Genética de Poblaciones. Además, exploramos los patrones micro- y macro-evolutivos que explican la evolución desde las primeras moléculas autorreplicantes hasta los organismos con morfología compleja.

Esta materia es bastante compleja, y los conceptos clave sólo pueden comprenderse con el esfuerzo del estudio dedicado complementado con su verbalización frecuente. Por ello, el APRENDIZAJE de esta asignatura estará enfocado en el estudio previo a las clases de teoría de los textos recomendados por el profesor, y la posterior discusión en clase de esos textos, y las dudas y sugerencias surgidas del mismo.

Es completamente fundamental, por tanto, que los alumnos realicen una lectura comprensiva de los textos recomendados ANTES de cada clase, anotando las dudas y cuestiones que propondrán en clase. La participación activa en clase será siempre valorada positivamente. Las clases serán dedicadas también a la resolución de cuestiones y ejercicios que faciliten la comprensión de los conceptos importantes.

Finalmente, y para cubrir algunos aspectos más del entrenamiento profesionalizador de los estudiantes (los referidos a sus capacidades de análisis, síntesis y expresión oral), cada uno de éstos deberá exponer en clase un resumen oral de 5 minutos de un trabajo científico propuesto por el profesor.

## CONOCIMIENTOS PREVIOS

Para una adecuada comprensión de la Genética de Poblaciones y Evolución son necesarios conocimientos previos de Genética (es recomendable haber aprobado la Genética de 2º), así como ciertas habilidades con el inglés (la ciencia se publica en este idioma) y el álgebra. Sin estos conocimientos previos, la asignatura puede resultar de difícil comprensión.

## EL CRÉDITO EUROPEO (ECTS)

Los créditos del sistema actual equivalen a 25 horas por el sistema ECTS. Los 9 créditos de la asignatura implican 225 horas de trabajo del alumno, incluyendo las dedicadas a exámenes y al estudio. La siguiente Tabla muestra la conversión al sistema ECTS, teniendo en cuenta que el alumno debe estudiar dos horas por cada hora presencial.

	Horas Presenciales	Horas no presenciales	Exámenes	Total
Clases de Teoría	40	80	4	124
Clases de Problemas	12	24	4	40
Prácticas Experimentales	4	10		14
Prácticas Ordenador	6	12	2	20
Noticia sobre evolución		3		3
Ejercicios Web		24		24
Total	62	153	10	225

## ACTIVIDADES DOCENTES

### Clases teóricas (Lunes de 10 a 12h, Aula A22):

Cada tema está dividido en 1-3 partes, según su extensión, y cada parte se desarrollará en dos sesiones de 1 hora de clase. En la primera hora (los martes a las 10 de la mañana) el profesor explicará los aspectos más importantes del tema, mientras que la segunda hora (los viernes a las 11 de la mañana) se dedicará a la realización de ejercicios relacionados con el tema explicado y al debate y aclaración de los aspectos que hayan revestido mayor dificultad para los alumnos. Es recomendable que el alumno lea el material correspondiente al tema de cada clase con antelación a la misma, ya que deberá responder a un cuestionario antes de la clase del martes, a través de la plataforma Moodle, y a una pregunta escrita en la clase del viernes. Otras actividades a desarrollar en las clases de los viernes serán la resolución de cuestiones y ejercicios y la presentación, por parte de los estudiantes, en 5 minutos, de un resumen de un artículo reciente sobre biología evolutiva.

### Plataforma web MOODLE:

En la siguiente dirección web: <http://mendel.ugr.es/genetica/> cada alumno deberá darse de alta en el enlace a la asignatura Genética de Poblaciones y Evolución. Primero deberá solicitar el alta (botón de abajo a la derecha) y, cuando ésta sea autorizada podrá entrar en el sistema y acceder a los recursos de la asignatura.

### Clases prácticas (Miércoles de 19-21h)

- Resolución de problemas (en aula por determinar).
- Ejercicios de simulación con ordenador (en aula multimedia de Biología, situada en el sótano (antigua A1)).
- Prácticas Experimentales (experimentos realizados por los estudiantes en horario libre).
- Presentaciones orales de los resultados de las Prácticas Experimentales (con ayuda de ordenador)
- Redacción y presentación oral de una noticia reciente sobre evolución.

## BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

Benito Jiménez, C. 1997. 360 Problemas de Genética, resueltos paso a paso. Editorial Síntesis.

Falconer DS and Mackay TFC (2001) **Introducción a la genética cuantitativa**. Editorial Acribia.

Fontdevila, A. y Moya, A. 1999. **Introducción a la genética de poblaciones**. Editorial Síntesis, Madrid.

Fontdevila, A. y Moya, A. 2003. **Evolución: origen, adaptación y divergencia de las especies**. Editorial Síntesis, Madrid.

Freeman, S. y Herron J.C. 2002. **Análisis Evolutivo**. PrenticeHall-Pearson Educación, Madrid.

Futuyma, D.J. 1998. **Evolutionary Biology**. 3rd ed. Sinauer

Li, W-H, 1997. **Molecular Evolution**. Sinauer.

Ridley, M. 1996. **Evolution**. Blackwell.

Rubio, J. y otros. 1982. **Problemas de Genética**. Akal.

Skelton, P. (ed.) 1993. **Evolution: A biological and paleontological approach**. Addison Wesley.

Soler, M. (ed.) 2002. **Evolución: la base de la biología**

## EVALUACIÓN

El profesor ha elaborado una relación de 20 [competencias imprescindibles](#) que todo alumno deberá demostrar, en cualquiera de los dos sistemas de evaluación. Para ello, cada examen constará de una primera parte de preguntas o problemas diseñadas para evaluar estas capacidades. Éstas son:

### Genética de poblaciones (Temas 1-7, Primer parcial)

- 1) Conocer los requisitos para que un proceso evolutivo se produzca por selección natural.
- 2) Aplicar bien el concepto de carácter preadaptativo de la mutación.
- 3) Calcular correctamente las frecuencias alélicas a partir de las frecuencias genotípicas.
- 4) Aplicar correctamente el principio de Hardy-Weinberg.
- 5) Probar correctamente el equilibrio Hardy-Weinberg mediante chi-cuadrado de bondad de ajuste.
- 6) Distinguir en qué condiciones puede establecerse equilibrio para las frecuencias alélicas y/o genotípicas, cuando actúan los diferentes agentes de cambio evolutivo (mutación, migración, selección, deriva y consanguinidad).
- 7) Desarrollar algebraicamente el modelo general de la selección.
- 8) Calcular el efecto cuantitativo de la selección sobre las frecuencias genotípicas en una generación, sin necesidad de aplicar fórmulas complejas.

- 9) Reconocer los procesos evolutivos característicos de la deriva genética.  
 10) Medir la consanguinidad en genealogías y en poblaciones.

### Evolución (Temas 8-13, Segundo parcial)

- 11) Calcular la fitness de los genotipos de una población.  
 12) Distinguir correctamente la relación entre eficacia biológica y adaptación.  
 13) Distinguir correctamente entre anagénesis y cladogénesis, así como entre microevolución y macroevolución.  
 14) Reconocer si un carácter determinado puede constituir un mecanismo de aislamiento reproductivo.  
 15) Ser capaz de describir, a grandes rasgos, el proceso de especiación, ya sea de tipo alopátrico, parapátrico o simpátrico.  
 16) Saber escoger el marcador genético apropiado para construir una filogenia entre organismos, en varias situaciones de parentesco entre ellos.  
 17) Comprender el significado de la Teoría Neutralista y su interferencia con el Neodarwinismo.  
 18) Explicar por qué la evolución morfológica y la evolución molecular no van siempre al mismo ritmo.  
 19) Comprender la Teoría de los Equilibrios Interrumpidos y su interferencia con el Neodarwinismo.  
 20) Aplicar correctamente el concepto de “requerimiento funcional”, tanto para secuencias de ADN como para proteínas.

