

DISEÑO DE ESTRATEGIAS Y MATERIALES PARA LA ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE DE LOS PRINCIPIOS BÁSICOS DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR EN LA EDUCACIÓN SECUNDARIA

DESIGN STRATEGIES AND MATERIALS FOR TEACHING AND LEARNING OF THE BASIC PRINCIPLES OF MOLECULAR BIOLOGY IN SECONDARY EDUCATION

Fiorelia Trujillo de Vallejo¹ y Gustavo Adolfo Vallejo²

¹Docente de la Institución Educativa Alberto Santofimio Caicedo, Ibagué, Tolima.

²Director del Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima.

RESUMEN

Existe una enorme brecha entre los conceptos de biología que se enseñan en el bachillerato y los conceptos que se manejan en las universidades europeas, americanas y centros de investigación. Esta brecha es aún profunda entre las universidades y el bachillerato en Latinoamérica. También se reconoce el papel de la educación para la formación de las comunidades científicas de los países desarrollados y en vías de desarrollo. Colombia necesita urgentemente revisar sus currículos de ciencias del bachillerato para la enseñanza de los conceptos básicos de la biología moderna, es decir de la Biología Molecular y preparar desde estos niveles preuniversitarios a una juventud que ingresará a la comunidad científica a través de los diferentes programas de formación de recursos humanos en investigación tanto en pregrado como en postgrado. De acuerdo a lo anterior, el presente trabajo presenta seis módulos prácticos para la enseñanza de una manera ágil y entretenida de los principios básicos de Biología Molecular: 1) Métodos simples para extracción de ADN, 2) Modelos tridimensionales de ADN, 3) Construcción de un modelo de gen nuclear o mitocondrial, 4) Ensamblaje de secuencias de ADN, 5) Identificación de aminoácidos en secuencias de ADN, 6) Introducción a la Bioinformática. Los módulos fueron desarrollados y aplicados con los estudiantes de los grados 10° y 11° de las jornadas mañana y tarde de la Institución Educativa Alberto Santofimio Caicedo de la ciudad de Ibagué. Se discuten las ventajas de estas estrategias para el aprendizaje de la biología molecular en el bachillerato.

PALABRAS CLAVES: Biología Molecular, Bioinformática, ADN, Gen, Genómica, Proteómica.

Recibido: Agosto 30 de 2009

Aceptado: Noviembre 16 de 2009

Correspondencia: Institución Educativa Alberto Santofimio Caicedo, Ibagué – Tolima.

Email: fiorelia_trujillo@hotmail.com.

ABSTRACT

There is a big gap between the concepts of molecular biology that are being taught at the secondary schools and the biology concept that are being learned at the European and American universities and research centres. This gap is yet deep between the universities and the secondary schools in Latin American countries. On the other hand, the education role is recognizable on the formation of the scientific communities in the developed and non developed countries. Colombia needs urgently to revise their science programs at the secondary schools for teaching the basic concepts of the modern biology, in other words, of the molecular biology and to prepare young people that will become members of the scientific community through the programs of human resource formation in research at undergraduate and graduate levels. In accordance to the concepts mentioned above, this work shows six practical modules for teaching the basic concepts of molecular biology with agile and funny ways: 1) Simple methods for extraction of DNA, 2) Tridimensional models of DNA, 3) Building of a nuclear or mitochondrial gene, 4) Assembling of DNA sequences, 5) Identification of amino acids into a sequence of DNA, 6) Introduction to the bioinformatics. The modules were developed and used with the students of 10^o y 11^o levels of the morning and afternoon journeys of the Alberto Santofimio Caicedo Educational Institution in the city of Ibagué. The advantages of these strategies for learning the concepts of molecular biology in the secondary schools are discussed.

KEY WORDS: Molecular biology, Bioinformatics, DNA, Gene, Genomics, Proteomics.

