

# Programas de visualización 3D y servidores web de predicción de estructuras para la enseñanza en biotecnología.

Romero-Santacreu, L.<sup>(1)</sup>; Serrano-López, R.<sup>(2)</sup> Y Cuesta-López, S.<sup>(1)</sup>  
GID de la UBU INNO-LAB

<sup>(1)</sup> ICCRAM, International Research Center in Critical Raw Materials for Advanced Industrial Technologies; Irsantacreu@ubu.es, scuesta@ubu.es  
<sup>(2)</sup> Escuela Politécnica Superior Universidad de Burgos, robertosl@ubu.es

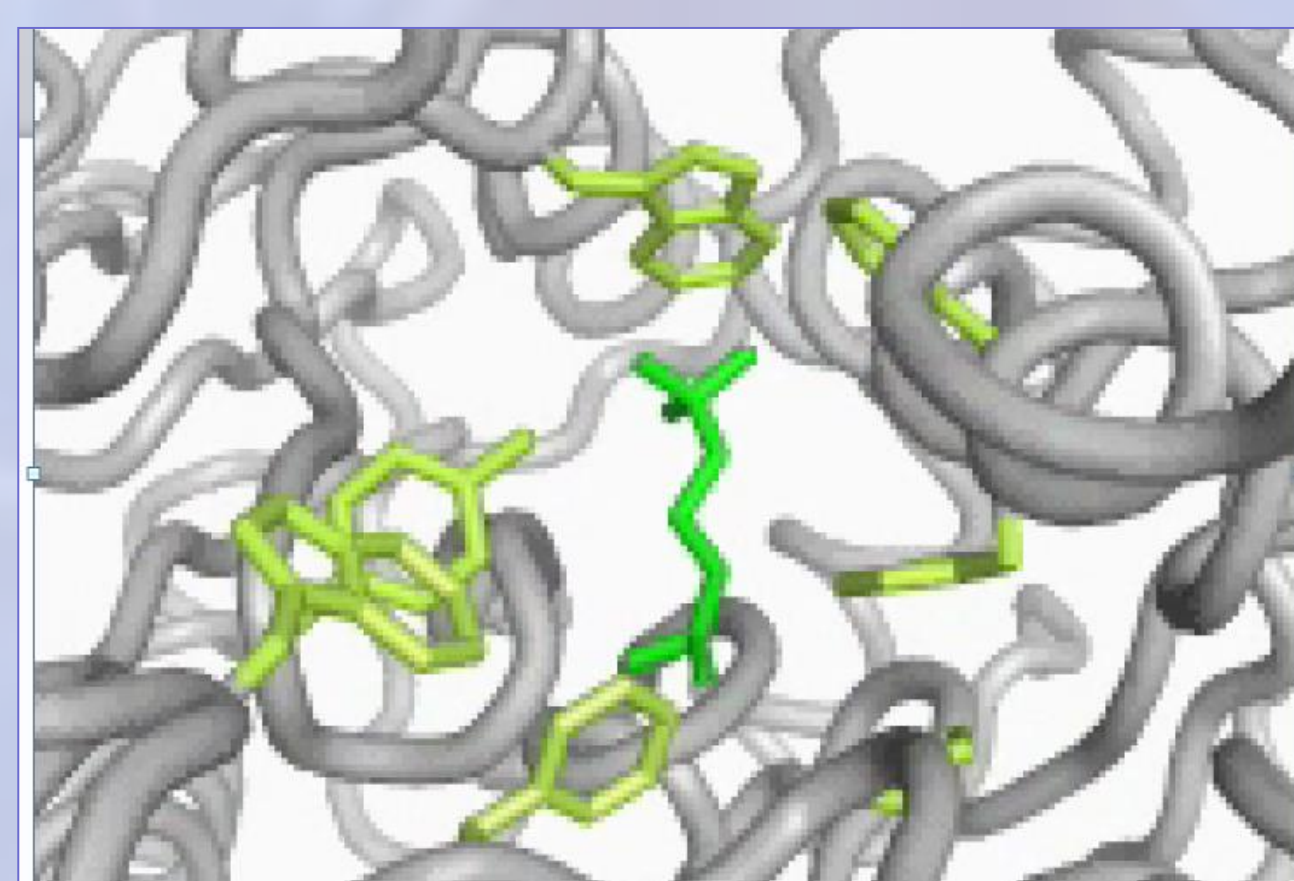
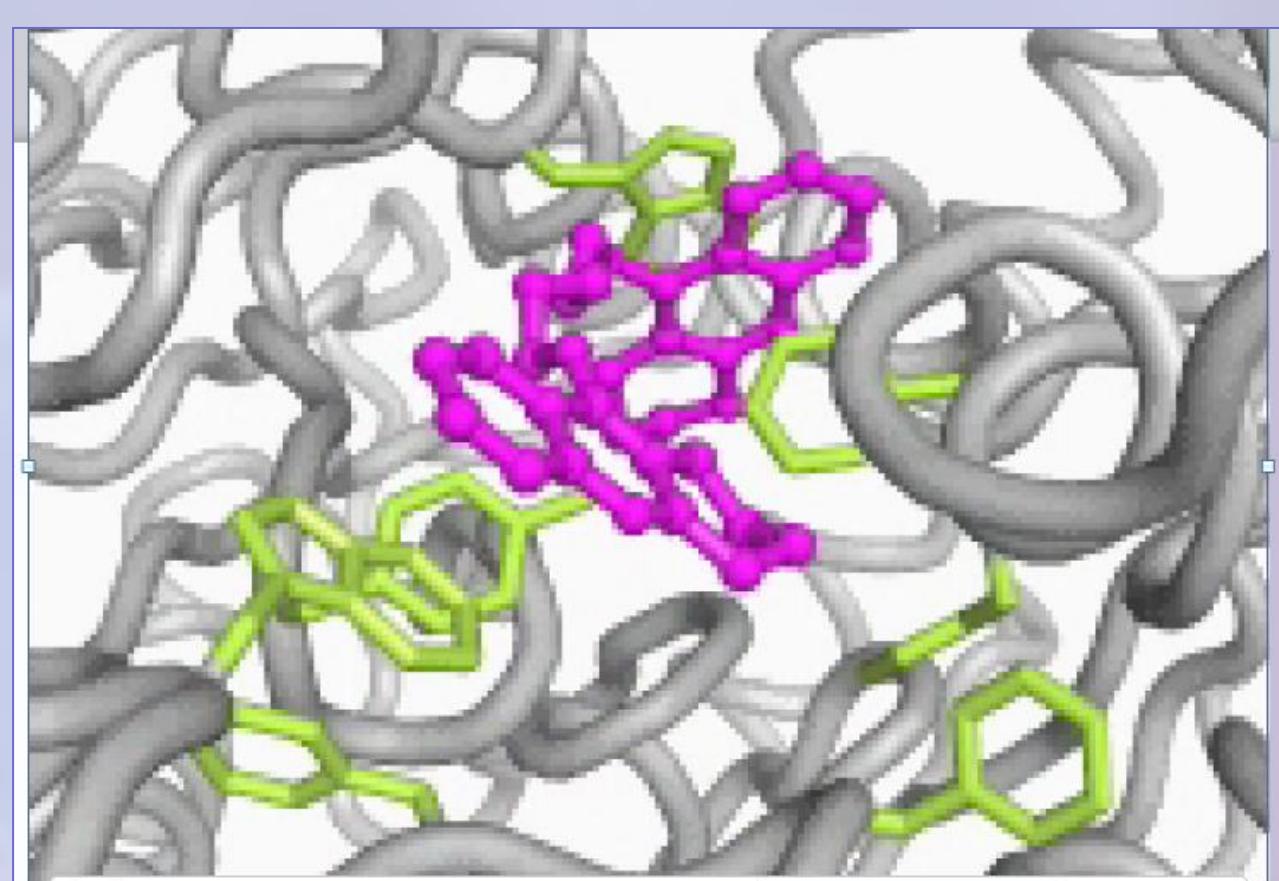
Entre los objetivos del GID de la UBU INNO-LAB se encuentra la utilización de herramientas de uso frecuente en investigación para la docencia de cursos de grado y master. En este trabajo mostramos el uso de dos herramientas de investigación en el campo de la biotecnología: los programas de visualización 3D y los servidores web de predicción de estructuras.

Los programas de visualización 3D, utilizados en biología molecular estructural, permiten una mejor comprensión de conceptos espaciales, aspecto clave en procesos como el plegamiento de proteínas. Con el programa *Swiss-PdbViewer* se mostraron ejemplos de unión de un ligando a una enzima y de la estructura de su sitio activo. Como ejemplo de servidores *online* utilizamos *mfold*, una herramienta de predicción de estructuras secundarias de RNA y DNA que utiliza principalmente métodos termodinámicos. La predicción de estas estructuras es importante para la comprensión de procesos biológicos como la traducción, la replicación o la formación de estructuras RNA-proteínas.

