

# CONTRIBUIÇÕES DE WATSON E CRICK NO ENSINO DE CIÊNCIAS: ASPECTOS CRIAÇÃO DA VIDA SOB O PRISMA HISTÓRICO



## SANDRA ADELINA DE MENDONÇA ALVES

Graduação em Pedagogia pela Universidade São Marcos (2002); Especialista em Psicopedagogia pela UNIFAI (2005); Professora de Ensino Fundamental I na EMEF Joaquim Nabuco - SP, Professora de Educação Básica na EE. Valentim Gentil - SP..

## RESUMO

O presente trabalho visa apresentar possibilidades estratégicas sobre a influência de James Watson e Francis Crick no ensino de ciências, enquanto proposta biológica assim como aspectos cognitivos. O objeto tem delimitação quanto a considerações sobre a teoria do processo de criação da vida. A hipótese do presente instrumento tem a pretensão de evidenciar possíveis considerações quanto ao direcionamento da teoria biológica voltada ao ensino de ciências. Desta forma, o objetivo do presente instrumento é analisar a teoria voltada ao aspecto químico-biológico de James Watson e Francis Crick na criação da vida sob uma perspectiva histórica. O presente projeto versará sobre 3 eixos temáticos previamente determinados, Criação da Vida, ensino de ciências e Watson e Crick, e os métodos empregados versaram sobre a realização desta pesquisa com abordagem qualitativa. Sua descrição procedimental é bibliográfica (GIL, 2002). Pode-se perceber que os achados e sistematização de Watson e Crick versava sobre aspectos notáveis na fundamentação entre o racional e empirismo, utilizando a linguagem matemática, em princípio, discorrendo, posteriormente, para as considerações químicas-biológicas, acerca da modelagem. Portanto, é um terreno que pode ser explorado em inúmeras vertentes, e que aos poucos pode se adaptar com proposta pedagógica (modelagem em ciências, caminho metodológico, por exemplo).

**PALAVRAS-CHAVE:** Watson; Crick; Ácido Desoxirribonucleico; Criação da Vida; Genoma Humano.

## INTRODUÇÃO

O presente trabalho visa apresentar possibilidades estratégicas sobre a influência de James Watson e Francis Crick no ensino de ciências, enquanto proposta biológica assim como aspectos

cognitivos. O objeto tem delimitação quanto a considerações sobre a teoria do processo de criação da vida. A hipótese do presente instrumento tem a pretensão de evidenciar possíveis considerações quanto ao direcionamento da teoria biológica voltada ao ensino de ciências. Desta forma, o objetivo do presente instrumento é analisar a teoria voltada ao aspecto químico-biológico de James Watson e Francis Crick na criação da vida sob uma perspectiva histórica. O presente projeto versará sobre 3 eixos temáticos previamente determinados, Criação da Vida, ensino de ciências e Watson e Crick, e os métodos empregados versaram sobre a realização desta pesquisa com abordagem qualitativa. Sua descrição procedimental é bibliográfica (GIL, 2002). O presente instrumento justifica-se no âmbito da evidência quanto a aplicabilidade do objetivo apresentado. E, desta forma, o caminho metodológico foi estruturado em três etapas: 1) levantamento e revisão da literatura; 2) coleta de dados, 3) interpretação dos dados. A primeira etapa consistiu no levantamento e revisão da literatura. Foram consultadas: bibliotecas virtuais, bases eletrônicas e periódicos. Na segunda etapa os dados foram coletados. O material disposto do instrumento foi a produção acadêmica das Bases da Química/Biologia, Empirismo e Criação da Vida. Na terceira etapa foi utilizada a técnica análise de conteúdo. O presente instrumento foi estruturado em apresentação teórico/contextual das palavras-chave apresentadas em primeiro momento. Logo após as devidas considerações teóricas serão apresentadas propostas sobre a reflexão dos eixos estudados.

## DESENVOLVIMENTO

Em abril de 1953, uma resposta ao enigma essencial dos organismos vivos foi discretamente apresentada em um breve artigo. Publicado sem alarde na revista científica *Nature*, o artigo esclarecia como as instruções genéticas nos organismos eram preservadas e transmitidas para a próxima geração. Pela primeira vez, descrevia a estrutura dupla do ácido desoxirribonucleico (DNA), a molécula que contém as informações genéticas (GRIBBIN, 1985, p. 10).