INTRODUCCIÓN

El modelo de doble hélice de ADN fue publicado por James Watson y Francis Crick en el año de 1953 (1). Existe consenso en la comunidad científica que la Biología Molecular Moderna se inició con el modelo de Watson y Crick y en estos años se ha generado un enorme volumen de información que ha cambiado dramáticamente los conceptos básicos de la Biología. De acuerdo a lo anterior, la biología molecular es una ciencia que tiene sólo alrededor de 56 años. La velocidad vertiginosa de su desarrollo se puede evidenciar desde cuando Oswald Avery y colaboradores (2), definieron

la naturaleza molecular del material genético en 1944 y 65 años después el genoma humano está completamente deletreado con las secuencias de la mayoría de los 30.000 genes depositadas en los bancos de DNA, accesibles a nuestras computadoras (3,4,5). Otra muestra asombrosa de esta velocidad es que en 1977, hace sólo 32 años, Friedrich Sanger (6) describe su técnica de los dideoxynucleótidos para secuenciar el DNA, hoy esa técnica ha sido tan perfeccionada y automatizada que varios centros de secuenciamiento en el mundo ya están en capacidad de secuenciar genomas bacterianos completos en un día y ofrecen servicios

a nivel internacional, de manera que desde cualquier parte del planeta se pueden enviar por correo los fragmentos de ADN a ser secuenciados y en 48 horas se pueden recibir vía internet, las secuencias del material enviado (7). Con estas secuencias, se puede por ejemplo, identificar enfermedades genéticas, identificar individuos desaparecidos (Genética Forense), identificar especies animales o vegetales de manera muy precisa (Taxonomía Molecular), identificar blancos terapéuticos para enfermedades infecciosas o parasitarias o para el tratamiento del cáncer, entre otras aplicaciones. En resumen la Biología Molecular representa un caso particularmente interesante en la historia de la ciencia debido a su enorme impacto en el conocimiento actual sobre el funcionamiento de los seres vivos, así como en sus aplicaciones actuales y futuras. Comparados con los profesionales que trabajan en la industria o en la academia universitaria, los profesores de las escuelas primarias y secundarias, permanecen y se sienten aislados de la comunidad científica. Aunque muchos profesores de secundaria son conscientes de que la investigación en las ciencias de la vida, se mueve a pasos agigantados, ellos no tienen una idea precisa del verdadero significado y potencial de estos avances y de sus dramáticos efectos sobre el desarrollo científico y sobre la sociedad en general.

A nivel internacional, recientemente se han emprendido programas tendientes a mejorar la enseñanza de las Ciencias a nivel de bachillerato. Desde el año 2003, el “Laboratorio de Biología

Molecular Europeo” (EMBL de la sigla en inglés)(8) propuso el “Laboratorio Europeo para el aprendizaje de las ciencias de la vida” (ELLS de la sigla en inglés)(9) dentro de un proyecto en red financiado por la Unión Europea y denominado “Educación continuada para los profesores europeos de biología” (CeeBT de la sigla en inglés) y coordinado por la “Organización de Biología Molecular Europea” (EMBO de la sigla en inglés)(10). Estas organizaciones ofrecen cursos y programas a los profesores europeos de secundaria con el objetivo de desarrollar estrategias para llevar los conceptos de la biología molecular al salón de clase. En los países de América Latina y particularmente en Colombia, hasta el momento, no han surgido iniciativas en esta misma dirección. De acuerdo a lo planteado anteriormente, el presente trabajo presenta varias estrategias y materiales desarrollados para la enseñanza y el aprendizaje de una manera ágil y entretenida de los principios básicos de Biología Molecular. Estas estrategias y materiales fueron desarrollados y aplicados con los estudiantes de los grados 10° y 11° de las jornadas mañana y tarde de la Institución Educativa Alberto Santofimio Caicedo de la ciudad de Ibagué con la finalidad de contribuir a un mejor entendimiento de la Biología Molecular desde los niveles preuniversitarios para que estos estudiantes se sientan motivados por la aplicación de la Biología moderna y por los programas de formación de recursos humanos en investigación previstos en cada una de las universidades colombianas.
Materiales y Métodos

Cuando se habla de Biología Molecular, nos referimos al estudio de la estructura y el funcionamiento del ADN, la molécula más importante de los sistemas vivos, que contiene toda la información para la síntesis de nuevas moléculas (ADN, ARN, proteínas) que son responsables por el funcionamiento de los seres vivos. De acuerdo a los estándares básicos de competencias en ciencias naturales y ciencias sociales del Ministerio de Educación nacional de Colombia (11), es precisamente en los grados 8° a 9° y 10° a 11°, en los que los estándares de ciencias buscan el desarrollo de habilidades para que los estudiantes identifiquen la utilidad del ADN como herramienta de análisis genético y su relación con el ambiente y la diversidad de los seres vivos. La Institución Educativa Alberto Santofimio Caicedo desarrolla en la actualidad la modalidad de “Auxiliar de laboratorio” en los grados 10° y 11° con un total de 115 estudiantes, con quienes se desarrollaron seis módulos de trabajo como se describen a continuación:

