

**UNIVERSIDAD PRIVADA SAN JUAN BAUTISTA**

**FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD**

**ESCUELA PROFESIONAL DE MEDICINA HUMANA**



**EVALUACIÓN DEL CONOCIMIENTO Y PERSPECTIVAS DE  
ESPECIALISTAS EN GASTROENTEROLOGÍA SOBRE LA  
INTERPRETACIÓN DE REPORTES GENÓMICOS Y METAGENÓMICOS  
PARA SU APLICACIÓN EN LA PRÁCTICA CLÍNICA DURANTE EL AÑO  
2025**

**TESIS**

**PRESENTADA POR BACHILLER**

**LLAMOCA TRIVEÑO GINA**

**PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE**

**MÉDICO CIRUJANO**

**LIMA – PERÚ**

**2025**

**ASESOR**

DR. TATAJE LAVANDA LUIS ALBERTO

**ORCID: 0000-0003-4177-3125**

**TESISTA**

LLAMOCA TRIVEÑO GINA

**ORCID: 0000-0001-7655-8076**

## **LÍNEA DE INVESTIGACIÓN**

**BIOINFORMÁTICAS, BIOTECNOLOGÍA A Y BIOLOGÍA COMPUTACIONAL**

### **AGRADECIMIENTO**

Doy gracias a Dios, que me otorga fortaleza y claridad en cada etapa. Además, quiero expresar mi agradecimiento a mi asesor de tesis por su orientación y compromiso académico. A los especialistas del Hospital María Auxiliadora, por su indispensable cooperación. A mi familia, por su apoyo constante y la confianza que siempre han depositado en mí.

### **DEDICATORIA**

A mi madre, ejemplo de esfuerzo y amor incondicional, cuya dedicación motiva cada uno de mis pasos. A mi familia, por acompañarme y brindarme su apoyo en cada etapa de este recorrido. Y a quienes creen en la ciencia como medio para cambiar vidas.

## RESUMEN

**Objetivo:** Evaluar el conocimiento, las perspectivas y las necesidades de los especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora en el año 2025, respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos.

**Métodos:** El presente estudio es descriptivo, corte transversal. La población evaluada estuvo conformada por médicos especialistas y residentes del servicio de gastroenterología del Hospital María Auxiliadora. Se utilizó una encuesta presencial como instrumento de recolección de datos, diseñada para medir el nivel de conocimiento y perspectiva respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica. Los datos obtenidos fueron sistematizados y procesados mediante el software Microsoft Excel, utilizando estadísticas descriptivas como frecuencias absolutas, porcentajes y gráficos para la presentación e interpretación de los resultados.

**Resultados:** El 38.89% de los encuestados fueron especialistas con experiencia laboral entre 2 y 5 años. El nivel de conocimiento sobre reportes genómicos y metagenómicos fue predominantemente básico (61.11%), Asimismo, el 100% no ha recibido capacitación formal y el 83.33% nunca los ha utilizado en su práctica. A pesar de ello, el 100% considera que estos reportes son útiles, especialmente para diagnosticar enfermedades genéticas asociadas a cáncer gastroenterológico (44.44%) y genéticas (33.33%). El 100% manifestó interés en recibir los resultados del estudio.

**Conclusiones:** La mayoría de los especialistas y residentes en gastroenterología presentan un nivel básico o intermedio sobre el nivel de conocimiento respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos.

**Palabras claves (DeCS):** Secuenciación, Metagenómica, Gestión del Conocimiento para la Investigación en Salud, interpretación de reporte, Medicina Genómica.

## ABSTRACT

**Objective:** To evaluate the knowledge, perspectives, and needs of gastroenterology specialists and residents at the María Auxiliadora National Hospital in 2025 regarding the interpretation of genomic and metagenomic reports.

**Methods:** This study is a descriptive, cross-sectional study. The population evaluated consisted of specialists and residents from the gastroenterology service at the María Auxiliadora Hospital. A face-to-face survey was used as a data collection instrument, designed to measure the level of knowledge and perspective regarding the interpretation of genomic and metagenomic reports in clinical practice. The data obtained were systematized and processed using Microsoft Excel software, using descriptive statistics such as absolute frequencies, percentages, and graphs for the presentation and interpretation of the results.

**Results:** 38.89% of the respondents were specialists with between 2 and 5 years of work experience. The level of knowledge regarding genomic and metagenomic reports was mostly basic (61.11%), while 100% had not received formal training and 83.33% had never used them in their practice. Nevertheless, 100% considered these reports to be useful, particularly for diagnosing genetic diseases associated with gastroenterological cancer (44.44%) and other genetic conditions (33.33%). Moreover, 100% expressed interest in receiving the study results.

**Conclusions:** Most gastroenterology specialists and residents had a basic or intermediate level of knowledge regarding the interpretation of genomic and metagenomic reports.

**Keywords (DeCS):** sequencing, metagenomics, knowledge management for health research, report interpretation, genomics.

## INTRODUCCIÓN

La metagenómica es una rama emergente <sup>1</sup> de la genómica que permite analizar comunidades microbianas completas directamente a partir de muestras ambientales complejas, sin necesidad de cultivo previo <sup>2</sup>. También denominada genómica ambiental, esta disciplina ha transformado la microbiología al facilitar la exploración del microbioma en diversos entornos <sup>3</sup>, como el suelo, ambientes acuáticos, alimentos y, particularmente, el cuerpo humano <sup>4</sup>.

El desarrollo de tecnologías de secuenciación de nueva generación y de herramientas bioinformáticas avanzadas <sup>5</sup>, ha potenciado el análisis de poblaciones microbianas mixtas <sup>6</sup>, la identificación de microorganismos no cultivables y la comprensión de sus interacciones ecológicas <sup>7</sup>. En el ámbito clínico, la metagenómica ha demostrado ser valiosa para el diagnóstico de enfermedades y la caracterización de la microbiota en órganos como el intestino <sup>8</sup>, la piel <sup>9</sup>, la cavidad oral <sup>10</sup> y los pulmones<sup>11</sup>. Este avance ha sido fundamental en el diagnóstico de infecciones del tracto respiratorio inferior <sup>12</sup>, ya que permite un análisis simultáneo del microbioma<sup>13</sup>, la respuesta inmune del huésped y la resistencia a fármacos <sup>14</sup>. Además, ha permitido la detección de biomarcadores asociados a diversas patologías, incluidas enfermedades inflamatorias intestinales, respiratorias y ciertos tipos de cáncer <sup>15</sup>.

Más allá de ampliar el conocimiento sobre el papel del microbioma en la salud y la enfermedad, la metagenómica ha impulsado el desarrollo de la medicina personalizada, basada en el perfil microbiano individual del paciente<sup>16</sup>. Este avance ha sido posible gracias a las herramientas computacionales que permiten realizar análisis taxonómicos, predicciones génicas y estudios de diversidad microbiana a gran escala <sup>17</sup>.

En América Latina, la medicina personalizada ha registrado avances significativos, permitiendo adaptar los tratamientos al perfil genético <sup>18</sup> del paciente y mejorando la precisión tanto diagnóstica como terapéutica <sup>19</sup>. En el Perú, la integración de este enfoque en la educación médica aún es incipiente, con iniciativas puntuales en áreas como el cáncer hereditario y la farmacogenética <sup>20</sup>. Sin embargo, el progreso de las ciencias ómicas y la reducción de costos de secuenciación han favorecido el desarrollo de tratamientos personalizados <sup>21</sup>, incluyendo la identificación de biomarcadores clínicamente relevantes.

Actualmente, la medicina personalizada<sup>22</sup> se consolida como una herramienta clave en el abordaje de diversas patologías, al posibilitar tratamientos más eficaces y seguros mediante la selección de medicamentos adecuados para cada paciente <sup>23</sup>. Este enfoque considera la interacción entre el huésped, sus genes y los microorganismos que lo habitan, lo que resalta la importancia de los estudios genómicos para identificar genes específicos asociados a enfermedades <sup>24</sup>.

## ÍNDICE

CARATULA	I
ASESOR Y TESISISTA	II
LÍNEA DE INVESTIGACIÓN	III
AGRADECIMIENTO	IV
DEDICATORIA	V
RESUMEN	VI
ABSTRACT	VII
INTRODUCCIÓN	VIII
ÍNDICE	X
INFORME ANTIPLAGIO	XII
LISTA DE GRAFICOS	XV
LISTA DE ANEXOS	XVI
<b>CAPITULO I: EL PROBLEMA</b>	<b>1</b>
1.1. <b>PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA</b>	<b>1</b>
1.2. <b>FORMULACIÓN DEL PROBLEMA</b>	<b>2</b>
1.2.1.    GENERAL	2
1.2.2.    ESPECÍFICO	3
1.3. <b>JUSTIFICACIÓN</b>	<b>3</b>
1.4. <b>DELIMITACIÓN DEL ÁREA DE ESTUDIO</b>	<b>4</b>
1.5. <b>LIMITACIONES DE LA INVESTIGACIÓN</b>	<b>4</b>
1.6. <b>OBJETIVOS</b>	<b>4</b>
1.6.1.    GENERAL	4
1.6.2.    ESPECÍFICOS	4
1.7. <b>HIPÓTESIS</b>	<b>5</b>
1.8. <b>PROPÓSITO</b>	<b>5</b>
<b>CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO</b>	<b>6</b>
2.1. <b>ANTECEDENTES BIBLIOGRÁFICOS</b>	<b>6</b>
2.2. <b>BASES TEÓRICAS</b>	<b>13</b>

2.3. MARCO CONCEPTUAL _____	17
<b>CAPÍTULO III: METODOLOGÍA DE LA INVESTIGACIÓN _____</b>	<b>19</b>
3.1. DISEÑO METODOLÓGICO _____	19
3.1.1. TIPO DE INVESTIGACIÓN _____	19
3.1.2. NIVEL DE INVESTIGACIÓN _____	19
3.2. VARIABLES _____	21
3.3. DEFINICIÓN OPERACIONAL DE TÉRMINOS _____	21
3.4. POBLACIÓN Y MUESTRA _____	23
3.5. CRITERIOS DE SELECCIÓN _____	23
3.6. INSTRUMENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS _____	23
3.7. PROCEDIMIENTOS Y ANÁLISIS DE DATOS _____	25
3.8. ASPECTOS ÉTICOS _____	25
<b>CAPÍTULO IV: RESULTADOS _____</b>	<b>26</b>
4.1. RESULTADOS _____	26
<b>CAPITULO V: DISCUSIÓN, CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES _____</b>	<b>44</b>
5.1 DISCUSIÓN _____	44
4.2. CONCLUSIONES _____	48
4.3. RECOMENDACIONES _____	49
<b>REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS _____</b>	<b>50</b>
<b>ANEXOS _____</b>	<b>63</b>

# INFORME ANTIPLAGIO

## Gina Llamoca Triveño

### 251230-Gina Llamoca- TESIS

 Tesis Final

#### Detalles del documento

Identificador de la entrega  
trn:oid::3117-543640628

Fecha de entrega  
30 dic 2025, 17:02 GMT-5

Fecha de descarga  
30 dic 2025, 17:11 GMT-5

Nombre del archivo  
251230-Gina Llamoca- TESIS.docx

Tamaño del archivo  
3.1 MB

95 páginas

16.170 palabras

99.672 caracteres



## 5% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

### Filtrado desde el informe

- ▶ Bibliografía
- ▶ Texto citado
- ▶ Texto mencionado
- ▶ Coincidencias menores (menos de 15 palabras)

### Fuentes principales

- 4%  Fuentes de Internet
- 1%  Publicaciones
- 4%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

### Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.

## \*% detectado como IA

La detección de IA incluye la posibilidad de que haya falsos positivos. Aunque cierto texto en esta entrega se generó probablemente con IA, los puntajes inferiores al umbral del 20 % no aparecen porque tienen una mayor probabilidad de falsos positivos.

**Precaución: Se necesita revisión.**

Es esencial comprender los límites de la detección de IA antes de tomar decisiones acerca del trabajo del estudiante. Te alentamos a obtener más información acerca de las funciones de detección de IA de Turnitin antes de usar la herramienta.

### Aviso legal

Nuestra evaluación de escritura con IA está diseñada para ayudar a los académicos a identificar texto que podrían haberse preparado mediante una herramienta de IA generativa. Es posible que nuestra evaluación de escritura con IA no siempre sea precisa (existe la posibilidad de que identifique erróneamente redacciones probablemente generadas por humanos como generadas por IA, y redacciones probablemente generadas por IA como generadas por humanos), por lo que no debe usarse como único fundamento para aplicar sanciones a un estudiante. Para determinar si es un caso de deshonestidad académica, se necesita de un escrutinio mayor y el juicio humano, junto con la aplicación de las políticas académicas específicas de la organización.

## Preguntas frecuentes

### ¿Cómo debería interpretar los falsos positivos y el porcentaje de escritura con IA de Turnitin?

El porcentaje que se muestra en el reporte de escritura con IA es la cantidad del texto calificado en la entrega que el modelo de detección de escritura con IA de Turnitin determina se generó probablemente con IA desde un modelo de lenguaje de gran tamaño.

Los falsos positivos (que marcan incorrectamente alertas de texto escrito por humanos como generado con IA) son una posibilidad en los modelos de IA.

Los puntajes de detección de IA inferiores al 20 %, que no aparecen en reportes nuevos, tienen una mayor probabilidad de ser falsos positivos. Para reducir la probabilidad de malinterpretación, no se atribuye ningún puntaje o resaltado y se indican con un asterisco en el reporte (\*%).

El porcentaje de escritura con IA no debe ser el único fundamento para determinar si ha ocurrido una mala conducta. El revisor/instructor debería usar el porcentaje como un medio para iniciar una conversación formativa con sus estudiantes o usarlo para examinar el ejercicio entregado según las políticas de la escuela.

### ¿Qué significa 'texto calificado'?

Nuestro modelo sólo procesa texto calificado en la forma de escritura de formato largo. La escritura de formato largo se refiere a los enunciados individuales en párrafos que constituyen una parte más grande del trabajo escrito, como un ensayo, una disertación, un artículo, etc. El texto calificado que se ha determinado que se generó probablemente con IA se resaltarán en color cian en la entrega.

El texto no calificado, como viñetas, bibliografías comentadas, etc., no se procesará y puede crear disparidad entre los puntos destacados de la entrega y el porcentaje mostrado.



## LISTA DE GRÁFICOS

<b>Gráfico 1.</b> Área de especialización .....	26
<b>Gráfico 2.</b> Años de trabajo .....	27
<b>Gráfico 3.</b> Institución donde labora .....	28
<b>Gráfico 4.</b> Conocimiento sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos .....	29
<b>Gráfico 5.</b> Capacitación recibida de interpretación de interpretación de reportes genómicos y metagenómicos.....	30
<b>Gráfico 6.</b> Frecuencia del uso de reportes genómicos y metagenómicos....	31
<b>Gráfico 7.</b> Familiarizado con conceptos genómicos y metagenómicos .....	32
<b>Gráfico 8.</b> Utilidad de los reportes genómicos y metagenómicos.....	33
<b>Gráfico 9.</b> Área donde considera útil los reportes genómicos y metagenómicos.....	34
<b>Gráfico 10.</b> Barrera para la implementación de reportes genómicos y metagenómicos.....	35
<b>Gráfico 11.</b> Necesidad de capacitación sobre reportes genómicos y metagenómicos.....	36
<b>Gráfico 12.</b> Importancia de recibir capacitación de reportes genómicos y metagenómicos.....	37
<b>Gráfico 13.</b> Formato de capacitación sobre reportes genómicos y metagenómicos.....	38
<b>Gráfico 14.</b> Temas que incluiría en una capacitación sobre reportes genómicos y metagenómicos.....	39
<b>Gráfico 15.</b> Características de un reporte ideal para aplicar en la práctica clínica.....	40
<b>Gráfico 16.</b> Formato de preferencia para un diseño de reporte genómicos.	41
<b>Gráfico 17.</b> Información importante en un reporte para aplicar en la práctica clínica.....	42
<b>Gráfico 18.</b> Recibir información de resultados del estudio .....	43

## LISTA DE ANEXOS

<b>ANEXO 1.</b> Tabla de operacionalización de variables.....	64
<b>ANEXO 2.</b> Consentimiento informado.....	65
<b>ANEXO 3.</b> Instrumento de recolección de datos.....	68
<b>ANEXO 4.</b> Matriz de consistencia.....	75
<b>ANEXO 5.</b> Aprobación del comité de ética por CIEI-UPSJB.....	76
<b>ANEXO 6.</b> Informe de opinión de expertos .....	77

## **CAPITULO I: EL PROBLEMA**

### **1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA**

La presente investigación tiene como objetivo evaluar el nivel de conocimiento, las necesidades y las perspectivas de los especialistas y residentes en gastroenterología respecto al uso de reportes genómicos y metagenómicos. Se busca identificar vacíos formativos y proponer estrategias que faciliten la integración de esta tecnología en la práctica clínica, con el fin de optimizar el manejo de las patologías digestiva y fortalecer el enfoque de medicina personalizada en esta especialidad.

En particular, la metagenómica ha mejorado significativamente la capacidad diagnóstica en gastroenterología mediante el análisis del microbioma intestinal <sup>25</sup>, lo que permite una comprensión más profunda de las enfermedades digestivas. El estudio del microbioma ha cobrado especial relevancia en enfermedades inflamatorias complejas, como la colitis ulcerosa <sup>26</sup>, la diabetes<sup>27</sup> y la enfermedad de Crohn <sup>28</sup>. Este análisis ha facilitado una mejor comprensión de la respuesta inmune del huésped y de los mecanismos patogénicos involucrados, contribuyendo al diseño de estrategias terapéuticas más específicas <sup>29</sup>.

Asimismo, uno de los campos más beneficiados por este enfoque ha sido la oncología, donde el análisis de la huella genética de los pacientes ha permitido identificar mutaciones específicas, mejorando la precisión diagnóstica, reduciendo los efectos adversos y optimizando los tratamientos <sup>30, 31</sup>. Estos avances han impulsado el desarrollo de pruebas universales basadas en biomarcadores genéticos capaces de detectar el cáncer en etapas tempranas mediante el análisis de ADN <sup>32</sup>, logrando clasificar más de 90 tipos de esta enfermedad <sup>33</sup>.

La personalización terapéutica también se ha extendido a enfermedades infecciosas, permitiendo la identificación rápida de patógenos y la vigilancia de su diseminación y evolución <sup>34, 35</sup>. Por otro lado, el aumento de patologías alérgicas, como la alergia alimentaria, se ha asociado con alteraciones en la homeostasis intestinal y disbiosis, las cuales influyen directamente en la respuesta inmunológica<sup>36</sup> y en el metabolismo lipídico <sup>37</sup>. Sin embargo, persisten desafíos como los elevados costos y la limitada implementación de estas tecnologías en la práctica clínica <sup>38</sup>.

Ante el alarmante pronóstico de la Organización Mundial de la Salud, que estima diez millones de muertes anuales por resistencia bacteriana hacia 2050 <sup>39</sup>, se subraya la urgencia de contar con métodos diagnósticos rápidos, precisos y accesibles <sup>40, 41</sup>. Durante la espera de resultados, los pacientes suelen recibir tratamientos empíricos de amplio espectro, lo que contribuye al uso inadecuado de antimicrobianos, al incremento de los costos médicos y a peores resultados clínicos <sup>42</sup>.

En respuesta a esta problemática, la secuenciación metagenómica se ha consolidado como una alternativa prometedora, demostrando su utilidad en el análisis de citocinas y genes de resistencia como biomarcadores, lo que mejora la detección temprana de infecciones y pone en evidencia la necesidad de tratamientos más efectivos <sup>43</sup>.

## **1.2. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA**

### **1.2.1. GENERAL**

¿Cuál es el nivel de conocimiento, las perspectivas y las necesidades de los especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora en el año 2025, respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos, y cómo se pueden diseñar reportes que sean útiles y comprensibles para ellos?

### **1.2.2. ESPECÍFICO**

- ¿Cuál es el nivel de conocimiento actual de los especialistas y residentes en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos durante el año 2025?
- ¿Qué percepción tienen los especialistas y residentes sobre la utilidad de estos reportes en su práctica médica durante el año 2025?
- ¿Cuáles son las necesidades de capacitación para interpretar reportes genómicos y metagenómicos en el área de gastroenterología durante el año 2025?
- ¿Qué características deberían tener los reportes genómicos y metagenómicos para ser comprensibles y útiles en la práctica clínica durante el año 2025?

### **1.3. JUSTIFICACIÓN**

Este estudio es relevante porque:

- Identifica las brechas en el conocimiento de los médicos para interpretar reportes genómicos y metagenómicos, lo que permitirá diseñar estrategias de capacitación adecuadas.
- Contribuye al diseño de reportes que sean claros y útiles para los médicos, facilitando su integración en la práctica clínica.
- Sirve como base para la creación de un área de servicios bioinformáticos en la universidad, enfocada en brindar apoyo diagnóstico e investigativo.
- Promueve la adopción de herramientas genómicas y metagenómicas en la medicina, mejorando el diagnóstico y tratamiento de enfermedades asociadas a patógenos bacterianos y virales.