Os responsáveis pelo artigo eram James Watson, um biólogo americano de 29 anos, e seu colega, o físico britânico Francis Crick. Desde 1951, ambos estavam dedicados ao desafio de decifrar a estrutura do DNA, trabalhando no Cavendish Laboratory da Universidade de Cambridge, sob a orientação do diretor, Sir Lawrence Bragg. Naquela época, o DNA era um tema de grande interesse, e a compreensão de sua estrutura parecia estar próxima. No início da década de 1950, equipes da Europa, Estados Unidos e União Soviética competiam para serem as primeiras a decifrar o formato tridimensional do DNA, o modelo esquivo que permitia que a molécula transportasse dados genéticos de forma quimicamente codificada, repetindo-se de maneira completa e precisa. Esse processo garantia a transmissão consistente dos mesmos dados genéticos para a progênie ou células-filhas, incluindo as gerações subsequentes (JUSTINA, 2000, p. 796).

A identificação da molécula de DNA não ocorreu em 1953, como geralmente se acredita, e Crick e Watson não foram os pioneiros na compreensão de sua composição. A pesquisa sobre o DNA possui uma história mais extensa. No final do século XIX, o biólogo alemão Walther Flemming observou a formação de estruturas em formato de X (posteriormente chamadas de cromossomos) dentro das células durante o processo de divisão. Em 1900, as experiências de hereditariedade conduzidas por Gregor Mendel com plantas de ervilha foram redescobertas, marcando a primeira

sugestão de unidades hereditárias em pares, posteriormente chamadas de genes. Na mesma época da redescoberta de Mendel, os experimentos independentes realizados pelo médico americano Walter Sutton e pelo biólogo alemão Theodor Boveri revelaram que um conjunto de cromossomos (estruturas em forma de bastão que contêm os genes) é transmitido de uma célula em divisão para cada uma de suas células filhas. A teoria resultante, conhecida como a teoria Sutton-Boveri, propôs que os cromossomos são portadores de material genético (MILNER, 2004, p. 8).

Isso levou mais cientistas a investigar as misteriosas estruturas em forma de X. Em 1915, o biólogo americano Thomas Hunt Morgan demonstrou que os cromossomos eram, de fato, portadores de informações sobre hereditariedade. O passo seguinte foi a análise das moléculas constituintes dos cromossomos - moléculas que poderiam ser candidatas a serem os genes. Na década de 1920, surgiram duas classes de moléculas potenciais: as histonas, categorizadas como proteínas, e os ácidos nucleicos, que haviam sido previamente identificados quimicamente como nucleína, em 1869, pelo biólogo suíço Friedrich Miescher. Gradualmente, Phoebus Levene, um bioquímico russo-americano, juntamente com outros pesquisadores, delineararam os principais constituintes do DNA em detalhes crescentes, reconhecendo-os como unidades nucleotídeas. Essas unidades eram compostas por açúcar desoxirribose, um fosfato e uma entre quatro subunidades denominadas bases. No final da década de 1940, a compreensão da estrutura fundamental do DNA evoluiu para a concepção de um polímero gigante, uma extensa molécula constituída por unidades repetidas, ou monômeros. Em 1952, experimentos envolvendo bactérias confirmaram que o DNA, não as proteínas nos cromossomos, era a entidade física que carregava a informação genética (FUJII, 2010, p. 152).

Durante esse período, os pesquisadores envolvidos nessa intensa investigação empregaram várias ferramentas avançadas, incluindo a técnica de cristalografia de difração de raios X. Nessa abordagem, os raios X eram direcionados através de cristais de uma substância, e a peculiar geometria do cristal, em relação ao seu conteúdo atômico, resultava na difração ou curvatura dos raios X à medida que atravessavam o cristal. Os padrões resultantes, manifestados como pontos, linhas e áreas difusas, eram registrados em filme fotográfico. Invertendo esse processo, a partir desses padrões, os pesquisadores eram capazes de decifrar os detalhes estruturais dentro do cristal. Essa empreitada não era trivial, e a cristalografia de raios X, anteriormente empregada para estudar padrões luminosos em lustres de cristal, demandava habilidade para calcular as formas e posições de cada peça de vidro no lustre. A equipe de pesquisa do Cavendish Laboratory, no Reino Unido, estava decidida a superar os cientistas americanos liderados por Linus Pauling. Em 1951, Pauling e seus colegas, Robert Corey e Herman Branson, já haviam feito uma descoberta significativa na biologia molecular ao corretamente propor que várias moléculas biológicas, incluindo a hemoglobina responsável pelo transporte de oxigênio no sangue, apresentavam uma estrutura em forma de hélice de saca-rolhas. Pauling nomeou esse modelo molecular de hélice-alpha (MENEHINI, 2003, p. 9).

