

El inicio de la revolución de los genes

The start of the gene revolution

Recibo: 21.05.2017 Aceptado: 05.10.2018

Para Citar:

Bustamante, J. & Jarrín, V. (2018). El inicio de la revolución de los genes. *Revista SENNOVA: Revista del Sistema de Ciencia, Tecnología e Innovación*, 3(1), 89-104. doi:<http://dx.doi.org/10.23850/2389-9573.700>

Jesus Bustamante-Melo

Servicio Nacional de Aprendizaje SENA
jbustamantemj@gmail.com
Colombia

Veronica Jarrín-Jarrín

Universidad de Nariño
jarrin.veronica@gmail.com
Colombia

Resumen

La evolución del conocimiento desde el origen de la genética hasta el planteamiento del modelo de la estructura tridimensional del Ácido Desoxirribonucleico (ADN) en 1953, inicia con los experimentos de Gregor Mendel quien cruzó guisantes o arvejas (*Pisum Sativum*) para examinar las características de los descendientes. El trabajo de Mendel permanecería oculto mucho tiempo hasta que fue redescubierto por otros investigadores que corroboraron sus teorías al repetir sus experimentos con otros seres vivos; como es el caso de Thomas Morgan que lo hizo de manera exitosa con moscas de la fruta, reafirmando lo dicho por Mendel y generando nuevos conocimientos útiles posteriormente para el desarrollo de la genética. El artículo narra de una manera sencilla como se llegó al descubrimiento de la función del ADN, su composición exacta y su estructura helicoidal que para nuestro tiempo es algo común, pero lograrlo fue una proeza para la humanidad, ya que nos ha abierto las puertas de la ingeniería genética. Conocer el ADN también nos ha permitido saber sobre cómo actúan las enfermedades hereditarias en el ser humano y hallar posibles mecanismos para su control y posible cura. Aprender cómo se llevaron a cabo este tipo de descubrimientos, permite asimilar fácilmente los conceptos asociados a ellos, útiles para entender otros avances de la ciencia genética y la biotecnología moderna.

Palabras clave: genética, mutaciones, bases nitrogenadas, proteínas, estructura helicoidal, cromosomas, biología molecular, biotecnología.

Abstract

The evolution of the knowledge from the origin of the genetics until the discovery of the three-dimensional structure of the DNA. It begins with the experiments of Gregor Mendel who it crossed peas to examine the characteristics of the descendants and to formulate its well-known laws. Work that would remain hidden until it was rediscovered by other investigators that corroborated its theories repeating its experiments with other alive beings; like it is the case of Thomas H. Morgan that made it with flies in a successful way, reaffirming that said by Mendel and generating new useful knowledge later on for the development of the genetic science. The article continues narrating how its arrived to the discovery of the function of the DNA, to their exact composition and their helical structure that for our time it is something common, but to achieve it was an entire prowess for the humanity, because it has opened up the doors of the genetic engineering. To know the DNA has also allowed us to know on how the hereditary illnesses act in the human being and to find possible mechanisms for their control and possible cure. To learn how this type of discoveries was made, it allows to assimilate the concepts associated to them easily, necessary later on to understand other advances of the genetic science and the modern biotechnology.

Key words: genetics, DNA, mutations, proteins, structures helical, inheritance, genes, chromosomes, molecular biology, biotechnology.

Introducción

En la era industrial han surgido tres tendencias tecnológicas: las Tecnologías de la Información y la Comunicación (TIC), la biotecnología y la nanotecnología, las cuales son transversales para diferentes disciplinas científicas (Artunduaga, 2003). La biotecnología se investiga desde diferentes áreas del conocimiento: biología, microbiología, medicina, informática e ingeniería, por tal razón, es importante conocer lo referente al ADN, que es el portador de la información genética de los seres vivos. Los logros de la biotecnología moderna fueron posibles gracias a los avances de la genética en el siglo XX siendo esta disciplina uno de sus pilares, a través de los siglos se empleaba empíricamente hasta los redescubrimientos de los trabajos de Mendel y el reconocimiento de la genética como ciencia.

Con la llegada de la biología molecular que inicia con el descubrimiento de la estructura del ADN, se asocian los cromosomas con la información genética, así mismo, la genética clásica y la biología molecular dan origen a la ingeniería genética, con el uso de enzimas de restricción, el ADN recombinante y los últimos avances en manipulación de genes, para entender este fascinante campo es relevante conocer sus inicios.