#### **1.4. DELIMITACIÓN DEL ÁREA DE ESTUDIO**

**Delimitación Espacial:** La presente investigación se desarrolló en el Servicio de Gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora, ubicada en el distrito de San Juan de Miraflores, Lima-Perú. La población de estudio estuvo conformada por médicos especialistas y médicos residentes en gastroenterología que laboran en dicho establecimiento hospitalario.

**Delimitación Temporal:** El estudio se llevó a cabo durante el año 2025, período en el cual se realizó la recolección de datos mediante encuestas presenciales, así como el análisis e interpretación de la información relacionada con el nivel de conocimiento, perspectivas y necesidades sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica.

#### **1.5. LIMITACIONES DE LA INVESTIGACIÓN**

- La disponibilidad de los especialistas y residentes para participar en el estudio.
- La posible variabilidad en el nivel de conocimiento y experiencia de los participantes.

#### **1.6. OBJETIVOS**

##### **1.6.1. GENERAL**

Conocer el conocimiento, las perspectivas y las necesidades de los especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora en el año 2025, respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos, con el fin de proponer estrategias para su integración efectiva en la práctica clínica.

##### **1.6.2. ESPECÍFICOS**

- Identificar el nivel de conocimiento actual de los especialistas y residentes en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos durante el año 2025.

- Conocer la percepción de los especialistas y residentes sobre la utilidad de estos reportes en su práctica médica durante el año 2025.
- Conocer las necesidades de capacitación para interpretar reportes genómicos y metagenómicos en estas áreas durante el año 2025.

### **1.7. HIPÓTESIS**

No se incluyen hipótesis, ya que el estudio es descriptivo y exploratorio. Por lo que se propone preguntas que guíen la investigación.

### **1.8. PROPÓSITO**

El propósito de esta investigación es contribuir a la integración efectiva de la bioinformática y la metagenómica en la práctica clínica de gastroenterología, mediante la identificación de necesidades de capacitación para la interpretación de reportes y el diseño de reportes adaptados a las necesidades de los profesionales de la salud.

## CAPÍTULO II: MARCO TEÓRICO

### 2.1. ANTECEDENTES BIBLIOGRÁFICOS

#### Antecedentes Internacionales

Chu W. *et al.*, (2020) China, en su investigación titulado “Análisis metagenómico, identificación de alteración del microbioma y una asociación patológica entre la microbiota intestinal y síndrome de ovario poliquístico”. Su objetivo de estudio fue identificar diferentes especies microbianas en mujeres con síndrome de ovario poliquístico (SOP) y revelar una posible relación entre la disbiosis intestinal y los cambios fisiopatológicos asociados. Fue una investigación transversal de tipo comparativo, con un enfoque metagenómico funcional. Se incluyeron 28 mujeres (14 con SOP y 14 controles sanas), se recolectaron muestras fecales para realizar la secuenciación metagenómica tipo *shotgun* mediante la plataforma Illumina HiSeq 4000. Se analizaron parámetros clínicos (índice de masa corporal, hormonas endocrinas y niveles de glucosa) y se correlacionaron con la composición microbiana intestinal. Se identificó una mayor abundancia de *Parabacteroides merdae*, *Bacteroides fragilis*, *Escherichia* y *Shigella* en las pacientes con SOP, mientras que *Faecalibacterium prausnitzii* predominó en el grupo control. Los resultados indicaron una estrecha relación entre la disbiosis microbiana y las alteraciones fisiopatológicas del SOP. Se resalta la relevancia de vigilar y regular tanto la composición de la microbiota intestinal como a sus funciones, con miras a su aplicación en la práctica clínica futura<sup>44</sup>.

Ávila L. *et al.*, (2020) Argentina, en su trabajo titulado “Tratamiento de Secuencias de ADN y Agrupación de Pacientes con Cáncer Colorrectal”, el estudio tuvo como objetivo evaluar la relación entre el microbioma intestinal y el cáncer colorrectal mediante el análisis de secuencias de ADN de muestras fecales, utilizando herramientas bioinformáticas y técnicas de aprendizajes automáticos para clasificar pacientes según su perfil

microbiano. Se trata de una investigación experimental con enfoque computacional, basada en análisis metagenómicos comparativos. Para ello, se analizaron muestras fecales de 20 pacientes (10 con cáncer colorrectal y 10 sanos), recolectadas en el Hospital Italiano de Buenos Aires. Se utilizó la secuenciación del gen 16S rRNA y los datos fueron procesados en QIIME2. Se evaluó la diversidad microbiana, se aplicaron pruebas estadísticas como Kruskal-Wallis y Permanova, y se desarrolló una métrica ponderada para mejorar los agrupamientos clínicos mediante agrupaciones no supervisado. Los resultados detectaron variaciones en la frecuencia de algunos taxones entre los grupos. Asimismo, la métrica propuesta mejoró la clasificación de pacientes según su microbioma, destacando el potencial de la metagenómica como herramienta diagnóstica complementaria para el cáncer colorrectal <sup>45</sup>.

Sole C. *et al.*, (2021) España, en su estudio titulado “Alteraciones del microbioma intestinal en las cirrosis evaluadas mediante metagenómica cuantitativa”, su objetivo fue estudiar el microbioma intestinal en pacientes que presentaban cirrosis. Su trabajo fue de carácter prospectivo, donde se recolectó 182 muestras fecales de pacientes con diagnósticos de cirrosis. El estudio demostró que esta enfermedad reduce notablemente la diversidad microbiana intestinal, siendo más evidente en pacientes con insuficiencia hepática crónica aguda (ACLE). La evaluación del microbioma predijo la supervivencia de tres meses, en tanto el funcional mostro zonas metabólicas alteradas asociadas con la producción de etanol, biosíntesis de endotoxinas y el metabolismo del *ácido y-aminobutírico*. La conclusión del estudio fue que la cirrosis proporciona profundas alteraciones en el microbioma intestinal, empeorando a medida que la enfermedad avanza, alcanzando la mayor expresión en pacientes de ACLF; no obstante, se enfatiza en llevar a cabo más investigaciones <sup>46</sup>.

Nagata N. *et al.*, (2022), Japón, en su trabajo titulado “Identificación metagenómica de firmas microbiana que predicen el cáncer de páncreas a

partir de un estudio multinacional”, su objetivo fue hallar firmas metagenómicas intestinales y orales que permitan pronosticar con precisión el adenocarcinoma ductal pancreático (PDAC) y confirmar estos hallazgos en cohortes independientes. Es una investigación de tipo multinacional, experimental, donde se analizó muestras fecales y salivales en Alemania. Donde se evidencio una alteración del microbioma intestinal y oral, hallándose 30 especies intestinal y 18 orales relacionadas al PDAC. Se observo un aumento de *Streptococcus* y *Veillonella spp.*, así como una reducción de *Faecalibacterium prausnitzii*. La conclusión del estudio fue que el análisis metagenómico del microbioma intestinal y oral es una herramienta importante para la identificación de los biomarcadores, así como en su evaluación y pronostico en pacientes con PDAC <sup>47</sup>.

Zeng Q. *et al.*, (2022), Japón, en su trabajo titulado “Integración de colina y microbiota intestinal específica para clasificar la diabetes tipo 2 en adultos en un estudio metagenómico. El objetivo de estudio fue analizar la relación entre la microbiota intestinal, sus metabolitos (colina, betaína, carnitina y trimetilamina-N-óxido [TMAO]) y el metabolismo de la glucosa. Fue un estudio observacional, transversal, basado en 1160 participantes adultos, clasificados en tres grupos según su nivel de glucosa: normoglucemia, prediabetes y diabetes tipo 2. Se midieron los metabolitos plasmáticos en toda la muestra y a un subgrupo de 361 personas, se le aplicó secuenciación metagenómica tipo shotgun, con el fin de caracterizar de manera taxonómica y funcional los perfiles bacterianos intestinales. Los hallazgos evidenciaron que niveles elevados de colina y TMAO se asociaron con un mayor riesgo de diabetes tipo 2, mientras que betaína y carnitina mostraron una relación inversa. La integración de datos metagenómicos, metabolitos y factores clínicos, mediante algoritmos de aprendizaje automático permitió clasificar con alta precisión a individuos diabéticos (AUC= 0.971). Además, se identificó una mayor actividad de genes vinculados al metabolismo de carbohidratos en personas con alta colina, destacándose la participación de

*Coprococcus catus*, *Ruminococcus* y *Prevotella* Capri en esta situación. Este estudio evidencia el papel potencial de los metabolitos microbianos y de ciertas especies intestinales como biomarcadores en la clasificación de la diabetes tipo 2, resaltando la utilidad de enfoques metagenómicos de secuenciación profunda, combinados con análisis computacionales avanzados, para investigar mecanismos microbianos implicados en enfermedades metabólicas <sup>48</sup>.

Zout Y. *et al.*, (2023) Japón, en su estudio titulado “La metagenómica revela el microbiota intestinal en niños con preparación intestinal de dosis divididas”, tuvieron como objetivo estudiar la composición y la función del microbiota intestinal en pacientes pediátricos sometidos a una preparación intestinal con polietilenglicol (PEG), administrada en dosis divididas para la colonoscopia, con el objetivo de evaluar la estabilidad y capacidad de recuperación. Fue una investigación experimental, donde participo 19 pacientes pediátricos, de los cuales se analizó 76 muestras fecales tomadas en diferentes momentos. Para ello, se utilizó la metagenómica, el cual permitió detectar microorganismos bacterianos y no bacterianos, además de proporcionar información del funcionamiento de la comunidad microbiana. Se concluyó que la preparación intestinal con PEG en dosis fraccionadas afecta la microbiota intestinal a nivel de género, especie y vías funcionales <sup>49</sup>.

Lumbreras P., (2023), España, en su trabajo titulado “Aplicación de técnicas de genómica y metagenómica a la caracterización molecular de enterobacterias resistentes a antibióticos carbapenémicos y al análisis del microbioma y resistoma fecal de pacientes con neoplasias hematológicas”, el objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente enterobacterias resistentes a carbapenémicos, específicamente *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter cloacae*, e investigar el microbioma y resistoma fecal en pacientes con neoplasias hematológicas, mediante técnicas de genómica y metagenómica. Realizando un estudio observacional, descriptivo y

transversal, con diseño mixto basado en secuenciación genómica y metagenómica aplicado a muestras clínicas humanas. Se aplicaron técnicas de genómica y metagenómica para caracterizar enterobacterias resistentes a carbapenémicos en pacientes con bacteriemia, y para analizar el microbioma y resistoma fecal en pacientes con neoplasias hematológicas. Se estudiaron 76 aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* y 20 de *Enterobacter cloacae* y se aplicó metagenómico shotgun en muestras fecales de 28 pacientes con leucemia aguda o síndrome mielodisplásico, comparando su sensibilidad con la del cultivo convencional. El estudio evidenció la presencia de clones bacterianos de alto riesgo y múltiples genes de resistencia, incluyendo a carbapenémicos y colistina. Asimismo, se detectaron factores asociados a mayor mortalidad en bacteriemias. En pacientes descolonizados, el análisis metagenómico no detectó enterobacterias resistentes, pero sí alteraciones en el microbiota intestinal <sup>50</sup>.

Ramírez L. *et al.*, (2024), Colombia, en su investigación titulada “Análisis Metagenómico del Viroma Intestinal en Pacientes Intrahospitalarios y de Unidad de Cuidados Intensivos” su objetivo de estudio fue analizar la composición del viroma intestinal de muestras fecales humanas de pacientes en unidad de cuidados intensivos (UCI), pacientes hospitalizados en otros servicios e individuos sanos de la comunidad. Fue un estudio descriptivo y comparativo de tipo exploratorio, con enfoque metagenómico donde se analizaron 37 muestras fecales humanas: 10 de pacientes en UCI, 13 de pacientes hospitalizados y 14 de individuos sanos. Se emplearon plataformas de secuenciación de nueva generación Oxford Nanopore Technologies (ONT) e illumina, para obtener lecturas virales y caracterizar las familias presentes. El estudio permitió identificar bacteriófagos del orden *Caudovirales* como los más frecuentes en el viroma intestinal. Se detectó una disminución significativa de la familia *Microviridae* en pacientes hospitalizados y en UCI. Se concluyó que la composición del viroma intestinal puede alterarse en ambientes hospitalarios, reflejando un

desequilibrio microbiano. La presencia de múltiples familias virales en una misma especie bacteriana sugiere interacciones bacteria-virus no siempre específicas <sup>51</sup>.

López A. *et al.*, (2025), Ecuador, en su investigación titulada “Evaluación *in silico* de microbiomas intestinales para identificar biomarcadores específicos en enfermedades de Crohn y celíaca usando técnicas de metagenómica comparativa”. El objetivo de estudio fue evaluar *in silico* los microbiomas intestinales para identificar biomarcadores específicos asociados a las enfermedades de Crohn y Celiaca, utilizando técnicas de metagenómica comparativa. Se trató de una investigación experimental con enfoque *in silico*, basada en análisis bioinformáticos de datos metagenómicos públicos. Para ello, se analizaron secuencias del gen 16S rRNA obtenidas de base de datos correspondientes a pacientes con enfermedad de Crohn, Celiaca y controles. El procesamiento y análisis de los datos se realizó con herramientas como QIIME2 y PICRUSt2, permitiendo evaluar la diversidad microbiana, la composición taxonómica y las funciones metabólicas de cada grupo. Los resultados evidenciaron diferencias claras entre ambas enfermedades: en la enfermedad de Crohn se observó un aumento de Proteobacterias y una disminución de Firmicutes y Actinobacteria, mientras que en Celíaca se detectaron otras alteraciones. Se identificaron biomarcadores comunes, como *Faecalibacterium* y *Lachnospiraceae*, así como específicos: *Alistipes* en Crohn y *Lachnoanaerobaculum* en Celíaca. En conclusión, el análisis metagenómico permitió distinguir perfiles microbianos diferenciales entre ambas patologías, confirmando su utilidad como herramienta diagnóstica y terapéutica en el contexto de la medicina de precisión para enfermedades inflamatorias intestinales <sup>52</sup>

Wang C. *et al.*, (2025), China, en su investigación titulado “La eficacia diagnóstica de la secuenciación metagenómica de próxima generación en la peritonitis bacteriana espontánea”, tuvieron como objetivo evaluar la precisión y confiabilidad de la secuenciación metagenómica de próxima

generación (mNGS) en la identificación de patógenos en pacientes con peritonitis bacteriana espontánea (PBE) y su impacto en las decisiones terapéuticas con antibióticos. El estudio se realizó mediante una revisión sistemática y metaanálisis. Para ello, se llevó a cabo una búsqueda sistemática en base de datos electrónicos hasta el 31 de julio de 2023. Se seleccionaron aquellos estudios que reportaran sensibilidad y especificidad diagnóstica de mNGS en el contexto de la PBE. El análisis estadístico se realizó utilizando modelos de efectos aleatorios o fijos, según la heterogeneidad de los datos, lo cual fue evaluado mediante la prueba de Chi-cuadrado y el estadístico. De los 75 estudios identificados, se seleccionaron 4 que incluyeron a 420 pacientes con peritonitis bacteriana espontánea. La mNGS mostró una alta precisión diagnóstica, con una sensibilidad del 94% y una especificidad del 81%. Los patógenos más frecuentes detectados fueron bacterias Gram positivas (36%), seguida de Gram negativas (29%), virus (22%) y hongos (11%). En conclusión, la mNGS demuestra una alta eficacia diagnóstica en la detección de patógenos responsables de la PBE, lo que la posiciona como una herramienta valiosa en el ámbito clínico <sup>53</sup>.

### **Antecedentes Nacionales**

Quispe L. *et al.*, (2021), Perú, en su trabajo titulado “Conocimiento y actitud sobre la prevención del cáncer de estómago”, tuvo como objetivo determinar el nivel de conocimiento y la actitud de la prevención del cáncer de estómago en usuarios atendidos durante el año 2021. El estudio presentó un enfoque cuantitativo de tipo aplicativo, descriptivo y correlacional, donde estuvo conformada por una población de 200 usuarios del área de gastroenterología entre agosto y setiembre del 2021, donde se seleccionó solo 40 usuarios. Para recolectar los datos se utilizó la técnica de encuesta para ambas variables, aplicando un cuestionario tipo Likert y un test de conocimiento, validado por Rensis Likert (1903-1981). Los resultados reflejaron que el 40% presentó un nivel alto de conocimiento, el 32.5% un

nivel medio y el 27.5% un nivel bajo sobre la prevención del cáncer de estómago. No obstante, en la actitud el 57.5% tuvo una actitud indiferente, el 37.5% actitud favorable y el 5% actitud desfavorable. Su conclusión fue que no se encontró relación significativa entre el nivel de conocimiento y la actitud hacia la prevención d cáncer de estómago <sup>54</sup>.

Florencia C., (2022), Perú, en su estudio titulado “Nivel de conocimiento y calidad de vida de pacientes con *Helicobacter pylori* y/o dispepsia en el consultorio externo del área de Gastroenterología del Hospital Lanfranco la Hoz”, tuvo como objetivo evaluar el conocimiento sobre *H. pylori* y su relación con la calidad de vida en pacientes con dispepsia. Presento una investigación observacional, descriptiva y transversal, en la cual se entrevistó a 150 pacientes con el diagnostico de *H. pylori* o dispepsia. Para realizar la recolección de datos se utilizaron dos instrumentos: una encuesta sobre el nivel de conocimiento acercade la bacteria, validada mediante juicio de expertos y un instrumento para evaluar la calidad de vida. Los resultados reflejaron que el 78% de los participantes eran mujeres y que el 57.3% tenía una edad entre 30 y 59 años. La conclusión fue que el 61.3% presento un nivel medio de conocimiento sobre la bacteria y el 52% mostró un nivel medio de afectación en su calidad de vida <sup>55</sup>.

## **2.2. BASES TEÓRICAS**

### **Secuenciación**

La secuenciación es una técnica de biología molecular <sup>56</sup> que permite determinar con precisión el orden de los nucleótidos en una molécula de ADN o ARN <sup>57</sup>. Es fundamental para comprender el código genético, identificar variantes, diagnosticar enfermedades y desarrollar terapias personalizadas <sup>58</sup>. Actualmente, las tecnologías de segunda y tercera generación destacan por su amplia aplicabilidad en investigación biomédica y diagnóstico molecular.

La secuenciación de **segunda generación**, también conocida como Next Generation Sequencing (NGS), transformó la genómica al permitir el análisis simultáneo de millones de fragmentos de ADN. Está basada en la secuenciación por síntesis (SBS), donde cada base incorporada es detectada mediante señales fluorescentes. La plataforma más representativa es la de Illumina, que produce lecturas cortas (25-400 pb) con alta precisión, eficiencia y bajo costo. Estas tecnologías facilitaron el estudio de genomas completos, los análisis metagenómicos, la identificación de variantes y transcriptómica. Sin embargo, presentan limitaciones, como la necesidad de amplificar las muestras, lo cual elimina marcas epigenéticas y las dificultades en el ensamblaje de regiones genómicas complejas debido a la corta longitud de las lecturas <sup>59</sup>.

En respuesta a estas limitaciones, surgió la secuenciación de **tercera generación**, capaz de leer directamente moléculas individuales de ADN o ARN sin amplificación previa. Las plataformas más destacadas son Pacific Biosciences (PacBio) y Oxford Nanopore Technologies (ONT), que genera lecturas largas (hasta 2.3 Mb), mejorando el ensamblaje genómico y la detección de variantes estructurales. PacBio utiliza la tecnología SMRT (Single-Molecule Real-Time), basada en señales fluorescentes en tiempo real, mientras que ONT utiliza nanoporos, para identificar bases por cambios eléctricos, permitiendo además la secuenciación directa de ARN. Ambas tecnologías son capaces de detectar modificaciones epigenéticas y epitranscriptómicas, ampliando su utilidad en estudios funcionales y clínicos <sup>60</sup>.

## **Bioinformática**

Es una disciplina de la ciencia la cual se dedica al desarrollo del software, algoritmos, métodos y base de datos. Todo este elemento se integra en sistemas, flujos de trabajo y estrategias de estudios para el análisis y poder comprender los sistemas biológicos <sup>61</sup>.

## **Metagenómica**

Es una herramienta útil para investigar el material genético <sup>62</sup> de comunidades microbianas directamente a partir de muestras ambientales o clínicas, sin necesidad de cultivo previo <sup>63</sup>. Permite detectar patógenos conocidos y nuevos, y facilita el análisis de funciones metabólicas, interacciones ecológicas y resistencia antimicrobiana <sup>64</sup>.

La **metagenómica shotgun** es una técnica de secuenciación masiva que permite analizar todo el material genético de una muestra sin necesidad de cultivo. A diferencia de métodos dirigidos como la secuenciación del gen 16S, esta técnica no se limita a regiones específicas del ADN, lo que permite una visión más completa de la diversidad y funcionalidad microbiana. Utiliza tecnologías de segunda y tercera generación, como Pacbio y Oxford Nanopore y Permite aplicaciones en clasificación taxonómica, análisis funcional y reconstrucción de genomas. Además, es especialmente útil en estudios clínicos, ambientales y del microbioma humano, ya que posibilita la detección de bacterias, arqueas, virus y eucariotas presentes en baja abundancia <sup>65</sup>.