A descoberta de Pauling representou um revés para o Cavendish Laboratory, pois ele tinha em sua posse a estrutura precisa do DNA. Então, no início de 1953, Pauling propôs que a estrutura do DNA era uma hélice tripla. Durante esse mesmo período, James Watson estava trabalhando no Cavendish Laboratory. Com apenas 25 anos, Watson era jovem e entusiasmado, possuindo dois

diplomas em zoologia. Ele havia estudado genes e ácidos nucleicos de bacteriógrafos, que são vírus que infectam bactérias. Por outro lado, Francis Crick, com 37 anos, era biofísico e tinha interesse em neurociência, com estudos sobre proteínas, ácidos nucleicos e outras moléculas gigantes em organismos vivos. Ele observou a equipe do Cavendish se esforçando para superar Pauling na concepção da hélice-alpha e, posteriormente, analisou as suposições equivocadas e esforços exploratórios que levaram a um impasse (PISABARRO, 2006, p. 111).

Tanto Watson quanto Crick tinham experiência em cristalografia de raio X, embora em campos distintos, e começaram a ponderar colaborativamente sobre duas questões que os fascinavam: como o DNA, enquanto uma molécula física, codifica informações genéticas e como essas informações são traduzidas nas partes de um sistema vivo? Conscientes do sucesso de Pauling com o modelo de hélice-alpha para proteínas, no qual a molécula se enrola ao longo de um único caminho em formato de saca-rolha, repetindo sua estrutura principal a cada 3,6 voltas, Watson e Crick também perceberam que as evidências mais recentes não sustentavam o modelo de hélice tripla proposto por Pauling para o DNA. Essa inconsistência os levou a considerar a possibilidade de o modelo evasivo não ser nem de hélice única nem de hélice tripla (ULRICH, 2014, p. 6).

Ao invés de conduzirem experimentos, eles coletaram dados de diversas fontes, incluindo resultados de experimentos químicos que forneciam informações sobre os ângulos das ligações entre os muitos átomos que compunham os subgrupos do DNA. Além disso, aproveitaram seu conhecimento em cristalografia de raio X e consultaram pesquisadores que tinham obtido imagens de DNA e outras moléculas semelhantes de qualidade superior. Uma dessas imagens, conhecida como "foto 51", desempenhou um papel crucial em sua descoberta (GRIFFITHS, 2002, p. 26).

A "foto 51" era uma imagem de difração de raio X do DNA capturada através das fendas de uma persiana, turva aos nossos olhos, mas na época, era uma das imagens mais nítidas e informativas das fotografias de raio X do DNA. A autoria da foto é objeto de debate, mas ela provém do laboratório da biofísica britânica Rosalind Franklin, especialista em cristalografia de raio X, e de seu aluno de graduação, Raymond Gosling, do King's College, em Londres (McGRAYNE, 1994, p. 12). Ambos foram creditados pela imagem em momentos distintos. Maurice Wilkins, um físico interessado em biologia molecular, também estava envolvido em pesquisas no King's College. No início de 1953, possivelmente em uma quebra de protocolo científico, Wilkins mostrou a James Watson as imagens capturadas por Franklin e Gosling, sem a permissão ou conhecimento destes últimos. O americano reconheceu imediatamente a importância das imagens e compartilhou as implicações imediatamente com Crick. De repente, seu trabalho estava na direção certa (MAYR, 1998).

A partir desse ponto, a sequência exata dos eventos não é clara, e os relatos subsequentes sobre as descobertas são conflitantes. Em rascunhos não publicados, Franklin descreveu suas reflexões sobre a estrutura e o formato do DNA, e essas considerações foram incorporadas por Watson e Crick enquanto discutiam suas diversas propostas. A ideia principal, influenciada pelo modelo de hélice-alpha de Pauling e respaldada por Wilkins, estava centrada em algum tipo de padrão helicoidal de repetição na molécula gigante. Uma das ponderações de Franklin foi se a "espinha dorsal" estrutural, composta por uma cadeia de subunidades de fosfato e açúcar desoxirribose, era o núcleo, com as bases projetadas para fora, ou vice-versa. Outro colaborador valioso foi o biólogo austro-britânico Max Perutz, posteriormente agraciado com o Prêmio Nobel de Química em 1962

por seu trabalho na estrutura da hemoglobina e de proteínas (LEWIS, 2000, p. 180).