Cada alumno podrá optar por uno de los dos siguientes sistemas de evaluación:

1) **Evaluación por curso.**- Se evaluarán los siguientes aspectos:

- 1) Dos exámenes parciales, escritos, incluyendo teoría y problemas, cada uno valorado en 70 puntos. Cada uno de estos exámenes tendrá una repesca y todo alumno podrá presentarse a cada examen y su repesca, descartándose la nota más baja de las dos que obtenga.  
 2) Un examen de prácticas de ordenador valorado en 20 puntos.  
 3) Cuestionarios de cada tema contestados en Moodle antes de cada clase (hasta 20 puntos).  
 4) Preguntas y ejercicios resueltos en clase de teoría y de problemas (hasta 20 puntos).  
 5) Tareas encomendadas a través de la plataforma web MOODLE (hasta 30 puntos).  
 6) Participación en clase (hasta 20 puntos).  
 7) Presentación de una noticia sobre un descubrimiento reciente en evolución (hasta 20 puntos).  
 8) Prácticas experimentales (hasta 30 puntos).

Aspecto evaluado	Teoría + Problemas	Prácticas
Exámenes (2 parciales)	140	20
Cuestionarios	20	
Preguntas y ejercicios de clase	20	
Tareas en Moodle	30	
Participación en clase	20	
Presentación de noticias		20
Prácticas Experimentales		30
Total	230	70

Con este reparto, los exámenes suponen el 53% de la nota, la Teoría el 65% (2/3 de los créditos son de teoría) y las Prácticas el 35%.