Por su parte, **la metagenómica por metabarcoding** se basa en la amplificación y secuenciación de fragmentos cortos de ADN (barcodes), como el gen mitocondrial COI, para identificar múltiples especies en muestras ambientales o biológicas. Utiliza plataformas de alto rendimiento, como illumina (segunda generación) y MinION de Oxford Nanopore (tercera generación), y se apoya en base de datos de referencia para la asignación taxonómica. Es una técnica rápida y eficaz y ampliamente utilizada en estudios de biodiversidad, aunque presenta menor sensibilidad para detectar especies raras en comparación con el enfoque shotgun <sup>66</sup>.

## **Genómica**

La genómica es la rama que analiza la estructura, el funcionamiento y el progreso del genoma integral de un ser vivo <sup>67</sup>. Su uso en la medicina ha posibilitado progresos importantes en el diagnóstico molecular, la medicina personalizada y la farmacogenómica, al simplificar la detección de variantes genéticas vinculadas a enfermedades y la creación de tratamientos dirigidos y biomarcadores clínicos <sup>68</sup>.

## **Gastroenterología**

Es la especialidad médica dedicada al estudio de la fisiología y las enfermedades del sistema digestivo, así como de partes relacionadas, como el esófago, el hígado, la vesícula biliar y el páncreas. Asimismo, detalla funciones esenciales como la motilidad, quiere decir el desplazamiento del contenido a través del estómago y el intestino, digestión y absorción de nutrientes <sup>69</sup>.

## **Resistoma**

Es el conjunto de genes o de material genético que brinda resistencia a los antimicrobianos, tanto a patógenos como a microorganismos comensales del intestino. Su variedad está determinada por varios factores ambientales, como la exposición a tratamientos antibióticos y la dieta <sup>70</sup>.

## **Marcador genético**

Es la característica que varía en cada individuo y cuya diferencia se refleja en la información genética. La cual se manifiesta como una variación precisa en una base detectable mediante secuenciación, eliminación extensa en un cromosoma que se observa al microscopio <sup>71</sup>.

## **2.3. MARCO CONCEPTUAL**

### **Interpretación de reporte genómico**

La interpretación de reportes<sup>72</sup> es el proceso de análisis de los resultados de secuenciación para transformarlos en información clínica útil <sup>73</sup>. Requiere conocimientos en genética, bioinformática y medicina, así como habilidades analíticas para identificar variantes relevantes <sup>74</sup>, correlacionarlas con patología y apoyar la toma de decisiones médicas, especialmente en el diagnóstico de enfermedades gastrointestinales <sup>75</sup>.

### **Informe médico**

Son documentos e informes de investigación elaborados con el afán de presentar metodologías y resultados de proyectos, que permite comunicar avances o hallazgos importantes. Tienen un carácter expositivo, ya que mencionan de manera minuciosa las acciones, procedimientos y métodos empleados durante el proceso. En el área educativa, constituye una importante herramienta para la formación académica y profesional <sup>76</sup>.

### **Conocimientos sobre interpretación de reportes genómicos y metagenómicos**

El conocimiento implica la recolección y asociación de hechos, creencias, descubrimientos y datos, lo que permite interpretar, diagnosticar y resolver problemas <sup>77</sup>. En salud y medicina, este conocimiento abarca información, competencias y experiencias obtenidas por el estudio, la práctica e interacción con el entorno, integrando dimensiones técnicas, clínicas y éticas <sup>78</sup>. Su adecuada evaluación es esencial para aprovechar las nuevas tecnologías biomédicas en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades <sup>79</sup>.

### **Tipos de conocimientos:**

- Conocimiento explícito: Es aquel que puede expresarse fácilmente en palabras, números, documentos, manuales o base de

datos. Se comunica y comparte de forma estructurada, por ejemplo, a través de fórmulas, procedimientos o normas <sup>80</sup>.

- Conocimiento tácito: Es un conocimiento personal, difícil de formalizar y transmitir, ya que está basado en la experiencia, la intuición, los valores o las habilidades prácticas. Se adquiere a través de la observación y la práctica <sup>81</sup>.
- Conocimiento científico: Es sistemático, metódico y verificable, que se adquiere mediante la observación, formulación de hipótesis y su comprobación a través de la experimentación <sup>82</sup>.
- Conocimiento filosófico: Es una forma de conocimiento crítico, reflexivo y universal que se centra en el análisis profundo de la realidad, del ser humano y de su entorno <sup>83</sup>.
- Conocimiento social: Es un tipo de saber construido colectivamente a partir de la interacción entre individuos, comunidades y su entorno. Se expresa en prácticas, valores, significados y representaciones sociales <sup>84</sup>.

## **CAPÍTULO III: METODOLOGÍA DE LA INVESTIGACIÓN**

### **3.1. DISEÑO METODOLÓGICO**

#### **3.1.1. TIPO DE INVESTIGACIÓN**

##### **TRANSVERSAL**

El estudio transversal es un diseño de investigación observacional que analiza, de manera simultánea a todas las personas de una muestra en un único momento temporal <sup>85</sup>. La meta principal es calcular la prevalencia de exposiciones, factores de riesgo o patologías en una población determinada <sup>86</sup>.

Podría ser descriptivo o analítico, lo que permite en esta última situación investigar conexiones entre variables. Su beneficio se basa en proporcionar una perspectiva global de un fenómeno en un instante específico <sup>87</sup>.

Esta investigación adopta un enfoque transversal, puesto que analiza en un solo instante el grado de entendimiento y las visiones de médicos residentes y especialista en gastroenterología respecto al empleo de informes genómicos y metagenómicos. A través de cuestionarios, se obtiene una visión instantánea de su entendimiento y voluntad para incorporar a estas tecnologías, utilizando esto como fundamento para futuras estrategias de formación e implementación en el ámbito clínico <sup>88</sup>.

#### **3.1.2. NIVEL DE INVESTIGACIÓN**

##### **EXPLORATORIO**

La investigación exploratoria <sup>89</sup> es un método que busca identificar los elementos esenciales de un problema específico y establecer las pautas iniciales para futuros estudios más estructuradas <sup>90</sup>. Este tipo de estudio se utiliza cuando es poco conocido o no ha sido adecuadamente tratado en la literatura científica, lo permite formular hipótesis iniciales y los diseños de estrategias de investigación futura <sup>91</sup>.

Por tanto, la investigación exploratoria funciona como un inicio en el proceso de creación de conocimiento, sin buscar establecer vínculos causales ni llegar a conclusiones definitivas, sirviendo como base para estudios descriptivos o explicativos posteriores <sup>92</sup>.

La investigación es exploratoria debido a que el tema presentado es novedoso en el contexto clínico, en especial en el área de la gastroenterología. Todavía hay un conocimiento limitado sobre el impacto de la interpretación de datos genómicos y metagenómicos que podría proporcionar en el diagnóstico y tratamiento de las patologías digestivas. En tal sentido la exploración busca generar un soporte de información, el cual sirva como referencia para futuras investigaciones <sup>93</sup>.

## **DESCRIPTIVO**

La investigación descriptiva es un enfoque observacional <sup>94</sup>, que permite caracterizar fenómenos, poblaciones o situaciones, sin manipular variables ni establecer relaciones causales <sup>95</sup>. Se basa en la recolección de datos en un momento determinado y en su análisis mediante estadísticas descriptivas, como frecuencias y porcentajes <sup>96</sup>. Este tipo de estudio es útil para explorar conocimientos o condiciones en grupos específicos, y ha demostrado su valor en diversas áreas, como el análisis <sup>97</sup> de discapacidades en América Latina, proporcionando datos relevantes para el diseño de políticas públicas <sup>98</sup>.

En el contexto de este trabajo, la investigación descriptiva se justifica por la necesidad de identificar y precisar el nivel de conocimiento que poseen los residentes y especialistas en gastroenterología sobre los informes genómicos, así como analizar sus percepciones respecto a la integración de estos informes en la práctica clínica. Esta aproximación facilitará la obtención de una visión clara de la situación actual y permitirá identificar posibles deficiencias en la formación profesional relacionada con la medicina de precisión <sup>99</sup>.

### 3.2. VARIABLES

- **Variable 1:** Conocimiento genómico en la práctica clínica
- **Variable 2:** Perspectivas en el uso de datos genómicos en la práctica clínica.
- **Variable 3:** Necesidades de capacitación en datos genómicos en la práctica clínica.

### 3.3. DEFINICIÓN OPERACIONAL DE TÉRMINOS

- **Conocimientos genómicos en la práctica clínica:** El nivel de conocimiento genómico en la población general presenta una combinación de fortalezas y debilidades <sup>100</sup>. Si bien se observa una comprensión adecuada de conceptos relacionados con enfermedades hereditarias, existe un menor dominio de los aspectos científicos vinculados a los genes, como su estructura y función. Además, muchas personas reportan baja percepción de su propio conocimiento sobre los usos médicos y las implicancias sociales de las pruebas genéticas. Esto evidencia la necesidad de fortalecer la alfabetización genómica para favorecer decisiones informadas en salud y facilitar la implementación de la medicina personalizada <sup>101</sup>.

- **Perspectivas en el uso de datos genómicos en la práctica clínica:** En el campo de la educación, particularmente en la educación médica, el término perspectiva se refiere a un enfoque integrador que permite analizar una misma situación desde diversas dimensiones que la complementan <sup>102</sup>. La utilidad percibida de los datos genómicos reside en su habilidad para detectar variantes genéticas asociadas a enfermedades, lo cual optimiza el diagnóstico, el pronóstico y tratamiento personalizado. Su análisis se fundamenta en bases de datos especializadas que ofrecen información acerca de la frecuencia poblacional, la patogenicidad y la importancia clínica de las variantes. Estas herramientas son esenciales para distinguir variantes benignas y patogénicas, apoyar la toma de decisiones clínicas y reforzar el asesoramiento genético, fortaleciendo de esta manera el enfoque de medicina personalizada <sup>103</sup>. En la práctica clínica, la información genómica

se utiliza en diversas áreas: facilitan la identificación de mutaciones causantes de patologías hereditarias y el reconocimiento de cambios genéticos asociados al cáncer<sup>104</sup>. No obstante, la implementación efectiva de estos avances enfrenta diversas barreras, dentro las principales se incluyen: la escasa capacitación en genética de los profesionales de salud, la deficiente infraestructura tecnológica, el acceso desigual a pruebas genómicas y los conflictos éticos vinculados con la privacidad y uso de datos sensibles. A esto se añaden los costos elevados y la falta de estandarización en la interpretación de variantes genéticas <sup>105</sup>.

• **Necesidades de capacitación en datos genómicos en la práctica clínica:** La capacitación del curso humano es un pilar esencial para que los países, especialmente aquellos con ingresos medios y bajos, puedan implementar con éxito tecnologías genómicas <sup>106</sup>. La formación en genómica debe abarcar a todos los actores del sistema de salud, incluidos profesionales clínicos, técnicos, administrativos y responsables de políticas <sup>107</sup>. En particular, la capacitación del personal asistencial es prioritaria por su contacto directo con los pacientes y el uso de tecnologías biomédicas, lo que exige actualización continua en protocolos y prácticas seguras <sup>108</sup>. Por ello, se requieren programas académicos que integren competencias técnicas y bioéticas, con el fin de asegurar un manejo responsable de la información genómica. Las capacitaciones en genómica deben abordar temas clave, como los fundamentos científicos y técnicos del ADN, ARN y las proteínas, así como la secuenciación y el análisis bioinformático. También deben incluir aplicaciones clínicas y de salud pública, como el diagnóstico y tratamiento de enfermedades genéticas, infecciones y cáncer, además de la vigilancia epidemiológica mediante la genómica microbiana. Finalmente, es fundamental la formación en el procesamiento y análisis de datos genómicos<sup>109</sup>:

### **3.4. POBLACIÓN Y MUESTRA**

- Población: Especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital María Auxiliadora
- Muestra: Dado el número reducido de especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora, se optó por un muestreo censal para incluir a toda la población accesible y evitar sesgos de selección.

### **3.5. CRITERIOS DE SELECCIÓN**

#### **Criterios de Inclusión:**

- Médicos residentes y especialistas en gastroenterología que laboren en el Hospital María Auxiliadora.
- Médicos dispuestos a participar voluntariamente en la investigación, firmando el consentimiento informado.

#### **Criterios de Exclusión:**

- Médicos gastroenterólogos que se encuentren de licencia o con ausencias prolongadas durante el estudio.
- Médicos que no completen la encuesta o brinden datos insuficientes para el análisis.

### **3.6. INSTRUMENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS**

Se utilizó una encuesta que fue validada por juicio de expertos:

- El procedimiento de recolección de información de una escala tipo Likert, la cual se utilizó para medir actitudes y conocimientos mediante preguntas cerradas enfatizando en diversas áreas como la promoción de la salud, el cuidado colectivo, el desarrollo humano, la participación social, la prevención de enfermedades y la educación para la salud. El objetivo de las preguntas será evaluar el conocimiento, necesidad de capacitación, percepción de la ventaja en dicha área, lo cual permitirá examinar tanto las tendencias como la discrepancia en cada respuesta, hallando actitudes positivas o negativas hacia el cuidado

de la salud. Se utilizó un cuestionario estructurado, basado en los estudios de Orlando Rafael Serrano Barrera y Jenny de la Caridad Hernández Betancourt <sup>110</sup>. El cual fue con preguntas de selección múltiple, así como también preguntas abiertas y cerradas, diseñadas para evaluar el conocimiento y las perspectivas de médicos residentes y especialistas en gastroenterología sobre interpretación de reportes genómico y metagenómico en la práctica clínica.

- En cuanto a las variables, se consideraron los conocimientos sobre técnicas de diagnóstico molecular incluidas a la gastroenterología, localización de genes asociados a patologías digestivas y la farmacogenómica incluida a tratamiento gastroenterológicos. En cada evaluación, los indicadores serán: conoce, no conoce o no recuerda. Asimismo, se evaluó el interés en actividades formativas en los temas de genoma y tecnologías ómicas, con opciones de: si o no, para los que respondieron si, se les pidió que mencionaran ejemplos de genes o herramientas bioinformáticas.
- La información obtenida de los cuestionarios será procesada utilizando el programa Microsoft Excel, analizando a través de la estadística descriptiva, donde saldrán los resultados en frecuencia absolutas y relativas.
- Antes de brindar el cuestionario, cada participante será informados sobre las características y los objetivos del estudio. Se garantizará la confidencialidad de la identidad de cada participante.

### **3.7. PROCEDIMIENTOS Y ANÁLISIS DE DATOS**

Para llevar a cabo la recolección de información, se gestionó y obtuvo la autorización correspondiente del Hospital María Auxiliadora, lo que permitió el acceso al registro del personal médico perteneciente al servicio de gastroenterología. La aplicación de la encuesta fue de carácter anónimo y presencial, previa obtención del consentimiento informado por parte de los participantes. Los datos recolectados fueron sistematizados y procesados utilizando el software Microsoft Excel. Se empleó un análisis estadístico de carácter descriptivo, basado en frecuencia absoluta y relativa (porcentajes), con el propósito de caracterizar las variables incluidas en el estudio, tanto sociodemográfica como en lo referente al nivel de conocimiento y percepción clínica respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos. Los resultados fueron presentados en tablas y gráficos para facilitar su comprensión y análisis. Posteriormente, se continuó con su interpretación, a fin de responder a las preguntas orientadoras de la investigación y aportar evidencia sobre el nivel de familiaridad y la percepción del personal médico frente al uso de estas herramientas moleculares dentro del contexto clínico gastroenterológico.

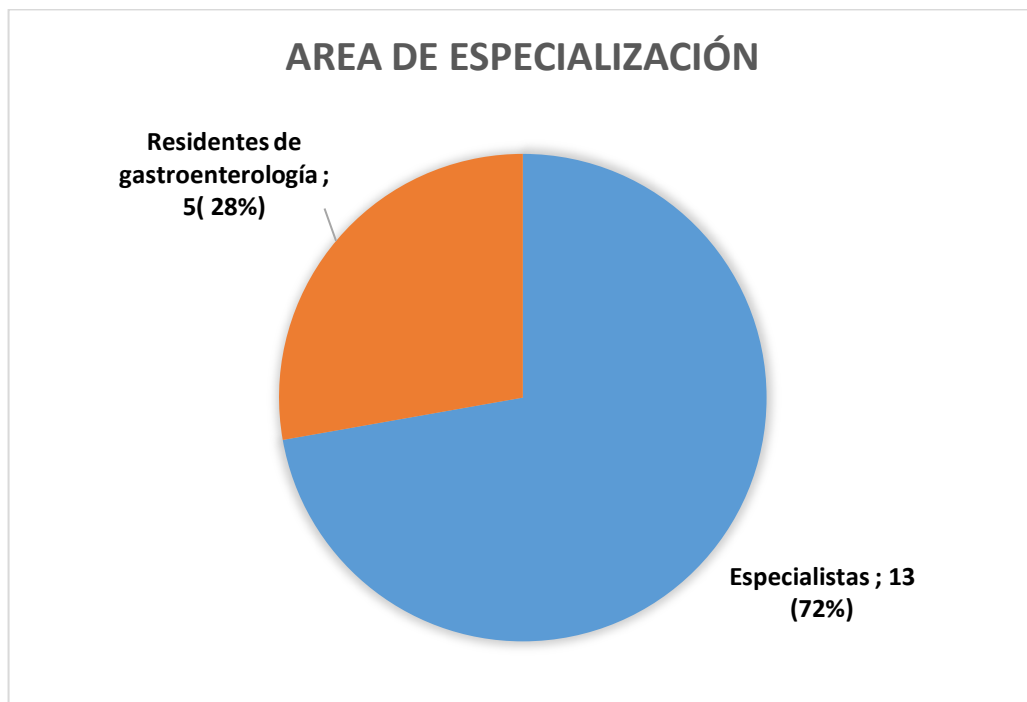
### **3.8. ASPECTOS ÉTICOS**

El comité de institucional de ética en investigación de la Universidad Privada San Juan Bautista, aprobó el trabajo de investigación con el código de registro N° 782-2025-CIE-UPSJB.

## CAPÍTULO IV: RESULTADOS

### 4.1. RESULTADOS

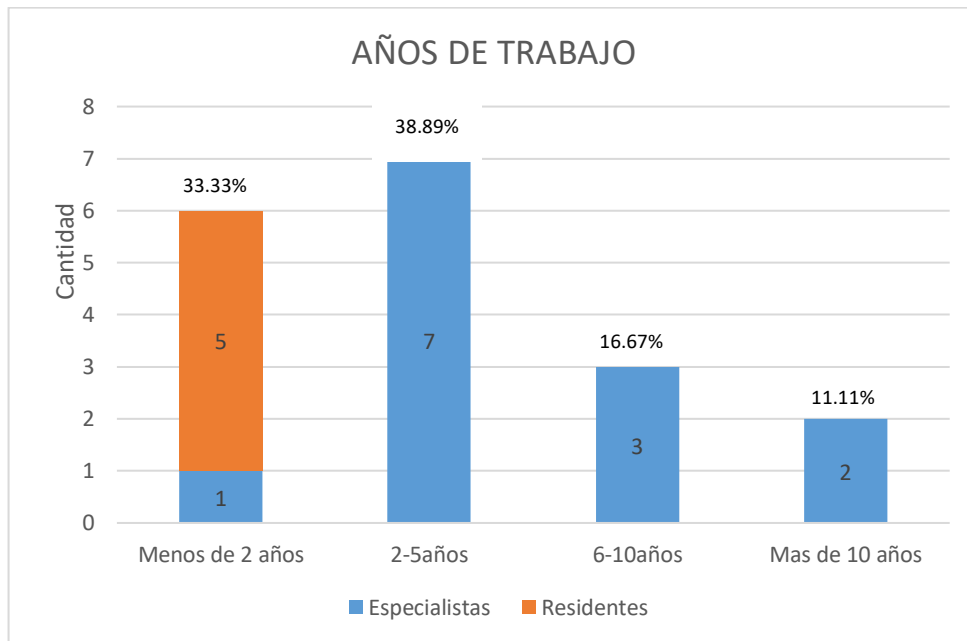
La muestra estuvo conformada por 18 médicos. El 72% (13) eran especialistas en gastroenterología y el 28% (5), residentes en la misma especialidad (Gráfico N°1).



