

Indice

Prefazione	XI
Ringraziamenti	XIV



PARTE 1 FONDAMENTI DEL DNA

CAPITOLO 1

Il DNA è il materiale genetico fondamentale

Gli esperimenti di Mendel di incrocio tra piante di piselli rivelarono per la prima volta gli schemi dell'ereditarietà	3
Fattori discreti di ereditarietà sono alla base delle leggi di Mendel	3
I cromosomi sono i portatori cellulari dell'ereditarietà	4
I geni vengono mappati sui cromosomi mediante linkage	4
Non tutti i geni si trovano su cromosomi nei nuclei	10
Le mutazioni sono alterazioni nei geni	10
I cromosomi contengono sia acidi nucleici che proteine	12
La quantificazione delle basi del DNA in organismi diversi suggerisce l'esistenza di una varietà illimitata di molecole di DNA	12
La natura di molecola lineare molto lunga e il diametro del DNA vengono determinati utilizzando la microscopia elettronica	13
I nucleotidi nel DNA e nell'RNA sono uniti tra loro da legami 5'-3' fosfodiesterici	14
Un saggio biologico suggerisce che il DNA sia la molecola genetica fondamentale	14
I virus sono insieme condensati di geni che trasmettono le proprie istruzioni da cellula a cellula	16
Il DNA fagico è sufficiente per portare l'informazione genetica	16
Il DNA ha una forma regolare e ripetitiva	17
L'unità fondamentale del DNA consiste di due catene polinucleotidiche avvolte tra loro (la doppia elica)	18
Le due catene polinucleotidiche sono tenute insieme da legami idrogeno tra paia di basi complementari	19

Durante la replicazione le catene complementari del DNA funzionano da stampo per la sintesi di nuove catene	20
La replicazione del DNA è semiconservativa e produce un'elica di neosintesi appaiata a ciascuna elica parentale	21
La replicazione <i>in vitro</i> richiede stampi di DNA preesistenti	22
La replicazione del DNA è effettuata da un complicato insieme di proteine	23
Le molecole di DNA possono essere denaturate e rinaturate	23
I cromosomi sono molecole di DNA molto lunghe	24
Alcuni virus hanno un genoma a RNA	24
● Bibliografia	26

CAPITOLO 2

L'informazione scorre dal DNA alla proteina

Le proteine sono componenti chiave delle cellule	29
La catena polipeptidica di una proteina è caratterizzata da un'unica sequenza amminoacidica	30
Il funzionamento di un enzima richiede un preciso ripiegamento della sua catena polipeptidica	31
Si sviluppa l'ipotesi "un gene-una proteina"	31
Le proteine mutate hanno sequenze amminoacidiche differenti dalle proteine wild-type	33
Le mappe genetiche mostrano che i geni e i loro prodotti polipeptidici sono colineari	33
Non esistono limitazioni alle possibili sequenze amminoacidiche	34
L'analisi dei tripli mutanti in <i>E. coli</i> indica che un codone è formato da tre nucleotidi	34
Il dogma centrale: il flusso dell'informazione va dal DNA all'RNA alle proteine	35
La sintesi dell'RNA in estratti acellulari	36
L'ipotesi dell'adattatore di Crick	37
Sistemi di sintesi proteica <i>in vitro</i> portano alla scoperta delle molecole di adattatore (gli RNA transfer)	37

