

## KINETICCU, SOFTWARE DE APOYO PARA EL TEMA CINÉTICA ENZIMÁTICA EN LA ASIGNATURA FUNDAMENTOS DE BIOTECNOLOGÍA

### KINETICCU, AS AID SOFTWARE FOR ENZYMATIC KINETIC TOPIC OF THE SUBJECT FUNDAMENTALS OF BIOTECHNOLOGY

Henry Bory-Prevez,<sup>1\*</sup> <https://orcid.org/0000-0001-5508-0501>  
Ernesto Rojas-Martínez,<sup>1</sup> <https://orcid.org/0009-0009-6402-3109>  
Dunia Rodríguez-Heredia,<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0003-4676-7314>  
Claudia Arias-Rodríguez,<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0003-1105-8120>  
Telvia Arias-Lafargue,<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0003-2610-1451>

<sup>1</sup>Facultad de Ingeniería Química y Agronomía. Universidad de Oriente. Santiago de Cuba, Santiago de Cuba, Cuba.

\*Autor para la correspondencia: [hbory79@gmail.com](mailto:hbory79@gmail.com)

Recibido: 1 de septiembre de 2025

Aprobado: 14 de noviembre de 2025

#### RESUMEN

El tema 1 de Fundamentos de Biotecnología se dedica al estudio de la cinética enzimática, para que los estudiantes conozcan las ecuaciones, fenómenos y parámetros cinéticos que caracterizan a las reacciones catalizadas por enzimas. Aunque es un tema de gran importancia, los resultados docentes no son satisfactorios, siendo el objetivo diseñar un software de apoyo para el tema cinética enzimática en la asignatura Fundamentos de Biotecnología. Para el diseño de KineticCU V1.0, se empleó el paquete de programa profesional MatLab®, en específico, MatLab® GUIDE. Se describe el software, sus ventanas principal y auxiliares, que permiten, dado datos de concentración de sustrato y velocidad sin inhibidor y con inhibidor, determinar gráficamente el tipo de inhibición enzimática y los parámetros cinéticos, empleando las ecuaciones de Michaelis-Menten y Lineweaver-Burk. Se presenta la forma de utilizar el software para resolver un problema de clases, constituyendo una herramienta de apoyo en la impartición del tema.

**Palabras clave:** cinética enzimática; parámetros cinéticos; fundamentos de biotecnología; Michaelis-Menten; software.

#### ABSTRACT

Topic 1 of Fundamentals of Biotechnology is devoted to the study of enzyme kinetics, so that students become familiar with the equations, phenomena, and kinetic parameters that characterize enzyme-catalyzed reactions. Although it is a topic of great importance, teaching outcomes are not satisfactory, with the objective being to design support software for the topic of enzyme kinetics in the Fundamentals of Biotechnology course. For the design of KineticCU V1.0, the professional programming package MatLab® was used, specifically MatLab® GUIDE. The software is described, along with its main and auxiliary windows, which allow, given substrate concentration and reaction rate data without and with an inhibitor, the graphical determination of the type of enzyme inhibition and the kinetic parameters, using the Michaelis-Menten and Lineweaver-Burk equations. It is shown how the software solves a class problem, serving as a support tool for teaching the subject.

**Keywords:** enzymatic kinetic; kinetic parameters; fundamentals of biotechnology; Michaelis-Menten; software.

## INTRODUCCIÓN

En todos los procesos objeto de estudio del ingeniero químico, es importante tener en cuenta las velocidades de producción de determinado producto, pues ello está muy relacionado con los costos de producción, de ahí que es esencial que los futuros egresados estén familiarizados con los temas de cinética química y aspectos relacionados con la determinación de parámetros cinéticos, optimización de procesos, con la finalidad de obtener productos de mejor calidad y al menor costo.

Entre los procesos en los que puede laborar un ingeniero químico, están la obtención de productos lácteos, de bebidas alcohólicas y alimentos, los cuales tienen su base en la biotecnología, siendo esencial que los estudiantes se familiaricen con estas tecnologías que aplican organismos vivos. Por ello, en el Plan de Estudios de la carrera Ingeniería Química, se inserta la asignatura Fundamentos de Biotecnología, asignatura básica-específica que se imparte en el segundo semestre del segundo año e integra los contenidos relacionados con las enzimas, el metabolismo de las biomoléculas y los microorganismos, para que los estudiantes conozcan el fundamento de los procesos biotecnológicos y de ingeniería genética, alcanzando una formación más sólida y un mejor tributo a su perfil profesional.<sup>(1,2)</sup>

En el primer tema de la asignatura, Enzimas y Metabolismo, se trata la cinética enzimática y se estudia la velocidad de las reacciones químicas que son catalizadas por enzimas. Este tema permite explicar el mecanismo catalítico de las enzimas, su papel en el metabolismo, la forma en que se controla la actividad en las células o su inhibición. Además, se profundiza en la ecuación de Michaelis-Menten para estimar los parámetros cinéticos, constante de Michaelis-Menten,  $K_m$ , y velocidad máxima,  $V_{máx}$ , que permitirán entender la afinidad de una enzima por su sustrato y los valores que alcanzan las velocidades máximas de estas reacciones, respectivamente.<sup>(3)</sup>