**Gráfico 1. Área de especialización.**

Fuente: Encuesta sobre la evolución del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

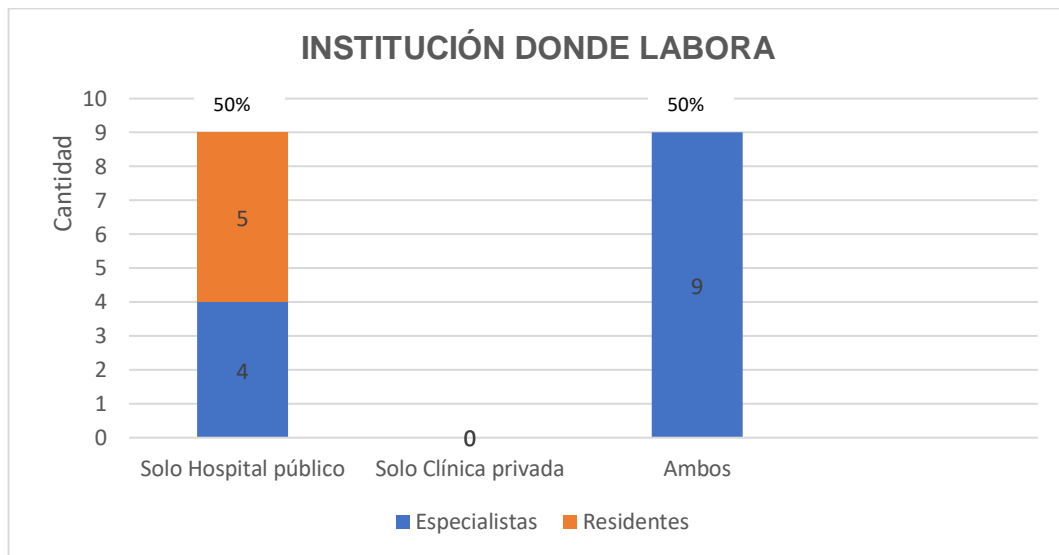
Al consultar sobre el tiempo de experiencia laboral, se observó que el 38.89% (7) de los médicos tenía entre de 2 a 5 años de ejercicio profesional, seguido de un 33.33% (6) con menos de 2 años de experiencia. Asimismo, el 16.67% (3) reportó entre 6 y 10 años de experiencia, y solo el 11.11% (2) indicó contar con más de 10 años de trayectoria profesional (Gráfico N°2).



**Gráfico 2. Años de trabajo.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

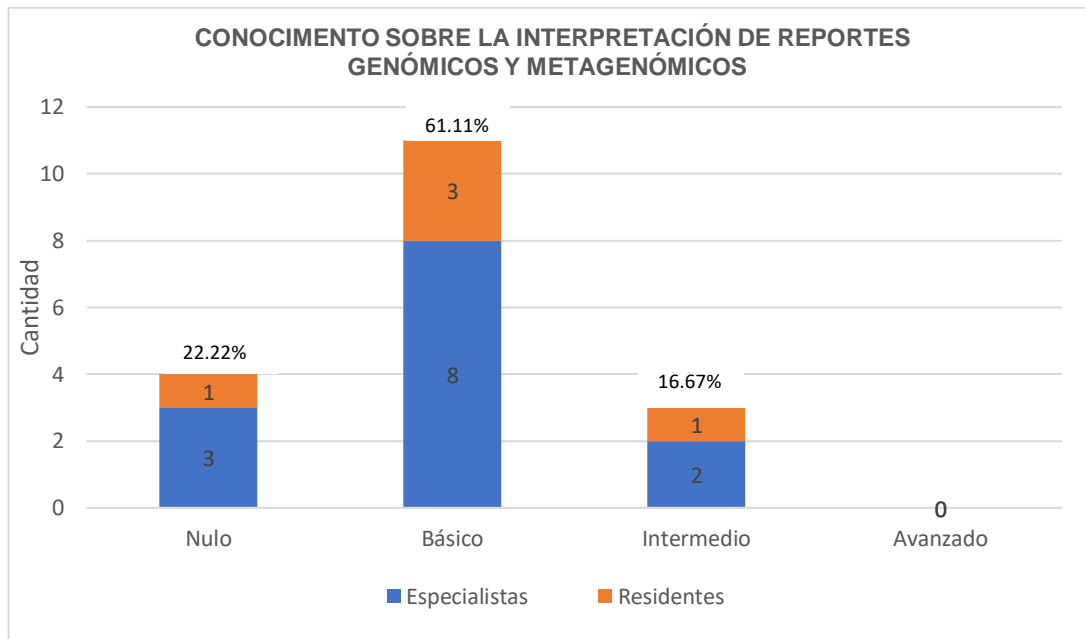
El 50% de los médicos encuestados, tanto residentes como especialistas laboran solo en hospitales del sector público. En contraste, el otro 50%, conformado únicamente por especialistas, desempeña funciones tanto en el sector público como en el privado (Gráfico N°3).



**Gráfico 3. Institución donde labora.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

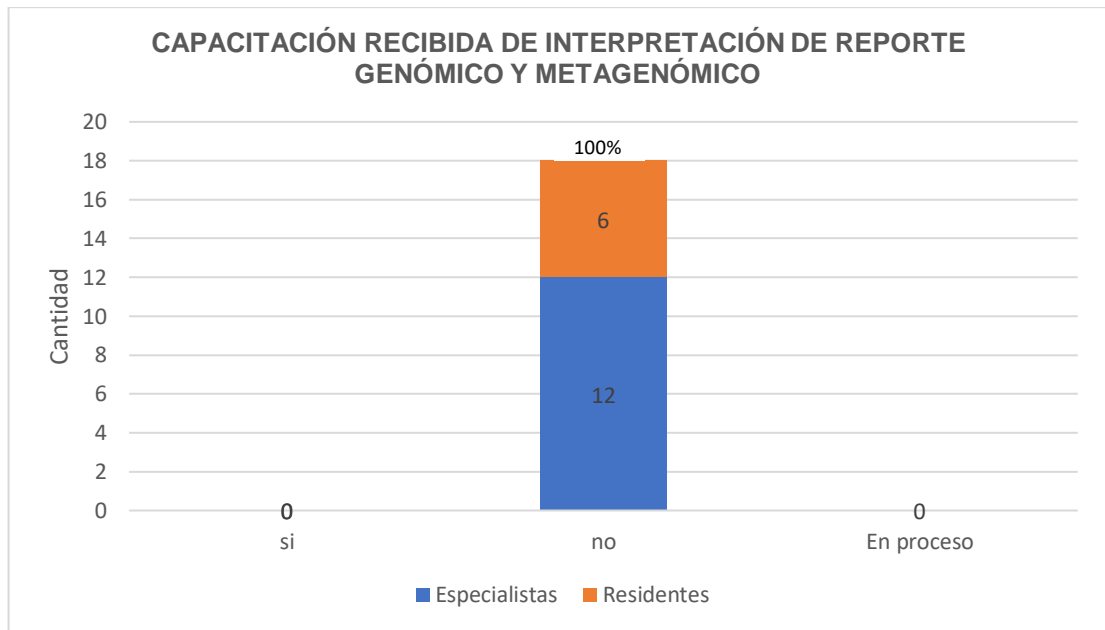
El 61.11% (11) de los participantes reportó tener un nivel básico de conocimiento sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos. Le Sigue un 22.22% (4), que indicó no tener ningún conocimiento al respecto, y solo un 16.67% (3) manifestó poseer un nivel intermedio (Gráfico N°4).



**Gráfico 4. Conocimiento sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

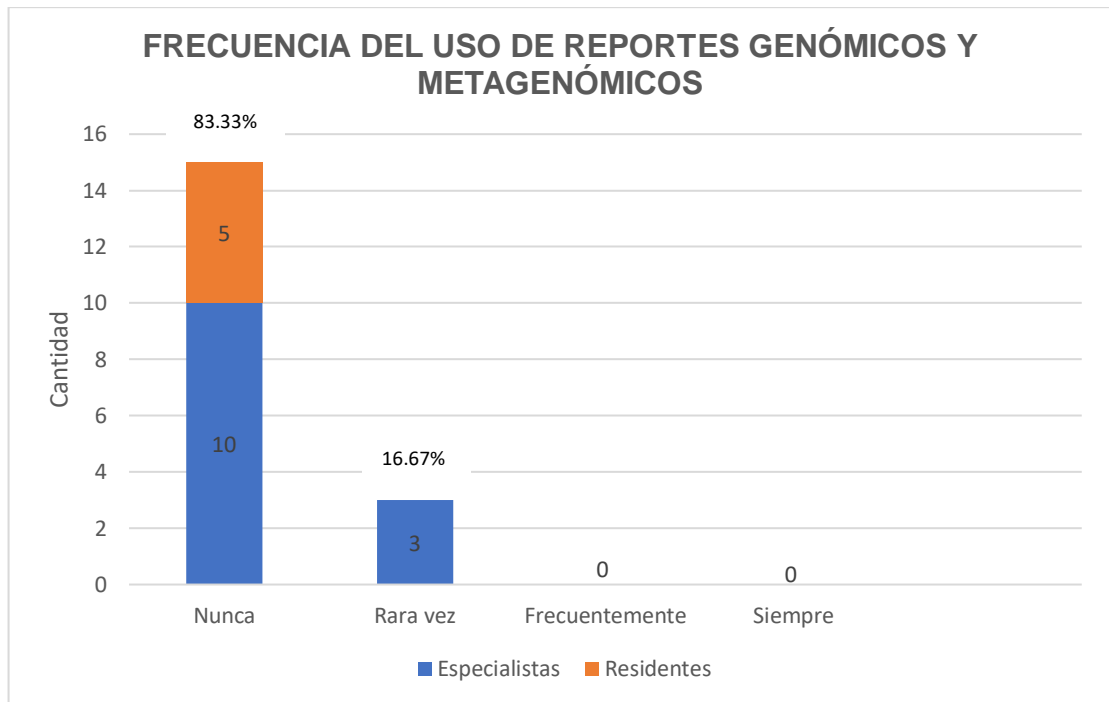
El 100% de los encuestados, tanto médicos especialistas como residentes, manifestó no haber recibido capacitación formal en la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos. (Gráfico N°5).



**Gráfico 5. Capacitación recibida de interpretación de reporte genómico y metagenómico.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

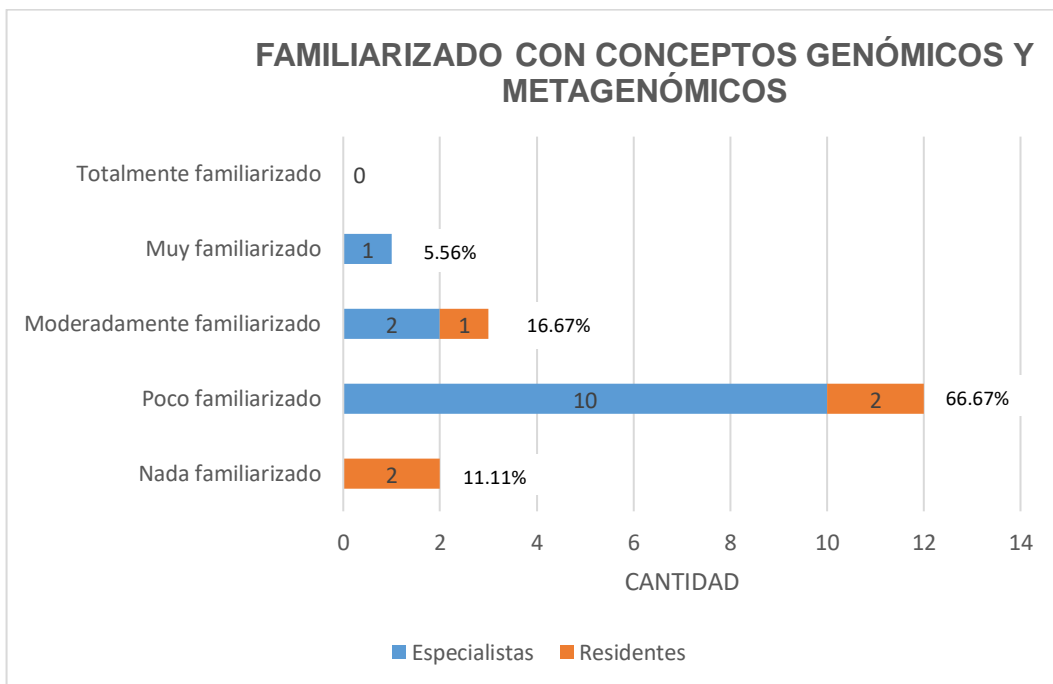
El 83.33% (15) de los médicos encuestados indicó que nunca ha utilizado reportes genómicos y metagenómicos en su práctica clínica, mientras que el 16.67% (3) señaló haber utilizado en alguna ocasión (Gráfico N°6).



**Gráfico 6. Frecuencia del uso de reportes genómicos y metagenómicos**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica clínica.

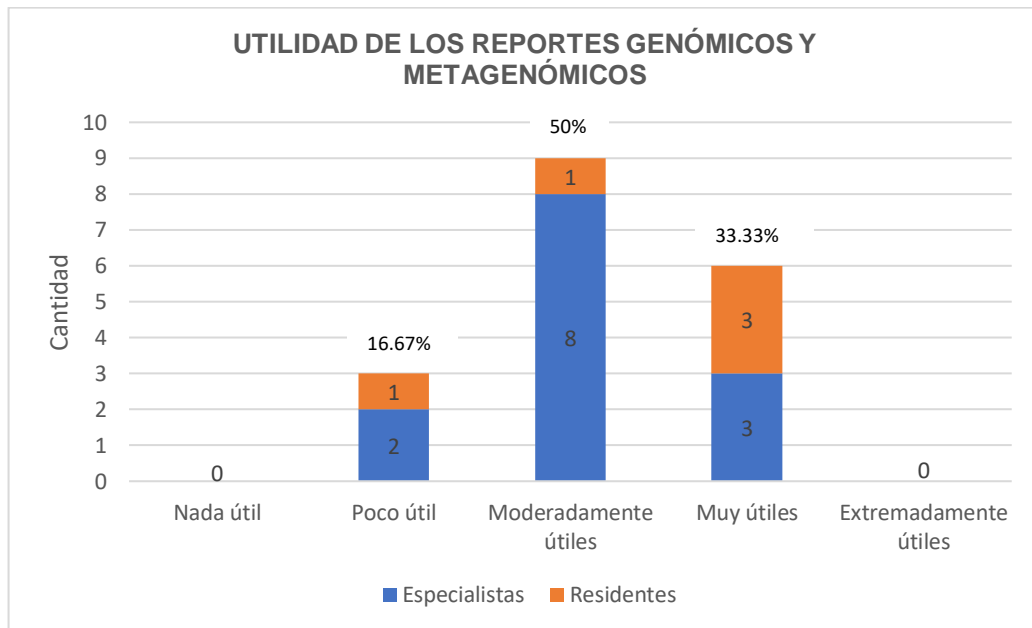
Del total de participantes, el 66.67% (12) indicó estar poco familiarizado con los conceptos genómicos y metagenómicos. El 16.67% (3) manifestó un nivel de familiaridad moderado, el 11.11% (2) declaró no estar familiarizado en absoluto, y solo el 5.56% (1) reportó estar muy familiarizado con dichos conceptos (Gráfico N°7).



**Gráfico 7. Familiarizado con conceptos genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica.

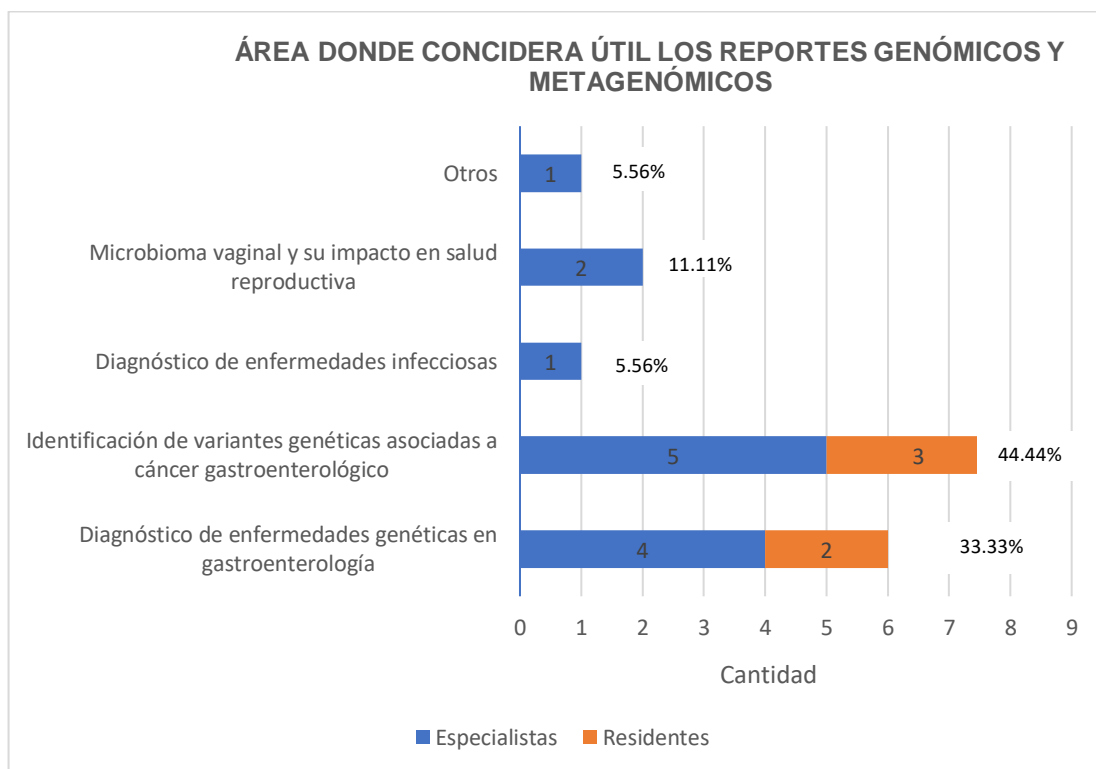
De los médicos encuestados, el 50% (9), tanto especialistas como residentes, consideró que los reportes genómicos y metagenómicos son útiles para la práctica clínica. Por otro lado, el 33.33% (6) manifestó que su utilidad es muy alta, mientras que solo el 16.67% (3) lo considera poco útil (Gráfico N°8).



**Gráfico 8. Utilidad de los reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

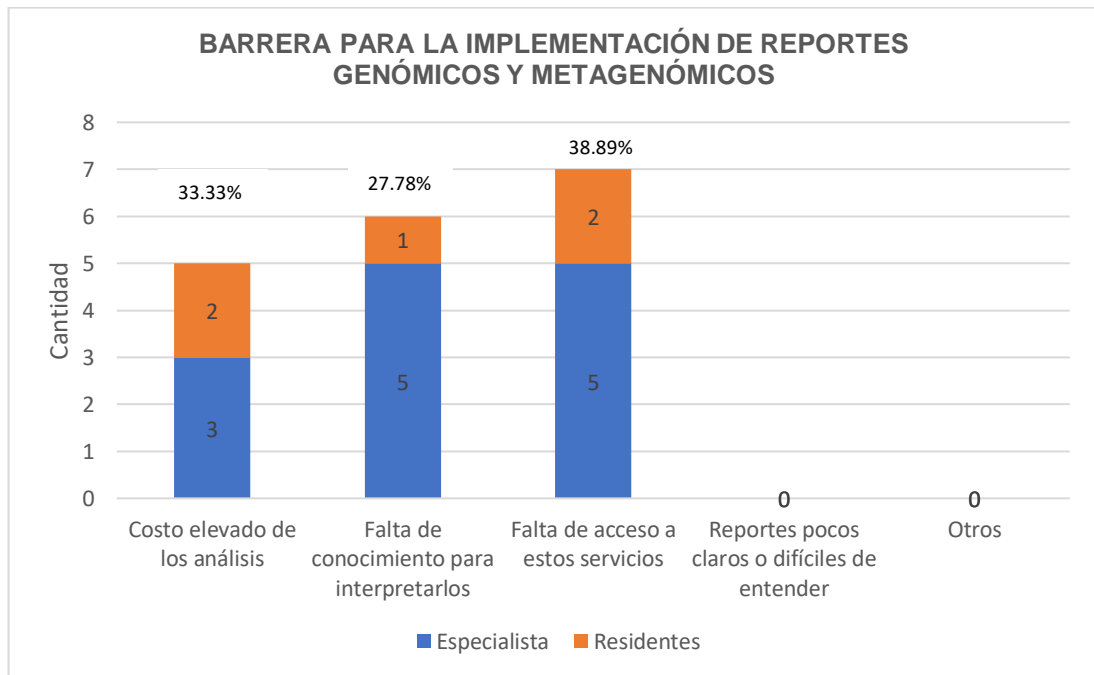
De los dieciocho médicos encuestados, el 44.44% (8) consideró que los reportes genómicos y metagenómicos son útiles para la identificación de variantes genéticas asociadas a cáncer gastroenterológico. El 33.33 % (6) los relacionó con el diagnóstico de enfermedades genéticas en el campo de la gastroenterología, mientras que el 11.11% (2) destacó su utilidad en el análisis del microbioma vaginal y su impacto en salud reproductiva. Por otro lado, un 5.56% (1) mencionó su aplicación en el diagnóstico de enfermedades infecciosas y otro 5.56% (1) señaló otras áreas de interés (Gráfico N°9).