Perutz também teve acesso aos relatórios não publicados de Franklin e os compartilhou com Watson e Crick, que continuavam a expandir sua rede de contatos. Eles aderiram à ideia de que as espinhas dorsais ficavam do lado de fora, com as bases apontando para dentro, possivelmente se unindo em pares. Recortaram e manipularam formas em papelão representando as subunidades moleculares: fosfatos e açúcares na espinha dorsal, e os quatro tipos de bases - adenina, timina, guanina e citosina. Em 1952, durante um encontro com o bioquímico Erwin Chargaff, originário da Áustria, foi formulada a primeira regra de Chargaff, que afirmava que as quantidades de guanina e citosina no DNA são equivalentes, assim como as quantidades de adenina e timina. Embora alguns experimentos tenham ocasionalmente indicado que todas as quatro quantidades eram praticamente iguais, variações foram consideradas, em etapas posteriores, como erros metodológicos, estabelecendo a aceitação de quantidades iguais das quatro bases como uma regra geral. Ao dividir as quantidades de bases em dois conjuntos de pares, Chargaff trouxe esclarecimento à estrutura do DNA. Watson e Crick passaram a conceber a adenina como exclusivamente ligada à timina, e a guanina à citosina. Ao reunir os fragmentos de papelão para compor seu quebra-cabeça tridimensional, os dois cientistas manipularam uma grande quantidade de dados, combinando elementos matemáticos, imagens de raios X, seus próprios conhecimentos sobre ligações químicas e ângulos, além de outros dados, todos aproximados e sujeitos a margens de erro. A descoberta crucial ocorreu quando perceberam que pequenos ajustes nas configurações de timina e guanina permitiam o encaixe das peças, formando uma distintiva hélice-dupla, na qual os pares de bases se conectavam ao centro. Ao contrário da hélice- $\alpha$  proteica, que tinha 3,6 subunidades em uma volta completa, o DNA apresentava aproximadamente 10,4 subunidades por volta (MAYR, 1998, p. 49).

O modelo proposto por Watson e Crick consistia em duas espinhas dorsais helicoidais ou em formato de saca-rolha compostas de fosfato e açúcar, entrelaçadas como duas escadas, conectadas por pares de bases que desempenhavam o papel de degraus. A sequência das bases funcionava como letras em uma frase, representando todas as unidades de informação que se combinavam para formar uma instrução geral, ou gene. Este, por sua vez, ditava à célula como produzir uma proteína específica ou outra molécula que materializasse os dados genéticos, desempenhando um papel específico na construção e função da célula. Cada par de bases é único devido ao que os químicos chamam de ligações de hidrogênio. Essas ligações podem ser facilmente formadas e desfeitas, permitindo que as seções da hélice-dupla sejam desenroladas, expondo o código de bases como um modelo para a criação de uma cópia. Essa capacidade de compactação e descompactação resultou em dois processos. Primeiramente, uma cópia espelho complementar do ácido nucleico poderia ser gerada a partir da metade da hélice-dupla, carregando sua informação genética na forma da sequência de bases. Posteriormente, ela sairia do núcleo celular para participar na produção de proteínas (TÖRRÖNEN, 2006, p. 5).

Em segundo lugar, quando toda a extensão da hélice-dupla fosse desenrolada, cada parte atuaria como modelo para construir um novo parceiro complementar, resultando em duas extensões de DNA idênticas à original e entre si. Nesse contexto, o DNA era replicado à medida que as células se dividiam, contribuindo para o crescimento e a reparação ao longo da vida do organismo. Além disso, as células sexuais, como os espermatozoides e os óvulos, carregavam seu conjunto

de genes para formar um óvulo fertilizado, marcando assim o início da próxima geração (LEWIS, 2000, p. 192).