Módulo 1. Métodos simples para extracción de ADN a partir de diferentes materiales biológicos. El Objetivo de este módulo fue familiarizar a los estudiantes con la existencia del ADN mediante un método simple de extracción de ADN de diferentes materiales biológicos tales, como frutos de kiwi (*Actinidia chinensis*), frutos de fresa (*Fragaria vesca*), frutos de pitahaya (*Scanthocereus pitajaya*) y huevos de pescado bocachico (*Prochilodus reticulatus*). Se utilizó un método sencillo descrito por el Centro de Aprendizaje de Ciencia Genética de la

Universidad de Utah (12), el cual básicamente describe el siguiente protocolo:

- En un recipiente de 100-200 ml, haga una solución con una cucharadita de shampoo y media cucharadita de sal de cocina. Agregue agua destilada hasta un volumen final de 30 mililitros. Disuelva la sal y el shampoo mezclando ligeramente el recipiente sin formar espuma.

- Con un cuchillo plástico, pele y corte medio kiwi o una fresa, una rebanada de pitahaya en pequeños pedazos y agréguelos en la solución de la etapa # 1. Amase la fruta cortada contra las paredes del recipiente con el dorso de una cuchara plástica por 10 minutos. Otro grupo realizará el mismo procedimiento con 10 gramos de huevos de pescado. Mientras un miembro de su grupo amasa la fruta, otro miembro colocará un cono # 2 de filtro de café dentro de un segundo recipiente de 100-250 mililitros. Doble el papel de filtro alrededor del recipiente, de forma que no toque el fondo.

- Filtre la mezcla colocándola dentro del filtro y dejando que la solución drene por varios minutos hasta que obtenga aproximadamente 5 mililitros (que cubra el fondo del recipiente) para probar la presencia de ADN.

- Obtenga un tubo de ensayo con 10 ml de alcohol frío. Para mejores resultados el alcohol debería estar lo más frío posible

- Llene una pipeta plástica con solución filtrada del macerado de fruta o del macerado de huevos de pescado y adicione al alcohol. (El ADN no es soluble en el alcohol. Cuando el alcohol se agrega a la mezcla, los

componentes de la mezcla, con excepción del ADN, permanecen en solución mientras que el ADN se precipita)

Deje la solución en reposo por 3 a 5 minutos sin agitarla. Es muy importante no agitar el tubo de ensayo. Usted puede ver el precipitado de ADN de color blanco. Cuando los resultados obtenidos son buenos, habrá suficiente ADN para enrollarlo con una varilla de vidrio, o con una pipeta Pasteur a la que se ha calentado para formar un gancho en el extremo, y usted así podrá recobrar parte de este ADN. El ADN tiene la apariencia de un moco blanco filamentososo.

Una vez obtenido el ADN precipitado en cada experimento, se guardó en tubos eppendorf, para su posterior purificación en el Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical de la Universidad del Tolima

y comparar mediante electroforesis en gel de agarosa la eficiencia de producción de ADN de alto peso molecular a partir de cada uno de los materiales utilizados.

Módulo 2. Elaboración de modelos tridimensionales de ADN. El objetivo de la elaboración del modelo se relacionó con la comprensión de la estructura de la molécula de ADN, identificando el anti-paralelismo de las dos cadenas simples de ADN, el apareamiento A-T y C-G mediante puentes de hidrógeno y el carácter helicoidal de la doble cadena. Para la construcción de los modelos se utilizaron plantillas como las descritas en la figura 1. Las plantillas fueron impresas, recubiertas con papel contact, recortadas, pegadas en cartón paja y organizadas alrededor de un eje metálico.