**Gráfico 9. Área donde considera útil los reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

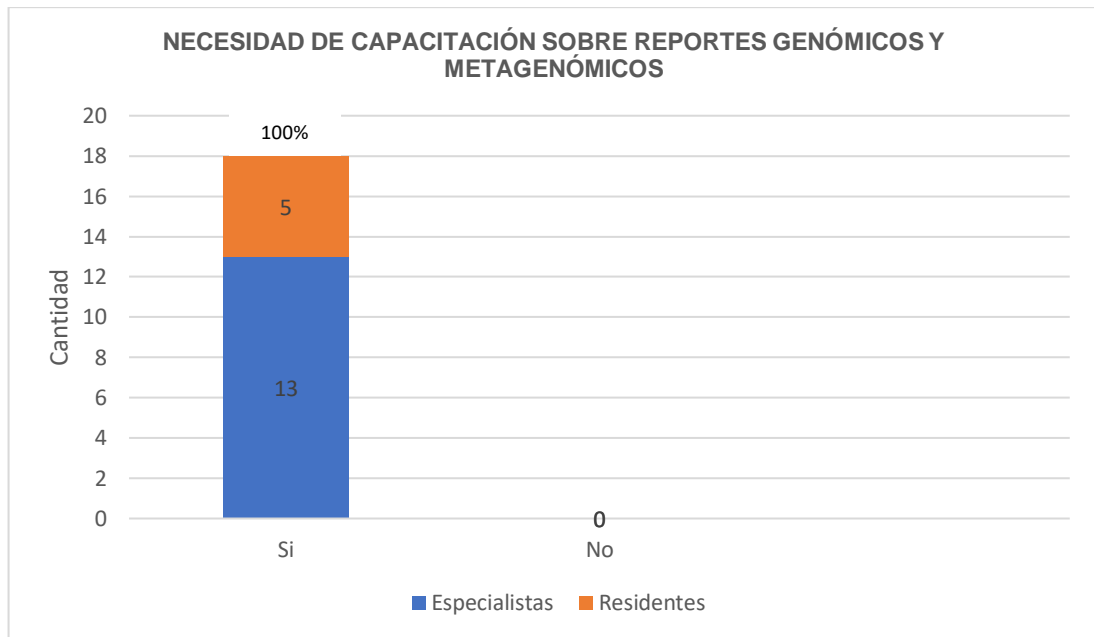
Los participantes identificaron como principales barreras para la implementación las siguientes: El 38.89% (7) reportó falta de acceso a estos servicios, el 33.33% (6) mencionó la falta de conocimientos para su correcta interpretación, y el 27.78% (5) señaló el elevado costo de los análisis (GráficoN°10).



**Gráfico 10. Barrera para la implementación de reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

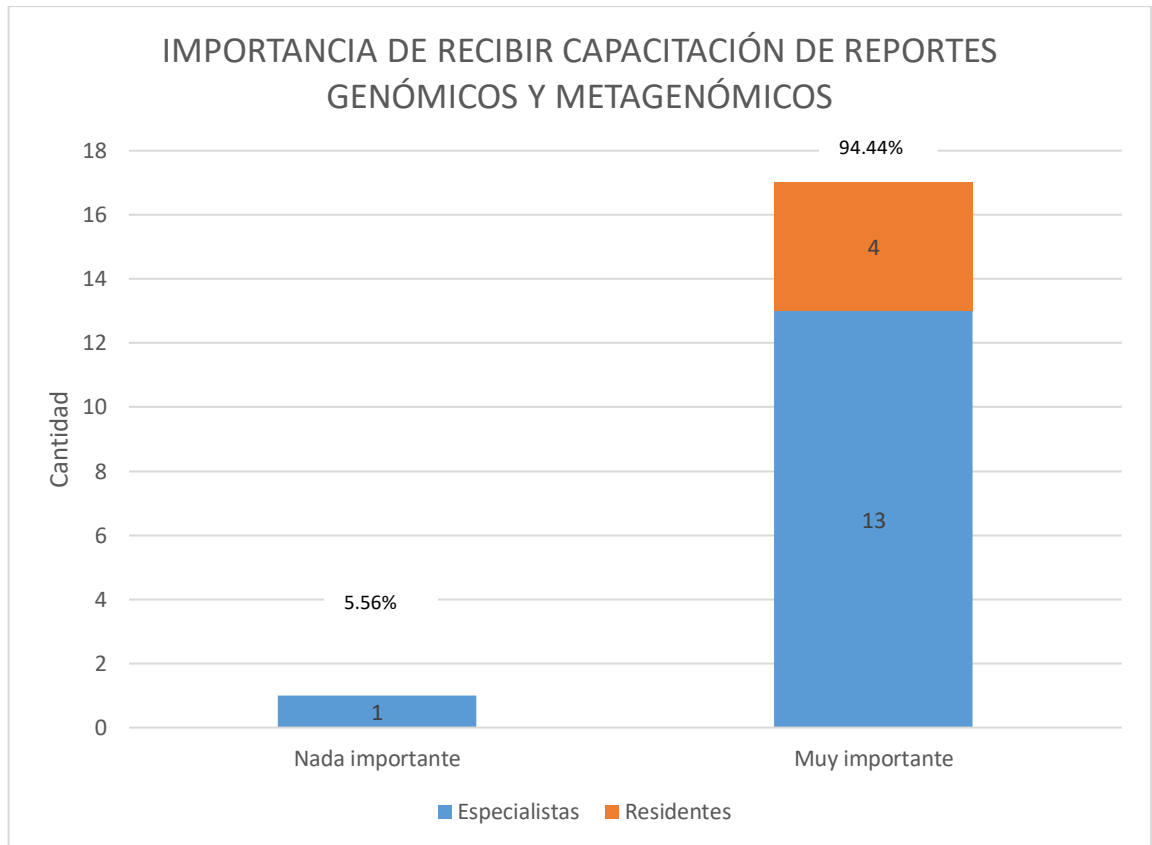
El 100% de los médicos especialistas y residentes manifestó que la capacitación en la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos es necesaria (Gráfico N°11).



**Gráfico 11. Necesidad de capacitación sobre reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

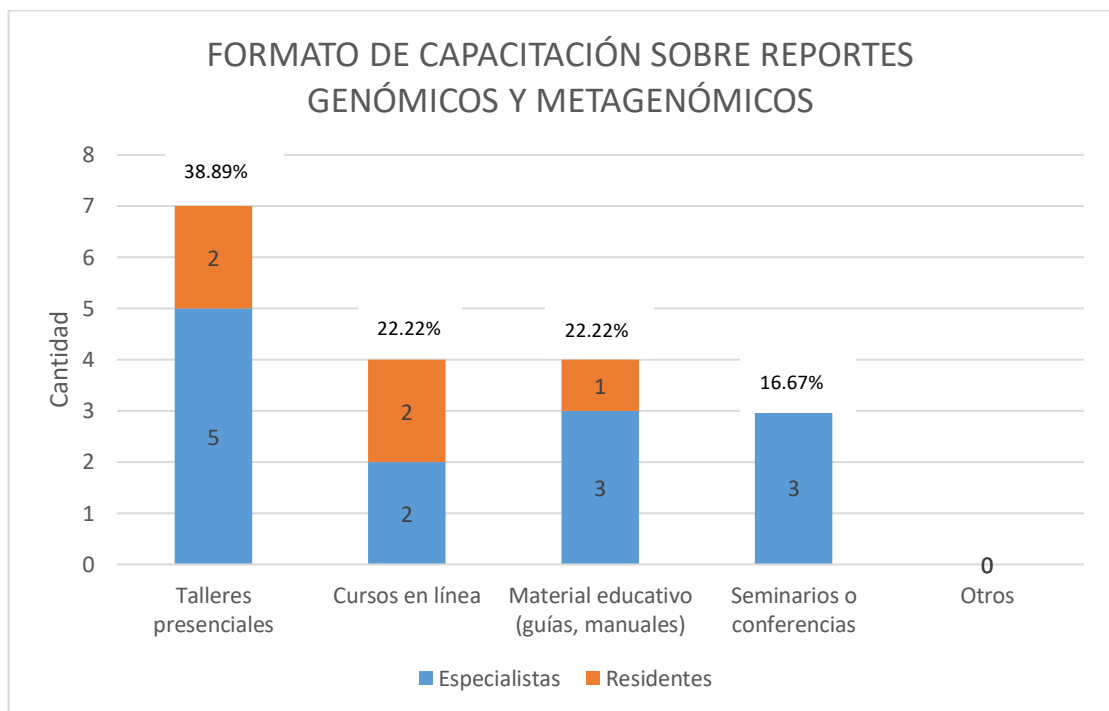
El 94.44% (17) de los encuestados considera que es muy importante recibir capacitación de reportes genómicos y metagenómicos, mientras que el 5.56% (1) opina que no es importante (Gráfico N°12).



**Gráfico 12. Importancia de recibir capacitación de reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectiva de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

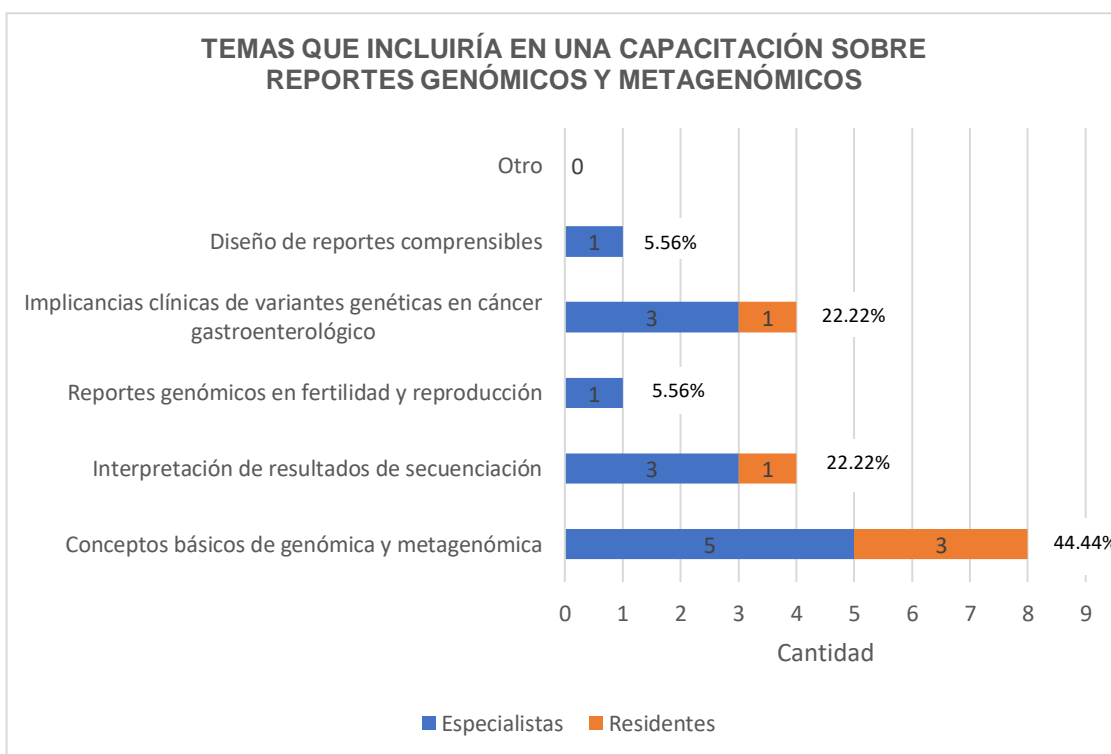
Los formatos de capacitación mencionados por los participantes fueron: Talleres presenciales en un 38.89% (7), cursos en línea y guías o manuales, ambos con un 22.22% (4), y seminarios o conferencias en un 16.67% (3) (Gráfico N°13).



**Gráfico 13. Formato de capacitación sobre reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

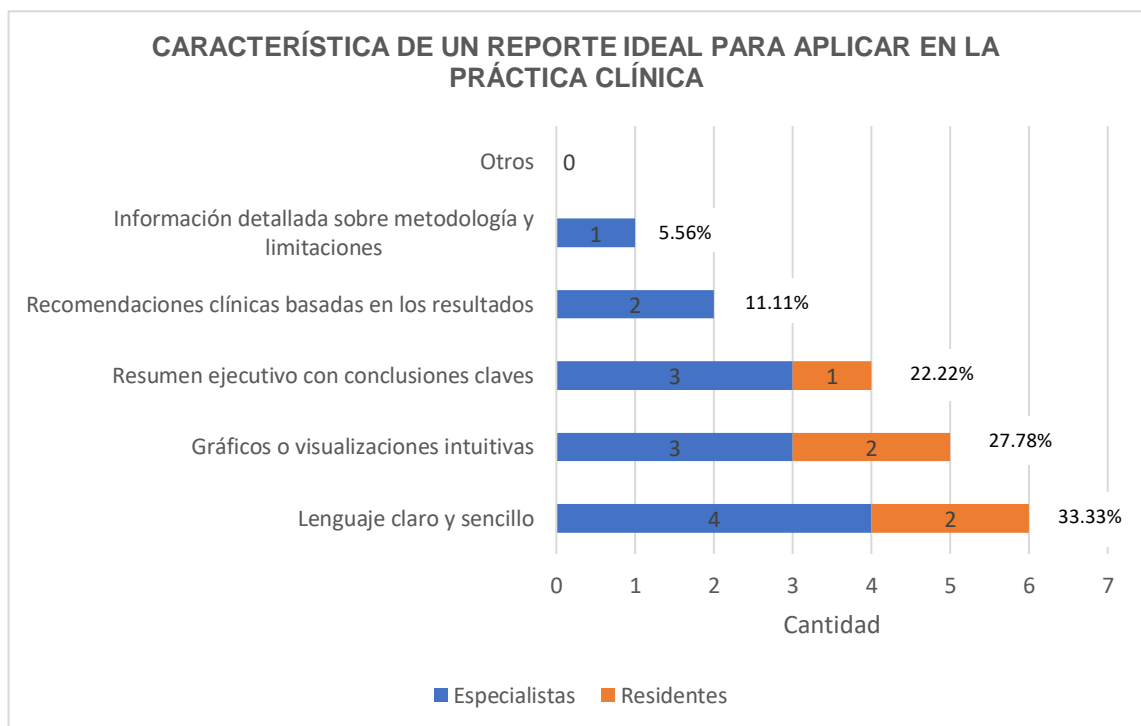
Los médicos señalaron los temas que considerarían prioritarios para una capacitación: El 44.44% (8) opto por conceptos genómicos y metagenómicos; el 22.22% (4) indicó las implicancias clínicas de variantes genéticas en cáncer gastroenterológico y otro 22.22% (4) considero importante la interpretación de resultados de secuenciación. En menor proporción, indicaron incluir el diseño de reportes comprensibles, y reportes genómicos en fertilidad y reproducción, ambos con un 5.56% (1) (Gráfico N°14).



**Gráfico 14. Temas que incluiría en una capacitación sobre reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

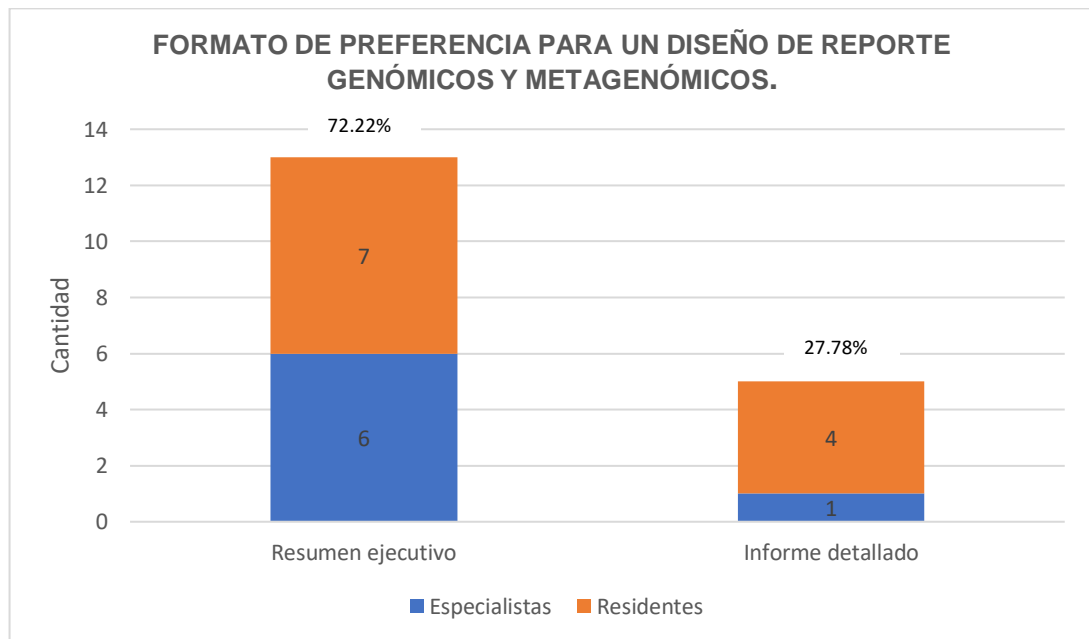
Las características que los médicos consideraron esenciales para un reporte ideal fueron: Un 33.33% (6) mencionó el uso de un lenguaje claro y sencillo; un 27.78% (5), la inclusión de gráficos o visualizaciones intuitivas, y un 22.22% (4), la incorporación de un resumen ejecutivo con conclusiones claves. Asimismo, el 11.11% (2) destacó la importancia de incluir recomendaciones clínicas basadas en los resultados y por último el 5.56% (1) señaló la necesidad de brindar información detallada sobre metodología y sus limitaciones (Gráfico N°15).



**Gráfico 15. Características e un reporte ideal para aplicar en la práctica clínica.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica.

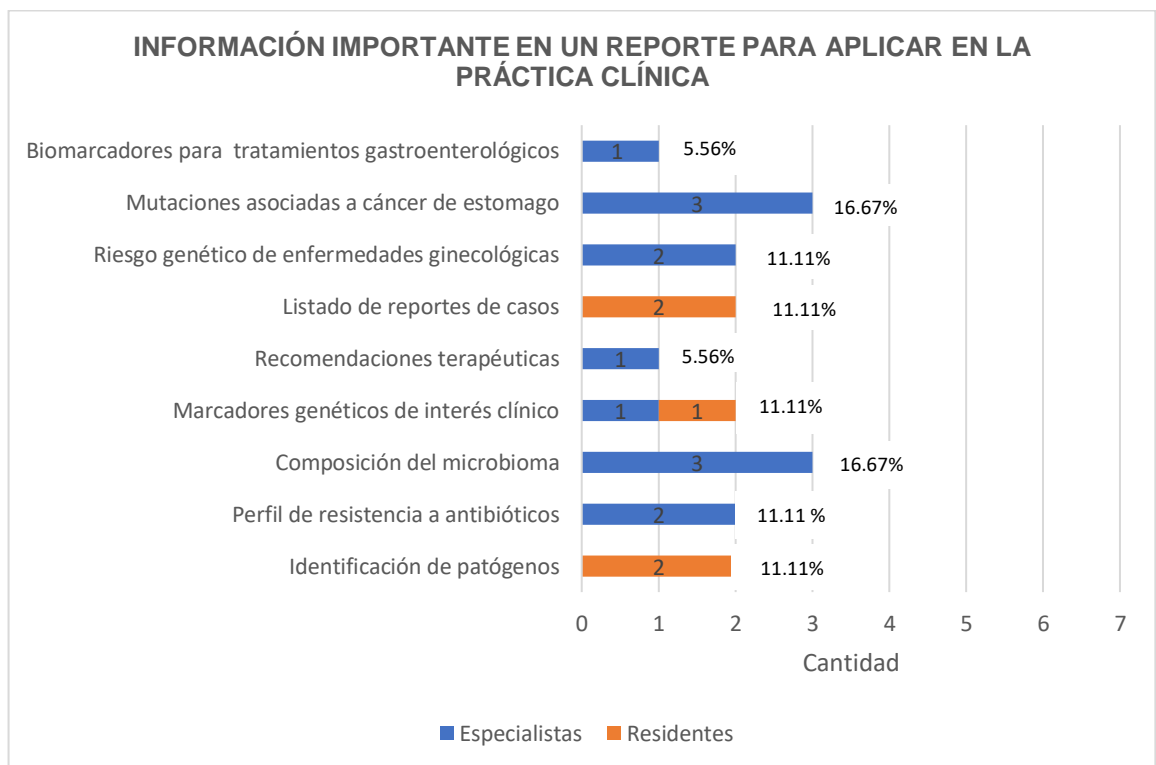
De los médicos encuestados, el 72.22% (13) indicó que su formato de preferencia para el diseño de reporte genómico y metagenómico sería un resumen ejecutivo, mientras que solo el 27.78% (5) se inclinó por un informe detallado (Gráfico N°16).



**Gráfico 16. Formato de preferencia para un diseño de reportes genómicos y metagenómicos.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de los Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica.