Desde Mendel al ADN

La genética tuvo un gran desarrollo en el siglo XX, pero tiene sus raíces en el siglo XIX, con los trabajos del monje agustino Johann Gregor Mendel (1822-1884) (Gomez, 2007). Quien cultivaba plantas en su jardín de la abadía de Brno, en Moravia, actualmente Republica Checa. Mendel a los 21 años ingresó al monasterio, en 1851 fue a la Universidad de Viena, luego retornó a su vida de clérigo en Brno donde enseñaba ciencias naturales, después de sus labores se dedicaba a la botánica.

Observaba como las plantas transmitían sus caracteres sobresalientes a la generación siguiente, para entender esto decidió hacer su famoso experimento con arvejas (*Pisum Sativum*), pues tiene las características que el buscaba: “su descendencia es numerosa, el tiempo que demora en nacer y crecer es relativamente corto y su capacidad de autofecundarse” (Camero, 2003).

En 1856 empezó a elegir las plantas que habría de usar en sus experimentos: de flor grande, fecundación cruzada. En dos años escogió 22 variedades, la prueba relevante fue con dos estirpes puras (DNA From the Beginning, 2011). Mendel eligió características morfológicas simples, destacables

y no intermedias: color de la flor (purpura o blanca), textura de la semilla (lisa o rugosa), medida del tallo (alto o bajo), color de semilla (verde o amarilla), entre otros (Ver Figura 1).

Hizo cruces durante varias generaciones de plantas, tomando datos cuidadosamente, sus notas se convirtieron en memorias, en ellas plasmó las bases para describir los procesos de la herencia, haciendo un análisis de poblaciones en lugar de individuos particulares, logró identificar unos “factores o elementos de información hereditaria” que permitían a un organismo transmitir sus características observables a través de las generaciones (Domingos dos Santos, Gouvea & Faria, 2015).

En 1865 presentó su trabajo en la Sociedad para el Estudio de las Ciencias Naturales de Brno, no se le dio la debida importancia, pues sus descubrimientos no concordaban con las ideas que se tenían de la herencia en aquel tiempo (Gómez, 2007). Al año siguiente la sociedad publicó en su revista el artículo: “Ensayos sobre los híbridos vegetales”, pero esta no era popular entre los científicos de Europa, por lo que la obra de Mendel no tuvo difusión y permaneció olvidada cerca de tres décadas. Gracias a este trabajo de los principios básicos de la herencia, que estaba avanzado a su tiempo, se extractó lo que conocemos hoy como “Las leyes de Mendel” (Domingos dos Santos *et al.*, 2015) que sentarían las bases para la Genética.

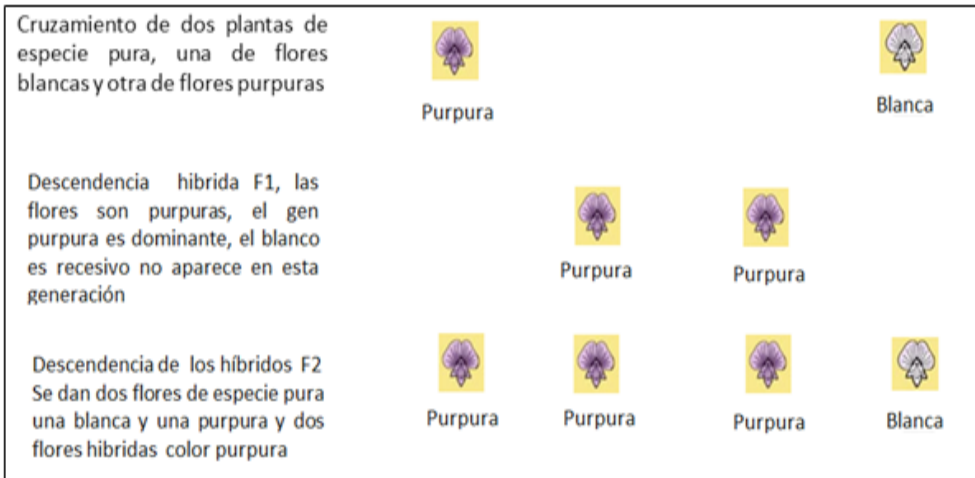


Figura 1. Esquema del experimento de Mendel para color de flores Fuente. Elaboración propia

