

Entorno Virtual para la Enseñanza de la Biofísica

Herramienta Interactiva para la Resolución de Problemas de Biofísica
Versión 1.0.0

[Descripción](#) • [Módulos](#) • [Instalación](#) • [Uso](#) • [Arquitectura](#)

Descripción

El **Entorno Virtual de Biofísica (BIA)** es una aplicación de escritorio desarrollada en Python que proporciona una plataforma integrada para el estudio de la Biofísica. Diseñada específicamente para estudiantes de Bioquímica, la herramienta combina:

- **Contenido teórico organizado** (conferencias digitales)
- **Bibliografía de referencia** (libros y artículos científicos)
- **Problemas propuestos con soluciones** (banco de ejercicios)
- **Seminarios del curso** (ejercicios prácticos en PDF)
- **Calculadoras interactivas** con retroalimentación inmediata

Motivación

La Biofísica es una disciplina que requiere la integración de conceptos físicos, químicos y biológicos. Su aprendizaje frecuentemente se dificulta por:

- La abstracción de los fenómenos estudiados
- La necesidad de aplicar modelos matemáticos complejos
- La dificultad para visualizar procesos a escala celular

Este entorno virtual aborda estas dificultades mediante algoritmos que calculan y explican paso a paso los fenómenos biofísicos, proporcionando retroalimentación educativa inmediata.

Módulos Principales

La aplicación está organizada en **seis módulos** accesibles desde la barra lateral:

1. Inicio

Pantalla de bienvenida con acceso rápido a los módulos principales y descripción general de la herramienta.

2. Conferencias Digitales

Repositorio organizado de contenido teórico del curso, estructurado en **7 temas**:



Tema	Contenido
Tema 1	Difusión y Ósmosis
Tema 2	Equilibrio Iónico Celular

Tema 3	Transporte Mediado
Tema 4	Canales Iónicos y Patch Clamp
Tema 5	Excitabilidad
Tema 6	Movimiento Mecánico Celular
Tema 7	Procesos Fotobiológicos

Cada tema contiene conferencias en formato PDF con acceso directo desde la aplicación.

3. Bibliografía Recomendada



Sección dividida en dos pestañas:

-  **Libros:** 10 libros de referencia incluyendo Blaustein, Kandel, Sperelakis, entre otros
-  **Artículos:** Artículos científicos relevantes con acceso a PDFs locales

Cada entrada muestra autor, año, editorial y permite abrir el PDF directamente.

4. Problemas y Seminarios

Módulo dividido en dos pestañas:

-  **Problemas:** Banco de ejercicios organizados por categoría y dificultad
 - Filtros por categoría (ósmosis, patch clamp)
 - Filtros por dificultad (1-5 estrellas)
 - Panel de detalle con enunciado, datos y solución paso a paso
-  **Seminarios:** 4 seminarios del curso en PDF
 - Seminario 1: Difusión y Ósmosis
 - Seminario 2: Equilibrio Iónico
 - Seminario 3: Canales Iónicos y Patch Clamp
 - Seminario 4: Excitabilidad

5. Módulo Interactivo de Ósmosis

Calculadora interactiva para análisis osmótico que incluye:

Comparación de Osmolaridades

- Ingreso de múltiples solutos para medio intracelular y extracelular
- Solutos predefinidos: NaCl, KCl, CaCl₂, MgCl₂, Glucosa, Urea, Sacarosa, Manitol
- Soporte para solutos penetrantes y no penetrantes

Resultados generados:

Parámetro	Descripción
Osmolaridad intracelular	Suma de contribuciones osmóticas internas (mOsm/L)
Osmolaridad extracelular	Suma de contribuciones osmóticas externas (mOsm/L)
Osmolaridad efectiva	Solo solutos no penetrantes (determina tonicidad)
Clasificación osmótica	Isosmótica / Hiperosmótica / Hiposmótica

Clasificación tónica	Isotónica / Hipertónica / Hipotónica
Respuesta celular	Equilibrio / Hinchazón / Disecación / Lisis
Cambio de volumen	Porcentaje respecto al volumen inicial

Gráficos generados:

- Comparación de barras de osmolaridades
- Dinámica de volumen celular en el tiempo (modelo Boyle-van't Hoff)
- Indicación de umbrales de lisis celular