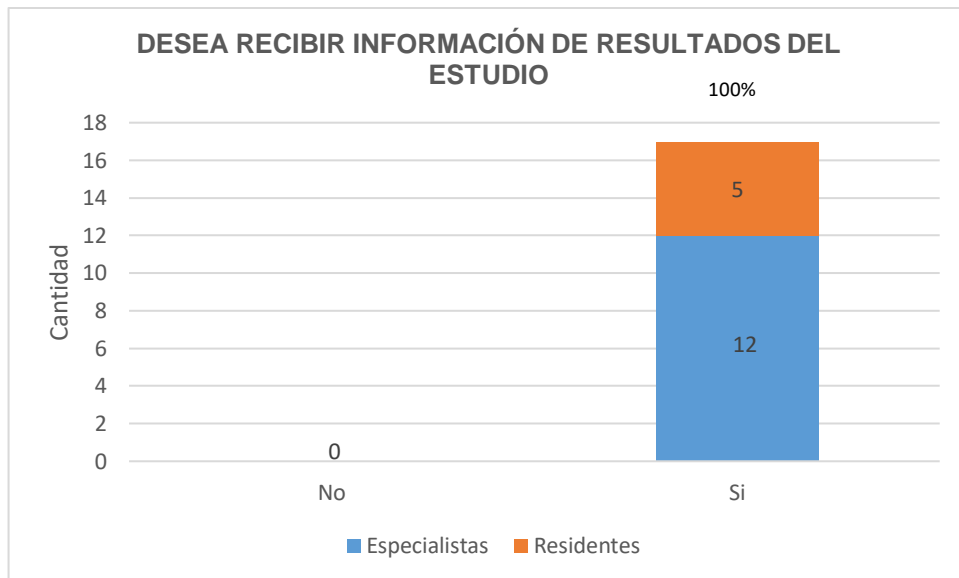
Los participantes consideraron como información fundamental en los reportes los siguientes aspectos: Un 16.67% (3) mencionó la composición del microbioma, y otro 16.67% (3) las mutaciones asociadas al cáncer gástrico. Asimismo, el 11.11% (2) señaló el riesgo genético de enfermedades ginecológicas, el listado de reportes de casos, los marcadores genéticos de interés clínico, el perfil de resistencia a antibióticos y la identificación de patógenos, respectivamente. Finalmente, un 5.56% (1) destacó la relevancia de incluir biomarcadores para tratamientos gastroenterológicos y recomendaciones terapéuticas (Gráfico N°17).



**Gráfico 17. Información importante en un reporte para aplicar en la práctica clínica.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómico en la Práctica Clínica.

El 100% de los médicos encuestados manifestó su interés en conocer los resultados del estudio (Gráfico N°18).



**Gráfico 18. Recibir información de resultados del estudio.**

Fuente: Encuesta sobre la evaluación del conocimientos y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica.

## **CAPITULO V: DISCUSIÓN, CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES**

### **5.1 DISCUSIÓN**

El presente estudio aporta información valiosa sobre el nivel de conocimiento, las perspectivas y las necesidades formativas de los especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital María Auxiliadora, respecto a la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos. Los hallazgos revelan que, aunque existe una percepción positiva sobre su utilidad clínica, persisten importantes brechas en cuanto a capacitación, familiaridad conceptual y uso práctico de estas herramientas moleculares, lo que limita su integración efectiva en la práctica clínica.

El Hospital María Auxiliadora, ubicado en Lima, es uno de los establecimientos de referencias del Ministerio de Salud del Perú. Cuenta con múltiples especialidades clínicas y quirúrgicas y desempeña un rol formativo clave al recibir a médicos residentes de diversas universidades. Su servicio de gastroenterología está conformado por un equipo comprometido con la mejora continua, que atiende a una población diversa y de alta demanda asistencial. Esta realidad lo convierte en un entorno ideal para estudiar la incorporación de nuevas tecnologías, como la genómica y la metagenómica, en la práctica médica.

Durante la recolección de datos, la mayoría de los médicos fueron receptivos a recibir información sobre el estudio. Sin embargo, algunos se excusaron por motivos personales, como licencia (por ejemplo, maternidad), mientras que otros declinaron voluntariamente su participación, manifestando que no deseaban recibir información verbal sobre la investigación. A pesar de estar ocupados en procedimientos clínicos, muchos de los médicos encuestados demostraron interés en el tema, realizaron preguntas pertinentes y mostraron disposición para participar. Varios de ellos destacaron que nunca antes habían tenido la oportunidad de formar parte en un estudio relacionado

con la metagenómica, lo que reforzó su motivación para involucrarse en el presente trabajo.

Asimismo, durante la entrevista, los participantes indicaron no haber recibido capacitaciones previas sobre la interpretación de reportes genómicos o metagenómicos. Solo uno de los especialistas señaló haberse informado por iniciativa propia, debido a su interés personal en el tema; sin embargo, no pudo precisar la fuente ni la institución de donde obtuvo dicha información.

A diferencia de otros países como China <sup>44</sup>, Argentina <sup>45</sup>, España <sup>46</sup>, Japón <sup>47</sup> y Colombia <sup>51</sup>, donde existen investigaciones activas en genómica y metagenómica aplicada a la salud, en el Perú estos estudios aún son limitados. Esta brecha se debe, entre otros factores, a la escasa inversión <sup>111</sup> pública en ciencia y tecnología <sup>112</sup>, la falta de infraestructura especializada en bioinformática, la ausencia de programas formativos en genética clínica en las facultades de medicina y a la falta de políticas nacionales que promuevan la investigación y aplicación de la medicina de precisión.

Si bien en el país se han desarrollado investigaciones en el ámbito de la genómica y metagenómica, estas se han enfocado en áreas distintas a la gastroenterología. Entre los estudios identificados resalta el trabajo de Heinner G. *et al.*, (2015) Perú, “Rol de la farmacogenómica en el régimen de tratamiento de tuberculosis”, que consistió en una revisión de estudios genéticos y farmacogenéticos centrados en los genes *Nat2* y *CYP2E1* y *AADAC* <sup>113</sup>. Otro ejemplo es el estudio de Zúñiga L. (2020) Perú, “Estudio computacional de genomas para la identificación de variantes genéticas asociadas a rasgos clínicos patológicos del cáncer de próstata”, que empleó análisis secundarios de datos mediante la consulta de bases genómicas públicas, herramientas web y programas bioinformáticos <sup>114</sup>

En el campo de la gastroenterología, los estudios disponibles se han centrado mayormente en enfermedades digestivas comunes o infecciosas, como la infección por *Helicobacter pylori* <sup>55</sup>, la enfermedad inflamatoria

intestinal <sup>26</sup> y la prevención del cáncer gástrico <sup>54</sup>. Sin embargo, no se encontraron investigaciones previas que evalúen de manera específica el conocimiento y la aplicación clínica de reportes genómicos y metagenómicos en gastroenterología. Por tanto, la presente investigación representa un aporte original y pionero en el contexto nacional.

En cuanto al perfil de los participantes, el 72% eran médicos especialistas, y el 38.89% tenía entre 2 y 5 años de experiencia profesional. Este dato evidencia una población en etapas iniciales o intermedias de su desarrollo profesional, en la cual la exposición a tecnologías ómicas aún es limitada. Esta observación coincide con lo descrito por Tobar *et al.* (2024) en Ecuador, quienes señalan la ausencia de contenidos de bioinformática en los planes de estudio médicos tradicionales <sup>115</sup>. Además, se identificó que los profesionales laboraban en hospitales públicos o instituciones mixtas (públicas y privadas), reflejando una diversidad en los entornos de atención médica.

El 61.11% de los encuestados reportó un nivel de conocimiento básico sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos, mientras que el 22.22% indicó no tener conocimientos previos. Además, el 66.67% refirió estar poco familiarizado con los conceptos involucrados, y el 100% afirmó no haber recibido capacitación formal al respecto. Esto refleja una clara necesidad de fortalecer la formación en esta área.

En cuanto a la aplicación clínica, el 83.33% nunca ha utilizado estos reportes en su práctica, y solo el 16.67% lo ha hecho ocasionalmente. Sin embargo, el 50% considera que son útiles, y un 33.33% los califica como muy útiles, principalmente para identificar variantes genéticas en cáncer gastroenterológico (44.44%) y diagnosticar enfermedades genéticas (33.33%). Este hallazgo indica una actitud receptiva y una adecuada conciencia sobre el potencial clínico de estas herramientas, a pesar de la limitada experiencia directa.

Desde un punto de vista metodológico, este estudio emplea un diseño descriptivo de corte transversal, lo cual permite obtener una fotografía puntual del nivel de conocimiento y percepción del personal médico en un momento determinado. Este tipo de investigación es altamente replicable en otras instituciones, públicas o privadas, especialmente en aquellas interesadas en evaluar su nivel de preparación para incorporar tecnologías moleculares. Su carácter no invasivo, su costo relativamente bajo y su utilidad para la toma de decisiones institucionales lo convierte en una herramienta valiosa para el diseño de intervenciones educativas y la planificación de servicios especializados.

Entre las principales barreras identificadas para la implementación de estas tecnologías destacan la falta de conocimiento para su correcta interpretación (33.33%), el acceso limitado a servicios especializados (38.89%) y los altos costos de los análisis moleculares (27.78%). Estos hallazgos coinciden con estudios previos realizados en América Latina, como el de Serrano et al. (2020), donde la infraestructura y la disponibilidad de recursos para la medicina personalizada aún son limitadas <sup>116</sup>.

Respecto a la formación, el 100% de los encuestados manifestó la necesidad de recibir capacitación, y el 94.44% la consideró muy importante. Los formatos más valorados para dicha capacitación fueron talleres presenciales (38.89%) y curso en línea o las guías/ manuales (22.22% cada uno). En cuanto a los contenidos, se priorizó el abordaje de conceptos genómicos y metagenómicos (44.44%), las implicancias clínicas de variantes genéticas en cáncer (22.22%) y la interpretación de resultados de secuenciación (22.22%). Esto sugiere que, además de la formación técnica, es fundamental desarrollar herramientas de comunicación científica adaptadas al perfil del usuario clínico.

En relación con el diseño ideal de los reportes, se destacó la necesidad de emplear un lenguaje claro y sencillo (33.33%), visualizaciones intuitivas

(27.78%) y un resumen ejecutivo con conclusiones clave (22.22%). El 72.22% de los participantes manifestó preferencia por un reporte en formato resumen ejecutivo, lo que sugiere que el exceso de estructuras extensas puede dificultar su aplicación práctica.

En síntesis, los resultados de este estudio subrayan la importancia de fortalecer la capacitación en genómica y metagenómica en la formación médica, así como de optimizar el diseño de los reportes para hacerlos más comprensibles y útiles. La integración efectiva de estas tecnologías en la gastroenterología clínica no solo depende de la disponibilidad de recursos, sino también del desarrollo de competencias profesionales y del acceso a información clara y relevante. Promover la educación continua y la colaboración interdisciplinaria será clave para cerrar la brecha entre el avance tecnológico y su aplicación en beneficio de los pacientes.

#### **4.2. CONCLUSIONES**

La mayoría de especialistas y residentes en gastroenterología demuestran un nivel de conocimiento que oscila entre básico e intermedio en relación con la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos.

Existe una percepción general favorable hacia la utilidad de los reportes en el ámbito clínico, particularmente en el diagnóstico de patologías genéticas y neoplasias del tracto gastrointestinal.

Entre las principales barreras identificadas se encuentran el acceso insuficiente en la formación académica en el área, el acceso restringido a servicios especializados y el alto costo de los análisis.

La totalidad de los encuestados manifestaron necesaria la capacitación específica en la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos, prefiriendo cursos virtuales, talleres prácticos y materiales educativos complementarios.

Asimismo, se considera que un reporte genómico y metagenómico ideal debe ser claro, con elementos visuales que mejore su comprensión, metodológicamente transparente y con información clínicamente relevante, incluyendo biomarcadores y recomendaciones terapéuticas dirigidas a la toma de decisiones médicas.

### **4.3. RECOMENDACIONES**

1. Formular e implementar programas de formación accesibles, adaptados a la realidad local, orientados en genómica y metagenómica aplicada al campo de la gastroenterología.
2. Promover la cooperación entre instituciones académicas, establecimiento hospitalarios y centros de investigación con el propósito de fortalecer las capacidades bioinformáticas dentro del sector salud.
3. Elaborar modelos estandarizados de reportes genómicos y metagenómicos que incluyan un lenguaje comprensible, elementos visuales adecuados y recomendaciones clínicas precisas.
4. Fomentar la incorporación de contenidos con ciencias ómicas en el currículo de formación médica, tanto a nivel de pregrado como de posgrado.
5. Implementar programas de capacitación con un lenguaje claro y clínicamente relevante, resúmenes visuales y guías de acción clínica para facilitar su comprensión.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Marchesi JR, Ravel J. The vocabulary of microbiome research: a proposal. *Microbiome* 2015;3(1); doi: 10.1186/s40168-015-0094-5.
2. Sociedad estadounidense de microbiología. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. 2005;1–11; doi: 10.1128/MMBR.69.1.1-11.2005.
3. Gilbert JA, Jansson JK, Knight R. The Earth Microbiome Project: Successes and Aspirations. *BMC Biol* 2014;12(1); doi: 10.1186/s12915-014-0069-1.
4. Huttenhower C, Gevers D, Knight R, et al. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature* 2012;486(7402):207–214; doi: 10.1038/nature11234.
5. Chiu CY, Miller SA. Clinical Metagenomics. *Nat Rev Genet* 2019;20(6):341–355; doi: 10.1038/s41576-019-0113-7.
6. Yang J, Barrila J, Mark Ott C, et al. Longitudinal characterization of multispecies microbial populations recovered from spaceflight potable water. *NPJ Biofilms Microbiomes* 2021;7(1); doi: 10.1038/s41522-021-00240-5.
7. Ranjan R, Rani A, Metwally A, et al. Analysis of the microbiome: Advantages of whole genome shotgun versus 16S amplicon sequencing. *Biochem Biophys Res Commun* 2016;469(4):967–977; doi: 10.1016/j.bbrc.2015.12.083.
8. Aljarrah D, Chalour N, Zorgani A, et al. Exploring the Gut Microbiota and Its Potential as a Biomarker in Gliomas. *Biomedicine and Pharmacotherapy* 2024;173; doi: 10.1016/j.biopha.2024.116420.
9. Martínez F, Di Matteo M, Tellería R, et al. Microbiota: Un Ecosistema Inteligente *Microbiota: An Intelligent Ecosystem*. 2022.

10. Melguizo L, Costela V., Manzano J, et al. Salivary Biomarkers and Their Application in the Diagnosis and Monitoring of the Most Common Oral Pathologies. *Int J Mol Sci* 2020;21(14):1–17; doi: 10.3390/ijms21145173.
11. Ramírez A, Isla D, Artal A, et al. The Influence of Lung Microbiota on Lung Carcinogenesis, Immunity, and Immunotherapy. *Trends Cancer* 2020;6(2):86–97; doi: 10.1016/j.trecan.2019.12.007.
12. Li J, Xiong A, Wang J, et al. Deciphering the microbial landscape of lower respiratory tract infections: insights from metagenomics and machine learning. *Front Cell Infect Microbiol* 2024;14; doi: 10.3389/fcimb.2024.1385562.
13. Diao Z, Han D, Zhang R, et al. Metagenomics next-generation sequencing tests take the stage in the diagnosis of lower respiratory tract infections. *J Adv Res* 2022;38:201–212; doi: 10.1016/j.jare.2021.09.012.
14. Lumbreras P. Aplicación de técnicas de genómica y metagenómica a la caracterización molecular de enterobacterias resistentes a antibióticos carbapenémicos y al análisis del microbioma y resistoma fecal de pacientes con neoplasias hematológicas. Universidad de Oviedo: España; 2024.
15. Leng Q, Holden VK, Deepak J, et al. Microbiota biomarkers for lung cancer. *Diagnostics* 2021;11(3); doi: 10.3390/diagnostics11030407.
16. Hasin Y, Seldin M, Lusi A. Multi-Omics Approaches to Disease. *Genome Biol* 2017;18(1); doi: 10.1186/s13059-017-1215-1.
17. Zhernakova A, Kurilshikov A, Bonder MJ, et al. Population-based metagenomics analysis reveals markers for gut microbiome composition and diversity. *Science* (1979) 2016;352(6285):565–569; doi: 10.1126/science.aad3369.
18. Marqués N et al. Identificación sanitaria: la huella genética. 13/01/2011 *2011*;3:317–320.

19. Calderón A, Orue A. Precision oncology in Latin America: Current situation, challenges and perspectives. *Ecancermedicalscience* 2019;13:1–14; doi: 10.3332/ecancer.2019.920.
20. Guio H. Hacia la medicina personalizada: Implicancias de las ciencias básicas y las “Ómicas” en la práctica clínica. 2015 2015;4:1–4.
21. Delvitto A, Lavagnino NJ. Limitaciones de la complejidad en las ciencias ómicas. *Principia* 2023;27(2):165–194; doi: 10.5007/1808-1711.2023.e85523.
22. Lima NS, Zappala MAP, Delvitto A, et al. Salud colectiva a la medicina personalizada: desafíos bioéticos de la evaluación genética. *Salud Colect* 2023;19:8–11; doi: 10.18294/SC.2023.4481.
23. Massar M, Cantos M, Palma A, et al. Aportes a la medicina personalizada y de precisión para el control del cáncer desde la atención primaria de salud. *Latam Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades* 2025;6(3):1–15; doi: 10.56712/latam.v6i3.4122.
24. Imbert-Palafox JL, Mata-Olvera A, Becerril-Flores MA, et al. El Microbioma Humano: Entre la salud y la enfermedad. 2019;8(15):277–288.
25. Wang WL, Xu SY, Ren ZG, et al. Application of metagenomics in the human gut microbiome. *World Journal of Gastroenterology : WJG* 2015;21(3):803; doi: 10.3748/WJG.V21.I3.803.
26. Manuel J, Calvo S. Análisis metagenómico de la microbiota intestinal en pacientes con colitis ulcerosa. Universidad Complutense de Madrid: España; 2013.
27. Sohail MU, Althani A, Anwar H, et al. Role of the Gastrointestinal Tract Microbiome in the Pathophysiology of Diabetes Mellitus. *J Diabetes Res* 2017;2017; doi: 10.1155/2017/9631435.

28. Moreno IM, Nieves M, Vida M. Hacia la medicina 5P: medicina personalizada, precisa, preventiva, predictiva y participativa. *Revista de Derecho de la Seguridad Social* 2018;4:415–443.
29. Virgin HW, Todd JA. Metagenomics and Personalized Medicine. *Cell* 2011;147(1):44–56; doi: 10.1016/j.cell.2011.09.009.
30. Verma M. Personalized medicine and cancer. *J Pers Med* 2012;2(1):1–14; doi: 10.3390/jpm2010001.
31. Hicks-Courant K, Shen J, Stroupe A, et al. Personalized cancer medicine in the media: Sensationalism or realistic reporting? *J Pers Med* 2021;11(8); doi: 10.3390/jpm11080741.
32. Astudillo de la Vega H, Javier Ochoa Carrillo F. *The State and Future of Molecular Biomarkers in Cancer*. 2010.
33. Matthews V. El momento de la medicina personalizada. *Revista Medica Clinica* 2011;4:414–426.
34. Rodríguez S, Armengol L. Tecnologías de secuenciación de nueva generación en diagnóstico genético pre- y postnatal. *Diagnostico Prenatal* 2012;23(2):56–66; doi: 10.1016/j.diapre.2012.02.001.
35. Guan YF, Li GR, Wang RJ, et al. Application of Next-Generation Sequencing in Clinical Oncology to Advance Personalized Treatment of Cancer. *Chin J Cancer* 2012;31(10):463–470; doi: 10.5732/cjc.012.10216.
36. Rojo M, Ballesteros D, Ortiz K. Non-IgE-mediated food allergy. *Rev Alerg Mex* 2023;70(4):260–279; doi: 10.29262/ram.v70i4.1338.
37. Schülke S, Albrecht M. Mouse Models for Food Allergies: Where Do We Stand? *Cells* 2019;8(6); doi: 10.3390/cells8060546.
38. Aran D. et al. Medicina personalizada. *Revista Española de Enfermedades Digestivas* 2010;102(España):573–576.

39. OPS/OMS. Semana Mundial de Concientización Sobre La Resistencia Antimicrobiana 2024 - OPS/OMS | Organización Panamericana de La Salud. 2024. Available from: <https://www.paho.org/es/noticias/19-11-2024-semana-mundial-concientizacion-sobre-resistencia-antimicrobiana-2024> [Last accessed: 7/11/2025].
40. Giono S, Santos J, Morfín R, et al. Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla. *Gac Med Mex* 2020;156(2):1–9; doi: 10.24875/gmm.20005624.
41. Valenzuela L, Cifuentes L. Validez de estudios de tests diagnósticos. 2008;1–4.
42. Moragues L, Scotti R, O'Grady J. Rapid metagenomics for diagnosis of bloodstream and respiratory tract nosocomial infections: current status and future prospects. *Expert Rev Mol Diagn* 2021;21(4):371–380; doi: 10.1080/14737159.2021.1906652.
43. Huang R, Yuan Q, Gao J, et al. Application of metagenomic next-generation sequencing in the diagnosis of urinary tract infection in patients undergoing cutaneous ureterostomy. *Front Cell Infect Microbiol* 2023;13; doi: 10.3389/fcimb.2023.991011.
44. Chu W, Han Q, Xu J, et al. Metagenomic analysis identified microbiome alterations and pathological association between intestinal microbiota and polycystic ovary syndrome. *Fertil Steril* 2020;113(6):1286-1298.e4; doi: 10.1016/j.fertnstert.2020.01.027.
45. Avila L, Santa V, López L, et al. Tratamiento de Secuencias de ADN y Clustering de Pacientes con Cáncer Colorrectal. Argentina-Buenos Aires; 2020.
46. Solé C, Guilly S, Da Silva K, et al. Alterations in Gut Microbiome in Cirrhosis as Assessed by Quantitative Metagenomics: Relationship With Acute-on-Chronic Liver Failure and Prognosis. *Gastroenterology* 2021;160(1):206-218.e13; doi: 10.1053/j.gastro.2020.08.054.