L'RNA messaggero è il vettore dell'informazione del dogma centrale	38	Negli attivatori trascrizionali le funzioni di legame al DNA e di attivazione possono essere separate	65
La traduzione <i>in vitro</i> di RNA sintetico fornisce molte informazioni sul codice genetico	38	Molti fattori trascrizionali lavorano in modo sinergico per controllare l'espressione genica	65
Non tutte le sequenze di basi codificano amminoacidi	40	Lo sviluppo è controllato da una cascata di fattori di trascrizione	67
Spesso l'oscillazione permette alle singole molecole di tRNA di riconoscere molti codoni simili	41	Gli enhancer contengono siti di riconoscimento per i fattori di trascrizione	69
Il codice genetico è quasi universale	42	Gli enhancer eucariotici agiscono a lunga distanza	70
Le mutazioni cambiano la sequenza del DNA	42	Le regioni di controllo del locus (LCR) regolano alcuni gruppi di geni	71
Identificazione dei passaggi di base nella sintesi proteica	43	L'espressione genica negli eucarioti è controllata anche con la condensazione del DNA	71
L'RNA polimerasi afferra il DNA con una "morsa" molecolare	44	● Bibliografia	74
La sintesi delle proteine è un processo molto accurato	44		
La cristallografia a raggi X rivela la struttura atomica dei ribosomi	46	CAPITOLO 4	
I legami peptidici sono formati dall'RNA ribosomiale e non dalla proteina	47	Strumenti di base del DNA ricombinante	
La vita può essersi originata in un mondo a RNA	48	Gli enzimi di restrizione tagliano il DNA in sequenze specifiche	77
● Bibliografia	51	L'elettroforesi viene utilizzata per separare miscele di frammenti di acido nucleico	79
		I siti per gli enzimi di restrizione vengono utilizzati per costruire mappe del DNA	80
		La DNA ligasi unisce le estremità dei frammenti di DNA prodotti dagli enzimi di restrizione	80
		Gli scienziati esprimono preoccupazione sui pericoli del clonaggio genico alla Conferenza di Asilomar	81
		Plasmidi e virus sono utilizzati come vettori per portare sequenze di DNA	82
		Il clonaggio prevede cinque passaggi principali	83
		Nel clonaggio è essenziale la scelta del materiale di partenza	85
		L'mRNA viene convertito in cDNA mediante reazioni enzimatiche	86
		Le molecole di cDNA vengono inserite in un DNA vettore per creare una libreria di cloni	88
		Le librerie di DNA genomico rappresentano la sequenza completa degli organismi	90
		Per localizzare i cloni che contengono la sequenza desiderata vengono impiegate sonde di acido nucleico	90
		Il DNA e l'RNA vengono analizzati mediante ibridazione con le procedure di Southern e Northern blotting	91
		I metodi per il sequenziamento del DNA sono potenti	93
		Gli oligonucleotidi possono essere sintetizzati chimicamente	95
CAPITOLO 3			
Il controllo dell'espressione genica			
La regolazione della trascrizione è il principale meccanismo utilizzato per controllare i livelli proteici	55		
Jacob e Monod proposero un modello innovativo per spiegare il controllo dell'espressione genica	55		
Il repressore lega il DNA per impedire la trascrizione	57		
I promotori sono delle sequenze di DNA che forniscono il segnale di inizio per la sintesi dell'RNA	58		
I geni sono attivati quando i fattori di trascrizione si legano alle loro specifiche sequenze di DNA vicino ai promotori	60		
Le proteine che regolano la trascrizione spesso si legano al DNA in modo cooperativo	60		
L'attenuazione è un meccanismo di regolazione della trascrizione che impedisce di terminare la sintesi dell'mRNA	60		
La regolazione della traduzione è un altro meccanismo usato per controllare i livelli di proteina	62		
La durata dell'attività genica è controllata dalla modificazione e dalla degradazione delle proteine	63		
La trascrizione e la regolazione genica negli eucarioti sono più complesse che nei procarioti	63		