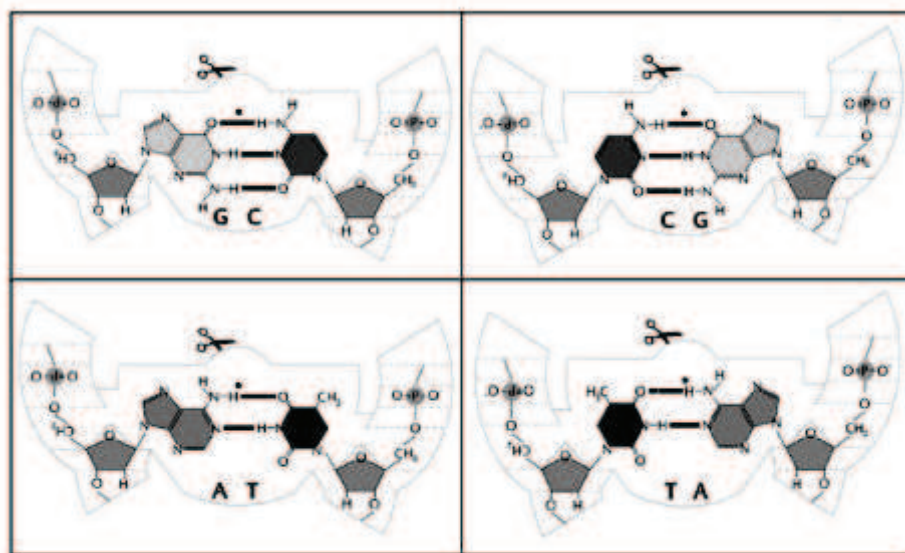


Figura 1. Plantillas para recortar y armar el modelo de doble hélice de DNA.

Módulo 4. Ejercicios sencillos para la comprensión del ensamblaje de secuencias largas de ADN a partir de secuencias cortas de ADN (Proyectos genómicos). El objetivo de este módulo fue la comprensión de la metodología que utilizan los centros de secuenciamiento para obtener largas secuencias a partir de la superposición de secuencias cortas obtenidas en equipos de secuenciamiento. Desde el GenBank, se obtuvo la secuencia del gen del

citocromo b. La secuencia de nucleótidos fue impresa posteriormente dividida en fragmentos lineales de manera que los fragmentos pequeños presentasen superposición en sus extremos. Las secuencias cortas fueron mezcladas y entregadas a cada grupo de estudiantes para que a partir de ellas y mediante la superposición de los extremos, obtuviesen finalmente la secuencia completa del gen, tal como se muestra en los módulos diseñados por Johan Leveau (14) (Figura 3)

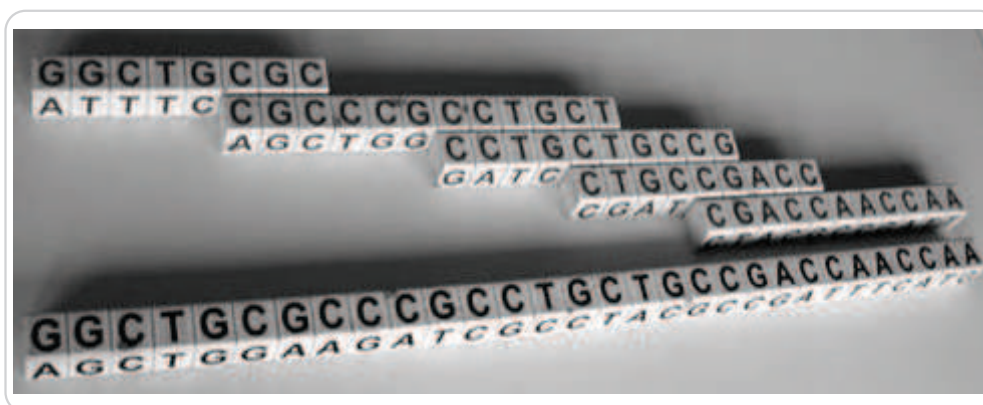


Figura 3: Uso de rompecabezas para deducir una secuencia consenso a partir de secuencias cortas. Tomado de Johan Leveau (14)

Módulo 5. Identificación de las secuencias de aminoácidos a partir de las secuencias de ADN. El objetivo de este módulo fue la comprensión de la traducción del ADN en proteínas, mediante el uso de los tripletos que codifican para los 20 aminoácidos de las proteínas o mediante el uso de una ruleta codificadora de aminoácidos como la que aparece en la figura 4. Cada grupo de estudiantes recibió la

secuencia de la cadena sentido de un gen y con el uso de la ruleta codificadora dedujo la secuencia de aminoácidos. Como un ejercicio básico de bioinformática, la secuencia de aminoácidos obtenida por los estudiantes, fue utilizada para efectuar un BLAST (17) contra una base de proteínas y así identificar la proteína.