Se considera que en el año 1900, “nació” esta ciencia, los botánicos alemanes Hugo de Vries y Carl Correns, y el austriaco Erich von Tschermak, confirmaron las teorías Mendelianas, en experimentos similares, aunque tarde para Mendel, quien había muerto hacía catorce años (1884). En 1903 Walter Sutton en Estados Unidos y Theodor Boveri en Alemania, trabajando de manera independiente, con sus microscopios descubrieron paralelos de comportamiento entre los “factores hereditarios” de Mendel y unos “bastoncitos” (cromosomas) en el interior del núcleo celular, que se encuentran en pares durante la meiosis (génesis de células sexuales o gametos). Lo que se conoció como la “Teoría cromosómica de la herencia de Sutton-Boveri” (Domingos dos Santos *et al.*, 2015).

Esta ciencia naciente se nombró “genética”, gracias al inglés William Bateson en 1906 quien también desarrolló una teoría de la herencia basada en factores o elementos –el mendelismo- que hasta el surgimiento de la teoría de Morgan y su equipo fue sinónimo de genética (Lorenzano, 2008).

En 1908 el zoólogo Thomas Hunt Morgan (1866-1945), estudiaba los trabajos de Hugo de Vries y sus experimentos en plantas, propuso la teoría de la mutación como

alternativa a la selección natural de Darwin. Morgan quiso probarla repitiendo los experimentos pero con animales, que tuvieran descendencia rápidamente y escogió la mosca de la fruta (*Drosophila melanogaster*), que pasa de ser huevo a mosca ponedora en 2 semanas (Brookes, 1999).

Morgan y su grupo de investigación en biología experimental del departamento de zoología de la Universidad de Columbia, trabajaban en un laboratorio con muchos frascos llenos de moscas, con microscopios y equipos de disección, para analizar la progenie. En 1915 la llamada “Escuela de las moscas” publicó el libro “El mecanismo de la herencia mendeliana” (Domingos dos *et al.*, 2015). Que se puede resumir en los siguientes conceptos: Los elementos hereditarios de Mendel también llamados genes, si forman parte de los cromosomas siendo puntos localizables dentro de su estructura e intercambian partes durante la meiosis, con esto se pudo hacer mapas genéticos.

La “ley de la independencia de caracteres de Mendel” no se cumple siempre, ciertos pares de genes tienden a permanecer unidos o ligados y se transmiten juntos con más frecuencia que otros. En la distribución anómala de genes, una pieza de un cromosoma se desprende y se agrega a otro, es decir se transloca, alterando

la distribución, también puede haber duplicación o deficiencias (Barahona & Piñero, 2002).

Posteriormente Hermann Joseph Muller (1891-1969), quien hizo parte del equipo de Morgan, descubrió que los rayos X (RX) inducían mutaciones en las moscas, se permitió inducirles características visibles distintas. El efecto de las radiaciones en los cromosomas y genes es heredable y se puede seguir su pista de una generación a otra.

Muller demostró que el esperma de las moscas tratado con altas dosis de radiación induce a la aparición de mutaciones génicas, encontró cientos de mutantes y fueron observados por 4 generaciones siendo estables en su herencia y se comportaban según las leyes de Mendel. La naturaleza de los cruces favoreció la detección de las mutaciones ya que muchas de ellas se encontraban ligadas al sexo. El tipo de mutaciones iba desde ojos blancos, alas miniatura, cerdas bifurcadas, etc.

La mosca de la fruta tiene 4 pares de cromosomas que contienen un gran número de genes marcadores (genes conocidos) y que permitían seguir con cierta seguridad los cambios o mutaciones ocurridas espontáneamente o por la acción de los RX. Muller estableció que los genes tienen una existencia física capaz de cambiar o alterarse

(mutar) por agentes externos y que estas variaciones son totalmente heredables. Siendo la forma en la cual aparece la variación en la evolución a través de mutaciones. (Barahona & Piñero, 2002).