I geni possono essere sintetizzati a partire da oligonucleotidi	95	L'editing dell'RNA modifica l'informazione contenuta nella sequenza dell'mRNA	123
La reazione a catena della polimerasi (PCR) amplifica regioni specifiche di DNA	95	Che cosa è un gene?	125
Le polimerasi termostabili semplificano e migliorano la PCR	98	● Bibliografia	126
La contaminazione può essere un problema negli studi con la PCR	98	CAPITOLO 6	
La fedeltà della sintesi del DNA determina l'accuratezza della PCR	99	Le nuove tecniche del DNA ricombinante	
La PCR amplifica sequenze a partire da una singola molecola di DNA	99	Sequenze utili possono essere aggiunte a una sequenza di DNA mediante la reazione a catena della polimerasi	130
La PCR in tempo reale (<i>real-time</i>) è utilizzata per la quantificazione rapida e accurata di RNA e DNA	101	La mutagenesi <i>in vitro</i> è utilizzata per studiare la funzione dei geni	130
L'era moderna del DNA ricombinante	104	Oligonucleotidi sintetici possono essere utilizzati per creare mutazioni specifiche	132
● Bibliografia	105	Sono stati sviluppati sistemi di induzione dell'espressione genica	134
CAPITOLO 5		Promotori diversi presentano differenti livelli di trascrizione e sono attivi in differenti tipi cellulari	136
Caratteristiche fondamentali dei geni eucariotici		Per la produzione di linee cellulari stabili sono stati sviluppati nelle cellule eucariotiche dei marcatori selezionabili	136
La scoperta dei geni discontinui	108	Gli anticorpi monoclonali possono essere prodotti per identificare qualsiasi molecola	137
Le cellule eucariotiche tagliano il pre-mRNA per rimuovere gli introni e produrre mRNA maturi	108	Le tecnologie di ricombinazione permettono un rapido scambio di segmenti di DNA tra i vettori	137
Sequenze specifiche e fattori proteici assicurano un processo di splicing molto accurato	110	I geni estranei possono essere inseriti nelle cellule mediante metodi fisici	140
Lo splicing alternativo produce a partire da un singolo gene mRNA differenti ma correlati	111	Il DNA esogeno può essere inserito nelle cellule di mammifero con l'impiego dei virus	144
Errori di splicing causano malattie	113	I geni estranei possono essere inseriti nelle piante mediante il plasmide Ti di <i>Agrobacterium</i>	146
Gli introni sono stati acquisiti e persi durante il processo evolutivo	114	Molti organismi possono essere impiegati per la produzione di proteine esogene	148
Gli esoni spesso definiscono i domini funzionali delle proteine e il rimescolamento degli esoni può contribuire all'evoluzione delle proteine	115	Gli animali transgenici possono essere ottenuti iniettando il DNA direttamente negli embrioni	150
Si è scoperto che alcuni introni hanno una funzione	117	Il transgene può essere espresso in tessuti specifici	151
Talvolta i geni sono codificati all'interno di altri geni	118	Linee di cellule staminali embrionali possono essere iniettate negli embrioni per creare dei topi con genomi modificati	152
Molte sequenze di DNA sono ripetute in tandem nel genoma	118	La ricombinazione omologa può essere utilizzata per distruggere i geni nei topi	154
Le famiglie proteiche originano da eventi di duplicazione genica e successiva divergenza della sequenza	119	Con la ricombinazione omologa possono essere effettuati specifici riarrangiamenti genici nel genoma murino	154
Gli pseudogeni si sono formati in seguito a duplicazione di geni funzionali e accumulo di mutazioni durante l'evoluzione	121	La terapia genica può permettere di modificare l'espressione genica nell'uomo	155
Le code poli(A) al 3' e i cappucci di metilguanossina al 5' sono aggiunti alle estremità degli mRNA eucariotici	122	● Bibliografia	157

CAPITOLO 7**Sequenze di DNA mobili nel genoma**

L'analisi genetica rivela l'esistenza di "elementi mobili" in mais e batteri	159
Il sequenziamento rivela l'organizzazione degli elementi trasponibili	160
Ci sono tre categorie di elementi mobili	162
I trasposoni a DNA si muovono utilizzando due differenti meccanismi	162
I retrotrasposoni si traspongono attraverso intermedi a RNA	165
I retrotrasposoni non-LTR si muovono attraverso trascrizione inversa innescata dal sito bersaglio	166
I trasposoni sono abbondanti nella maggior parte dei genomi	167
Gli elementi trasponibili mantengono le estremità dei cromosomi in <i>Drosophila</i>	170
I retrotrasposoni sono componenti importanti di molti centromeri	171
I geni delle immunoglobuline vengono riarrangiati per generare la diversità anticorpale	171
I trasposoni possono causare mutazioni	175
Gli elementi mobili sono utilizzati come strumenti per la mutagenesi e la creazione di transgeni	177
Esperimenti di mutagenesi in cellule di mammifero hanno "resuscitato" un trasposone	179
Gli elementi trasponibili influenzano l'espressione genica	179
Gli elementi trasponibili contribuiscono a generare diversità per l'evoluzione	181
I trasposoni normalmente sono silenziati	182
● Bibliografia	185

CAPITOLO 8**Modificazioni epigenetiche del genoma**

Il differente dosaggio di cromosomi sessuali rende necessaria una soluzione al problema dell'espressione genica	189
Nei mammiferi un solo cromosoma X è attivo nel sesso femminile	190
Il cromosoma X inattivo è ricoperto da un RNA non codificante noto come <i>Xist</i>	193
Per l'inattivazione del cromosoma X sono richiesti il gene <i>Xist</i> , il suo complementare <i>Tsix</i> e altre sequenze nelle immediate vicinanze	195
Non tutti i geni del cromosoma X dei mammiferi sono inattivati	196
In <i>Caenorhabditis elegans</i> e in <i>Drosophila</i> la compensazione del dosaggio genico è ottenuta modificando l'attivazione trascrizionale	196

