

# Guía del usuario para Biomodel-3

## Objetivos

Biomodel-3 se ha diseñado como una herramienta de apoyo en el estudio de la estructura de biomoléculas. Para ello, proporciona un conjunto de modelos moleculares virtuales que pueden ser examinados en 3 dimensiones gracias a efectos de iluminación y de giro en el espacio, simulando los modelos físicos tradicionales, de madera o plástico. Además de facilitar la percepción tridimensional e ilustrar la estereoquímica, los modelos ofrecen la valiosa posibilidad de ser manipulados, tanto mediante un guión predefinido como a voluntad por parte del usuario; esta manipulación incluye no sólo su movimiento, sino otras operaciones imposibles con los modelos físicos, como cambiar el patrón de coloreado de los átomos, aumentar o reducir su tamaño, ocultar parte de la molécula, o emplear representaciones esquemáticas para macromoléculas, en las que se suprime el detalle de cada átomo y enlace en favor de la trayectoria del esqueleto, ilustrando así la estructura secundaria y el plegamiento de la proteína o el ácido nucleico.


Este material pretende ser un complemento, por lo que no incluye una descripción exhaustiva de las biomoléculas, sus propiedades, su estructura química o su clasificación; todos estos aspectos están convenientemente descritos e ilustrados en los libros de texto. Biomodel-3 aporta los aspectos tridimensionales, difíciles de captar en los medios impresos. Por otra parte, su extensión se ha mantenido suficientemente reducida como para permitir su uso en periodos de tiempo breves, dictados previsiblemente por la disponibilidad de tiempo frente al ordenador.

El diseño del material pretende facilitar un uso autónomo: el texto incluido acompaña y dirige el estudio de los modelos, explicando lo que aportan y dirigiendo la atención del usuario sobre los aspectos deseables según los objetivos didácticos. De este modo, puede ser usado tanto por el profesor como apoyo visual durante la clase, como por los alumnos en una sesión de trabajo bajo la orientación del profesor, como por cada alumno en su estudio individual (idealmente, en paralelo al trabajo con su libro de texto).

Esta guía de usuario es algo más exhaustiva de lo estrictamente necesario, por lo que probablemente será más útil para el profesor. Se ha pretendido un diseño lo suficientemente intuitivo como para que el material se use siguiendo la orientación y ayudas integradas en él, sin necesidad de un manual externo (como esta guía).