El tratamiento de la ecuación de Michaelis-Menten, su linealización por el método de los dobles recíprocos de Lineweaver-Burk, la determinación gráfica de  $K_m$  y  $V_{máx}$ , así como la identificación de los tipos de inhibición enzimática, son objeto de estudio en una conferencia, dos clases prácticas y un laboratorio del tema 1, todo lo cual es evaluado en la primera prueba parcial. Este contenido, como se ha mencionado, es de gran importancia para los estudiantes, sin embargo, en

los últimos cursos los resultados no han sido satisfactorios. Una muestra de ello es que, en el presente curso 2024-2025, de un total de 32 estudiantes matriculados en la asignatura, solo ocho aprobaron esta primera prueba parcial, lo que constituye el 25 %. Entre los aprobados no se encontraron estudiantes con calificación de 5 puntos, lo que revela que no solo es preocupante la cantidad de estudiantes desaprobados, sino, la calidad de las notas que presentaron los aprobados.

El objetivo del trabajo es diseñar un software de apoyo para el tema cinética enzimática en la asignatura Fundamentos de Biotecnología.

### Fundamentación teórica

La asignatura Fundamentos de Biotecnología surge con el Plan E, en la carrera Ingeniería Química, integrando los contenidos de Bioquímica y Microbiología, dos asignaturas del Plan D perfeccionado.<sup>(4)</sup> La asignatura se imparte en tres temas: Enzimas y Metabolismo, Introducción a la Microbiología y Microbiología Aplicada, Genética y Biotecnología. Todo este contenido le permite al futuro egresado comprender los fundamentos bioquímicos y microbiológicos de los procesos industriales mediados por microorganismos. Las enzimas son catalizadores biológicos y comprender su cinética es un aspecto de vital importancia en la carrera.<sup>(5)</sup>

Debido al importante papel de las enzimas, diversas investigaciones han destinado tiempo y recursos al conocimiento de la actividad de las mismas, su cinética e inhibición. Se ha investigado la actividad enzimática de proteasas de organismos acuáticos, así como de vegetales como la piña, con el objetivo de aplicarlas en la industria alimenticia, farmacéutica, en la medicina, acuicultura y en el tratamiento de aguas residuales.<sup>(6,7)</sup> Sobre esta última aplicación, se ha reportado que las proteínas son de los principales contaminantes orgánicos en el agua residual, además de polisacáridos y lípidos, por lo que una propuesta es el uso de enzimas proteolíticas exógenas para hidrolizar dichas proteínas contaminantes a unidades más pequeñas.<sup>(6)</sup>

Hernández y colaboradores, estudiaron la actividad degradadora de enzimas hidrolasas, obtenidas a partir de las cáscaras de naranja, toronja y piña, sobre la materia orgánica presente en agua residual.<sup>(8)</sup> Las enzimas lignolíticas y su actividad en la degradación de lignina y otras moléculas de carácter fenólico que

pueden ser potenciales agentes contaminantes, fueron evaluadas por Cabadiana.<sup>(9)</sup> Los métodos de determinación de la actividad enzimática de la ureasa, β-glucosidasas, fosfatasas y catalasas en el suelo, fueron revisados por Velez y colaboradores.<sup>(10)</sup>

La inhibición de la actividad enzimática por presencia de metales pesados y otros inhibidores, para impedir la acción de enzimas que provocan cambios indeseables en alimentos, así como las aplicaciones del modelo enzimático de Michaelis-Menten, también han sido objeto de investigaciones.<sup>(11,12,13,14)</sup>

El empleo del MatLab® como asistente matemático en Fundamentos de Biotecnología, ya había sido propuesto en,<sup>(5)</sup> pero en aquel entonces, se sugería que los estudiantes emplearan el lenguaje de programación para obtener las gráficas de Lineweaver-Burk, y determinar el tipo de inhibición. Se proponía que los estudiantes desarrollaran habilidades en la programación en MatLab®. Esta investigación propone un software como herramienta de apoyo a la docencia, que tiene como ventajas: afianzar lo recibido en la teoría, repetir los eventos o fenómenos cuantas veces se requiera, relacionar fenómenos con sus consecuencias y desarrollar habilidades en el uso de la computadora, constituyendo una atractiva presentación de contenidos.<sup>(15,16,17)</sup>

Las ventajas de emplear este lenguaje de programación en el diseño del software son, entre otras, su capacidad de simulación de sistemas dinámicos; es un lenguaje de programación flexible, con amplio soporte matemático, alta precisión, amplio soporte de funciones ya desarrolladas, magnífica ayuda y gráficas bidimensionales y tridimensionales de diferentes tipos, además de ser un lenguaje de alto nivel para el cálculo numérico/simbólico empleado en el ámbito científico e ingenieril, tanto a nivel académico como industrial.<sup>(18,19)</sup>

## MATERIALES Y MÉTODOS

Para el diseño de KineticCU V1.0, se empleó el paquete de programa profesional MatLab®, en específico el MatLab® GUIDE, Graphical User Interface Development Environment (Ambiente de Desarrollo de Interfases Gráficas de usuario), el cual es un entorno gráfico que permite diseñar interfases con menús, botones, cuadros de textos, y gráficas.

