

Entorno Virtual para la Enseñanza de la Biofísica

Herramienta Interactiva para la Resolución de Problemas

Descripción

Este proyecto presenta el desarrollo de un **entorno virtual** diseñado específicamente para facilitar la enseñanza y el aprendizaje de la Biofísica, centrándose en la práctica activa mediante la resolución de ejercicios.

La Biofísica es una asignatura fundamental en la formación de un bioquímico. Su aprendizaje se ve dificultado frecuentemente por la abstracción de sus conceptos y la necesidad de aplicar modelos matemáticos. La resolución de problemas es una estrategia pedagógica esencial para superar estas dificultades.

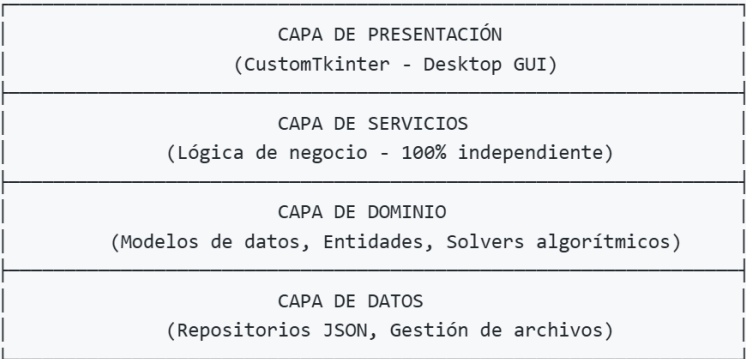
Objetivos

- Proporcionar una plataforma centralizada e interactiva para el estudio de la Biofísica
- Facilitar la comprensión de conceptos biofísicos complejos a través de la práctica guiada
- Ofrecer retroalimentación inmediata mediante algoritmos personalizados
- Incrementar la motivación del estudiante promoviendo un aprendizaje activo y autónomo

Arquitectura del Sistema

La aplicación está diseñada siguiendo una **arquitectura hexagonal (Ports & Adapters)**, lo que permite una separación clara entre la lógica de negocio y las interfaces de usuario. Esta decisión arquitectónica facilita:

- **Mantenibilidad:** Código organizado en capas con responsabilidades bien definidas
- **Testabilidad:** Componentes independientes que pueden probarse de forma aislada
- **Extensibilidad:** Posibilidad de añadir nuevos módulos sin afectar los existentes
- **Portabilidad futura:** El núcleo puede reutilizarse para una versión web sin modificaciones



Módulos Principales

La plataforma contiene **cuatro módulos principales**:

1. Conferencias Digitales

Repositorio organizado de contenido teórico que permite acceder a las conferencias de la asignatura en formato digital (PDF). Los materiales están organizados por temas para facilitar la navegación y el estudio secuencial.

2. Bibliografía Recomendada

Apartado dedicado a las referencias bibliográficas del curso, incluyendo:

- Libros de texto principales
- Artículos científicos relevantes
- Recursos complementarios

Los documentos pueden almacenarse localmente en formato PDF para acceso sin conexión.

3. Problemas Propuestos

Banco de ejercicios organizados por tema de la asignatura, que incluye:

- Enunciados detallados
- Datos proporcionados
- Soluciones paso a paso
- Clasificación por nivel de dificultad

4. Módulos Interactivos

Núcleo innovador de la herramienta. Los estudiantes, mediante algoritmos personalizados en Python, pueden introducir variables específicas y obtener retroalimentación inmediata. Los paneles de resultados y gráficos son **redimensionables** y cuentan con **barras de desplazamiento** para mejorar la experiencia de usuario.

4.1 Módulo de Ósmosis

Solver	Entradas	Salidas
Cálculo de Osmolaridad	<code>concentration_mM</code> (float): Concentración en mM <code>solute_name</code> (str, opcional): Nombre del soluto (NaCl, KCl, glucosa, etc.) <code>dissociation_coef</code> (int, opcional): Coeficiente de disociación <code>osmotic_coef</code> (float, opcional): Coeficiente osmótico	<code>osmolarity</code> (mOsm/L) <code>tonicity</code> (hipotónica/isotónica/hipertónica) <code>cell_response</code> (hinchazón/crenación/equilibrio) <code>volume_change_percent</code> (%) <code>interpretation</code> (texto explicativo) <code>feedback</code> (lista de puntos educativos)
Clasificador de Tonicidad	<code>osmolarity</code> (float): Osmolaridad en mOsm/L	<code>tonicity</code> (str) <code>relative_to_plasma</code> (%) <code>category_detail</code> (descripción detallada)
Volumen Celular (Boyle-van't Hoff)	<code>initial_osmolarity</code> (float, default=285): mOsm/L inicial <code>final_osmolarity</code> (float): mOsm/L final <code>initial_volume</code> (float, default=1.0): Volumen normalizado <code>non_osmotic_fraction</code> (float, default=0.4): Fracción b	<code>volume_change_percent</code> (%) <code>cell_response</code> (lisis/hinchazón/crenación/equilibrio) <code>tonicity</code> (str) <code>volume_data</code> (datos para gráfico temporal) <code>interpretation</code> y <code>feedback</code>