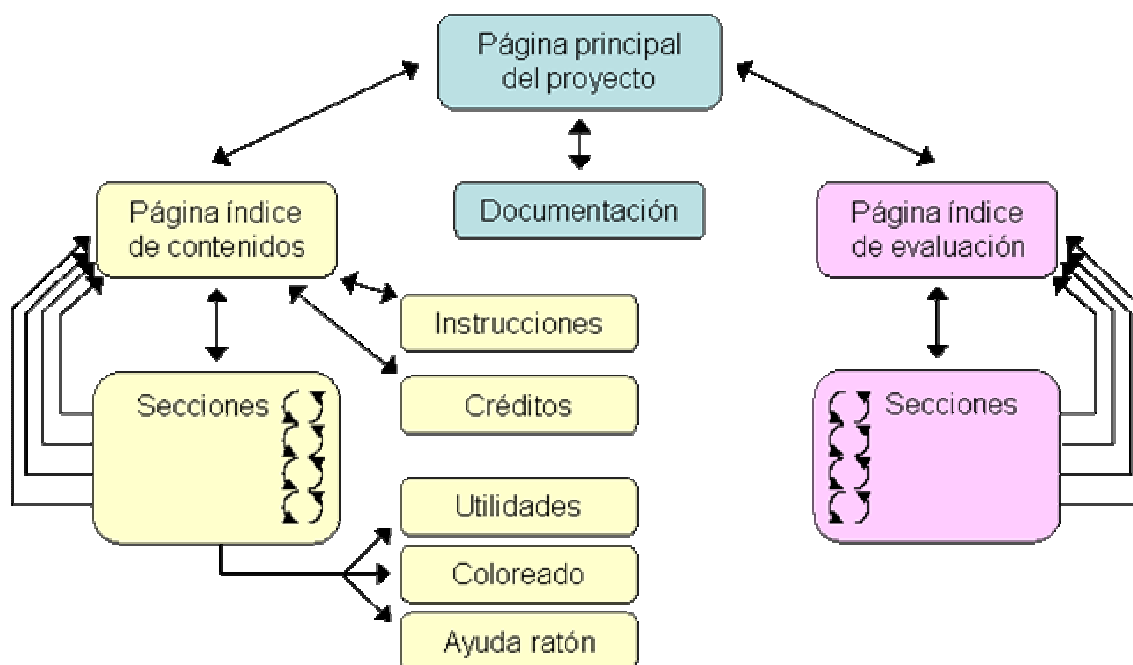
## Distribución en la pantalla


En el módulo de contenidos la pantalla se divide en dos regiones o paneles; en el izquierdo se muestran los modelos moleculares, mientras que en el derecho está el texto que los explica, los botones y controles que actúan sobre el modelo y los controles de navegación para desplazarse por las secciones.

 Intencionadamente se ha mantenido la posibilidad de redimensionar los paneles arrastrando la barra vertical separadora con el puntero del ratón, de modo que se pueda conseguir mayor espacio para el texto o bien para el modelo. En caso de hacer esto, para que el modelo se adapte a las nuevas dimensiones es preciso actualizar o recargar la página. No es recomendable abusar de esta operación, pues una recarga repetida de la miniaplicación Jmol puede ocasionar su fallo o, en casos extremos, incluso el cierre imprevisto del navegador.



## Navegación por los contenidos

El acceso a todo el material se realiza desde la página principal (`index.html`), que debe abrirse con un programa navegador de internet (por ejemplo, Internet Explorer, Mozilla o Firefox). En este esquema se recoge la estructura del material:





Desde la página principal se accede tanto al módulo de contenidos como al de evaluación, así como a la documentación (que incluye esta guía del usuario). En ellos se dispone, arriba a la derecha, de un icono  que permite regresar a la página inicial. Por otra parte, el contenido de cada uno de esos módulos está subdividido en secciones: glúcidos, lípidos, vitaminas,

proteínas, ácidos nucleicos, que se componen a su vez de una o varias subsecciones y páginas. Para desplazarnos entre ellas se dispone de

- una página índice del módulo, desde la que se puede acceder directamente a cada una de las secciones y subsecciones;
- en la parte inferior de cada página, iconos para retroceder  y avanzar  en la secuencia de páginas, así como un botón para regresar al índice;
- también al pie de cada página, enlaces a tres páginas de "utilidades", con herramientas comunes para estudiar el modelo molecular, para aplicarle diversos patrones de coloreado, y ayuda sobre la manipulación del modelo mediante el ratón. Estas páginas se abren en una ventana nueva, sobre la principal, permitiendo así mantenerlas en paralelo con las áreas de modelo y texto, y utilizarlas cuantas veces se quiera.

La página índice del módulo de contenidos incluye además un enlace a una pequeña sección de instrucciones de uso (más sencilla que esta guía).

 Antes de empezar a trabajar con los contenidos, es conveniente recorrer esa página de instrucciones, donde se orienta sobre los modelos moleculares y el uso de los controles que actúan sobre ellos.


 La primera vez que se accede a páginas con modelos moleculares en una sesión de trabajo habrá un retardo de unas decenas de segundos (incluso algunos minutos si se está utilizando a través de la red); esto es normal, es el tiempo necesario para que se carguen Java y la miniaplicación Jmol. Igualmente se apreciará una demora la primera vez que se actúe sobre el modelo pulsando un botón u otro control. En sucesivas ocasiones, el comportamiento mejorará (mientras no se cierre el navegador).