47. Nagata N, Nishijima S, Kojima Y, et al. Metagenomic Identification of Microbial Signatures Predicting Pancreatic Cancer From a Multinational Study. *Gastroenterology* 2022;163(1):222–238; doi: 10.1053/j.gastro.2022.03.054.
48. Zeng Q, Zhao M, Wang F, et al. Integrating Choline and Specific Intestinal Microbiota to Classify Type 2 Diabetes in Adults: A Machine Learning Based Metagenomics Study. *Front Endocrinol (Lausanne)* 2022;13:906310; doi: 10.3389/FENDO.2022.906310/BIBTEX.
49. Zou Y, Zeng S, Chen M, et al. Gut microbiota in children with split-dose bowel preparations revealed by metagenomics. *Front Cell Infect Microbiol* 2023;13:1–12; doi: 10.3389/fcimb.2023.1202007.
50. Lumbreras P. Aplicación de técnicas de genómica y metagenómica a la caracterización molecular de enterobacterias resistentes a antibióticos carbapenémicos y al análisis del microbioma y resistoma fecal de pacientes con neoplasias hematológicas. Universidad de Oviedo: España; 2024.
51. Ramírez Hernández A. Análisis Metagenómico del Viroma Intestinal en Pacientes intrahospitalarios y de Unidad de Cuidados Intensivos. Facultad de Ciencias Naturales: Colombia; 2024.
52. Herrera J CL. Evaluación in silico de microbiomas intestinales para identificar biomarcadores específicos en enfermedades de Crohn y Celiaca usando técnicas de metagenómica comparativa. Facultad de ciencias e Ingeniería: Ecuador; 2025.
53. Wang C, Zhang H, Liu J. The diagnostic efficacy of metagenomic next-generation sequencing in spontaneous bacterial peritonitis: System review and meta-analysis. *Gastroenterol Hepatol* 2025; doi: 10.1016/j.gastrohep.2025.502456.
54. Quispe B, Zinthia L. Conocimiento y actitud sobre la prevención del cáncer de estomago. Universidad Nacional de San Cristobal de Huamanga: Ayacucho; 2021.
55. Florencia Cecilia. Nivel de conocimiento y calidad de vida de pacientes con helicobacter pylori y/o dispepsia. Universidad San Martin de Porres: Peru; 2022.

56. Romero-Martínez M, Shamah-Levy T, Vielma-Orozco E, et al. National Health and Nutrition Survey 2018-19: Methodology and perspectives. *Salud Publica Mex* 2019;61(6):917–923; doi: 10.21149/11095.
57. Juárez-Avendaño G, Méndez-Ramírez N, Luna-Silva NC, et al. Molecular and Cellular Markers for Measurable Residual Disease in Acute Lymphoblastic Leukemia. *Bol Med Hosp Infant Mex* 2021;78(3):159–170; doi: 10.24875/BMHIM.20000155.
58. Bastida-Lertxundi N, Martí-Carrera I, Laña-Ruiz B, et al. Evaluación de siete programas bioinformáticos para el análisis terciario de datos genómicos generados a partir de la secuenciación del exoma completo en un grupo piloto de pacientes. *Advances in Laboratory Medicine* 2025; doi: 10.1515/almed-2024-0101.
59. Rojas-Villalta D, Benavides-Villegas D, Angulo-Hidalgo B, et al. Caracterización de las tecnologías de secuenciación genética de segunda y tercera generación. *Revista Tecnología en Marcha* 2024; doi: 10.18845/tm.v37i2.6494.
60. José P, Valderrama Martín M, Ortigosa F, et al. Métodos de secuenciación: tercera generación. *Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga* 2020;175(8):15–21.
61. Andrade G, Alcántara H, González M, et al. *Avances En La Biología y Ciencias de La Salud*. Mexico; 2022.
62. Bddle S, Forres L, Akinsuyi N, Martin L. Evaluacion de la metagenomica y de enfoques especificos para el diagnostico y la vigilancia de virus. *Medina del Genoma* 2024;1–20.
63. Messadi A, Sayhi S, Ghedira K, et al. Microbial diversity investigation using 16S metagenomics in Tunisian patients with systemic lupus erythematosus. *Rev Argent Microbiol* 2025; doi: 10.1016/j.ram.2025.04.002.
64. Handelsman J. Metagenomics: Application of Genomics to Uncultured Microorganisms. *Microbiology and molecular biology reviews* 2004;68(4):669–685; doi: 10.1128/MBR.68.4.669-685.2004.

65. Portik DM, Brown CT, Pierce-Ward NT. Evaluation of taxonomic classification and profiling methods for long-read shotgun metagenomic sequencing datasets. *BMC Bioinformatics* 2022;23(1); doi: 10.1186/s12859-022-05103-0.
66. Chang JJM, Ip YCA, Neo WL, et al. Primed and ready: nanopore metabarcoding can now recover highly accurate consensus barcodes that are generally indel-free. *BMC Genomics* 2024;25(1); doi: 10.1186/s12864-024-10767-4.
67. Patino LH, Muñoz M, Cruz-Saavedra L, et al. Genomic Diversification, Structural Plasticity, and Hybridization in *Leishmania (Viannia) braziliensis*. *Front Cell Infect Microbiol* 2020;10; doi: 10.3389/fcimb.2020.582192.
68. Horowitz CR, Orlando LA, Slavotinek AM, et al. The Genomic Medicine Integrative Research Framework: A Conceptual Framework for Conducting Genomic Medicine Research. *Am J Hum Genet* 2019;104(6):1088–1096; doi: 10.1016/j.ajhg.2019.04.006.
69. Gonzales J. Gastroenterología, una especialidad en pleno desarrollo. *Revista de la sociedad Venezolana de gastroenterología* 2017;71(Venezuela):1–2.
70. Singh S, Verma N, Taneja N. The Human Gut Resistome: Current Concepts & Future Prospects. *Indian Journal of Medical Research* 2019;150(4):345–358; doi: 10.4103/ijmr.IJMR\_1979\_17.
71. Etel E, Castagnasso V, Posik DM, et al. *Marcadores Genéticos: Introducción al Análisis y Su Aplicación En Diversas Áreas Biológicas*. Buenos Aires- Argentina; 2021.
72. Navarrete-Oyarce J, Gallizo Larraz JL, Guzmán-Cofré C. Reporte integrado y desempeño financiero en una economía emergente: análisis del mercado chileno. *Información tecnológica* 2022;33(2):89–98; doi: 10.4067/s0718-07642022000200089.
73. Casolino R, Beer PA, Chakravarty D, et al. Interpreting and integrating genomic tests results in clinical cancer care: Overview and practical guidance. *CA Cancer J Clin* 2024;74(3):264–285; doi: 10.3322/caac.21825.

74. Muñoz J, Charro E. La interpretación de datos y pruebas científicas vistas desde los ítems liberados de Pisa. Universidad de cadiz 2018;15:1–20; doi: 10.25267/RevEurekaensendivulgcienc.2018.v15.i2.2101.
75. Gupta I, Dandavate R, Gupta P, et al. Recent Advances in Genetic Studies of Alcohol Use Disorders. *Curr Genet Med Rep* 2020;8(2):27–34; doi: 10.1007/s40142-020-00185-9.
76. Navarro D. La naturaleza del informe como tipología documental. Universidad Murcia- España; 2002.
77. Quintero P, Zamora O. Tipos de Conocimientos. *Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo* 2020;4(4):23–24.
78. Ramírez A. La Teoría del conocimiento en investigación científica. *American College of Occupational and Environmental Medicine* 2009;70(3):217–241.
79. Cuenca A, Alvarez M, Ontaneda L. La Taxonomía de Bloom para la era digital: actividades digitales docentes en octavo, noveno y décimo grado de Educación General Básica (EGB) en la Habilidad de «Comprender». *Espacios* 2021;42(11):11–25; doi: 10.48082/espacios-a21v42n11p02.
80. Moreno Zegbe E, Becerril Montekio V, Alcalde Rabanal J. Tacit and explicit knowledge: comparative analysis of the prioritization of maternal health problems in Mexico. *Gac Sanit* 2018;32(3):251–261; doi: 10.1016/j.gaceta.2017.04.006.
81. López M, Cabrales F, Schmal R. Gestión del Conocimiento: Una Revisión Teórica y su Asociación con la Universidad. *Panorama Socioeconómico* 2005;1(10):1–19.
82. Zamudio H. El conocimiento científico. *Revista de Teoría y Didáctica de las Ciencias Sociales* 2020;3(8):1–17.
83. Ramírez A. La teoría del conocimiento en investigación científica. *American College of Occupational and Environmental Medicine* 2009;70(3):217–241.

84. Pérez Y. et al. Aproximación al conocimiento social como activo imprescindible para las sociedades. *Revista cubana* 2016;3(10):345–360.
85. Cvetkovic-Vega A, Maguiña JL, Soto A, et al. Cross-Sectional Studies. *Revista de la Facultad de Medicina Humana* 2021;21(1):179–185; doi: 10.25176/RFMH.V21I1.3069.
86. Quispe AM, Valentin EB, Mares JD. Serie de Redacción Científica: Estudios Transversales. *Universidad Continental, Rev Cuerpo Médico* 2020;13(1):72–77.
87. Vandembroucke JP, Von Elm E, Altman DG, et al. Mejorar la comunicación de estudios observacionales en epidemiología (STROBE): explicación y elaboración. *Gac Sanit* 2009;23(2); doi: 10.1016/j.gaceta.2008.12.001.
88. Cabrera L, Bethencourt JT, González Afonso M, et al. Un estudio transversal retrospectivo sobre prolongación y abandono de estudios universitarios. *Revista Electronica de investigacion* 2006;12(Valencia-España):105–127.
89. Arango L. et al. Estudio exploratorio, un viaje para descubrir. *Universidad de Antioquía* 2010;28(3):485–493.
90. Vizcaíno Zúñiga PI, Cedeño Cedeño RJ, Maldonado Palacios IA. Metodología de la investigación científica: guía práctica. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar* 2023;7(4):9723–9762; doi: 10.37811/cl\_rcm.v7i4.7658.
91. Ramos-Galarza CA. Los alcances de una investigación. *CienciaAmérica* 2020;9(3):1–6; doi: 10.33210/ca.v9i3.336.
92. Muntané J. Introducción a la Investigación básica. *Centro de investigación Biomédica de Enfermedades Hepáticas y Digestivas* 2020;33(3):221–227.
93. Sierra S. Uribe M. Gomez J. Estudio exploratorio sobre conocimientos y actitudes. *Revista CES Psicología* 2014;7(Bogota-Colombia):79–95.

94. Ruiz H. Metodología de la investigación Sexto semestre Campo de ciencias sociales. Cengage Learning. (Guerrero Pablo y Sarmiento Gloria. ed). Cengage Learning: México; 2012.
95. Torero Solano de Martel NZ, Suarez Vega E, Martel Carranza CP. Pequeños Pasos En Investigación: Un Manual Para Iniciarse En El Campo de La Investigación Científica. Instituto Universitario de Innovación Ciencia y Tecnología Inudi Perú; 2023.; doi: 10.35622/inudi.b.085.
96. Valle A. et al. La Investigación Descriptiva con Enfoque Cualitativo en Educación. Pontificia Universidad Católica del Perú 2022;1(2022):1–57.
97. Manterola C, Quiroz G, Salazar P, et al. Methodology of Study Designs Most Frequently Used in Clinical Research. Revista Medica Clinica Las Condes 2019;30(1):36–49; doi: 10.1016/j.rmclc.2018.11.005.
98. Neves-Silva P, Álvarez-Martín E. Descriptive study about social and demographical characteristic of the disability in Latin America. Ciencia e Saude Coletiva 2014;19(12):4889–4898; doi: 10.1590/1413-812320141912.17142013.
99. Guevara Alban GP, Verdesoto Arguello AE, Castro Molina NE. Metodologías de investigación educativa (descriptivas, experimentales, participativas, y de investigación-acción). Resimundo 2020;4(3):163–173; doi: 10.26820/recimundo/4.(3).julio.2020.163-173.
100. Ramírez A. La teoría del conocimiento en investigación científica. Universidad Nacional Mayor de San Marcos 2009;70(3):217–241.
101. Khdair SI, Al-Qerem W, Jarrar W. Knowledge and attitudes regarding genetic testing among Jordanians: An approach towards genomic medicine. Saudi J Biol Sci 2021;28(7):3989–3999; doi: 10.1016/j.sjbs.2021.04.004.
102. Olivares Olivares SL, Jiménez Martínez M de los Á, López Cabrera MV, et al. Perspectives on patient centred learning: A study in Mexican medical schools. Educacion Medica 2017;18(1):37–43; doi: 10.1016/j.edumed.2016.07.006.

103. Díez O. Aplicaciones clínicas de las técnicas actuales de biología molecular. Sociedad Española de Medicina de Laboratorio 2018;37(1):59–68.
104. Lapunzina P. et al. Gestión de datos genómicos con finalidad clínica y de investigación. Instituto Roche 2015;32(6):1–143.
105. Pardo Lorente Natalia. Estado actual de la genómica microbiana en diagnóstico, tratamiento y control de enfermedades. Genética Médica 2022;6(6):19–32.
106. Varmus H et al. Acelerar el acceso a la genómica en pro de la salud mundial. Organización Mundial de la Salud 2023;20:1–46.
107. González González AM. Entrevista a Lucas Giraldo Ríos. Resiliencia genética: estrategias para proteger y recuperar datos frente a amenazas cibernéticas. Revista Ciberespacio, Tecnología e Innovación 2023;2(3):91–96; doi: 10.25062/2955-0270.4809.
108. Morejón P, Porraspita A, Pérez Morejón K, et al. El proceso de capacitación. Retos para lograr resultados superiores en una organización. cuba; 2023.
109. De La J, Betancourt CH, Serrano Barrera O. La Medicina Personalizada, La Revolución Genómica y El Sistema Nacional de Salud Customized Medicine, Genomic Revolution and the National Health Care System. 2014.
110. Serrano-Barrera OR, De La Caridad Hernández-Betancourt J, Marcheco-Teruel B, et al. Knowledge about Omic Technologies in Physicians Who Are Starting Their Specialty Studies in Secondary Care Hernán Feria-Ávila 2. 2019.
111. Ministerio de economía y finanzas. MEF revela que Perú tiene el menor gasto per cápita en innovación de toda la región - Minart | Portal de Noticias. 2025. Available from: [https://minart.pe/2025/06/12/mef-revela-que-peru-tiene-el-menor-gasto-per-capita-en-innovacion-de-toda-la-region/?utm\\_source=chatgpt.com](https://minart.pe/2025/06/12/mef-revela-que-peru-tiene-el-menor-gasto-per-capita-en-innovacion-de-toda-la-region/?utm_source=chatgpt.com) [Last accessed: 8/28/2025].

112. Anonymous. América Latina Sigue Rezagada Con La Inversión En Ciencia y Tecnología Según UNESCO | Economía. n.d. Available from: [https://economia.com.py/america-latina-sigue-rezagada-con-la-inversion-en-ciencia-y-tecnologia-segun-unesco/?utm\\_source=chatgpt.com](https://economia.com.py/america-latina-sigue-rezagada-con-la-inversion-en-ciencia-y-tecnologia-segun-unesco/?utm_source=chatgpt.com) [Last accessed: 8/28/2025].
113. Guío H. et al. Rol de la Farmacogenómica en el régimen de tratamiento de tuberculosis. *Rev Perú Medicina de Salud Pública* 2015;32(4):794–800.
114. Lara Zuñiga J. Estudio Computacional de Genomas para la identificación de variantes genéticas asociadas a rasgos Clínico patológicos del Cáncer de Próstata. Descriptivo, observacional y retrospectivo. Universidad Peruana Cayetano Heredia: Lima; 2020.
115. Lucía Hernández De La Fuente C, Gonzalo R, Ferrán S, et al. Integración de datos ómicos y clínicos: nuevos avances en la frontera entre Biología y Medicina. Universidad de Catalunya: España; 2020.
116. Clara abr-jun S, Rafael Serrano Barrera O, Cuba H. Conocimientos sobre las tecnologías ómicas y medicina personalizada en estudiantes de Medicina. *Edu Mecentro* 2020;12(2):59–75.

## **ANEXOS**

## ANEXO 1. OPERACIONALIZACIÓN DE VARIABLES

**ALUMNO:** LLAMOCA TRIVEÑO GINA

**ASESOR:** DR. TATAJE LAVANDA LUIS ALBERTO

**LOCAL:** UNIVERSIDAD SAN JUAN BAUTISTA FILIAL CHORRILLOS.

**TEMA:** EVALUACIÓN DEL CONOCIMIENTO Y PERSPECTIVAS DE ESPECIALISTAS EN GASTROENTEROLOGÍA SOBRE LA INTERPRETACIÓN DE REPORTES GENÓMICOS Y METAGENÓMICOS PARA SU APLICACIÓN EN LA PRÁCTICA CLÍNICA.

Variables	Definición Conceptual	Definición Operacional	Tipo de Variable <sup>1</sup>	Escala <sup>2</sup>	Indicador	Unidad de medida	Instrumento/fuente
Conocimiento	Nivel de familiaridad con la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica.	Se mide a través de preguntas sobre autopercepción del conocimiento, conceptos clave y frecuencia de uso en la práctica	Cualitativa	Ordinal	Autopercepción del conocimiento. -Familiaridad con conceptos (genoma, resistoma, metagenómica, etc.) -Frecuencia de uso de reportes.	Escala de Likert y opción múltiple.	Encuesta
Perspectiva	Opinión sobre la utilidad y aplicabilidad de los reportes genómicos y metagenómicos en la práctica clínica.	Se mide mediante preguntas sobre utilidad percibida, áreas de aplicación y barreras de implementación.	Cualitativa	Ordinal	-Percepción sobre la utilidad. -Áreas donde los reportes serían más útiles. -Dificultades para su implementación.	Escala Likert y opción múltiple.	Encuesta
Necesidad de capacitación	Áreas identificadas como prioritarias para la formación en interpretación de reportes genómicos y metagenómicas.	Se mide mediante preguntas sobre interés en capacitación, formatos preferidos y temas de formación.	Cualitativa	Nominal y ordinal	Necesidad percibida de capacitación. Formatos preferidos (taller, curso online, material educativo) Contenidos más relevantes (conceptos básicos, interpretación, aplicaciones clínicas).	Escala Likert y opción múltiple.	Encuesta

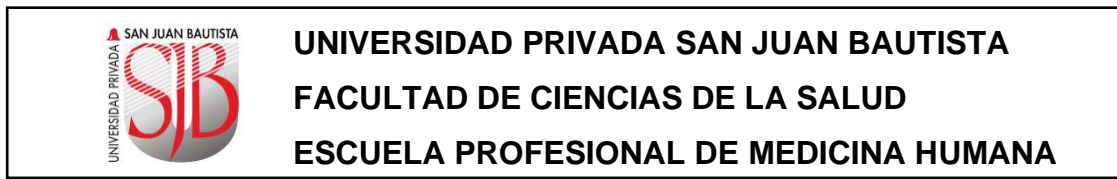


Dr. Tataje Lavanda Luis Alberto  
Asesor



Dra. Bazán Rodríguez Elsi Noemí.  
Estadístico

## **ANEXO 2. CONSENTIMIENTO INFORMADO**



Estimado/a especialista en gastroenterología, solicito de su autorización para que pueda participar de este estudio. Antes de decidir, es importante que entienda por qué se está llevando a cabo este estudio, por lo que le solicito lea los siguientes aspectos:

### **¿Quién es el responsable de esta investigación?**

La presente investigación, patrocinada por recursos propios, tiene como investigador a Gina Llamoca Triveño, estudiante de la Escuela Profesional de Medicina Humana de la Universidad Privada San Juan Bautista.

### **¿Por qué se le invita a participar en el estudio?**

Se le invita a participar del presente estudio debido a su experiencia y conocimientos en el área clínica y diagnóstica de gastroenterología. Su contribución es valiosa para comprender las perspectivas y niveles de conocimiento sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos. Este estudio corresponde a una investigación que espero pueda participar.

### **¿Por qué se lleva a cabo este estudio?**

El objetivo del presente trabajo es evaluar el conocimiento y las perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica. Los resultados de este estudio podrían contribuir a identificar oportunidades de mejora en la capacitación y la práctica clínica mediante el uso de herramientas genómicas.

### **¿En qué consiste el estudio?**

Se tomarán los datos mediante una encuesta que incluirá información relacionada con conocimientos y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.

### **Riesgos**

No se prevé riesgos para la salud física o mental del participante.

### **Beneficios**

A parte de la posible satisfacción por ayudar en este estudio, no se prevén otros beneficios para el participante.