Solutos predefinidos con coeficientes automáticos:

- Electrolitos: NaCl (i=2), KCl (i=2), CaCl₂ (i=3), MgCl₂ (i=3), NaHCO₃ (i=2)
- No electrolitos: Glucosa (i=1), Urea (i=1), Sacarosa (i=1)

4.2 Módulo de Patch Clamp

Solver	Entradas	Salidas
Ecuación de Nernst	<code>ion</code> (str): Nombre del ion (K+, Na+, Cl-, Ca2+) <code>z</code> (int): Valencia del ion <code>C_out</code> (float): Concentración extracelular (mM) <code>C_in</code> (float): Concentración intracelular (mM) <code>temperature_C</code> (float, default=37): Temperatura °C	<code>E_eq</code> (mV): Potencial de equilibrio <code>interpretation</code> (texto explicativo) <code>feedback</code> (detalles del cálculo)
Ecuación de Goldman-Hodgkin-Katz	<code>P_K</code> , <code>P_Na</code> , <code>P_Cl</code> (float): Permeabilidades relativas <code>K_out/in</code> , <code>Na_out/in</code> , <code>Cl_out/in</code> (float): Concentraciones (mM) <code>temperature_C</code> (float, default=37)	<code>membrane_potential</code> (mV) <code>dominant_ion</code> (str) <code>permeabilities</code> (dict) <code>concentrations</code> (dict) <code>interpretation</code> y <code>feedback</code>
Curvas I-V	<code>conductance</code> (float): Conductancia en nS <code>reversal_potential</code> (float): E_rev en mV <code>voltage_min/max</code> (float): Rango de voltaje <i>O datos experimentales:</i> <code>voltages</code> y <code>currents</code> (listas)	<code>voltage</code> (lista mV) <code>current</code> (lista pA) <code>reversal_potential</code> (mV) <code>conductance</code> (nS) <code>R²</code> (solo para datos experimentales) Gráfico I-V interactivo

Concentraciones iónicas predefinidas (condiciones fisiológicas):

Ion	[Intracelular] mM	[Extracelular] mM	Valencia
K ⁺	140	5	+1
Na ⁺	12	145	+1
Cl ⁻	4	120	-1
Ca ²⁺	0.0001	2.5	+2

Instalación y Configuración

Requisitos Previos

- Python 3.10 o superior (probado con Python 3.14)
- pip (gestor de paquetes de Python)
- Git (opcional, para clonar el repositorio)

Paso 1: Clonar o Descargar el Proyecto

```
# Opción A: Clonar con Git
git clone <url-del-repositorio>
cd biofisica_entorno_virtual
```

Opción B: Descargar y extraer el archivo ZIP

Paso 2: Crear un Entorno Virtual (Recomendado)

Es altamente recomendable utilizar un entorno virtual para aislar las dependencias del proyecto:

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

# Activar entorno virtual
# En Windows (PowerShell):
.\venv\Scripts\Activate.ps1

# En Windows (CMD):
.\venv\Scripts\activate.bat

# En Linux/macOS:
source venv/bin/activate
```

Paso 3: Instalar Dependencias

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

Paso 4: Ejecutar la Aplicación

```
python src/main.py
```

Dependencias

Dependencias Principales

Paquete	Versión	Propósito
customtkinter	≥5.2.0	Interfaz gráfica moderna basada en Tkinter
pillow	≥10.0.0	Procesamiento de imágenes
numpy	≥1.24.0	Computación numérica
scipy	≥1.11.0	Funciones científicas avanzadas
matplotlib	≥3.7.0	Generación de gráficos
pydantic	≥2.0.0	Validación de datos y modelos
pypdf	≥3.0.0	Manejo de archivos PDF
pyyaml	≥6.0	Lectura de archivos de configuración

Dependencias de Desarrollo

Paquete	Versión	Propósito
pytest	≥7.0.0	Framework de pruebas
pyinstaller	≥6.0.0	Empaquetado como ejecutable

Estructura del Proyecto