El lenguaje de programación MatLab® permitió usar funciones de la librería de análisis numérico como fit,

polyfit, polyval, para implementar los cálculos de cinética enzimática, según los modelos de Michaelis-Menten y Lineweaver-Burk. El software fue diseñado en inglés para fomentar en los estudiantes el aprendizaje del inglés técnico.

## Descripción del programa

La

muestra la ventana inicial de KineticCU V1.0.

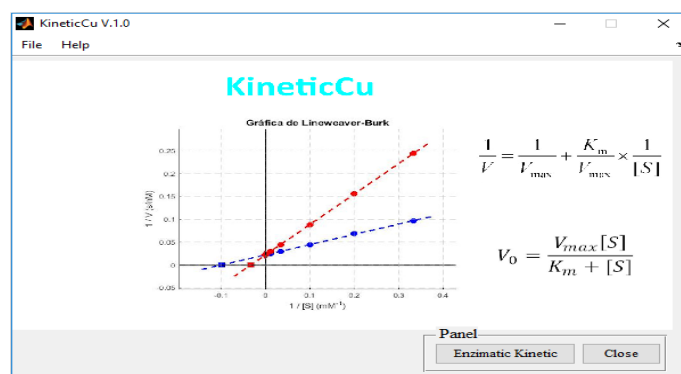


Fig. 1- Ventana principal de KineticCU V1.0

La ventana inicial se nombra KineticCU V1.0, y está compuesta por la barra de menú con las opciones: "File" (Fichero) y "Help" (Ayuda) y los botones: "Enzymatic Kinetic" (Cinética Enzimática), este permite abrir la ventana de análisis de cinética enzimática, y "Close" (Cerrar), para salir del programa. La opción File de la Barra de Menú contiene las opciones: "Enzymatic Kinetic" (Cinética Enzimática) que permite acceder a la ventana de análisis de cinética enzimática, y "Close" (Cerrar). La opción Help de la Barra de Menú contiene las opciones: "What is KineticCU V1.0?" (¿Qué es KineticCU V1.0?), como se muestra en Figura 2 a) y "About KineticCU V1.0" (Acerca de KineticCU V1.0), como se muestra en Figura 2 b).

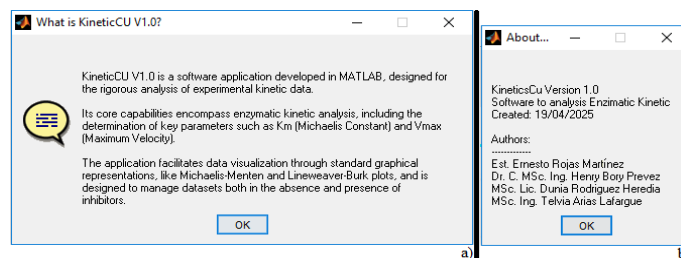
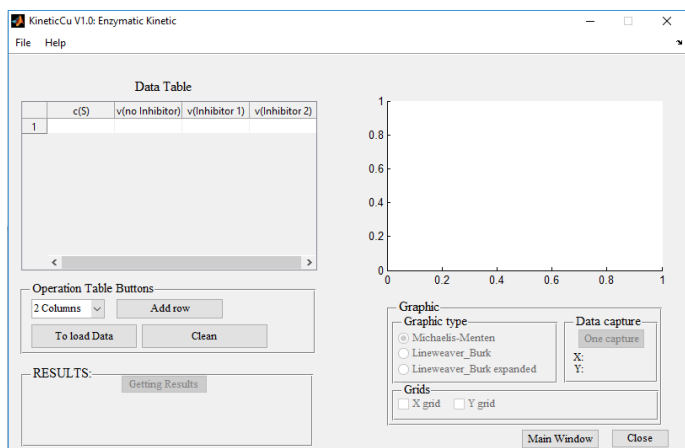


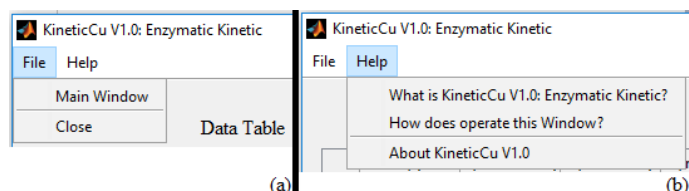
Fig. 2 a)- Breve explicación sobre qué es KineticCU V1.0 y b) Acerca de

En caso de presionar el botón "Enzymatic Kinetic", se cierra la ventana inicial, y se abre la ventana de análisis, que se muestra en la Figura 3.