Pese a todos estos descubrimientos aún no se establecía cual era la molécula portadora de la información hereditaria, la que ya estudiaba en 1869 el médico suizo Friedrich Miescher, quien había encontrado el ADN, en pus de vendajes quirúrgicos, usando la enzima pepsina para digerir las proteínas contenidas en ella. Notó que existía una sustancia con propiedades diferentes a las proteínas, que se precipitaba en soluciones ácidas y se disolvía en soluciones alcalinas, esta contenía fósforo y no lograba ser digerida por la enzima; también la encontró en otro tipo de tejidos, lo que sugirió que su presencia tenía algo que ver con la fisiología del núcleo celular. La llamó “nucleína” por estar contenida en el núcleo (Guevara, 2004), su descubridor no la relacionó con la herencia.

En 1881 Zacharias estudio la composición “de los pequeños hilos o bastones que bailaban dentro del núcleo” cuando las células se dividían. En 1882 Walther Flemming, médico alemán, observó mediante tinción de la célula, la existencia en el núcleo de cintas, que adsorbían excesivamente

el colorante, se llamaron Cromosomas (Ver Teoría de Sutton-Boveri) y que estaban compuestos de Cromatina que venía a ser la misma nucleína, las propiedades ácidas de la “nucleína” fueron demostradas en 1889 por Richard Altmann, patólogo alemán quien le denominó “Ácido nucleico” (Dahm, 2005).

En 1914, Robert Fuelgen inventó una técnica de tinción, con la que se pudo visualizar el material contenido en el núcleo y medir de una manera aproximada la cantidad de ADN presente dependiendo de la intensidad del color. Se descubrió que todos los núcleos de las células de un mismo individuo tienen la misma cantidad, a excepción de los gametos (óvulos o espermatozoides), cuya coloración era casi la mitad de la intensidad más alta. Muchos científicos descartaron el ADN por ser una molécula sencilla y le atribuían a proteínas la transmisión de la herencia.

Ya, hacia 1920 se sabía que el ADN contenía 4 bases nitrogenadas: adenina (A), guanina (G), citosina (C) y timina (T). En 1928 el microbiólogo inglés Frederick Griffith quien trabajaba en el ministerio de sanidad en Londres, investigando nuevas técnicas para clasificar patógenos, estaba interesado en el neumococo (bacteria de la neumonía) y que se presentan en dos cepas diferentes una lisa y otra “rugosa” (Carrada-Bravo, 2016).

Griffith observó que solo la lisa provocaba la enfermedad, así, si se inoculaba a ratones estos morían al poco tiempo. La rugosa, en cambio no afectaba a su salud. Griffith al calentar las bacterias las eliminaba, cuando inoculaba bacterias lisas muertas por el calor, los ratones seguían sanos, pero si las mezclaba con bacterias rugosas vivas, los ratones contraían neumonía y morían. En sus cuerpos muertos encontró bacterias lisas y dedujo que una “sustancia química” de las bacterias muertas por el calor había transformado las bacterias rugosas en la forma virulenta (Lewin, 1996).

En 1944 el inmunoquímico Oswald Avery y sus coequiperos Colin McLeod y Maclyn McCarthy, del instituto Rockefeller de Nueva York, perfeccionaron los experimentos del “principio transformante” en neumococo de Griffith, e identificaron que la sustancia transformadora era el ADN y no las proteínas, y sugirieron al ADN como la molécula encargada de transmitir el mensaje hereditario, pero para otros científicos no fue suficiente ya que consideraban que este se había contaminado con las proteínas que ellos creían que eran las responsables de la herencia.

Se usaba para sondear la estructura interna de las sustancias cristalinas. Se disparaba un haz de RX hacia un cristal y se reflejaba en una película

especial. Mediante operaciones matemáticas ese patrón se usaba para interpretar la disposición y la situación exacta de los átomos del cristal.

La técnica funcionaba mejor con moléculas con disposición atómica muy regular como era el caso de los cristales inorgánicos, pero científicos como W.T. Atsbury lo emplearon para estudiar estructuras de moléculas biológicas de mayor complejidad como las proteínas e incluso el ADN, esto se dio porque fue posible cristalizar este tipo de moléculas orgánicas, y propuso en 1945 que “el ADN estaba formado por una columna de nucleótidos apilados en paralelo, uno encima del otro, situados cada 0,34 nm (3,4 Å) a lo largo del Eje de la molécula”, la unidad más empleada en esa época era el Angstrom hoy es más común el nanómetro (Hall, 2014).