Estos métodos de aprendizaje promueven la comprensión de conocimientos complejos gracias a la interacción directa del estudiante, que puede visualizar tridimensionalmente los resultados, y además generan un aumento en la motivación y la exploración de nuevos conceptos mediante el autoaprendizaje.

## UNIÓN DE ENZIMA A LIGANDO Y COFACTOR

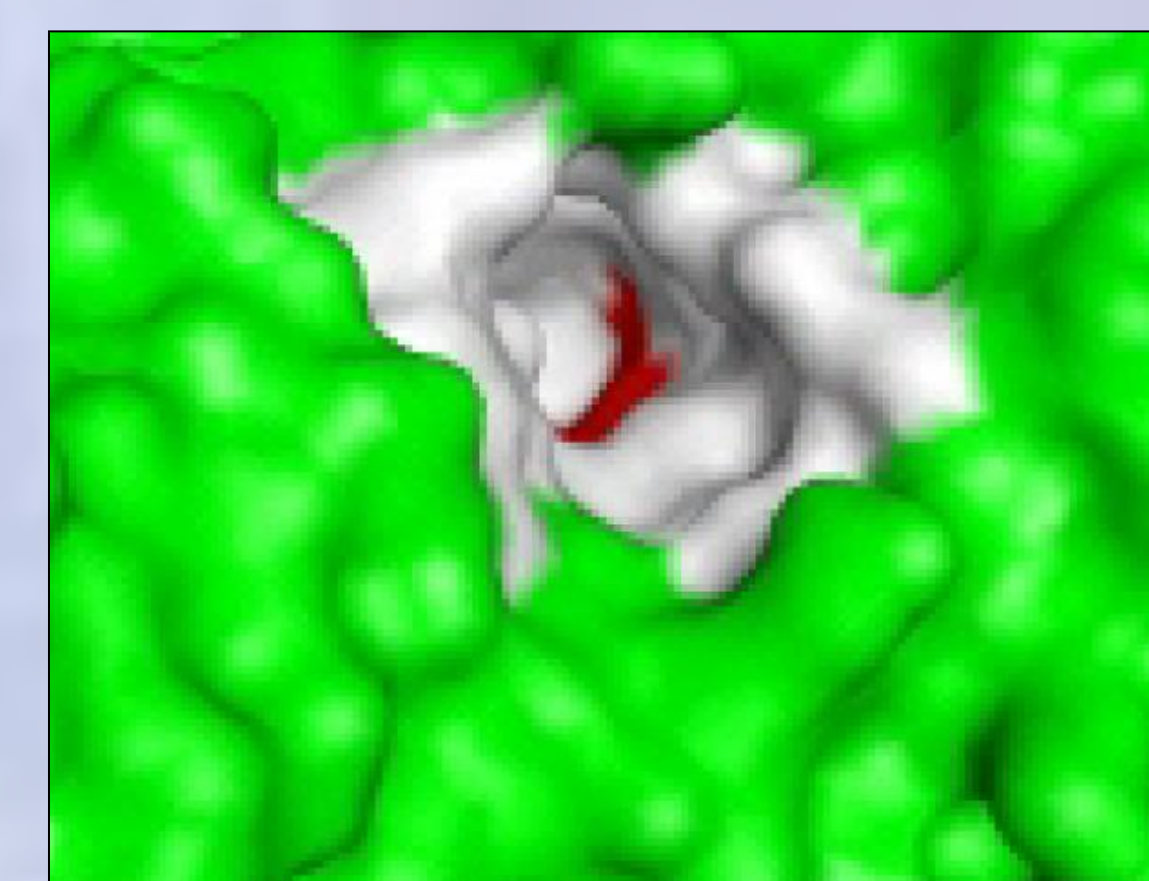
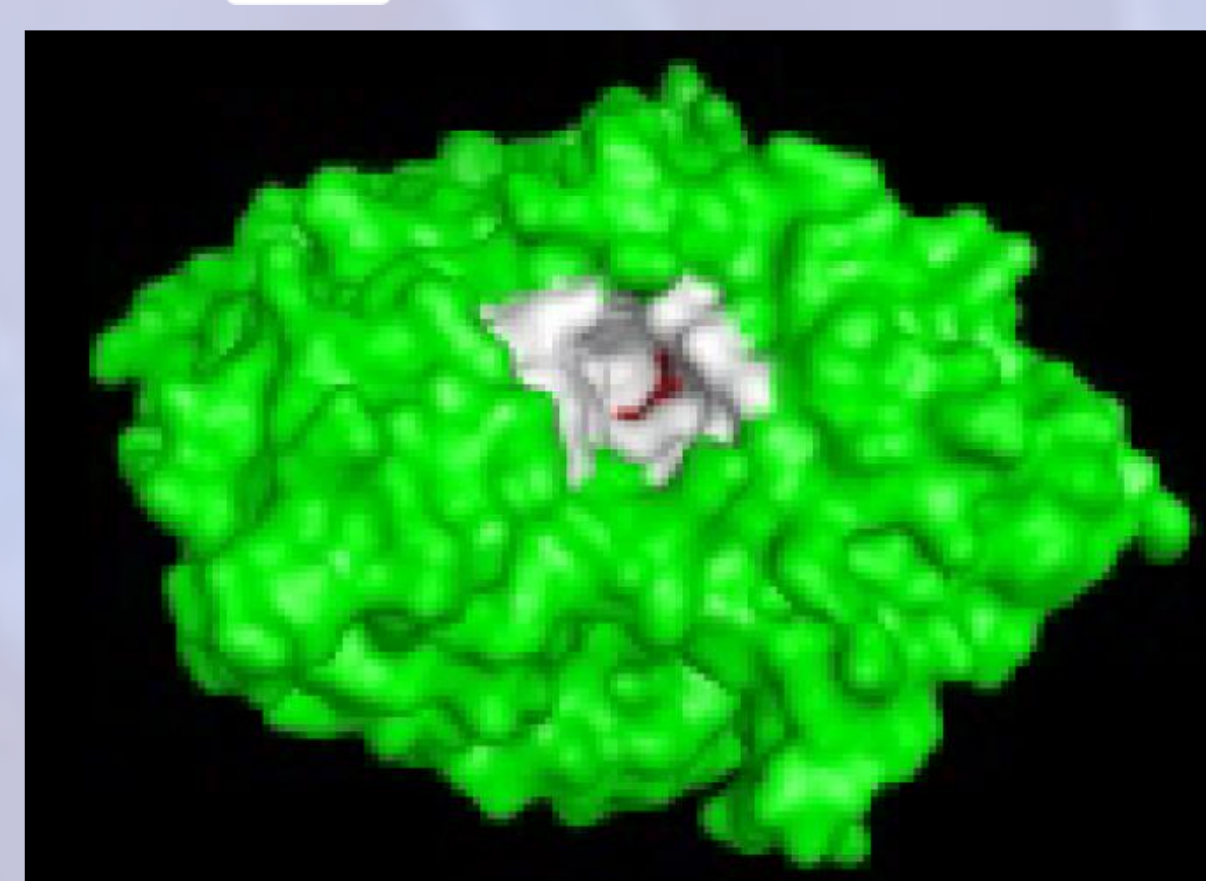
Swiss-PdbViewer