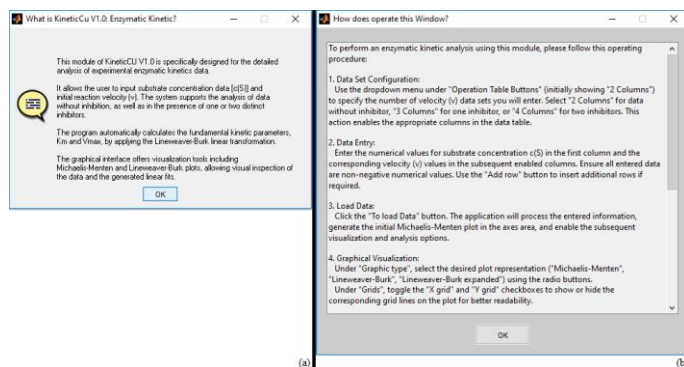
**Fig. 3-** Ventana de análisis de Cinética Enzimática de KineticCU V1.0

La interfaz gráfica de la ventana de análisis de cinética enzimática (Figura 3), permite introducir datos de concentración y velocidades sin y con inhibidor en "Data Table" (tabla de datos). El panel "Results" (Resultados) muestra los valores de los parámetros  $K_m$  y  $V_{máx}$  determinados por KineticCU V1.0. En el panel "Graphic" (Gráfico) el usuario puede seleccionar la gráfica a mostrar: Michaelis-Menten, Lineweaver-Burk o Lineweaver-Burk expanded (Lineweaver-Burk expandida). Los botones "Main Window" (Ventana principal) y "Close" (Cerrar). La opción File de la Barra de Menú, Figura 4 (a), contiene las opciones: "Main Window" y "Close" (Cerrar), con el cual se cierra KineticCU V1.0.



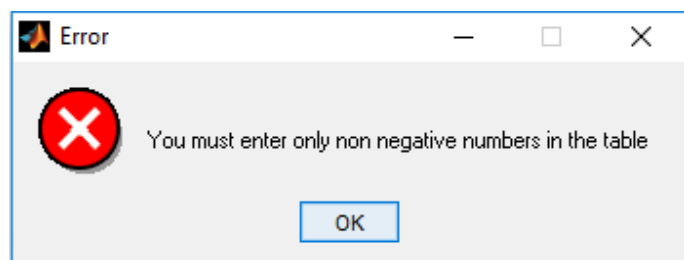
**Fig. 4-** Opciones de menú de la ventana de análisis de cinética enzimática para a) "File" y b) "Help"

La opción "Help" de la Barra de Menú (Figura 4b), contiene las opciones: "What is KineticCU V1.0: Enzymatic Kinetic?" (¿Qué es KineticCU V1.0: Cinética Enzimática?), con una breve descripción de su propósito (Figura 5 a); "How does operate this Window?" (¿Cómo se opera esta ventana?), en la que se explica cómo introducir los datos, obtener las diferentes gráficas, y los valores de los parámetros  $K_m$  y  $V_{máx}$  (Figura 5b).



**Fig. 5-** Ventana de Ayuda: (a) "What is KineticCU V1.0: Enzymatic Kinetic?" y (b) "How does operate this Window?"

Es importante mencionar que KineticCU V1.0 incluye validación de entrada de datos en la tabla, si el usuario introduce un valor no numérico (texto) o un número negativo en una celda editable de la tabla, aparecerá un cuadro de diálogo de error con el mensaje "You must enter only non negative numbers in the table", como muestra la Figura 6.



**Fig. 6-** Ventana de error por entrada inválida en la tabla

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A continuación, se presenta el enunciado de un problema a realizar por los estudiantes en la asignatura. El objetivo del problema es calcular los parámetros cinéticos  $K_m$  y  $V_{máx}$  para cada condición, y determinar el tipo de inhibición. En este epígrafe se muestra el procedimiento para resolver dicho ejercicio, empleando KineticCU V1.0.

Problema: se mide la cinética de una enzima como función de la concentración de sustrato en presencia y ausencia de dos inhibidores diferentes (Ia e Ib). Los datos experimentales obtenidos se muestran en la Tabla 1.

- a) ¿Cuáles son los valores de  $K_m$  y  $V_{máx}$  en ausencia y en presencia de los inhibidores anteriores? ¿Cuáles de estos parámetros cinéticos se ha afectado en cada caso?
- b) ¿De qué tipo de inhibición se trata?