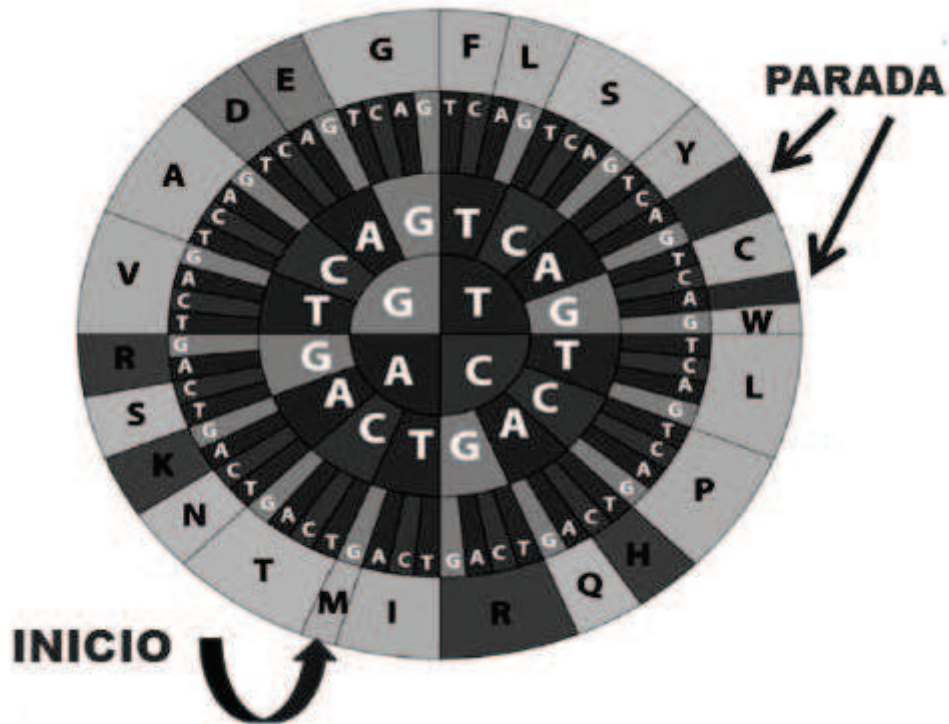


Figura 4. Ruleta codificadora de aminoácidos a partir de secuencias de ADN. Tomado de http://www.ebi.ac.uk/training/pdf/scifest_factsheets.pdf (15)

Módulo 6. Utilización del programa DECODE y BLAST como actividad lúdica para comprender los principios básicos de la Bioinformática. El objetivo de este módulo fue introducir a los estudiantes en los conceptos básicos de la bioinformática mediante ejercicios sencillos como la búsqueda de similitud entre los nombres y apellidos de los estudiantes y una base

de proteínas, utilizando el programa DECODE (16) o la búsqueda de similitud entre palabras como ANA, ADRIANA, MARIANA y otros nombres de personas que puedan construirse con la ruleta codificadora de aminoácidos (figura 4) y una base de proteínas, utilizando el programa de búsqueda de similitud de secuencias, BLAST del NCBI (17).

Resultados y Discusión

Métodos simples para extracción de ADN

La figura 5 muestra las diferentes etapas utilizadas por los estudiantes para extraer ADN utilizando reactivos caseros. Uno de los objetivos de este método sencillo de extracción, fue mostrar al estudiante que el ADN es una macromolécula filamentosa que precipita en presencia de alcohol, de manera que él pueda concluir que el ADN es la molécula de gran tamaño que se encuentra en el interior de la célula. Para afianzar este concepto, paralelamente se explicó el tamaño y el contenido de ADN en pares de bases de los diferentes organismos, desde las bacterias hasta los animales y vegetales. En todos los casos se observaron largos filamentos de material precipitado, los cuales presentaron la misma apariencia del material que precipita cuando se usan los métodos convencionales para purificación de ADN. Dada la sencillez del método, se espera que este material precipitado contenga cantidades importantes de pectinas en el caso de utilizar material vegetal o de glicoproteínas en el caso de utilizar material de origen animal. Para evidenciar que en este material precipitado hay presencia de ADN de alto peso molecular, el material se depositó en tubos eppendorf, se sometió a purificación mediante fenol-