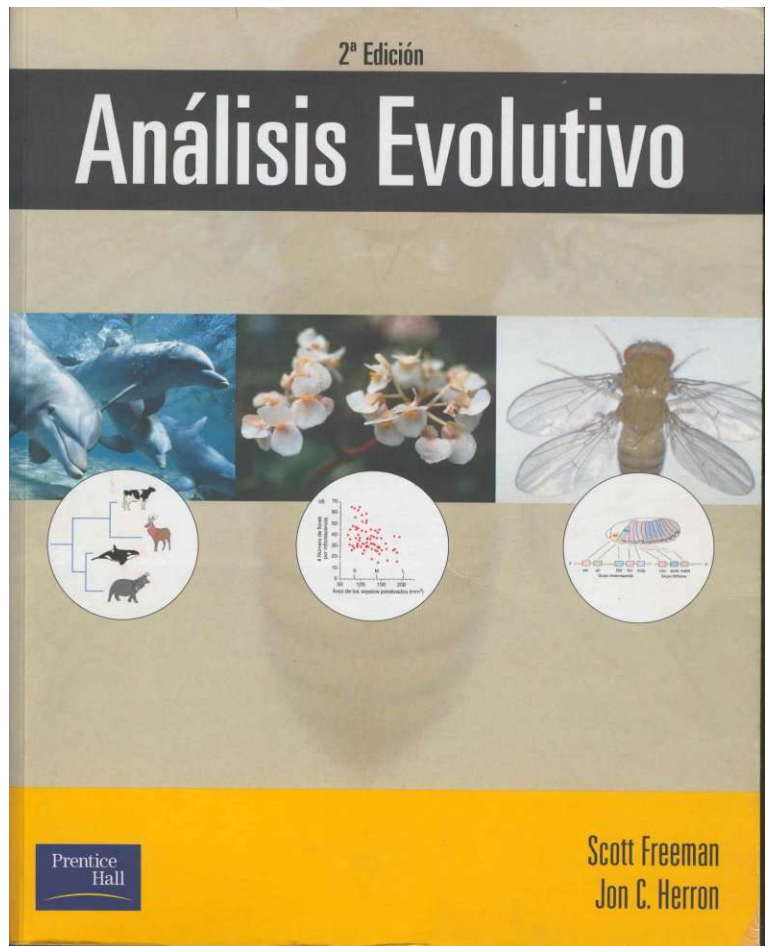
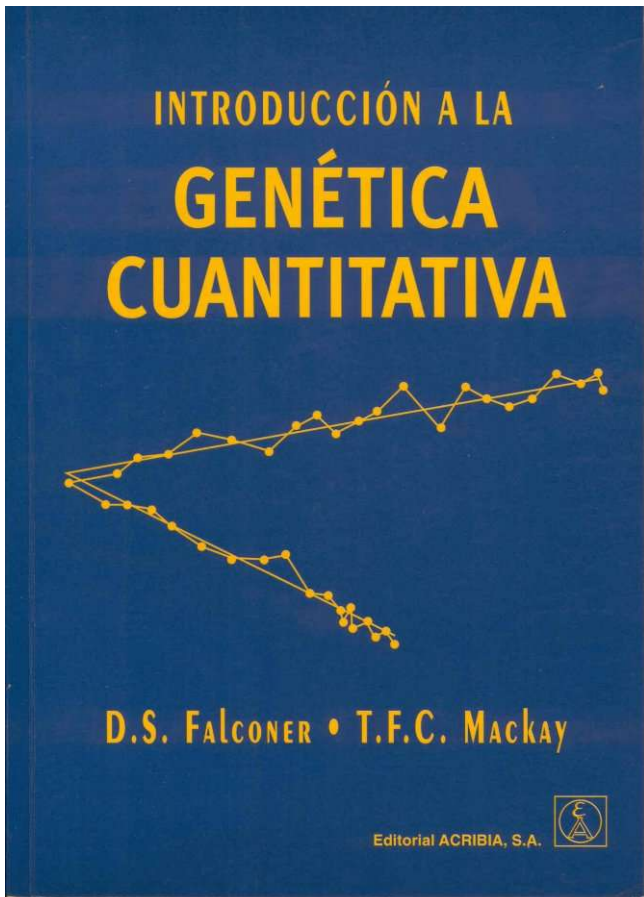
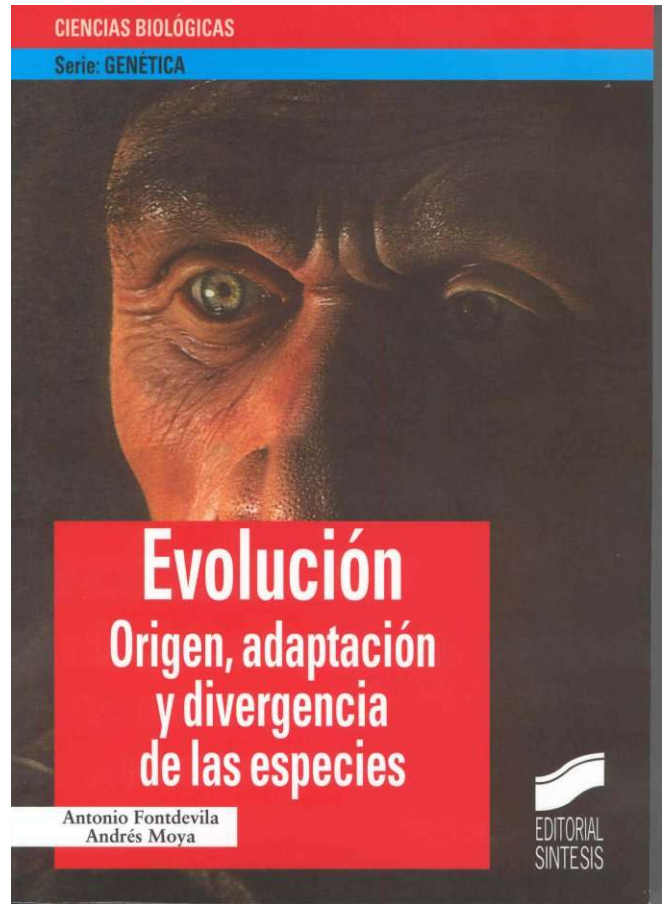
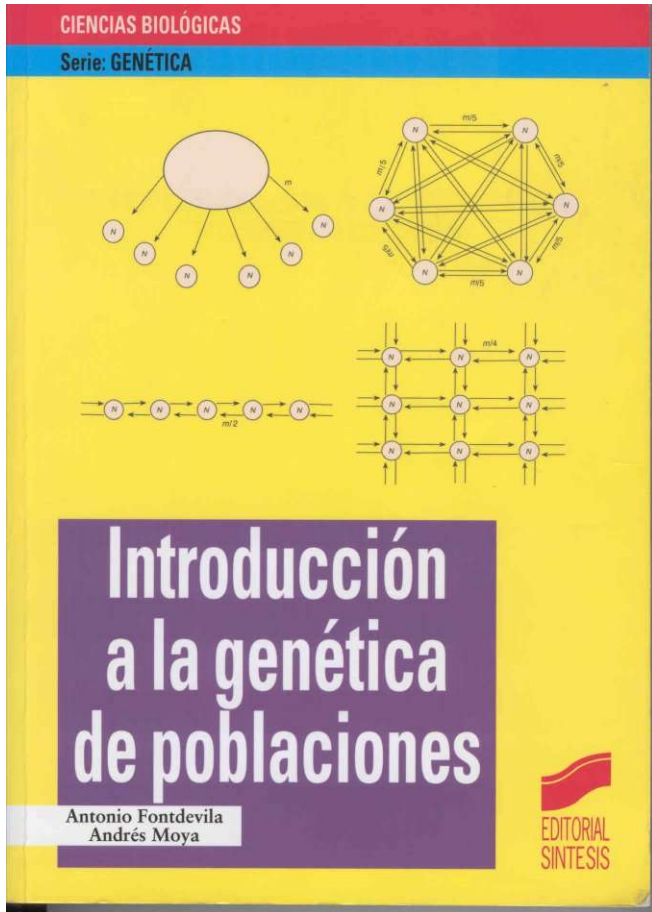
#### Calificaciones:

<u>Aprobado:</u>	135 puntos (equivale a 4,5)
<u>Notable:</u>	195 puntos (equivale a 6,5)
<u>Sobresaliente:</u>	255 puntos (equivale a 8,5)
<u>Matrícula de Honor:</u>	Las N/20 mejores notas, siendo N el nº de alumnos matriculados

2) **Examen Final** del programa completo de la asignatura, para los alumnos que no hayan conseguido aprobar por curso. En este caso, para la calificación final, sólo se tendrá en cuenta la nota obtenida en el examen.

**PROGRAMA Y CALENDARIO:** las clases de teoría serán en el aula A22 (lunes de 10 a 11 y viernes de 11 a 12), con el siguiente calendario:

Tema nº	Título del tema	Semana nº	Martes	Viernes	Lectura previa
1	Presentación: Evidencias de la evolución	1	30/09/2008	01/10/2008	tema01.pdf
2	Variabilidad genética	2	07/10/2008	10/10/2008	tema02.pdf
3	Genética de poblaciones: Equilibrio Hardy-Weinberg	3	14/10/2008	17/10/2008	tema03a.pdf
	Equilibrio Hardy-Weinberg (cont.)	4	21/10/2008	24/10/2008	tema03b.pdf
4	Cambios por mutación y migración	5	04/11/2008	07/11/2008	tema04.pdf
5	Cambios por selección. Efecto de la dominancia	6	11/11/2008	14/11/2008	tema05a.pdf
	Casos particulares de selección	7	18/11/2008	21/11/2008	tema05b.pdf
	Selección y mutación. Teorema Fundamental de Fisher	8	25/11/2008	28/11/2008	tema05c.pdf
6	Cambios por deriva genética	9	02/12/2008	05/12/2008	tema06.pdf
7	Cambios por consanguinidad	10	09/12/2008	12/12/2008	tema07a.pdf
	Subdivisión y estructura poblacional	11	16/12/2008	19/12/2008	tema07b.pdf
8	Tipos de selección natural	12	17/02/2009	20/02/2009	tema08a.pdf
	Tipos de selección natural (cont.)	13	24/02/2009	27/02/2009	tema08b.pdf
9	Adaptación	14	03/03/2009	06/03/2009	tema09.pdf
10	Formación de razas y especies	15	10/03/2009	13/03/2009	tema10a.pdf
	Formación de razas y especies (cont.)	16	17/03/2009	20/03/2009	tema10b.pdf
11	Macroevolución	17	24/03/2009	27/03/2009	tema11.pdf
12	Evolución morfológica	18	14/04/2009	17/04/2009	tema12a.pdf
	Evolución morfológica (cont.)	19	21/04/2009	24/04/2009	tema12b.pdf
13	Evolución molecular	20	05/05/2009	08/05/2009	tema13.pdf