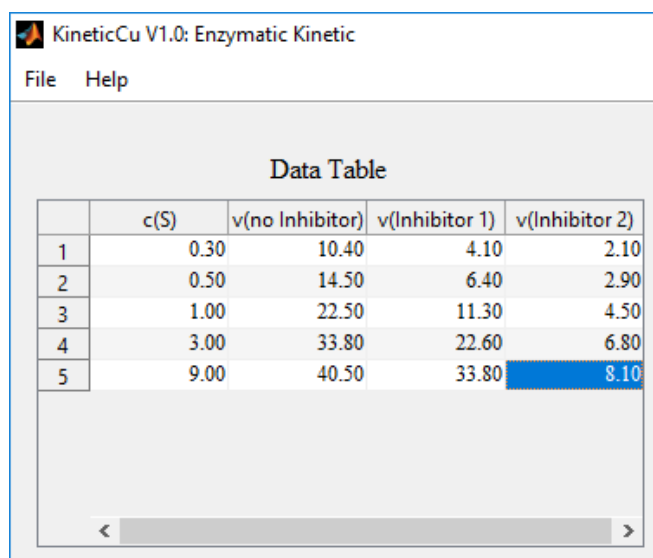
**Tabla 1-** Datos experimentales

[S] 10 <sup>-5</sup> M (mmoles/min/mg)	Velocidad (sin inhibidor) (mmoles/min/mg)	Velocidad (con Ia) (mmoles/min/mg)	Velocidad (con Ib) (mmoles/min/mg)
0,3	10,4	4,1	2,1
0,5	14,5	6,4	2,9
1,0	22,5	11,3	4,5
3,0	33,8	22,6	6,8
9,0	40,5	33,8	8,1

A continuación, se detalla el procedimiento para determinar los valores de los parámetros Km y Vmáx en KineticCU V1.0 y obtener las gráficas.

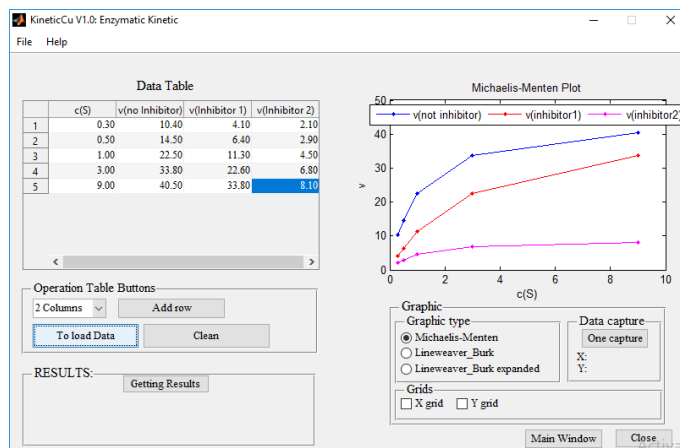
✓ Iniciar KineticCU V1.0 y en la Ventana Inicial, hacer clic en el botón "Enzimatic Kinetic".

✓ Introducir los datos en la ventana de análisis, en el panel "Operation Table Buttons" seleccionar "4 Columns", las columnas c(S), v(no Inhibitor), v(Inhibitor 1) y v(Inhibitor 2) se habilitarán. Luego se introducen los datos en la "Data Table" usando el punto (.) como separador decimal. Presionar botón "Add row" para adicionar una nueva fila a "Data Table". La [Figura 7](#) muestra cómo quedan los datos experimentales en "Data Table".



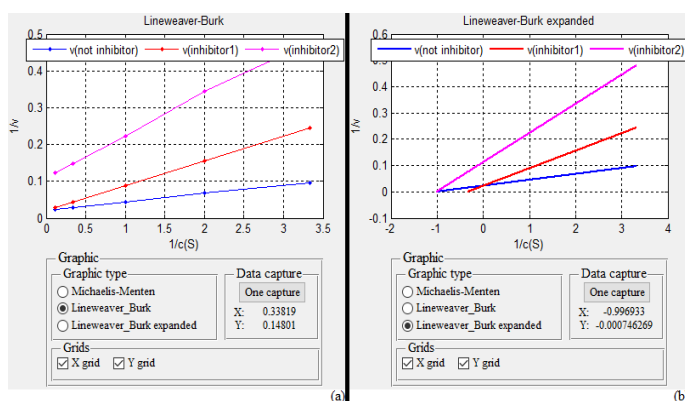
**Fig. 7-** Interfaz de KineticCU V1.0 con los datos experimentales introducidos en "Data Table"

✓ Cargar los datos, para esto presionar el botón "To load Data". KineticCU V1.0 realiza los cálculos y muestra el gráfico de Michaelis-Menten, como se muestra en la [Figura 8](#).



**Fig. 8-** Gráfico de Michaelis-Menten, generado por KineticCU V1.0 tras cargar los datos

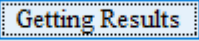
✓ Analizar gráficos, para esto se selecciona "Lineweaver-Burk", y el gráfico mostrará la representación doble recíproca (1/v vs 1/[S]), ver [Figura 9](#) (a).



**Fig. 9-** Gráficos generados por KineticCU V1.0 (a) Lineweaver-Burk y (b) Lineweaver-Burk expanded

Luego, se selecciona "Lineweaver-Burk expanded" y el gráfico mostrará las mismas líneas de "Lineweaver-Burk" pero extrapoladas hasta cortar la parte negativa del eje X. Este tipo de gráfico facilita ubicar los puntos donde se interceptan las líneas. En la [Figura 9](#) (b) se muestran las tres líneas y las coordenadas del punto donde se interceptan las curvas azul y magenta con el eje X obtenida con el botón "One Capture". La opción "One Capture" permite al usuario, estudiante o investigador, obtener las coordenadas de puntos sobre las curvas.