cloroformo-alcohol isoamílico, se precipitó con etanol frío y se corrió en gel de agarosa al 1%. El resultado se muestra en la figura 6, en donde se observa que las muestras vegetales presentan ADN de alto peso molecular, en particular los frutos de kiwi presentaron alto rendimiento de ADN, convirtiéndolo en el material ideal para este tipo de extracciones con reactivos caseros. Por el contrario los huevos de pescado presentaron alto rendimiento de ARN, pero no de ADN de alto peso molecular, indicando que no es el material indicado para estas extracciones. Uno de los métodos más utilizados para purificación de ADN en diferentes laboratorios del mundo, es el uso de una mezcla de fenol-cloroformo-alcohol isoamílico con posterior precipitación del ADN con acetato de amonio y etanol frío. Este método tiene limitaciones para ser utilizado por estudiantes de secundaria debido al elevado precio de los reactivos y a que el fenol es altamente cáustico. Otros métodos como los kits que utilizan columnas de purificación (Quiagen, Wizard, etc.), presentan baja toxicidad, pero su elevado costo impide su uso con estudiantes de secundaria. El uso de reactivos caseros como los utilizados en este módulo, elimina el riesgo de toxicidad y debido a su bajo costo permite su uso en la secundaria.



Figura 5. Algunas etapas de extracción de ADN utilizando reactivos caseros

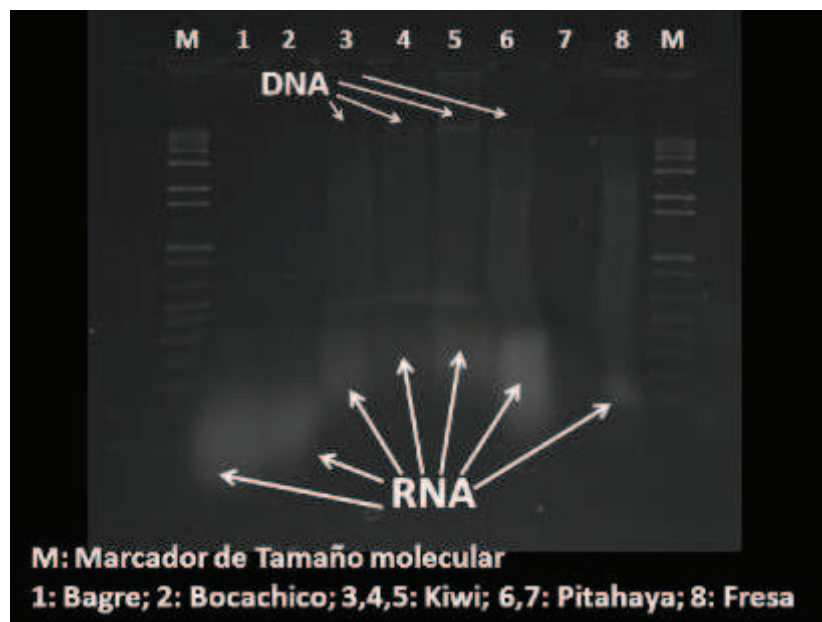


Figura 6. Electroforesis en agarosa al 1%, mostrando ADN de alto peso molecular y ARN procedente del material precipitado con reactivos caseros.

Elaboración de modelos tridimensionales de ADN

La figura 7 muestra diferentes etapas de la construcción del modelo. Este modelo es semejante al modelo de doble hélice de Watson y Crick, de manera que el módulo constituye la oportunidad de relatar la historia de la construcción del modelo en los años previos a 1953 cuando apareció su

publicación en la revista Nature. Los estudiantes se ven particularmente interesados por el modelo al percibir que un modelo similar como el que ellos están construyendo, fue el que permitió la obtención del premio nobel por parte de James Watson, Francis Crick y Maurice Wilkins en el año de 1962.



Figura 6: Diferentes etapas en la construcción de modelos tridimensionales de ADN.