Em 28 de fevereiro de 1953, celebrando a descoberta, Watson e Crick foram almoçar no The Eagle, uma das hospedarias mais antigas de Cambridge, frequentada por colegas do Cavendish e de outros laboratórios. Dizem que Crick surpreendeu os presentes ao anunciar que ele e Watson haviam decifrado o segredo da vida, conforme registrado por Watson em seu livro "A Dupla Hélice", embora Crick tenha negado essa afirmação. Em 1962, Watson, Crick e Wilkins foram agraciados com o Prêmio Nobel de Fisiologia ou Medicina pelas descobertas relacionadas à estrutura molecular dos ácidos nucleicos e sua importância na transferência de informações em material vivo. Contudo, o prêmio foi alvo de controvérsias, pois Rosalind Franklin, nos anos anteriores, recebeu pouco crédito oficial por suas contribuições, ao produzir imagens de raio X e redigir relatórios cruciais para a pesquisa de Watson e Crick. Franklin faleceu de câncer de ovário em 1958, aos 37 anos, tornando-se inelegível para o Prêmio Nobel em 1962, uma vez que os prêmios não são concedidos postumamente. Algumas opiniões argumentaram que o prêmio deveria ter sido concedido anteriormente, incluindo Franklin como uma das laureadas, mas as regras permitiam no máximo três laureados (MARTINS, 2000, p. 44).

Depois de suas notáveis contribuições, Watson e Crick conquistaram renome global, prosseguindo com suas pesquisas em biologia molecular e recebendo inúmeros prêmios e reconhecimentos. Com a estrutura do DNA agora revelada, o próximo grande desafio era decifrar o código genético. Até 1964, os cientistas elucidaram como a sequência de bases se traduzia nos aminoácidos que compõem proteínas específicas e outras moléculas essenciais para a vida. Na atualidade, os cientistas conseguem identificar as sequências de bases de todos os genes de um organismo, conhecido coletivamente como seu genoma. Possuem a capacidade de manipular o DNA, deslocando genes, removendo-os de regiões específicas do DNA e inserindo-os em outras. Em 2003, o Projeto do Genoma Humano, uma colaboração científica sem precedentes em escala internacional, alcançou um feito extraordinário ao proclamar o término do mapeamento do genoma humano. Esta conquista monumental representou a culminação de décadas de esforço coletivo, revelando uma sequência intrincada e complexa composta por mais de 20 mil genes (NOUVEL, 2001, p. 33). O impacto dessa realização transcende os limites da biologia, permeando profundamente os campos da medicina, da biotecnologia e da ética. A descoberta revolucionária de Crick e Watson, décadas antes, lançou as bases para uma nova era na biologia molecular. Ao desvendar a estrutura em dupla hélice do DNA, eles abriram as portas para uma série de avanços, incluindo a engenharia genética e a terapia gênica. Essas técnicas inovadoras prometem revolucionar não apenas a forma como compreende-se a vida, mas também a maneira como a manipula-se e a utiliza-se para o benefício da humanidade. A engenharia genética, possibilitada pela compreensão mais profunda do genoma humano, oferece um vasto leque de aplicações potenciais. Desde a modificação de plantas para aumentar sua resistência a pragas até a criação de terapias personalizadas para tratar doenças genéticas, as possibilidades são praticamente infinitas. No entanto, essa capacidade de manipular o código genético também levanta questões éticas complexas e desafios regulatórios que precisam ser cuidadosamente considerados e abordados. Além disso, vale destacar que, a terapia gênica emergiu como uma promissora abordagem médica para tratar uma variedade de doenças, desde distúrbios genéticos hereditários até cânceres e doenças degenerativas. Ao utilizar vetores virais