A modo de ejemplo, de la [Figura 10](#) (b) se observa, que las curvas azul y magenta, se interceptan en el eje X en  $-0,996933$ , por lo cual, Km es  $\frac{-1}{-0,996933} \approx 1 \cdot 10^{-5} M$ .

- ✓ Obtener resultados numéricos, al presionar el botón Getting Results, KineticCU V1.0, como se muestra en la
  - ✓  ,
- presenta los valores que calculó de  $K_m$  y  $V_{máx}$  para cada condición, codificados por color. Sin Inhibidor la  $K_m \approx 1,00 \times 10^{-5}$  M y  $V_{máx} \approx 44,6$  mmoles/min/mg en color azul, con Inhibidor 1 (es Ia)  $K_m \approx 3,01 \times 10^{-5}$  M;  $V_{máx} \approx 45,1$  mmoles/min/mg en color rojo; y con Inhibidor 2 (es Ib)  $K_m \approx 0,99 \times 10^{-5}$  M;  $V_{máx} \approx 8,89$  mmoles/min/mg en color magenta.

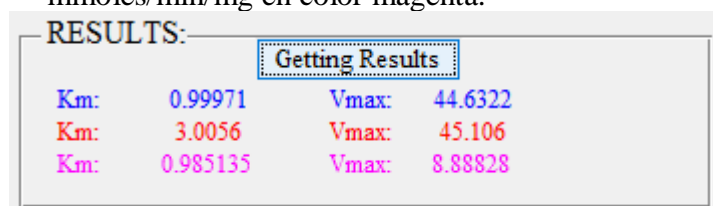


Fig. 10- Parámetros cinéticos calculados por KineticCU V1.0

Con los gráficos anteriormente presentados, un estudiante o investigador puede observar los siguientes patrones:

- La línea roja (Inhibidor 1) y la azul (control) interceptan el eje Y ( $1/V_{máx}$ ), aproximadamente en el mismo punto, pero la roja intercepta el eje X ( $-1/K_m$ ) más cerca del origen ( $K_m$  mayor).
- La línea magenta (Inhibidor 2) y la azul (control), interceptan el eje X ( $-1/K_m$ ), aproximadamente en el mismo punto, pero la magenta intercepta el eje Y ( $1/V_{máx}$ ) en un punto más alto ( $V_{máx}$  menor).

Con los resultados numéricos presentados y los patrones discutidos anteriormente, se puede realizar la siguiente interpretación:

1. Con el Inhibidor 1 (inhibidor Ia),  $K_m$  aumenta significativamente (de  $\approx 1,00$  a  $\approx 3,01$ ),  $V_{máx}$  permanece prácticamente constante ( $\approx 44,6$  vs  $\approx 45,1$ ). Del gráfico de la f
2. (b) se observa que las líneas convergen en el eje Y ( $1/V_{máx}$  constante), pero tienen diferentes interceptos en el eje X ( $-1/K_m$  diferentes), luego se concluye que este patrón ( $K_m$  aumenta y  $V_{máx} \approx$  constante) es característico de una Inhibición Competitiva.
3. Con el Inhibidor 2 (inhibidor Ib),  $K_m$  permanece prácticamente constante ( $\approx 1,00$  a  $\approx 0,99$ ),  $V_{máx}$

disminuye significativamente (de  $\approx 44,6$  a  $\approx 8,89$ ). Del gráfico de la

4. (b) se observa que las líneas convergen en el eje X ( $-1/K_m$  constante) pero tienen diferentes interceptos en el eje Y ( $1/V_{máx}$  diferentes), por lo que se concluye que este patrón ( $K_m \approx$  constante y disminución de  $V_{máx}$ ) es característico de una Inhibición No Competitiva.

Dentro de las habilidades básicas para dominar en el tema 1, se encuentran determinar parámetros cinéticos que rigen la actividad de las enzimas y determinar gráficamente los tipos de inhibición enzimática, por lo que este trabajo tributa al cumplimiento de estas habilidades.

Los trabajos recientes en el campo de la cinética enzimática refieren investigaciones en Bioquímica computacional como herramienta para desvelar el origen de la reactividad enzimática<sup>(20)</sup> y el desarrollo de algoritmos de simulación y modelado computacional de reacciones enzimáticas en lote en el lenguaje Python, aportando el software ENZINETICS. Si bien este trabajo constituye un software, que partiendo del balance de masa simula los modelos dinámicos de los tres tipos de inhibición para un reactor Batch, realiza dicho análisis por separado<sup>(21)</sup> Esto dificulta la visualización en un mismo espacio de trabajo de las curvas características para diferentes inhibidores, lo que impide analizar el efecto de estos sobre una enzima determinada.

Lo anterior expresado es una ventaja de KineticCu. Además, la simulación de procesos dinámicos se corresponde con las asignaturas Reactores homogéneos y Reactores heterogéneos, que se imparten en el tercer y cuarto años de la carrera, respectivamente; o bien en el posgrado, pues el sistema de conocimientos de Fundamentos de Biotecnología solo incluye procesos en el estado estacionario.