En 1948 el austriaco Erwin Chargaff y Hotching, de la Universidad de Columbia en Nueva York, con la aplicación de técnicas hoy conocidas como la cromatografía en papel y la espectrofotometría, las que le permitieron la separación y estimación cuantitativa de los constituyentes del ADN, mostraron que las cuatro bases nitrogenadas no se

encontraban en iguales proporciones dentro de la macromolécula, Chargaff estableció que la cantidad de unas bases era igual al de otras: $A = T$ y $G = C$. (21% de G, 21% de C, 29% de A y 29% de T) (Arguelles, 2007).

Nuevos grupos de investigadores retomaron el análisis de ADN por difracción de RX: Rosalind Franklyn y Maurice Wilkins del King's College obtuvieron, a través de preparaciones de fibras de ADN (moléculas intactas), fotografías por difracción de RX que mostraban que la distancia entre nucleótidos predicha por Atsbury era correcta (Fresquet, 2017) (Ver Figura 2).

radiografías eran algo vagas y borrosas pero insinuaban cierta regularidad en la estructura de la molécula de ADN, también obtuvieron otras medidas intramoleculares; diámetro aproximado de 2 nm (20 Å) y vuelta completa 3,4 nm (34 Å), de ahí para 1951, Franklin a sus 33 años, dedujo que se trataba de una molécula de forma helicoidal, en la que el grupo fosfato y el azúcar se orientaban al exterior y las bases nitrogenadas se disponían a la parte interna de la molécula, esta información fue la base del modelo tridimensional (Fry, 2016).

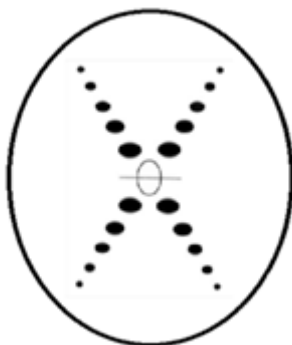


Figura 2. Esquema de las imágenes por difracción de RX del ADN “Fotografía 51 de Franklin”.

Fuente: Elaboración propia

Casi al mismo tiempo el norteamericano Linus Pauling, químico estructural del Instituto Tecnológico de California (Caltech), estaba haciendo estudios similares con proteínas y moléculas helicoidales y publicó un artículo donde profundizó en algunas teorías matemáticas para interpretar los patrones de difracción del ADN, lo que sirvió a James Watson y Francis Crick, quienes se habían conocido en 1951.

Francis Crick un físico inglés de 35 años que se incorporó al laboratorio Cavendish de Cambridge para estudiar la difracción de RX en moléculas biológicas (Teive, 2016), mientras James Watson biólogo estadounidense diez años menor, convencido de la importancia del ADN pero con limitados conocimientos sobre química o cristalografía.

Ambos entablaron amistad y se dedicaron a interpretar los patrones de difracción del ADN, con las medidas descubiertas por Franklin y Wilkins (Arguelles, 2007); interpretar la estructura tridimensional de una molécula a partir de unos puntos repartidos en una radiografía no era fácil. Construyeron prototipos de la molécula con latas, trozos de alambre y tornillos (Brookes, 1999).

En cada modelo usaban las nuevas técnicas matemáticas para predecir el patrón de difracción esperado, recibían otros datos sobre el ADN, obtenidos por Chargaff ($T=A$ y $G=C$) por quien no sentían mucha simpatía, pero fue una gran pista que les permitió interpretar que A y T, así como, G y C formaban pares complementarios (Cruz-Coke, 2003).

En febrero de 1953 Pauling, propone un modelo de tres hélices con los grupos fosfatos y azúcares orientados al centro de la estructura, esto hacía perder las propiedades ácidas, lo cual no era compatible (Arguelles, 2007).

Watson y Crick con sus modelos helicoidales para el mismo mes encontraron uno que encajaba con el patrón observado en una molécula real de ADN. Publicaron: “La Estructura Molecular de los Ácidos Nucleicos” en abril de 1953 en la revista Nature, (Fresquet, 2017).

Donde el ADN se mostró al mundo como una doble cadena enrollada sobre si misma con un esqueleto de fosfato-azúcar (desoxirribosa) “los pilares”, con las bases nitrogenadas (uniendo los pilares) orientadas hacia el interior.