Construcción de un modelo tridimensional del gen de la Beta-Actina humana

Los modelos de ADN obtenidos mediante el uso de técnicas de papiroflexia, fueron desarrollados originalmente en el Instituto Sanger de

Inglaterra (13). Estos modelos se han utilizado para representar la secuencia de diferentes genes. En el presente trabajo se ha proyectado la construcción de la beta-actina humana, la cual posee 3060 pares de nucleótidos, con la participación de los

115 estudiantes de los grados 10° y 11° de la Institución Educativa Alberto Sanofimio Caicedo, cuyo ensamblaje final está previsto para la última semana del mes de octubre del 2009, cuando se celebrará la feria de la ciencia de la Institución Educativa. El modelo no se ha ensamblado desde ahora pues debido a la fragilidad del material, es posible que se estropee antes de ser presentado a la comunidad educativa. Recientemente 124 estudiantes de la Universidad de Huddersfield y de los colegios vecinos en Queensgate, Huddersfield, Reino Unido, obtuvieron el record Guinness en 2008, por construir el modelo de ADN más largo, con una longitud de 21,5 metros que contenía la secuencia del gen de la insulina humana consistente en 1.118 pares de bases. Es de anotar que este modelo está formado de múltiples piezas de

material acrílico para ensamblar, pero que representan los grupos fosfato, las desoxirribosas y las cuatro bases nitrogenadas, por sus elevados costos no es posible aplicarlo en nuestros colegios. El modelo de papiroflexia construido por nosotros en papel pergamino, es un modelo de bajo costo y de solidez aceptable. Por otro lado, la participación de los 115 estudiantes en la construcción del modelo genera sentido de pertenencia al proyecto y educa a los estudiantes sobre la importancia del trabajo colaborativo. Quienes quieran elaborar modelos semejantes, tienen la posibilidad de escoger cualquiera de los 30.000 genes nucleares o de los 37 genes mitocondriales humanos. La figura 8 muestra diferentes etapas de la construcción del gen de la beta-actina humana.

Figura 8:
diferentes etapas para la construcción del modelo tridimensional del gen de la Miosina humana, utilizando técnicas de papiroflexia



Ejercicios sencillos para la comprensión del ensamblaje de secuencias largas de ADN a partir de secuencias cortas de ADN

Estos ejercicios sencillos permitieron la comprensión de los proyectos genómicos que se vienen adelantando en muchos laboratorios del mundo. Los ejercicios se pueden efectuar con los nucleótidos impresos en tiras de papel, que contienen las secuencias parciales de un gen y posteriormente buscando la superposición de las secuencias en sus extremos, se logra deducir la secuencia completa del gen. Es así como se utilizan los “contigs” en los proyectos de secuenciamiento. Este módulo permite introducir al estudiante al concepto de gen y

genoma y al entendimiento de los proyectos genómicos.

Identificación de las secuencias de aminoácidos a partir de las secuencias de ADN

El uso de la ruleta codificadora de aminoácidos y de diversas secuencias de ADN, permitió la deducción de una secuencia de aminoácidos a partir de una secuencia de nucleótidos. El módulo tiene la posibilidad de introducir al estudiante al concepto de proteoma de un organismo en particular. La figura 9 muestra varias etapas del uso de la ruleta codificadora de aminoácidos para deducir la secuencia de una proteína a partir de una secuencia de ADN.



Figura 9. Uso de la ruleta codificadora de aminoácidos (figura 4) para deducir la secuencia de una proteína a partir de una secuencia de ADN.

Utilización del programa DECODE y BLAST como actividad lúdica para comprender los principios básicos de la Bioinformática

El programa DECODE (16) puede ser usado on-line, es particularmente interesante para los estudiantes, por cuanto ellos pueden verificar la existencia de una proteína que contiene las letras de su nombres y apellidos codificando para aminoácidos. Esto en esencia es un ejercicio de similaridad que introduce al estudiante al fundamento de la bioinformática. Lo más interesante para los estudiantes es utilizar el programa BLAST (17) para averiguar si un nombre como ADRIANA, escrito en formato FASTA, se encuentra en la secuencia de alguna proteína. Cuando el estudiante descubre que su nombre puede estar escrito en la secuencia de una proteína manifiesta particular interés por los fundamentos de la bioinformática. Para efectuar estos ejercicios, basta con tener en el colegio un computador conectado a Internet.