Imágenes extraídas de un video de simulación tridimensional de la unión de una proteína (enzima) con su cofactor y ligando. Simulación realizada para la asignatura de "Biofísica" de 4º curso del Master Ciencias de la Materia de la Escuela Normal Superior de Lyon.

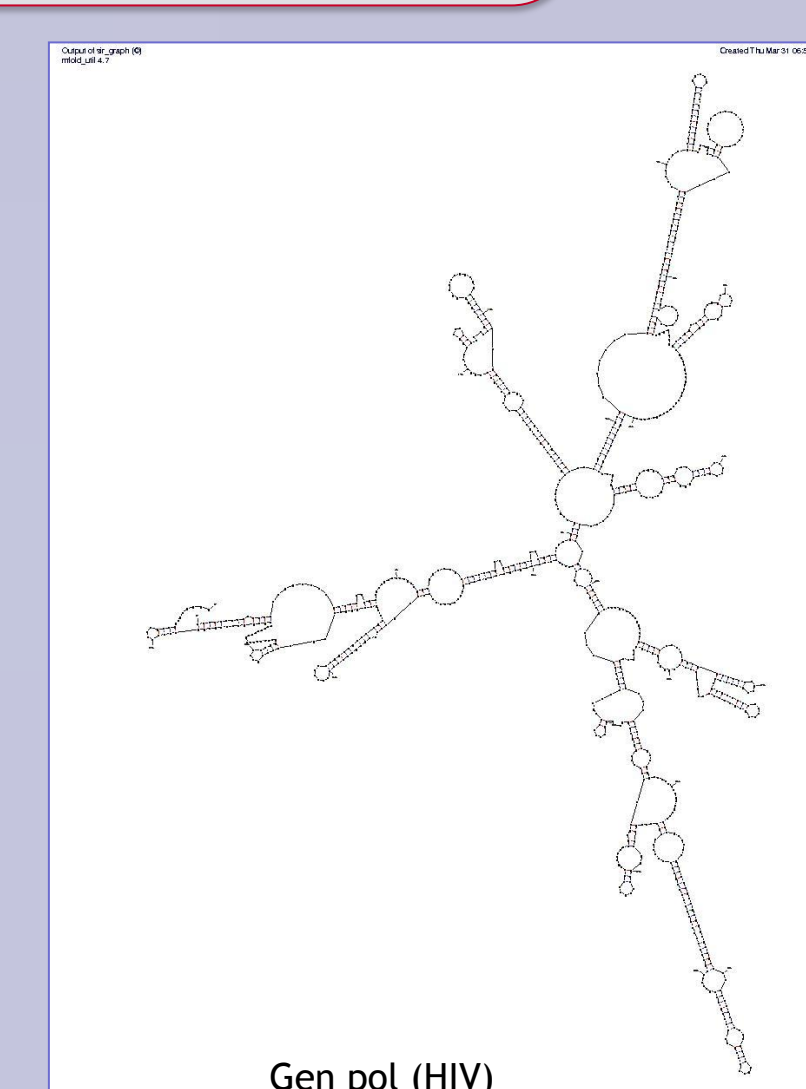
## ESTRUCTURA DEL SITIO ACTIVO DE UNA ENZIMA

Swiss-PdbViewer

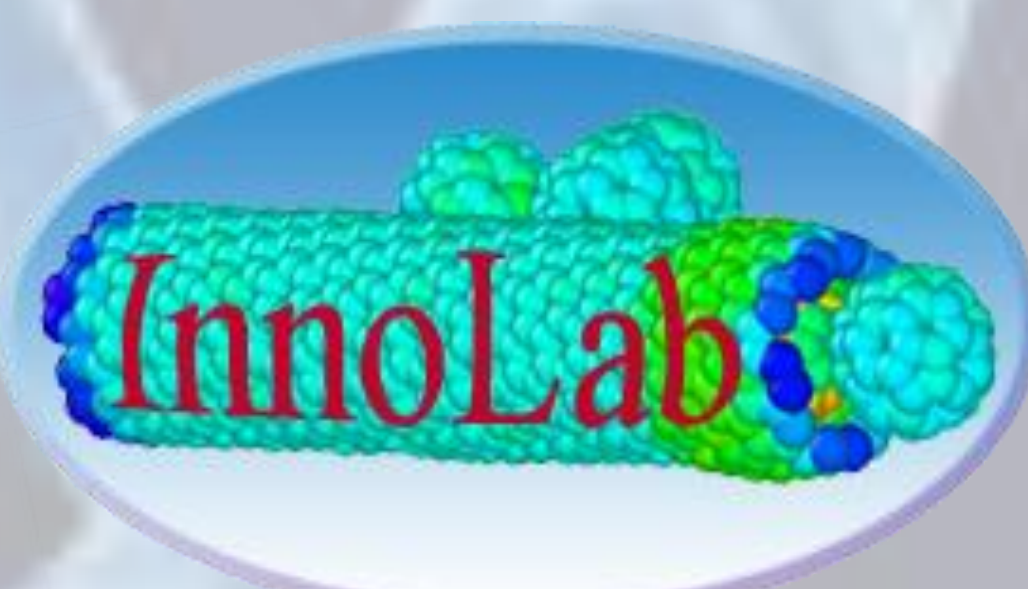


Imágenes extraídas de un video de simulación tridimensional del centro activo de una enzima. Simulación realizada para la asignatura de "Avances en la modelización molecular de la materia" de los Cursos de Doctorado de la Universidad de Cagliari.

## BIOINGENIERÍA DE NANOESTRUCTURAS DE DNA Y RNA RNA – Termodinámica y plegamiento 3D



Servidor *online* de predicción de estructuras utilizado para la docencia de la asignatura de "Técnicas avanzadas en minería de datos" de los Cursos de Doctorado del programa de Ingeniería Civil e Industrial de la Universidad de Burgos.



G.I.D. de la UBU INNO-LAB



UNIVERSIDAD  
DE BURGOS

VIII JORNADAS DE  
INNOVACIÓN DOCENTE DE LA  
UNIVERSIDAD DE BURGOS