I genitori non contribuiscono in misura uguale al patrimonio genetico della prole	200
I maschi e le femmine competono per controllare la dimensione del feto sottoponendo ad imprinting dei geni fondamentali per la crescita	200
Nell'uomo errori nell'imprinting possono condurre a patologie	202
La metilazione del DNA è un segnale ereditabile	203
La metilazione del DNA aumenta la frequenza di mutazione	205
Il DNA delle regioni silenti del genoma è spesso metilato	205
Gli RNA non codificanti dirigono l'imprinting di alcuni geni	208
Per un corretto sviluppo degli animali clonati occorre preservare l'imprinting	209
Una miriade di modificazioni degli istoni crea un "codice istonico" che guida l'espressione genica	210
Alcuni stati della cromatina sono ereditati con la replicazione del DNA	212
I cambiamenti epigenetici rendono i gemelli monozygotici non identici	214
● Bibliografia	214

CAPITOLO 9**L'RNA interference regola l'attività genica**

Nelle piante si osserva la cosoppressione dei transgeni	218
Un esperimento con gli antisenso venuto male ha aperto la strada all'RNAi nei vermi	221
L'RNA a doppio filamento è il motore dell'RNAi	222
In molti organismi l'RNAi è usato per bloccare l'espressione genica	224
Una nucleasi distrugge gli RNA omologhi al gene silenziato	225
Nelle piante soggette a silenziamento si trovano dei piccoli RNA	225
Dicer taglia gli RNA a doppio filamento producendo dei piccoli RNA	226
Nelle cellule di mammifero l'introduzione dei prodotti di Dicer induce l'RNAi	228
I piccoli RNA regolano il tempo dello sviluppo	228
Il clonaggio dei piccoli RNA rivela un inatteso universo di microRNA	231
I microRNA possono sopprimere la funzionalità genica inibendo la traduzione	231
Piccole forcine progettate per imitare i miRNA possono essere usate per il silenziamento genico	234

Slicer utilizza il siRNA per tagliare il messaggero bersaglio	234
La proteina che causa il ritardo mentale nell'X fragile è un componente di RISC	235
Alcuni RNA a singolo filamento diventano dsRNA	237
L'RNAi può indurre delle modificazioni epigenetiche	239
L'RNAi si è evoluto per silenziare i trasposoni e i virus	240
● Bibliografia	243