Agradecimientos

Lo autores agradecen al Dr. Julio César Carranza Martínez MSc, PhD, a la bióloga Lina Marcela Villa Villamil y a la Licenciada Yurani Eresbey Granada Garzón del Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical de la Universidad del Tolima, por el entrenamiento en las técnicas básicas en Biología Molecular recibido por Florelia Trujillo de Vallejo durante el semestre A de 2009.

BIBLIOGRAFÍA

1. Watson J.D. and Crick F.H.C. (1953). A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature* 171, 737-738 (1953).
2. Oswald T. Avery, Colin M. MacLeod, and Maclyn McCarty. (1944). Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types: induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III. *J. Exp. Med.* 79: 137-158.
3. NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. Base de datos de secuencias de DNA anotadas y disponibles públicamente: GenBank® [en línea]. Disponible en internet: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>>.
4. EUROPEAN MOLECULAR BIOLOGY LABORATORY. Base de secuencias de nucleótidos del EMBL (conocida también como EMBL-Bank). [en línea]. Disponible en internet: <<http://www.ebi.ac.uk/embl/index.html>>.
5. DNA DATABASE OF JAPAN. Es un banco de DNA de secuencias de nucleótidos en Asia conocidas también como DDBJ. [en línea]. Disponible en internet: <<http://www.ddbj.nig.ac.jp/intro-e.html>>.
6. Sanger F, Nicklen S, Coulson AR., DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. (1977). *Proc Natl Acad Sci U S A.* 74(12):5463-5467
7. MACROGEN. Empresa que ofrece

- servicios de secuenciamiento de DNA en Corea, Japón y Estados Unidos [en línea]. Disponible en internet: <<http://www.macrogen.com/eng/sequencing/endncdna.jsp>>
8. EMBL. Laboratorio de Biología Molecular Europeo. Organización europea que ofrece servicios de entrenamiento en biología molecular para los profesores europeos de secundaria. [en línea]. Disponible en internet: <<http://www.embl.de/training/index.html>>.
 9. ELLS. European Learning Laboratory for the Life Sciences. Programa auspiciado por el EMBL para la capacitación y actualización de los profesores de secundaria europeos en la enseñanza de la biología molecular. [en línea]. Disponible en internet: <http://www.embl.de/training/scienceforschools/index.html>.
 10. EMBO. European Molecular Biology Organization. Esta organización europea, promueve la excelencia en los estudios moleculares de las Ciencias de la Vida. [en línea]. Disponible en internet: <http://www.embo.org/programmes/courses-workshops.html>
 11. Ministerio de Educación Nacional de Colombia (2004). Formar en Ciencias; ¡El desafío!. Estándares de Competencias en Ciencias Naturales y Ciencias Sociales. 47 pp.
 12. Genetic Science Learning Center (2010, October 8). Cómo extraer ADN de cualquier cosa viviente. Learn.Genetics. Retrieved November 28, 2010, from Disponible en internet: <http://learn.genetics.utah.edu/es/units/activities/extraction/>
 13. WELLCOME TRUST SANGER INSTITUTE'S. Your genome org. [en línea]. Disponible en internet: <http://www.yourgenome.org/teachers/origami.shtml>.
 14. Laveau Johan. Fun with genomes: the Mycomuncher DNA Puzzle. [en línea]. Disponible en internet: <http://www.scienceinschool.org/print/255><http://www.scienceinschool.org/print/255>
 15. WELLCOME TRUST SANGER INSTITUTE'S. Your genome org. Translating de genetic code. Programa para ser utilizado en las escuelas de secundaria. [en línea]. Disponible en internet: http://www.yourgenome.org/dgg/detailed/cell/cell_3.shtml.
 16. EMBL-EBI. Science for Schools. deCODE: Programa para convertir su nombre en el código de DNA y buscar si existe alguna proteína con su nombre dentro de la secuencia de los aminoácidos. Este programa fue producido por la Semana de la Ciencia desarrollada en Cambridge en el año 2005. [en línea]. Disponible en internet: <http://www.ebi.ac.uk/training/schools/decode/>
 17. NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (NCBI). Basic Local Alignment Search Tool (BLAST): Programa para búsqueda de similitud de las secuencias de DNA o de Proteínas. [en línea]. Disponible en internet: <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>