6. 🏛️ Módulo de Equilibrio Iónico

Calculadora para potenciales de equilibrio iónico:

Ecuación de Nernst

$$E_{\text{ion}} = \frac{RT}{zF} \ln \left(\frac{[\text{Ion}]_{\text{ext}}}{[\text{Ion}]_{\text{int}}} \right)$$

Iones predefinidos con concentraciones fisiológicas:

Ion	[Intracelular] mM	[Extracelular] mM	Valencia
K ⁺	140	5	+1
Na ⁺	12	145	+1
Cl ⁻	4	110	-1
Ca ²⁺	0.0001	2	+2
H ⁺	0.0001	0.00004	+1
Mg ²⁺	0.5	1.5	+2
HCO ₃ ⁻	10	24	-1

Resultados:

- Potencial de equilibrio en mV
- Interpretación fisiológica del resultado
- Gráfico de barras comparativo entre iones

7. ⚡ Módulo de Patch Clamp

Herramientas para análisis electrofisiológico:

Curvas I-V (Corriente-Voltaje)

- Generación de curvas teóricas a partir de conductancia y potencial de reversión
- Análisis de datos experimentales con ajuste lineal
- Cálculo de conductancia (nS) y potencial de reversión (mV)

Registro de Canal Único

- Análisis de registros de corriente
- Cálculo de conductancia de canal único
- Probabilidad de apertura

Gráficos interactivos:

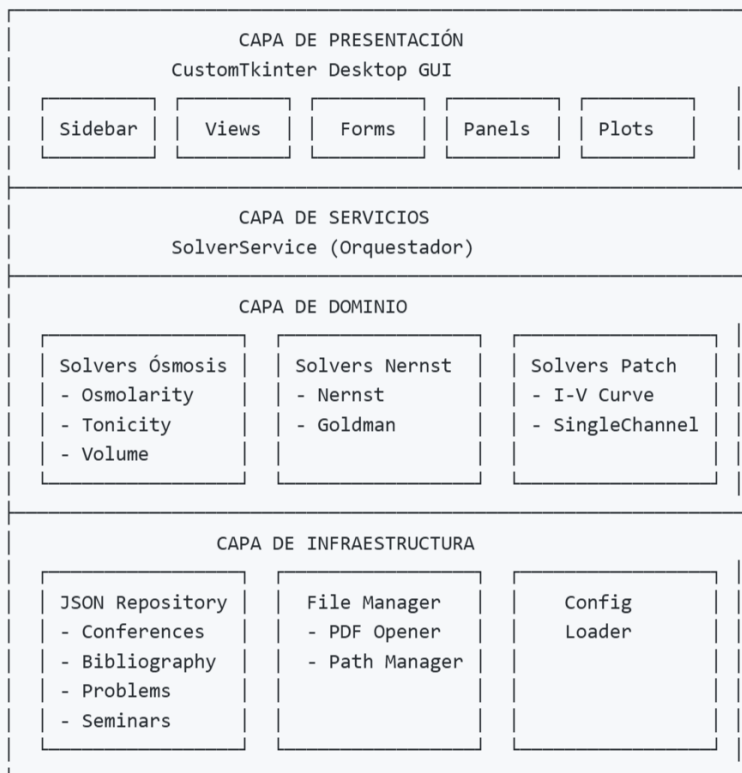
- Curva I-V con línea de regresión
- Identificación del potencial de reversión
- Paneles redimensionables con barras de desplazamiento



Arquitectura del Sistema

La aplicación implementa una **arquitectura hexagonal** (Ports & Adapters) que garantiza:

- **Separación de responsabilidades:** Lógica de negocio independiente de la interfaz
- **Testabilidad:** Componentes aislados que pueden probarse unitariamente
- **Extensibilidad:** Nuevos módulos sin modificar el núcleo existente
- **Portabilidad:** El core puede reutilizarse para versión web futura



Estructura del Proyecto

```
biofisica_entorno_virtual/
|
├── src/                                # Código fuente
│   ├── main.py                        # Punto de entrada
│   ├── config.py                     # Configuración global
│   |
│   ├── core/                         # Núcleo de la aplicación
│   │   ├── domain/                 # Modelos de datos
│   │   │   ├── bibliography.py
│   │   │   └── conference.py
```