Los aportes de la presente investigación incluyen la optimización del análisis de datos experimentales, ya que permite el cálculo automático de parámetros cinéticos ( $K_m$ ,  $V_{máx}$ ), manejar grandes volúmenes de datos experimentales y ajustarlos a modelos matemáticos, lo que se traduce en ahorro de tiempo y reducción de errores humanos. Además, posibilita la predicción más precisa de parámetros cinéticos y la facilitación del aprendizaje y la enseñanza de procesos bioquímicos, ya que mejora la práctica docente al integrar simulaciones interactivas.

## CONCLUSIONES

Se diseñó en MatLab® KineticCU V1.0, un software de apoyo al Tema 1 de la asignatura Fundamentos de Biotecnología, el cual, dado datos de cinética enzimática, permite reducir el error de entrada de los datos al software, debido a que posee validación de entrada datos, permite obtener los gráficos de Michaelis-Menten, de Lineweaver-Burk y

Lineweaver-Burk expandida o con extrapolación al intercepto con el eje de las abscisas, realizar capturas de coordenadas en los gráficos y automatizar los cálculos de los parámetros de cinética enzimática  $K_m$  y  $V_{m\acute{a}x}$ . Esto fomenta en los estudiantes habilidades como determinar parámetros cinéticos que rigen la actividad de las enzimas y determinar gráficamente los tipos de inhibición enzimática.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. BESSY-HORRUITINER, T.; RODRÍGUEZ-HEREDIA, D. “Análisis de la Disciplina Fundamentos Químicos y Biológicos para la carrera Ingeniería Química y propuesta para su perfeccionamiento”. *Revista Tecnología Química*. 2021, **41**(1), 109-122. ISSN 2224-6185.
2. RODRÍGUEZ-HEREDIA, D.; BESSY-HORRUITINER, T. “El inglés y la autogestión del aprendizaje en el seminario integrador de Fundamentos de Biotecnología”. *Revista Tecnología Química*. 2021, **41**(3), 536-551. ISSN 2224-6185.
3. COMISIÓN NACIONAL DE CARRERA DE INGENIERÍA QUÍMICA. *Programa de la disciplina Fundamentos Químicos y Biológicos*. Plan de Estudio E. Universidad de Oriente, 2017.
4. MINISTERIO DE EDUCACIÓN SUPERIOR. Plan de Estudio E. Ingeniería Química, 2017.
5. RODRÍGUEZ-HEREDIA, D.; BORY-PREVEZ, H. “Empleo del MatLab en la clase práctica de cinética enzimática de Fundamentos de Biotecnología para Ingeniería Química”. *Revista Tecnología Química*. 2019, **39**(3), 579-593. ISSN 2224-6185.
6. HERNÁNDEZ-SÁMANO, A.C.; GUZMÁN-GARCÍA, X.; GARCÍA-BARRIENTOS, R.; GUERRERO-LEGARRETA, I. “Actividad enzimática de proteasas de *Cyprinus carpio* (Cypriniformes: Cyprinidae) extraídas de una laguna contaminada en México”. *Revista de Biología Tropical*. 2017, **65**(2), 589-597. ISSN: 0034-7744.
7. DALGO-FLORES, V. M. Obtención de un concentrado con Bromelina a partir de piña (*Ananas comosus*) y determinación de su actividad enzimática en sustratos proteínicos. Trabajo presentado como requisito previo a la obtención del título de Ingeniera Bioquímica. Universidad Técnica de Ambato. Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos. Ecuador. 2012. Disponible en: <https://repositorio.uta.edu.ec/server/api/core/bitstreams/fc05cfaf-7f47-4c82-bb1d-14707f734b4f/content>
8. HERNÁNDEZ, I.; ALEJO, K. M.; MÉNDEZ, L.; GARCÍA, A.; CORDOVA, A.; GARCÍA, A. “Estudio cinético enzimático de la hidrolasa a partir de cítricos”. *Avances en Ciencias e Ingeniería*. 2015, **6**(3), 1-8. E-ISSN: 0718-8706.
9. CABADIANA-TIPAN, W. D. Evaluación de la actividad de enzimas lignolíticas producidas por el hongo (*Pleurotus ostreatus*) cultivado en residuos de caña de azúcar. Trabajo presentado como requisito previo a la obtención del título de: Ingeniero/a en Biotecnología de los recursos naturales. Universidad Politécnica Salesiana. Quito. Ecuador. 2020. Disponible en: <https://dspace.ups.edu.ec/bitstream/123456789/19534/1/UPS-TTQ172.pdf>
10. VÉLEZ, A.; VERA, M.; VALDEZ, S.; MARTÍNEZ, D.; CUTIPA, F. “Métodos para determinar la actividad enzimática en suelos contaminados”. *South Sustainability*. 2024, **5**(1), e092. DOI: <https://doi.org/10.21142/SS-0501-2024-e092>