## 2. Josefa Cabrero Hurtado. Genética General

La plataforma Moodle constituye un medio útil y rápido para la enseñanza de la Genética, ya que permite un contacto y comunicación con el alumno muy eficaz y es un buen complemento a la tutoría presencial. En el grupo 2º B de Genética, llevamos 5 años utilizando esta plataforma y nuestra experiencia es muy positiva. Ya desde el primer día de clase, se les presenta la plataforma a los alumnos y en los primeros días del curso se dan de alta, eso le permite al profesor tener los datos de los alumnos referentes a dirección de correo electrónico, por ejemplo, y a los alumnos poder acceder a toda la información que el profesor dispone para ellos.

En nuestro grupo hemos estructurado la plataforma Moodle de la siguiente forma:

- En primer lugar hay un "Foro de Noticias." a disposición del alumno en el que, generalmente, el profesor anuncia los eventos o noticias relevantes para el alumno y el alumno puede responder, preguntar dudas, poner noticias interesantes relacionadas con la asignatura, etc.
- A continuación se dispone la información referente a la asignatura en relación al programa, información general como el tipo de enseñanza, las clases prácticas o la evaluación, y también información referente al departamento: profesores, investigación o instalaciones.
- Los Archivos recogen todo lo relacionado con los pdf que el profesor pone a disposición de los alumnos, por ejemplo las presentaciones de las clases, las instrucciones de los seminarios, listas y grupos de alumnos, notas de exámenes y de tareas de clase y demás informaciones

Los recursos que se proporcionan a los alumnos son diversos :

- Las relaciones de problemas utilizadas en el curso con todos los problemas resueltos
- Videos de las prácticas de la asignatura
- El programa de simulaciones utilizado en una de las prácticas de simulación de cruzamientos.
- Un sistema de autoevaluación "Autoeval" mediante el cual el alumno puede practicar en cada uno de los temas con una relación de preguntas básicas relacionadas y que le permiten averiguar su nivel de conocimiento de cada tema.
- Los horarios de tutorías, así como los horarios de clases teóricas, calendario de clases prácticas y de exámenes.

Además, hemos organizado el curso por temas, y, en cada uno de ellos, el alumno puede encontrar en Moodle :

- Introducción, epígrafes y bibliografía de cada tema
- Cuestiones para discusión y conceptos básicos
- Los resúmenes o corolarios de cada tema
- Las presentaciones de ese tema

- El cronograma de ese tema: generalmente dos horas de clases de debate y una de lección magistral

Parte del sistema de evaluación consiste en la resolución de tareas de clase que en ocasiones se realizan a través de Moodle tanto las preguntas del profesor como los alumnos, que envían sus archivos a la plataforma. Otro tipo de tareas son de corrección inmediata, de forma que el alumno conoce su nota casi al instante. Este tipo de tareas requiere preguntas tipo test con respuestas de opción múltiple Otra utilidad del sistema Moodle es que permite al profesor resaltar en el calendario los eventos importantes para el alumno: comienzo de clases de problemas, plazos para seminarios, exámenes, etc.

La posibilidad utilización de todos estos recursos por parte de los alumnos, junto con la facilidad de comunicación con los alumnos de forma rápida y eficaz hacen de éste, un sistema muy adecuado para la enseñanza de la Genética