[illegible]

```
| └─ ROADMAP.md
|
| └─ requirements.txt          # Dependencias de producción
| └─ requirements-dev.txt      # Dependencias de desarrollo
| └─ pyrightconfig.json        # Configuración de tipo
| └─ README.md                 # Este archivo
```

Instalación y Configuración

Requisitos Previos

- Python 3.10+ (probado con Python 3.11, 3.12)
- pip (gestor de paquetes)
- Git (opcional)

Paso 1: Obtener el Proyecto

```
# Clonar repositorio
git clone https://github.com/sebagonz106/biophysics-virtual-environment.git
cd biofisica_entorno_virtual

# O descargar y extraer el ZIP
```

Paso 2: Crear Entorno Virtual

```
# Crear entorno virtual
python -m venv venv

# Activar (Windows PowerShell)
.\venv\Scripts\Activate.ps1

# Activar (Windows CMD)
.\venv\Scripts\activate.bat

# Activar (Linux/macOS)
source venv/bin/activate
```

Paso 3: Instalar Dependencias

```
pip install -r requirements.txt
```

Paso 4: Ejecutar la Aplicación

```
python -m src.main
```

Dependencias

Producción

Paquete	Versión	Propósito
<code>customtkinter</code>	≥5.2.0	Interfaz gráfica moderna
<code>pillow</code>	≥10.0.0	Procesamiento de imágenes
<code>numpy</code>	≥1.24.0	Computación numérica
<code>scipy</code>	≥1.11.0	Funciones científicas
<code>matplotlib</code>	≥3.7.0	Generación de gráficos
<code>pydantic</code>	≥2.0.0	Validación de datos

Desarrollo

Paquete	Versión	Propósito
<code>pytest</code>	≥7.0.0	Framework de pruebas
<code>pyinstaller</code>	≥6.0.0	Empaquetado ejecutable

Guía de Uso

Navegación General

1. Use la **barra lateral izquierda** para acceder a los módulos
2. El módulo activo se resalta visualmente
3. El área central muestra el contenido del módulo seleccionado

Módulos Interactivos

1. Seleccione el módulo deseado (Ósmosis, Equilibrio Iónico o Patch Clamp)
2. Complete los campos del formulario con los datos del problema
3. Pulse "**Calcular**" para obtener resultados
4. Analice la **interpretación** y **retroalimentación** generada
5. Los paneles son **redimensionables** arrastrando los separadores

Abrir PDFs

- En Conferencias, Bibliografía o Seminarios, haga clic en "**Abrir**" o "**Abrir PDF**"
- El archivo se abrirá con el visor de PDF predeterminado del sistema

Añadir Contenido

- **Conferencias:** Añada PDFs a `data/conferences/pdfs/Tema #X/` y actualice `_index.json`
 - **Bibliografía:** Edite `data/bibliography/index.json` y añada PDFs a `pdfs/`
 - **Seminarios:** Añada PDFs a `data/problems/seminars/` y actualice `_index.json`
-



Distribución como Ejecutable

```
# Instalar PyInstaller
pip install pyinstaller

# Generar ejecutable
pyinstaller --onefile --windowed --icon=data/img/bia_icon.ico --name="BiofisicaApp" src/main.py
```

El ejecutable se genera en `dist/`. Incluya la carpeta `data/` junto al ejecutable.



Desarrollo Futuro

- ☐ Módulo de Goldman-Hodgkin-Katz completo
- ☐ Exportación de resultados a PDF
- ☐ Sistema de progreso del estudiante
- ☐ Modo claro/oscuro configurable
- ☐ Migración a versión web (FastAPI + React)
- ☐ Módulo de cinética enzimática
- ☐ Soporte multidioma



Autores

- Ana Gabriela Zaragoza Palmarola - anagabrielazaragozapalmarola@gmail.com
- Sebastián González - sebagonz106@gmail.com



Licencia

Proyecto desarrollado con fines educativos para la enseñanza de la Biofísica en la carrera de Bioquímica. Consulte con los autores antes de cualquier uso comercial.

*Universidad de La Habana — Facultad de Biología
Recurso educativo complementario para la asignatura de Biofísica*