

XXVIII Reunión Anual de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular de Chile
Talca (Chile), 9-12 ene. 2006

Jmol: nueva plataforma para mostrar la estructura de biomoléculas en enseñanza e investigación

Angel Herráez

Dep. Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de Alcalá, 28871 Alcalá de Henares, España. angel.herraez@uah.es

El uso de medios informáticos para visualizar modelos moleculares en tres dimensiones y de forma interactiva posee virtudes bien conocidas para el estudio y enseñanza de Bioquímica, así como en investigación. Muestra de ello es la existencia de innumerables páginas web con este formato, así como los visores de consulta de Protein Databank y otras similares. La plataforma más extendida para este propósito es el software conector Chime (<http://www.mdlchime.com>) que, por su integración en la página web, permite un fácil acceso y consulta por el público. Este programa, no obstante, se ha visto limitado en los últimos años por su incompatibilidad total o parcial con los nuevos navegadores de internet y con sistemas operativos distintos de Microsoft Windows. Este impedimento puede ahora superarse gracias al desarrollo de la versión 10 de Jmol (<http://jmol.org>), una miniaplicación Java que es compatible con todos los sistemas operativos y programas navegadores y que admite la colección de instrucciones existentes para Rasmol y Chime, además de nuevas funcionalidades en la representación de moléculas. A ello se suma una superior calidad gráfica, reconocimiento de más formatos moleculares y, en particular, su carácter de software libre y de código abierto, que asegura su futura evolución y compatibilidad.