### 3. Francisco Perfectti Álvarez. Genética y sociedad

Archivo Editar Ver Historial Marcadores Herramientas Ayuda


http://www.ugr.es/~dpto\_gen/genysoc/index.html

Marcadores rápidos working Google Calendar Google UGR MOODLE ACINIPE EGG

# Genética y Sociedad

PRINCIPAL TUTORIA BITACORA ORGANIZACIÓN BIBLIOGRAFÍA PROGRAMA EVALUACIÓN

**ESTA ASIGNATURA SE IMPARTIRÁ DURANTE EL 2º CUATRIMESTRE DEL CURSO 2008/09**

<p><b>Profesor:</b> Dr. Francisco Perfectti Departamento de Genética Facultad de Ciencias Universidad de Granada tel. 958 243 262 genysoc@gmail.com</p> <p><b>Página web del curso:</b> <a href="http://mendel.ugr.es/genetica">http://mendel.ugr.es/genetica</a> (sistema moodle) <a href="http://mendel.ugr.es/genysoc/">http://mendel.ugr.es/genysoc/</a></p> <p><b>Lista de mensajería del curso:</b> en el sistema moodle</p>	<p><b>Horario de clases:</b> Viernes 09:00-11:00 Aula de Audiovisuales (Facultad de Ciencias)</p> <p><b>Horario de Tutoría:</b> Lunes y Martes 10:00-13:00</p> <p><b>Tutoría electrónica:</b> <a href="#">sistema moodle</a> (mendel.ugr.es/genetica) genysoc@gmail.com (asuntos personales)</p> <p> <a href="http://mendel.ugr.es/genetica">http://mendel.ugr.es/genetica</a></p>
--	---

Terminado

Genética y Sociedad es una asignatura de libre configuración que se imparte en un único cuatrimestre y con un número aproximado de alumnos matriculados limitado a 60. Esta es una asignatura que es cursada mayoritariamente por alumnos de biología.

La dinámica de clase y el sistema de trabajo para el alumno están adecuados a un número de alumnos pequeño-medio y a una gran interacción entre alumnos y profesor. Gracias al sistema de cursos en línea Moodle implementado en el Departamento de Genética ha sido posible una metodología basada en el trabajo personal del alumno.

El sistema de evaluación está basado en una amplia serie de trabajos que los alumnos realizan y que gracias a esta plataforma pueden subir al servidor donde el profesor los evalúa, recibiendo

el alumno unos comentarios acerca de cómo ha realizado el trabajo y que deben redundar en el reconocimiento de errores y su evitación posterior. Es un ejemplo típico de evaluación formativa que gracias a esta plataforma se puede conseguir de forma directa. Además el alumno se motiva al conocer muy rápidamente su puntuación y tener una clara evidencia de su progreso en la asignatura.

Aparte de un foro general de anuncios por parte del profesor, los alumnos han utilizado ampliamente el “foro de debate y tutoría” donde habitualmente se plantean preguntas referidas a la dinámica de las clases presenciales, cuestiones acerca de la evaluación y cualquier otra duda. Al ser ésta una asignatura de libre configuración sus matriculados pertenecen a varios cursos y la comunicación entre ellos y con el profesor sería bastante más complicada sin una vía de comunicación tan efectiva como un foro que comunica los mensajes mediante correo electrónico. Otro foro también muy utilizado es el de la “artículos para comentar” donde los alumnos pueden escoger un artículo para después presentarlo y comentarlo en la clase presencial. Los mensajes a este foro evitan las duplicidades en la selección de artículos. Estos artículos están disponibles para su descarga como ficheros pdf a través de esta plataforma moodle.