11. PAZMIÑO-PAREDES, M. D. Inhibición de la actividad enzimática de lisozima de clara de huevo de gallina por presencia de metales pesados. Trabajo presentado como requisito previo a la obtención del Título de Ingeniero en Alimentos. Universidad Técnica de Ambato. Facultad de Ciencia e Ingeniería en Alimentos. Ecuador. 2017. Disponible en: <https://repositorio.uta.edu.ec/server/api/core/bitstreams/2d045ba8-6299-4258-886b-122de32e44c5/content>
12. GUERRERO-ERASO, C. A. Inhibición de la actividad enzimática de la polifenol oxidasa extraída del banano (*Cavendish valery*) mediante sistemas bifásicos acuosos con isoospintanol y ácido ascórbico. Tesis de Maestría en Ciencia y Tecnología de Alimentos. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Colombia. 2009. Disponible en: <https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/handle/unal/3342/98380674.2009.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
13. BARRERO, M. O. I; URREA, S.; JORGE, W. I. “Modelamiento de la tasa de respiración de banano, variedad Gross Michel, basado en las ecuaciones de la cinética enzimática de Michaelis-Menten”. *Revista Tumbaga*. 2012, (7), 101-114. Grupo D + TEC, Universidad de Ibagué. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=4550296>
14. MAISINCHO-ASQUI, M. P.; DELGADO-DEMERA, M. H.; CEDEÑO-PALACIOS, C. A. “Modelos matemáticos en la cinética enzimática. Una revisión”. *Revista Centro Azúcar*. 2022, **49** (1), 115-131. ISSN: 2223-4861.
15. MONGE-NÁJERA, J.; MÉNDEZ-ESTRADA, V. H. “Ventajas y desventajas de usar laboratorios virtuales en educación a distancia: la opinión del estudiantado en un proyecto de seis años de duración”. *Educación*. 2007, **31**(1), 91-108. <https://www.redalyc.org/pdf/440/44031106.pdf>
16. INFANTE-JIMÉNEZ, Ch. “Propuesta pedagógica para el uso de laboratorios virtuales como actividad complementaria en las asignaturas teórico-prácticas”. *Revista Mexicana de Investigación Educativa*. 2014, **19**(62), 917-937. <https://www.redalyc.org/pdf/140/14031461013.pdf>
17. LUENGAS, C. L. A.; SÁNCHEZ, P. G.; GUEVARA, B. J. C. *Laboratorio Virtual: Herramienta pedagógica de apoyo en el proceso de enseñanza-aprendizaje. Educación digital y gestión del talento humano en Iberoamérica*. Editor: Corporación Centro Internacional de Marketing Territorial para la Educación y el Desarrollo. Corporación CIMTED. Medellín, Colombia. Primera edición: Julio, 2017. ISBN: 978-958-59518-6-0. Pp. 616-638.
18. RODRÍGUEZ-HEREDIA, D.; BORY-PREVEZ, H. “Empleo del MatLab en la clase práctica de cinética enzimática de Fundamentos de Biotecnología para Ingeniería Química”. *Revista Tecnología Química*. 2018, **XXXVIII** (2), 361-375. ISSN 2224-6185.
19. BORY-PREVEZ, H.; ROJAS-RONDAN, A.; RODRÍGUEZ-HEREDIA, D. “AnaReg\_V1 asistente en MatLab para análisis de sistemas de regulación y ajuste de controladores en Instrumentación y Controles”. *Revista Tecnología Química*. 2024, **44**(1), 122-136. ISSN 2224-6185.
20. MOLINER, VICENTE. “Bioquímica computacional: una potente herramienta para desvelar el origen de la reactividad enzimática”. *Anales de Química de la RSEQ*. 2020, **116**(1). 16-24. e-ISSN 2792-5250. <https://analesdequimica.es/index.php/AnalesQuimica/article/view/1301/1877>
21. MANDOLESI-VALVANO, M. “Desenvolvimento de algoritmos de simulação e modelagem computacional de reações enzimáticas em batelada em linguagem Python”. Curso de Graduação Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia.



Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.  
Faculdade de Ciências Farmacêuticas. 2023. Disponible en:

<https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/518cfd71-e9b0-425f-ac26-47771707eefd/content>

## DECLARACIÓN CONFLICTO DE INTERESES

Los autores no declaran conflictos de intereses.

## CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

**Henry Bory Prevez:** concepción de la idea de la investigación, diseño del programa en MatLab®, planificación, escritura e interpretación de los materiales y métodos y resultados y discusión.

**Ernesto Rojas Martínez:** diseño del programa en MatLab®, escritura e interpretación de los materiales y métodos y resultados y discusión.

**Dunia Rodríguez Heredia:** concepción de la idea de la investigación, planificación, revisión bibliográfica, interpretación de los resultados y redacción del artículo

**Claudia Arias Rodríguez:** redacción del artículo, revisión bibliográfica, fundamentación teórica, interpretación de los resultados.

**Telvia Arias Lafargue:** revisión bibliográfica, fundamentación teórica, interpretación de los resultados.