Los números indicaban que el ancho total de la doble hélice era de 2 nm (20 Å), el grosor de la bases nucleotídicas era de 0,34 nm (3,4 Å) y dado que la doble cadena gira sobre si misma enrollándose, la escalera de caracol daría una vuelta completa cada 3.4 nm (34 Å), esto es cada 10 pares de bases. (Watson & Crick, 1953) (Ver Figura 3).

Así fue como se descubrió el modelo de la doble hélice, por la que Watson, Crick y Wilkins recibieron el

premio nobel en fisiología y medicina en 1962, esto marcó una nueva etapa el nacimiento de la biología molecular y los grandes avances que estaban por venir. Rosalind Franklyn había muerto en 1958, su valiosa contribución a la comprensión de la estructura del ADN solo fue reconocida posteriormente. (Fresquet, 2017)

De acuerdo con el modelo propuesto por Watson y Crick las bases nitrogenadas se agrupan formando las parejas AT, TA, CG y GC, entonces si se conoce una de las mitades de la cinta helicoidal de la molécula, puede conocerse de inmediato la opuesta o complementaria. Por ejemplo, si la secuencia de una de las cadenas fuese TCCGATGC..., la secuencia de la cadena complementaria sería AGGCTACG (Vélez, 2004).

Crick, Watson y Sidney Brenner otro científico de Cambridge deseaban entender ¿Cómo el ADN codifica la información? Entonces mediante sustancias químicas o radiaciones, generaban mutaciones en el ADN de fagos cultivados en laboratorio, luego observaban los efectos causados en el crecimiento de estos virus. Al añadirse tres bases a un gen no se apreciaban diferencias significativas al crecer, pero si se cambiaban una o dos bases, los fagos no podían crecer.

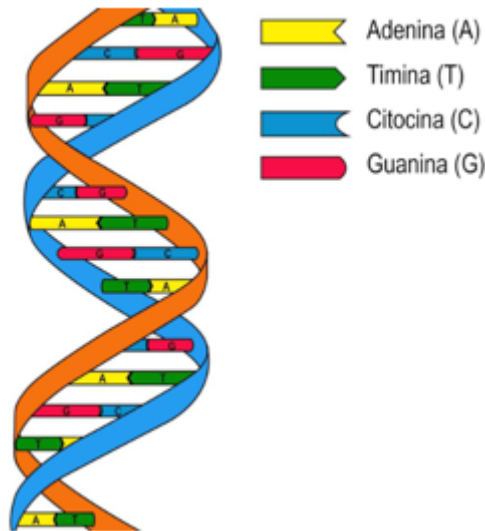


Figura 3. Esquema de estructura del ADN

Fuente: Elaboración propia

Analizando estas observaciones pudieron concluir que la secuencia de las letras se lee en orden de un extremo a otro y que por cada tres bases se codifica un aminoácido. Crick y sus colaboradores demostraron que el código del ADN se basa en tripletes de letras o bases nitrogenadas cuya secuencia se lee de triplete en triplete. El ADN empezaba a tener sentido, un gen era una secuencia de palabras de tres letras y cada palabra codificaba un aminoácido. Estos se unían en una larga cadena para formar una proteína (Brookes, 1999).

De esa manera se descubrió el mecanismo para que esta información lineal contenida en el ADN se convierte en algo tridimensional como órganos y tejidos.

Conclusiones

El trabajo de Mendel, fue decisivo para el nacimiento de la genética, ciencia que ha sido básica en el desarrollo de la biología molecular y la actual biotecnología, su experimento al ser descubierto incentivó en otros investigadores un afán por corroborar los resultados por él obtenidos, sus conclusiones fueron innovadoras buscaban dar respuestas a interrogantes sobre la herencia que en su tiempo eran difíciles de explicar.

El papel de Rosalind Franklin fue fundamental, mediante sus imágenes de Rayos X, especialmente a partir de la “fotografía 51” se pudo definir el modelo de la estructura de la doble

hélice, que le dio el éxito a Watson y a Crick quienes posteriormente recibirían el nobel junto con Wilkins.

La construcción por parte de Watson y Crick, del modelo correcto de la estructura molecular del ADN, fue una gran contribución a la ciencia, su dedicación a estudiar las evidencias proporcionadas por otros investigadores permitieron proponer su hipótesis de que debería tener la forma de doble hélice, con el tiempo este modelo fue ampliamente aceptado y es el que usamos para comprender esta molécula de tamaño ínfimo considerada la “molécula reina”.