## Controles sobre los modelos

Los modelos moleculares se muestran y se modifican mediante varios controles que forman parte de las páginas de contenidos y de autoevaluación, sobre los cuales el usuario puede actuar; éstos son los habituales controles de formulario que pueden formar parte de las páginas web:

- **botón:**
- **casilla de verificación:** ☐ Mostrar doubles enlaces
- **opciones excluyentes ("botones radio"):**  
☐ Varillas ☐ Bolas y varillas ☐ Esferas
- **menú o lista desplegable:**


Hasta donde es técnicamente posible, la acción de cada control es independiente del resto, pero en ocasiones están ligados y deben usarse en un cierto orden. Todo esto viene en general implícito mediante la comprensión del texto que acompaña a los controles describiendo su actuación.

 En general, en una primera visita es recomendable leer el contenido e ir usando los controles en el orden en que aparecen; luego puede experimentarse con otras secuencias. En todo caso, si una combinación desafortunada de controles conduce a un modelo cuyo aspecto no parece corresponder a lo esperado, bastará con pulsar el botón que carga el modelo molecular para restituir éste a su aspecto original.

## Manipulación directa del modelo

La miniaplicación Jmol utilizada para mostrar los modelos moleculares permite una interacción directa por parte del usuario, empleando el ratón sobre el panel del modelo. Entre otras, son posibles estas acciones:

- rotación alrededor de los 3 ejes de coordenadas;
- desplazamiento lateral, alejamiento y aproximación de la molécula;
- cambio en el tipo de representación del modelo: grosor de los enlaces, diámetro de los átomos, representaciones esquemáticas del esqueleto de macromoléculas (del tipo cintas u otras variantes);
- cambio del patrón de coloreado del modelo;
- selección de parte de la molécula para acciones ulteriores.

 La única operación que es preciso aprender es la rotación del modelo molecular, para la cual basta con situar el puntero del ratón sobre el panel del modelo y arrastrar (es decir, mover el ratón mientras se mantiene pulsado su botón principal o izquierdo). Esto permite apreciar la tridimensionalidad e investigar la molécula.

El uso de estas prestaciones de manipulación directa del modelo se considera medianamente complejo y, en consecuencia, el material se ha diseñado de modo que no sea necesario. En todo caso, puesto que están disponibles, el profesor puede optar por incorporar alguna de ellas, o el usuario avanzado por comenzar a utilizarlas; por ello, algunas se ilustran mediante la página de ayuda para el uso del ratón (disponible desde el menú de utilidades, al pie de todas las páginas de contenido). El resto de manipulaciones se consiguen a través del menú contextual de Jmol y no se explican en este material, pero la mayoría son de interpretación bastante intuitiva. Aunque el menú contextual puede ser bloqueado, se ha optado por no hacerlo para permitir la experimentación por parte del alumno.

## Módulo de evaluación

Para completar el aprovechamiento del material, se ha incluido una serie de preguntas que permiten una autoevaluación de la asimilación de los contenidos y de la capacidad para obtener información a partir del examen de los modelos moleculares. Se accede a este módulo desde la página principal y posee una estructura similar al módulo de contenidos. El panel destinado al modelo molecular en la evaluación es de menores dimensiones, dejando mayor espacio para las preguntas. La zona bajo el modelo se reserva para mostrar la puntuación obtenida con las respuestas elegidas.

Las preguntas siguen el formato de opción múltiple, con una sola respuesta correcta. Algunas se muestran como un grupo de opciones, todas visibles a un tiempo, mientras que otras lo hacen como lista desplegable.

Una vez decidida y marcada la opción, se debe pulsar el botón , con lo cual automáticamente se mostrará junto a él la validez o no de la respuesta elegida. Igualmente, se acumulará una puntuación en el contador situado en el panel izquierdo, bajo el modelo. Esta puntuación es máxima si se elige la respuesta correcta a la primera, se reduce considerablemente si se acierta en un segundo intento, y es nula para intentos posteriores. Igualmente, es nula para respuestas incorrectas (es decir, no hay penalización). Las puntuaciones asignadas a cada pregunta, en primer y segundo intentos, se indican desde el principio.

Cada sección tiene una puntuación independiente, sobre un máximo de 10 puntos. El cómputo de puntuación se cancela cuando se pasa de una sección a otra: si se regresa a una sección ya visitada, se comenzará de nuevo con cero puntos.

---

Autor: Angel Herráez Sánchez