PARTE 2 I FONDAMENTI DELLA GENOMICA

CAPITOLO 10

Fondamenti di sequenziamento di genomi interi

Il sequenziamento del DNA genomico viene effettuato assemblando "letture" di corte sequenze sovrapposte	247	Numerosi genomi virali e batterici sono stati sequenziati	266
I genomi di batteriofagi, virus e organelli cellulari furono i primi a essere completamente sequenziati	248	● Bibliografia	266
I genomi sono sequenziati utilizzando strategie basate su mappe e shotgun completo	249	CAPITOLO 11	
Il DNA clonato per il sequenziamento deve rappresentare l'intero genoma e deve essere sequenziato diverse volte	250	Come è stato sequenziato il genoma umano	
Il sequenziamento da entrambe le estremità dei subcloni aiuta nell'assemblaggio di una sequenza completa	252	Per sequenziare il genoma umano è stato sviluppato un incredibile progetto	268
Con la metodica della terminazione della catena è necessario effettuare un numero molto elevato di reazioni di sequenza	254	Le sequenze ripetute del genoma umano hanno posto una grande sfida tecnologica	270
Marcatori fluorescenti ed elettroforesi in apparati da sequenziamento rivoluzionano il sequenziamento del DNA	256	Sequenziare i cDNA ha richiesto grandi sforzi	272
Algoritmi di elaborazione identificano le basi nei dati prodotti dall'apparato di sequenziamento	259	La costruzione delle mappe genetiche degli esseri umani, un'impresa macchinosa	273
Unendo numerose letture di sequenze di 500-1000 bp si ottengono sequenze più lunghe	260	I polimorfismi della lunghezza dei frammenti di restrizione servono come marcatori per l'analisi di associazione	273
Il sequenziamento del DNA su scala genomica richiede computer potenti	262	Le sequenze ripetute in tandem sono migliori marcatori di DNA	278
<i>Haemophilus influenzae</i> : il primo organismo vivente il cui genoma sia stato sequenziato	264	Vettori di clonaggio sono sviluppati per frammenti di DNA umano molto grandi	280
		Le mappe fisiche sono state ricavate dalle "impronte digitali" degli enzimi di restrizione di cloni contenenti grandi inserti	281
		Per lo sviluppo di contig su larga scala si sono resi utili i siti a sequenza etichettata	283
		Gli ibridi da radiazione fornirono l'alta risoluzione necessaria per le mappe fisiche	285
		Il completamento della mappa fisica del genoma umano ha richiesto clonaggi aggiuntivi e l'integrazione dei dati ottenuti con le mappe	286
		Il sequenziamento del genoma umano è iniziato lentamente mentre venivano sviluppate delle tecnologie migliori	289
		I "Principi delle Bermude" resero la sequenza del genoma umano disponibile gratuitamente	289
		I sequenziatori a capillari hanno reso il sequenziamento molto più efficiente	290
		Due gruppi indipendenti, uno pubblico e uno privato, erano in competizione per sequenziare il genoma umano	290
		Nel 2000 furono annunciate le sequenze bozza del genoma umano	292
		Il completamento della sequenza del genoma richiede una particolare attenzione alle regioni problematiche	293
		La sequenza pubblica del genoma umano fu completata con un alto grado di accuratezza	295
		Di chi erano i genomi sequenziati?	296

Il risequenziamento di parti del genoma umano a partire da molti individui rivela le varianti nella sequenza del DNA	297
Molti altri genomi sono stati sequenziati	298
● Bibliografia	300



PARTE 3 ANALIZZARE I GENOMI

CAPITOLO 12

Il confronto e l'analisi dei genomi

L'analisi comparativa di sequenza dimostra che un oncogene è un fattore di crescita	305
Le banche dati pubbliche del DNA, dell'RNA e delle proteine sono essenziali per la ricerca	305
L'evoluzione permette l'identificazione dei geni in base alla similarità di sequenza	307
L'allineamento delle sequenze è una sfida importante alla base dell'analisi di sequenza	311
I programmi BLAST sono i metodi di allineamento più efficaci e comuni	313
Il collegamento tra le banche dati permette un immediato accesso a ulteriori informazioni	315
L'identificazione dei geni nei genomi necessita sia dell'analisi informatica che degli esperimenti	317
Le mappe sinteniche rivelano relazioni su larga scala tra i genomi	320
Il confronto tra i genomi di topo e di uomo rivela come la maggior parte delle sequenze non sia funzionalmente importante	322
La genomica comparativa aiuta a identificare i geni codificanti proteine	322
L'analisi comparativa delle sequenze proteiche rivela degli amminoacidi chiave	324
Gli elementi di regolazione trascrizionale possono essere identificati con l'analisi comparativa di sequenza	324
● Bibliografia	326

CAPITOLO 13

Dalla sequenza del genoma alla funzione del gene

I microarray permettono l'analisi simultanea di decine di migliaia di sequenze nucleotidiche	329
La fotolitografia è utilizzata per produrre i microarray ad alta densità	330
I microarray "spotted" utilizzano grandi segmenti di DNA	333

L'analisi dei profili di mRNA ottenuta con i microarray rivela nuove relazioni tra vie biochimiche e cellulari	333
I livelli di mRNA sono misurati anche mediante sequenziamento su larga scala di cDNA	336
L'immunoprecipitazione della cromatina viene utilizzata per misurare il legame di fattori trascrizionali in un genoma	338
La ChIP e altre tecniche su scala genomica possono essere impiegate per analizzare le modificazioni strutturali della cromatina <i>in vivo</i>	340
Per misurare su larga scala gli elementi regolativi vengono utilizzati plasmidi reporter	343
La produzione di mutazioni knock-out in tutti i geni nel genoma di lievito	344
Il sistema del doppio ibrido nel lievito è utilizzato per identificare interazioni proteina-proteina su scala genomica	347
Anche gli array di proteine rivelano interazioni tra proteine	348
La spettrometria di massa viene impiegata per identificare proteine in campioni complessi	349
Gli array di anticorpi vengono utilizzati per misurare i livelli di proteina nelle cellule	349
Determinazione della localizzazione di proteine in cellule e tessuti	350
● Bibliografia	353