Se considera que la doble hélice es la estructura más propicia para que el ADN tenga la capacidad de transmitir la información genética por medio de elementos simples (secuencia de bases) y poder reproducir esa información con exactitud cuándo se duplica la molécula.

El ADN es una molécula que la compartimos con todos los seres vivos, es la clave para los actuales y posteriores avances en ingeniería genética, en terapia génica, en agricultura y en muchos otros campos, ha permitido al ser humano abrir un horizonte nuevo de descubrimientos.

El trabajo de Crick y colaboradores permitió entender ¿cómo codifica

el ADN la información genética? lo que se conoce hoy como el dogma central, claro está que en el proceso de la construcción de aminoácidos y proteínas entra a desempeñar un papel importante la molécula de ARN, lo cual no se trata en este artículo.

Referencias

- Arguelles, J. (2007). The double hélix revisited: a paradox of science and a paradigm of human behavior. *Asclepio. Revista de Historia de la Medicina y de la Ciencia*, 59(1), 239-260. <https://doi.org/10.3989/asclepio.2007.v59.i1.223>
- Artunduaga, S. Rodrigo. (2003). *Avances de la biotecnología y su impacto en la agricultura latinoamericana*. Bogotá: Instituto Colombiano Agropecuario (ICA).
- Barahona, A., & Piñero, D. (2002). *Genética la continuidad de la vida*. México, D.F: Fondo de Cultura Económica.
- Brookes, M. (1999). *Get a Grip on Genetics*. London, U.K.: The Ivy Press Limited.
- Camero, A. (2003). *Ciencia explicada Biología*. Bogotá: Intermedio Editores.

- Carrada-Bravo, T. (2016). Investigación de la transformación de *Streptococcus pneumoniae* en el laboratorio, y el nacimiento de la genética bacteriana y la biología molecular. *Revista chilena de infectología*, 33(1), 61-65. <https://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182016000100010>
- Cruz-Coke, R. (2003). Valoración de trabajos clásicos en la historia de la genética. *Revista Médica de Chile*, 131 (2), 220-224. <https://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872003000200014>.
- Dahm, R. (2005). Friedrich Miescher and the discovery of DNA. *Developmental Biology*, 278 (2), 274-288. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2004.11.028>
- DNA From the Beginning (Productor) (2011). *Children resemble their parents*. De: <http://www.dnaftb.org/1/av.html>
- Domingos dos Santos, F., Gouvea, A., & Faria, F. (2015). 110 anos após a hipótese de Sutton-Boveri: a teoria cromossômica da herança é compreendida pelos estudantes brasileiros? *Ciência & Educação (Bauru)*, 21 (4), 977-989. <https://dx.doi.org/10.1590/1516-731320150040012>
- Fresquet, J. (2017). “Rosalind Franklin”. Recuperado de: <https://www.historiadelamedicina.org/franklin.html>
- Fry, M. (2016). *Landmark Experiments in Molecular Biology*. Londres: Elsevier.
- Gómez, A. (2007). Gregor Johann Mendel. *Universitas Médica*, 48 (2), 151.
- Guevara, G. (2004). ADN: historia de un éxito científico. *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia*, 3 (10-11), 9-40.
- Hall, K. (2014). *ADN. Una desconocida preparación del camino: The man in the monkeynut coat, William Astbury and the forgotten road to the double-helix*. Oxford: Oxford University Press.
- Lewin. B. (1996). *Genes*. (2da Ed.). Barcelona: Editorial Revete.
- Lorenzano, P. (2008). Inconmensurabilidad teórica y comparabilidad empírica: el caso de la genética clásica. *Análisis filosófico*, 28 (2), 239-279.

- Mellender, A. (2004). Spreading the evolutionary synthesis: Theodosius Dobzhansky and genetics in Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 27(3), 467-475. <https://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572004000300025>
- Teive, H. (2016). On the centenary of the birth of Francis H. C. Crick – from physics to genetics and neuroscience. *Arquivos de Neuro-Psiquiatria*, 74 (4), 351-353. <https://dx.doi.org/10.1590/0004-282X20160029>
- Velez, A. (2004). *Del big ban al homo sapiens*. Bogotá: Villegas Editores.
- Watson, J.D., & Crick, F.H.C. (1953). Molecular structure of nucleic acids a Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *NATURE*, 4356, 737-738.