ou outras técnicas para introduzir material genético corretivo nas células do paciente, os cientistas estão explorando novas fronteiras no tratamento de condições anteriormente consideradas incuráveis. No entanto, é importante reconhecer que o poder da engenharia genética e da terapia gênica também traz consigo responsabilidades significativas. À medida que se avança no domínio dessas tecnologias revolucionárias, é essencial garantir que sua aplicação seja guiada por princípios éticos sólidos e que os riscos potenciais sejam cuidadosamente avaliados e mitigados. Em última análise, a conclusão do Projeto do Genoma Humano e os avanços subsequentes na engenharia genética e na terapia gênica representam uma virada de página na história da humanidade. Essas conquistas não apenas expandem nosso conhecimento sobre a natureza da vida, mas também nos capacitam a moldar ativamente nosso próprio destino biológico.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Ao longo dos séculos, a busca pelo segredo da vida e sua finalidade tem gerado questões de extrema pertinência, especialmente no contexto histórico, químico e biológico. Compreender a criação e o desenvolvimento dos seres vivos, em particular da espécie humana, torna-se imperativo para desvendar os mistérios da existência. Nesse sentido, os achados e a sistematização de Watson e Crick representam um marco significativo, proporcionando insights fundamentais na interseção entre o racionalismo e o empirismo. Ao utilizar uma linguagem inicialmente matemática, Watson e Crick estabeleceram as bases para uma abordagem rigorosa e precisa na investigação da estrutura e funcionamento do material genético. Posteriormente, expandiram suas considerações para incluir aspectos químicos e biológicos, adentrando na complexa modelagem que caracteriza a vida em seu nível mais íntimo. Assim, o terreno desbravado por Watson e Crick não se limita a um campo específico, mas abre portas para uma multiplicidade de vertentes de pesquisa e exploração. A modelagem em ciências, por exemplo, emerge como um caminho metodológico valioso, possibilitando a tradução das descobertas teóricas em aplicações práticas e compreensíveis. Dessa forma, o estudo da vida e de seus segredos revela-se como um empreendimento multidisciplinar e em constante evolução. Através da interação entre diferentes áreas do conhecimento, como a matemática, a química e a biologia, podemos desvendar os enigmas que permeiam a existência e, ao mesmo tempo, promover uma educação mais integrada e contextualizada. À medida que avançamos no entendimento da vida, é essencial adaptar nossas abordagens pedagógicas para refletir essa complexidade crescente. A modelagem em ciências, com sua ênfase na experimentação e na interdisciplinaridade, surge como uma ferramenta poderosa para envolver os alunos em uma jornada de descoberta e aprendizado significativo. Portanto, o legado de Watson e Crick não apenas nos oferece insights profundos sobre a natureza da vida, mas também nos inspira a explorar novos horizontes e a cultivar uma compreensão mais profunda e holística do mundo que nos cerca.

## REFERÊNCIAS

FUJII, T. M. M.; MEDEIROS, R.; YAMADA, R. **Nutrigenômica e nutrigenética: importantes conceitos para a ciência da nutrição.** Nutrire: rev. Soc. Bras. Alim. Nutr., São Paulo, SP, v. 35, n. 1, p. 149-166, abr. 2010.

GIL, A. C. **Como elaborar projetos de pesquisa.** São Paulo: Atlas, 2002.

GRIBBIN, J. **In search of the Double Helix.**Nova Yorque: McGraw-Hill, 1985.

GRIFFITHS, A. J. F. et al.**Introdução à genética.**Tradução de Paulo Armando Motta. 6. ed. Rio de Janeiro: G. Koogan, 1998. HAUSMANN, R. **História da biologia molecular.**Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2002.

JUSTINA, L. A. D.; FERRARI, N.; ROSA, V. L. da. **Genética no Ensino Médio: temáticas que apresentam maior grau de dificuldade na atividade pedagógica.** In: **ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA**, 7, 2000, São Paulo. Anais... São Paulo: USP, 2000. p. 794-795.

MILNER, J. A. **Nutrition and Gene Regulation: Molecular Targets for Bioactive Food Components.** The journal of nutrition. 2004.

LEWIS, J.; WOOD-ROBINSON, C. **Genes, chromosomes, cell division and inheritance - do students see any relationship?** International Journal of Science Education,London, v.22, n. 2, p.177-195, 2000.

MAYR, E. **O desenvolvimento do pensamento biológico:diversidade, evolução e herança.** Tradução de IvoMartinazzo. Brasília: UnB, 1998.

MARTINS, R. A. **Que tipo de História da Ciência esperamos ter nas próximas décadas?** Episteme, Porto Alegre, n. 10, p. 39-56, jan/jun. 2000.

McGRAYNE, S. B. **Mulheres que ganharam o Prêmio Nobel em Ciências.** São Paulo: Marco Zero, 1994.

MENEGHINI, R. **Os gênios e o gene.** Pesquisa Fapesp, São Paulo, p. 6-14, 2003. Número especial.

NOUVEL, P. **A arte de amar a ciência.** São Leopoldo: Editora Unisinos, 2001.

PISABARRO, R. **Nutrigenética y nutrigenómica: la revolución sanitaria del nuevo milenio. Implicancias clínicas en síndrome metabólico y diabetes tipo 2.** Rev Med Urug, v. 22, p. 100-107, 2006.

ULRICH, C. M. **Nutrigenetics in Cancer Research: Folate Metabolism and Colorectal Cancer.** The journal of nutrition. 2014.

TÖRRÖNEN, R.; KOLEHMAINEN, M.; POUTANEN, K. **Nutrigenomics – new approaches for nutrition, food and health research.** Food and Health Research Centre, ETTK / Department of Clinical Nutrition. 2006.