```

biofisica_entorno_virtual/
├── src/                                # Código fuente
│   ├── main.py                        # Punto de entrada
│   ├── config.py                      # Configuraciones globales
│   └── core/                          # Núcleo de la aplicación
│       ├── domain/                   # Modelos de datos
│       ├── services/                 # Lógica de negocio
│       └── solvers/                  # Algoritmos matemáticos
│           ├── osmosis/              # Módulo de ósmosis
│           └── patch_clamp/          # Módulo de Patch Clamp
│
│   ├── infrastructure/               # Acceso a datos
│       ├── json_repository.py        # Repositorio basado en JSON
│       └── file_manager.py           # Gestión de archivos
│
│   └── desktop/                      # Interfaz gráfica
│       ├── app.py                    # Aplicación principal
│       ├── components/               # Widgets reutilizables
│       └── views/                    # Vistas de cada módulo
│
├── data/                             # Datos de la aplicación
│   ├── conferences/                  # Conferencias digitales
│   ├── bibliography/                 # Referencias bibliográficas
│   ├── problems/                     # Banco de ejercicios
│   └── config.json                   # Configuración de usuario
│
├── assets/                           # Recursos estáticos
│   ├── icons/                       # Iconos de la aplicación
│   └── images/                       # Imágenes y diagramas
│
├── tests/                            # Pruebas unitarias
│
├── requirements.txt                   # Dependencias de producción
├── requirements-dev.txt               # Dependencias de desarrollo
└── README.md                         # Este archivo

```

Distribución como Ejecutable Portable

Para crear un ejecutable portable que no requiera instalación de Python:

```

# Instalar PyInstaller (si no está instalado)
pip install pyinstaller

# Generar ejecutable
pyinstaller --onefile --windowed --icon=assets/icons/app_icon.ico --name="BiofisicaApp" src/main.py

```

El ejecutable se generará en la carpeta `dist/`.

Estructura de Distribución

```
BiofisicaApp_v1.0/
├── BiofisicaApp.exe      # Ejecutable principal
├── data/                # Carpeta de datos (copiar junto al .exe)
│   ├── conferences/
│   ├── bibliography/
│   └── problems/
└── README.txt           # Instrucciones de uso
```

Guía de Uso

Navegación

La aplicación presenta una barra lateral izquierda con acceso a los cuatro módulos principales. El área central muestra el contenido del módulo seleccionado.

Módulos Interactivos

1. Seleccione el módulo (Ósmosis o Patch Clamp) desde el menú lateral
2. Introduzca los parámetros en los campos correspondientes
3. Pulse "Calcular" para obtener los resultados
4. Analice la retroalimentación proporcionada, incluyendo gráficos si aplica
5. Redimensione los paneles arrastrando las barras divisoras entre resultados y gráficos

Bibliografía

- Navegue entre las pestañas **Libros** y **Artículos**
- Pase el cursor sobre las tarjetas para ver el efecto hover
- Haga clic en "Abrir PDF" para visualizar documentos locales
- Haga clic en "DOI" para abrir artículos en el navegador

Problemas Propuestos

- Seleccione un tema desde la barra lateral
- Haga clic en cualquier problema para ver su detalle
- Los problemas muestran dificultad, puntuación y solución paso a paso

Añadir Contenido

- **Conferencias:** Copie archivos PDF a `data/conferences/pdfs/` y actualice `_index.json`
- **Bibliografía:** Edite `data/bibliography/books.json` y `papers.json`, añada PDFs a `data/bibliography/pdfs/`
- **Problemas:** Cree archivos JSON siguiendo la plantilla en `data/problems/`

Pruebas

Para ejecutar las pruebas unitarias:

```
# Ejecutar todas las pruebas
pytest

# Ejecutar con cobertura
pytest --cov=src

# Ejecutar pruebas específicas
pytest tests/test_osmosis_solver.py -v
```

Desarrollo Futuro

La arquitectura del proyecto permite las siguientes extensiones:

- ☐ Añadir nuevos módulos interactivos (cinética enzimática, termodinámica)
- ☐ Implementar sistema de progreso del estudiante
- ☐ Exportar resultados a PDF
- ☐ Migración a versión web (FastAPI + React)
- ☐ Modo oscuro/claro configurable
- ☐ Soporte multiidioma

Contribución

Este proyecto ha sido desarrollado como parte de una innovación didáctica para la enseñanza de la Biofísica. Las contribuciones son bienvenidas siguiendo las guías de estilo del proyecto.

Licencia

Este proyecto está destinado a fines educativos. Consulte con los autores antes de cualquier uso comercial.

Contacto

Para consultas académicas o técnicas relacionadas con este proyecto, contacte al equipo de desarrollo a través anagabrielazaragozapalmarola@gmail.com o sebagonz106@gmail.com

Desarrollado como recurso educativo complementario para la enseñanza de la Biofísica