Clase	Castilla Rosa Mª	1	Perfecci Francisco jue, 31 de ene de 2008, 22:24
Presentación de la reseña	rosado sanchez isaac	1	Perfecci Francisco jue, 31 de ene de 2008, 22:23
exposición en clase y realizar artículo	rosado sanchez isaac	1	Perfecci Francisco lun, 14 de ene de 2008, 17:13
Viernes	Castilla Rosa Mª	3	Perfecci Francisco mié, 12 de dic de 2007, 17:37
Reseña del libro	Alcala Bejarano Jesus	1	Perfecci Francisco jue, 6 de dic de 2007, 10:04
Artículo 10	Galindo Moreno Javier Jesús	1	Perfecci Francisco mié, 7 de nov de 2007, 23:44
comentarios	gomez urquiza jose luis	0	gomez urquiza jose luis mié, 7 de nov de 2007, 15:26
¿que se hace el viernes?	silva susana	0	silva susana mar, 30 de oct de 2007, 20:43
Clase del viernes	Alcala Bejarano Jesus	1	Castilla Rosa Mª lun, 29 de oct de 2007, 11:23
hay clase el viernes 2	Gijon Robles Patricia	1	Perfecci Francisco sáb, 27 de oct de 2007, 09:15
Tarea A07 colocada en A06	Mellado García Ana	1	Perfecci Francisco sáb, 27 de oct de 2007, 09:14
Duda	Castilla Rosa Mª	1	Perfecci Francisco sáb, 27 de oct de 2007, 09:13
Comentario	Castilla Rosa Mª	1	Perfecci Francisco jue, 25 de oct de 2007, 19:40
No podré ir a clase mañana	Hermoso Beltrán MªIsabel	1	Perfecci Francisco jue, 25 de oct de 2007, 18:06
NO PODEMOS ASISTIR A CLASE	martinez garcia laura	3	Perfecci Francisco jue, 25 de oct de 2007, 18:04
Duda al profesor sobre la exposicion de articulos	rosado sanchez isaac	1	Perfecci Francisco jue, 25 de oct de 2007, 18:02
reseña del libro	silva susana	1	Perfecci Francisco jue, 25 de oct de 2007, 17:58
Estoy un poco liadilla	Castilla Rosa Mª	1	Perfecci Francisco lun, 22 de oct de 2007, 18:19
plantilla de comentarios	Alcala Bejarano Jesus	1	Perfecci Francisco jue, 18 de oct de 2007, 18:02
duda sobre comentario de articulos	Alcala Bejarano Jesus	2	Perfecci Francisco mié, 10 de oct de 2007, 11:20

Además, los alumnos pueden en la misma plataforma consultar recursos adicionales para completar las tareas propuestas y pueden descargar plantillas y ejemplos para la realización de los trabajos.



The screenshot shows a Moodle course page for 'Genética y Sociedad'. The browser address bar indicates the URL: <http://mendel.ugr.es/genetica/course/view.php?id=21&sesskey=yfUG8FTQk&switchrole=4>. The user is logged in as 'Perfectti Francisco.: Non-editing teacher'. The course title is 'Genética y Sociedad' and the subject is 'Asignatura de Libre Configuración'. The course is for the 'Curso 2007-08' and is held on 'Viernes del 1er cuatrimestre' from 9:00 to 11:00. The course is located at the 'Facultad de Ciencias'. The page features a 'Diagrama de temas' section with a list of topics including 'Foro de Noticias', 'Foro de debate y tutoría', 'Presentación de artículos en clase', 'Pagina web del curso', 'DNA, herencia, evolución.....y sociedad', 'Ejemplo de Reseña', 'Artículos Curso 2007-08', 'Reseña Critica Libro 1', 'Reseña Critica Libro 2', 'Reseña Libro #1 Septiembre', 'Reseña Libro #2 Septiembre', 'Reseña Libro #3 Septiembre', 'Reseña Libro #4 Septiembre', 'Reseña Libro #5 Septiembre', 'Reseña Libro #6 Septiembre', and 'ARTICULOS'. There is also a 'Plantilla para los comentarios de artículos (ODT)'. The left sidebar contains sections for 'Personas' (Participantes), 'Actividades' (Consultas, Foros, Recursos, Tareas), and 'Novedades' (recent activity log). The right sidebar contains a 'Calendario' (calendar for October 2008), 'Actividad reciente' (recent activity), and 'Eventos próximos' (upcoming events).

Asimismo, el profesor coloca un guión-resumen de las clases presenciales para que los alumnos que no han podido asistir puedan conocer el avance del curso.

Por parte del profesor, el sistema ha supuesto principalmente una extraordinaria herramienta para el seguimiento del curso, centralizando todos los recursos y permitiendo una evaluación formativa continua de los alumnos. Además ha permitido una reducción drástica del papel empleado en imprimir los trabajos de los alumnos, pues el profesor los evalúa directamente tras leerlos en la pantalla del ordenador portátil desde cualquier lugar donde una conexión a Internet lo permita.