### **Confidencialidad**

Toda la información obtenida en el estudio se manejará de forma completamente confidencial, solamente el investigador principal conocerá los resultados y la información. Se le asignará un número a cada uno de los participantes, el cual se utilizará para el análisis, presentación de resultados, publicaciones, entre otros. Se asegurará la privacidad y anonimato de cada participante mediante el uso de contraseñas en los archivos.

### **Costos e incentivos**

La participación en el estudio no tendrá ningún costo. Igualmente, no recibirá ninguna recompensa económica ni de otro tipo.

### **Derechos de los participantes en la investigación**

Al autorizar su participación en este estudio, usted no renunciará a ninguno de los derechos. Si tiene preguntas sobre sus derechos como participante en la investigación; puede contactarse con el Comité Institucional de Ética en Investigación (CIEI) de la UPSJB que se encarga de la protección de las personas en los estudios de investigación. Allí puede contactarse con el Dr. Luis Alberto Barboza

Zelada, presidente del Comité Institucional de Ética de la Universidad Privada San Juan Bautista al teléfono (01) 2142500 anexo 147 o al correo [ciei@upsjb.edu.pe](mailto:ciei@upsjb.edu.pe).

La participación en este estudio es voluntaria, pudiendo no aceptar o retirarse del estudio si usted considera por alguna razón no desee participar en la misma, asimismo dicha participación en el estudio podría ser determinada por el investigador en cuanto considere que por alguna razón su información no sea pertinente.

Con relación al consentimiento informado, afirmo que lo he leído, por lo que presto libre y voluntariamente mi conformidad para la participación, entendiéndolo de que puedo no hacerlo si lo deseo sin dar explicaciones.

¿Acepta participar LIBREMENTE en esta evaluación?

Si presto mi consentimiento para el estudio.

No presto mi consentimiento para el estudio.

¿Autoriza el contacto con los investigadores para futuros estudios?

Si, lo autorizo.

No autorizo.

¿Desea ser informado sobre los resultados generales del estudio?

Si, preferiría que se comuniquen conmigo al teléfono \_\_\_\_\_.

No preferiría.

Contacto del investigador principal: Gina Llamoca Triveño, teléfono:998882501, correo:  
[gina.llamoca@upsjb.edu.pe](mailto:gina.llamoca@upsjb.edu.pe)

## ANEXO 3. INSTRUMENTO DE RECOLECCIÓN DE DATOS



**UNIVERSIDAD PRIVADA SAN JUAN BAUTISTA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD**  
**ESCUELA PROFESIONAL DE MEDICINA HUMANA**

### CUESTIONARIO

## **Encuesta sobre la evaluación del conocimiento y perspectivas de los especialistas en gastroenterología sobre la Interpretación de Reportes Genómicos y Metagenómicos en la Práctica Clínica**

### **Instrucciones:**

Estimado/a participante,

Esta encuesta es anónima y confidencial, su respuesta será de gran valor para mejorar el diseño de estos reportes y facilitar su integración en la medicina. Por favor, responda con sinceridad.

### **Sección 1: Datos Generales**

#### **1. Área de especialización:**

- Gastroenterología
- Residente de Gastroenterología

#### **2. ¿Cuántos años lleva trabajando en el área de gastroenterología?**

- Menos de 2 años
- 2-5 años
- 5-10 años
- Más de 10 años

#### **3. Institución donde labora:**

- Hospital público
- Clínica privada
- Ambos
- Otro (especificar): \_\_\_\_\_

### **Sección 2: Conocimientos sobre Reportes Genómicos y Metagenómicos**

#### **4. ¿Como calificaría su nivel de conocimiento sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos?**

- Nulo
- Básico: conozco el concepto, pero no sé interpretarlo
- Intermedio: puedo interpretar algunos datos
- Avanzado: lo uso regularmente en mi práctica

**5. ¿Ha recibido capacitación formal sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómico?**

- Si
- No
- En proceso

**6. Si respondió si, indique en donde recibió la capacitación: (Ejemplo: “Curso en hospital”, “Congreso medico”, “Autodidacta”, etc.):**

-----

**7. ¿con que frecuencia utiliza reportes genómicos o metagenómicos en su práctica clínica?**

- Nunca
- Rara vez
- Ocasionalmente
- Frecuentemente
- siempre

8. ¿Qué tan familiarizado está con los siguientes conceptos? (Marque una opción por fila).

Concepto	Nada familiarizado	Poco familiarizado	Moderadamente familiarizado	Muy familiarizado	Totalmente familiarizado
Genoma					
Microbiota					
Taxonomía microbiana					
Biomarcadores genéticos					
Transcriptoma					
Bioinformática					
Variantes genéticas					
Resistoma					
Metagenómica					
Perfil metabólico					
Secuenciación genómica					
Interpretación de reportes					
Análisis bioinformático					

### Sección 3: Perspectivas sobre reportes

**9. ¿Qué tan útil considera que son los reportes genómicos y metagenómicos en su práctica clínica?**

- Nada útiles
- Poco útiles
- Moderadamente útiles
- Muy útiles
- Extremadamente útiles

**10. ¿En qué situaciones clínicas considera más útil el uso de reportes genómicos y metagenómicos?**

-----

**11. ¿En qué áreas considera que los reportes genómicos y metagenómicos podrían ser más útiles? (Marque todas las que apliquen)**

- Diagnóstico de enfermedades genéticas en gastroenterología
- Identificación de variantes genéticas asociadas a cancer gastroenterológico
- Diagnóstico de enfermedades infecciosas
- Microbioma vaginal y su impacto en salud reproductiva
- Otro (especificar): \_\_\_\_\_

**12. ¿Qué barreras percibe para la implementación de estos reportes en su práctica clínica? (Marque todas las que apliquen)**

- Falta de conocimiento para interpretarlos
- Costo elevado de los análisis
- Falta de acceso a estos servicios

- Reportes poco claros o difíciles de entender
- Otro (especificar): \_\_\_\_\_

#### **Sección 4: Necesidades de Capacitación**

**13. ¿Considera necesaria una capacitación para interpretar reportes genómicos y metagenómicos?**

- Sí
- No
- No estoy seguro/a

**14. ¿Qué tan prioritario considera recibir capacitación en interpretación de reportes genómicos y metagenómicos?**

- (Escala de 1 a 5: 1= Nada prioritario, 5= Muy prioritario)

**15. ¿Qué formato de capacitación preferiría? (Marque todas las que apliquen)**

- Talleres presenciales
- Cursos en línea
- Material educativo (guías, manuales)
- Seminarios o conferencias
- Otro (especificar): \_\_\_\_\_

**16. ¿Qué temas le gustaría que se incluyeran en una capacitación sobre interpretación de reportes? (Marque todas las que apliquen)**

- Conceptos básicos de genómica y metagenómica
- Interpretación de resultados de secuenciación
- Reportes genómicos en fertilidad y reproducción
- Implicancias clínicas de variantes genéticas en cancer gastroenterológico
- Diseño de reportes comprensibles
- Otro (especificar): \_\_\_\_\_

#### **Sección 5: Diseño de Reportes Ideales**

**17. ¿Qué características considera que debería tener un reporte genómico o metagenómico ideal? (Marque todas las que apliquen)**

- Lenguaje claro y sencillo
- Gráficos o visualizaciones intuitivas
- Resumen ejecutivo con conclusiones clave
- Recomendaciones clínicas basadas en los resultados
- Información detallada sobre metodología y limitaciones
- Otro (especificar): \_\_\_\_\_

**18. ¿Qué formato preferiría?**

- Resumen ejecutivo
- Informe detallado

**19. ¿Qué tipo de información considera más importante en un reporte genómico o metagenómico? (Ordene del 1 al 5, donde 1 es más importante y 5 es menos importante)**

- Identificación de patógenos
- Perfil de resistencia a antibióticos
- Composición del microbioma
- Marcadores genéticos de interés clínico
- Recomendaciones terapéuticas
- Listado de reporte de casos
- Riesgo genético de enfermedades ginecológicas
- Mutaciones asociadas a cáncer de estómago
- Biomarcadores para personalización de tratamientos gastroenterológicos

**20. ¿Tiene alguna sugerencia adicional para mejorar el diseño de los reportes genómicos y metagenómicos? ¿En qué aspectos? (Ejemplo: claridad en el lenguaje, estructura del reporte, etc.) (Respuesta abierta):**

**Sección 6: Comentarios Finales**

**21. ¿Le gustaría recibir más información sobre los resultados de este estudio?**

- Sí
- No

**22. ¿Tiene algún comentario adicional que desee compartir?  
(Respuesta abierta):**

---

**Agradecimiento:**

¡Gracias por su participación! Sus respuestas son de gran valor para mejorar la integración de herramientas genómicas y metagenómicas en la práctica clínica.

## ANEXO 4. MATRIZ DE CONSISTENCIA

**ALUMNO:** LLAMOCA TRIVEÑO GINA

**ASESOR:** DR. TATAJE LAVANDA LUIS ALBERTO

**LOCAL:** UNIVERSIDAD SAN JUAN BAUTISTA FILIAL CHORRILLOS.

**TEMA:** EVALUACIÓN DEL CONOCIMIENTO Y PERSPECTIVAS DE ESPECIALISTAS EN GASTROENTEROLOGÍA SOBRE LA INTERPRETACIÓN DE REPORTES GENÓMICOS Y METAGENÓMICOS PARA SU APLICACIÓN EN LA PRÁCTICA CLÍNICA.

Problemas	Objetivos	Hipótesis	Diseño metodológico	Población y muestra	Variables	Instrumentos y/o pruebas
<p><b>PG:</b> ¿Cuál es el nivel de conocimiento, las perspectivas y las necesidades de los especialistas en gastroenterología del Hospital María Auxiliadora en el año 2025, respecto a la interpretación de informes genómicos y metagenómicos, y como se pueden diseñar informes que sean útiles y comprensibles para ellos?</p> <p><b>PE 1:</b> ¿Cuál es el nivel de conocimiento actual de los especialistas y residentes en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos?</p> <p><b>PE 2:</b> ¿Qué percepción tienen los especialistas y residentes sobre la utilidad de estos reportes en su práctica médica?</p> <p><b>PE3:</b> ¿Cuáles son las necesidades de capacitación para interpretar reportes genómicos y metagenómicos en gastroenterología?</p> <p><b>PE4:</b> ¿Qué característica deben tener los reportes genómicos y metagenómicos para ser comprensibles y útiles en la práctica clínica?</p>	<p><b>OG:</b> Evaluar el conocimiento, las perspectivas y las necesidades de los especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora en el año 2025, sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos, con el fin de proponer estrategias para su integración efectiva en la práctica clínica.</p> <p><b>OE1:</b> Identificar el nivel de conocimiento actual de los especialistas y residentes en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos.</p> <p><b>OE2:</b> Evaluar la percepción de los especialistas y residentes sobre la utilidad de estos reportes en su práctica médica.</p> <p><b>OE3:</b> Determinar las necesidades de capacitación para interpretar reportes genómicos y metagenómicos en estas áreas.</p> <p><b>OE4:</b> Recopilar recomendaciones de los especialistas y residentes para el diseño de reportes genómicos y metagenómicos que sean comprensibles y útiles en su práctica clínica.</p>	<p><b>HG:</b> Al tratarse de un estudio descriptivo y exploratorio, no se plantea hipótesis.</p> <p><b>HE1:</b></p> <p><b>HE n:</b></p>	<p>Descriptivo, explorativo, transversal.</p> <p>Cuantitativo</p> <p>Encuesta tipo likert a especialistas en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Población: especialista y residentes en gastroenterología.</li> <li>• Muestra: dado el número reducido de especialistas y residentes en gastroenterología del Hospital Nacional María Auxiliadora, se opta por un muestreo censal para incluir a toda la población accesible y evitar sesgos de selección.</li> <li>• Inclusión: médicos residentes y especialistas en gastroenterología que laboren en el Hospital María Auxiliadora. Médicos dispuestos a participar voluntariamente en la investigación, firmando el consentimiento informado.</li> </ul> <p>Exclusión: médicos gastroenterólogos que se encuentren de licencia o con ausencias prolongadas durante el estudio. Médicos que no completen la encuesta o brinden datos insuficientes para el análisis.</p>	<p>Conocimiento, perspectivas y necesidades de capacitación.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La encuesta será sometida a juicio de expertos después de la aprobación del comité de ética.</li> <li>• Se realizará un cuestionario con preguntas cerradas y escalas Likert para evaluar el nivel de conocimiento, la perspectiva de utilidad y las necesidades de capacitación.</li> <li>• Las preguntas son de selección múltiple.</li> </ul> <p>Esta encuesta se les realizara a los médicos especialistas en gastroenterología, así como residentes.</p>

  
 Dr. Tataje Lavanda Luis Alberto  
 Asesor

  
 Dra. Bazán Rodríguez Elsi Noemí  
 Estadístico

## ANEXO 5. APROBACIÓN DEL COMITÉ DE ÉTICA



### COMITÉ INSTITUCIONAL DE ÉTICA EN INVESTIGACIÓN

#### CONSTANCIA N°782-2025-CIEI-UPSJB

El Presidente del Comité Institucional de Ética en Investigación (CIEI) de la Universidad Privada San Juan Bautista SAC, deja constancia que el Proyecto de Investigación detallado a continuación fue **APROBADO** por el CIEI:

Código de Registro: **N°782-2025-CIEI-UPSJB**

Título del Proyecto: **"EVALUACIÓN DEL CONOCIMIENTO Y PERSPECTIVAS DE ESPECIALISTAS EN GASTROENTEROLOGÍA SOBRE LA INTERPRETACIÓN DE REPORTES GENÓMICOS Y METAGENÓMICOS PARA SU APLICACIÓN EN LA PRÁCTICA CLÍNICA"**

Investigador (a) Principal: **LLAMOCA TRIVEÑO GINA**

El Comité Institucional de Ética en Investigación, considera que el proyecto de investigación cumple los lineamientos y estándares académicos, científicos y éticos de la UPSJB. De acuerdo a ello, el (la) investigador (a) se compromete a respetar las normas y principios de acuerdo al Código de Ética En Investigación del Vicerrectorado de Investigación y Responsabilidad Social.

La aprobación tiene vigencia por un periodo efectivo de **un año** hasta el **12/04/2026**. De requerirse una renovación, el (la) investigador (a) principal realizará un nuevo proceso de revisión al CIEI al menos un mes previo a la fecha de expiración.

Como investigador (a) principal, es su deber contactar oportunamente al CIEI ante cualquier cambio al protocolo aprobado que podría ser considerado en una enmienda al presente proyecto.

Finalmente, el (la) investigador (a) debe responder a las solicitudes de seguimiento al proyecto que el CIEI pueda solicitar y deberá informar al CIEI sobre la culminación del estudio de acuerdo a los reglamentos establecidos.

Lima, 12 de abril de 2025.

  
  
**Dr. Luis Alberto Barboza Zelada**  
Presidente del Comité Institucional  
de Ética en Investigación

[upsjb.edu.pe](http://upsjb.edu.pe)

CENTRAL TELEFÓNICA: (01) 644-9131

LOCAL CHORRILLOS  
Av. José Antonio Lavalle  
N° 302-304 (Ex Hacienda Villa)

LOCAL SAN BORJA  
Av. San Luis  
N° 1923 - 1925 - 1931

FILIAL ICA  
Carretera Panamericana Sur  
N° 303, 311 y 323 (Ex Km. 300)

FILIAL CHINCHA  
Calle Albiola N° 106  
Urbanización Las Viñas  
(Ex Toche)

## ANEXO 6. INFORME DE OPINIÓN DE EXPERTOS

### Informe de Opinión de Experto

#### I.- DATOS GENERALES:

1.1 Apellidos y Nombres del Experto: Dra. Franco Vasquez Rossana

1.2 Cargo e institución donde labora: Gastroenteróloga del HMA

1.3 Tipo de Experto: Metodológico  Especialista  Estadístico

1.4 Nombre del instrumento: Ficha de recolección de datos. Evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.

1.5 Autor (a) del instrumento: Llamoca Triveño Gina

#### II.- ASPECTOS DE VALIDACIÓN:

INDICADORES	CRITERIOS	Deficiente 00 – 20%	Regular 21 -40%	Buena 41 -60%	Muy Buena 61 -80%	Excelente 81 -100%
CLARIDAD	Esta formulado con un lenguaje claro.					96%
OBJETIVIDAD	No presenta sesgo ni induce respuestas					97%
ACTUALIDAD	Está de acuerdo a los avances de la teoría sobre evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.					95%
ORGANIZACION	Existe una organización lógica y coherente de los ítems.					94%
SUFICIENCIA	Comprende aspectos en calidad y cantidad.					96%
INTENCIONALIDAD	Adecuado para establecer la evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.					98%
CONSISTENCIA	Basados en aspectos teóricos y científicos.					97%
COHERENCIA	Entre los índices e indicadores.					97%
METODOLOGIA	La estrategia responde al propósito de la investigación descriptiva exploratorio.					95%

#### III.- OPINIÓN DE APLICABILIDAD:

Sin observaciones. Validado para la aplicación.

#### IV.- PROMEDIO DE VALORACIÓN

Lugar y Fecha: Lima, 10 Mayo de 2025

96%

MINISTERIO DE SALUD  
HOSPITAL MARIA AUXILIADORA

MC ROSANA FRANCO VASQUEZ  
MEDICINA ESPECIALISTA DE GASTROENTEROLOGÍA

Firma del Experto

DNI N.º 45160445

Teléfono 987773778

## Informe de Opinión de Experto

### I.- DATOS GENERALES:

- 1.1 Apellidos y Nombres del Experto: Dr. Tataje Lavanda Luis Alberto  
 1.2 Cargo e institución donde labora: Docente UPS  
 1.3 Tipo de Experto: Metodólogo  Especialista  Estadístico   
 1.4 Nombre del instrumento: Ficha de recolección de datos. Evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.  
 1.5 Autor (a) del instrumento: Llamoca Triveño Gina

### II.- ASPECTOS DE VALIDACIÓN:

INDICADORES	CRITERIOS	Deficiente 00 – 20%	Regular 21 -40%	Buena 41 -60%	Muy Buena 61 -80%	Excelente 81 -100%
CLARIDAD	Esta formulado con un lenguaje claro.					98%
OBJETIVIDAD	No presenta sesgo ni induce respuestas					95%
ACTUALIDAD	Está de acuerdo a los avances de la teoría sobre evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.					97%
ORGANIZACION	Existe una organización lógica y coherente de los ítems.					96%
SUFICIENCIA	Comprende aspectos en calidad y cantidad.					97%
INTENCIONALIDAD	Adecuado para establecer la evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.					97%
CONSISTENCIA	Basados en aspectos teóricos y científicos.					98%
COHERENCIA	Entre los índices e indicadores.					96%
METODOLOGIA	La estrategia responde al propósito de la investigación descriptiva exploratorio.					98%

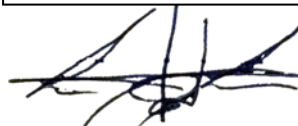
### III.- OPINIÓN DE APLICABILIDAD:

Sin observación. Validado para la aplicación

### IV.- PROMEDIO DE VALORACIÓN

Lugar y Fecha: Lima, 15 Mayo de 2025

97%



Firma del Experto  
 D.N.I N.º 41760380  
 Teléfono 995575681

## Informe de Opinión de Experto

### I.- DATOS GENERALES:

1.1 Apellidos y Nombres del Experto: Bazán Rodríguez Elsi Noemí

1.2 Cargo e institución donde labora: Docente UPS

1.3 Tipo de Experto: Metodológico  Especialista  Estadístico

1.4 Nombre del instrumento: Ficha de recolección de datos. Evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.

1.5 Autor (a) del instrumento: Llamoca Triveño Gina

### II.- ASPECTOS DE VALIDACIÓN:

INDICADORES	CRITERIOS	Deficiente 00 – 20%	Regular 21 – 40%	Buena 41 – 60%		Muy Buena 61 – 80%	Excelente 81 – 100%
CLARIDAD	Esta formulado con un lenguaje claro.						92%
OBJETIVIDAD	No presenta sesgo ni induce respuestas						92%
ACTUALIDAD	Está de acuerdo a los avances de la teoría sobre evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.						92%
ORGANIZACION	Existe una organización lógica y coherente de los ítems.						92%
SUFICIENCIA	Comprende aspectos en calidad y cantidad.						92%
INTENCIONALIDAD	Adecuado para establecer la evaluación del conocimiento y perspectivas de especialistas en gastroenterología sobre la interpretación de reportes genómicos y metagenómicos para su aplicación en la práctica clínica.						92%
CONSISTENCIA	Basados en aspectos teóricos y científicos.						92%
COHERENCIA	Entre los índices e indicadores.						92%
METODOLOGIA	La estrategia responde al propósito de la investigación descriptiva exploratorio.						92%

### III.- OPINIÓN DE APLICABILIDAD: APLICA EL INSTRUMENTO

#### IV.- PROMEDIO DE VALORACIÓN

Lugar y Fecha: Lima, 14 de agosto del 2025

92%

Firma del Experto  
D.N.I N.º 19209983  
Teléfono 977414879