PARTE 4 GENOMICA UMANA

CAPITOLO 14

Identificazione dei geni responsabili delle patologie umane

Nei primi 40 anni la genetica umana ha progredito lentamente	356
La citogenetica segna un importante progresso nella genetica umana	357
Le tecniche del DNA ricombinante permettono di clonare i geni responsabili di patologie umane	358
Il clonaggio del gene responsabile della sindrome dell'X fragile mostra una mutazione con proprietà inattese	360
L'HGP rivoluziona la genetica umana	361
I geni modificatori delle malattie "monogeniche" generano dei fenotipi complessi	363

Gli studi di associazione sono impiegati per localizzare i geni coinvolti in caratteri genetici complessi	365	Le cellule in coltura e il tumore familiare retinoblastoma forniscono una prova dell'esistenza degli oncosoppressori	397
La base genetica dell'Alzheimer viene svelata con studi di associazione	367	p53 ha un ruolo fondamentale nella risposta cellulare ai danni che inducono il cancro	401
Anomalie citogenetiche rivelano i geni coinvolti nella schizofrenia	368	I diversi passaggi che portano al tumore del colon-retto: una storia di oncogeni e oncosoppressori	402
Il progetto HapMap ha raccolto molti milioni di SNP	369	La perdita di p53 contribuisce all'effetto Warburg	402
Il gene della degenerazione maculare è stato individuato e clonato con gli HapMap SNP	371	Il fallimento dell'apoptosi contribuisce alla sopravvivenza e alla crescita del tumore	403
Molte malattie genetiche umane si trovano più frequentemente in popolazioni specifiche o in gruppi ancestrali	372	La crescita del tumore richiede nuovi vasi sanguigni	406
I microarray a DNA individuano il numero di copie dei polimorfismi nei cromosomi	372	Un recettore accoppiato alla proteina G interagisce con la matrice extracellulare per regolare le metastasi	407
La diagnosi basata sull'SNP si avvale di tecniche su larga scala <i>high-throughput</i>	373	I microarray rivelano cambiamenti nel genoma delle cellule tumorali	408
Il sequenziamento del DNA fornisce la diagnosi definitiva delle mutazioni nel cancro del seno	376	I modelli murini e l'analisi genomica hanno portato alla scoperta di due nuovi oncogeni che cooperano nel tumore del fegato	409
Nuove tecnologie offrono diagnosi basate sul sequenziamento su larga scala	376	I miRNA rappresentano una nuova classe di oncogeni	411
La farmacogenomica migliora il trattamento dell'epilessia	378	L'inibizione della telomerasi può uccidere le cellule tumorali	411
L'RNAi è utilizzato per inibire la crescita eccessiva dei vasi sanguigni	379	L'analisi dell'espressione genica con i microarray rivela la risposta ai farmaci nel tumore mammario	413
L'immunodeficienza severa combinata è curata con la terapia genica retrovirale	380	Il Progetto Genoma del Cancro Umano ci permetterà di identificare tutte le mutazioni nei diversi tumori	413
● Bibliografia	381	● Bibliografia	415
CAPITOLO 15		CAPITOLO 16	
Comprendere le basi genetiche del cancro		Il DNA fingerprinting e la medicina legale	
I fattori ambientali sono i principali responsabili dell'insorgenza del cancro	385	I loci delle ripetizioni in tandem ipervariabili o variabili possono essere impiegati per identificare gli individui	420
Il cancro è una malattia genetica	386	Le brevi ripetizioni in tandem diventano lo standard utilizzato in campo forense	422
Le cellule tumorali crescono a dismisura in coltura	387	La PCR multiplex e le etichette fluorescenti sono usate per analizzare le STR forensi	422
I primi geni tumorali sono stati trovati studiando i virus tumorali	387	L'unicità di un profilo di DNA è calcolata usando le frequenze degli alleli STR	426
Le traslocazioni cromosomiche possono indurre il cancro	388	Le banche dati contengono milioni di profili del DNA	427
Le tecniche del DNA ricombinante sono state usate per isolare il primo gene umano che provoca il cancro	389	Le varianti mitocondriali del DNA sono utili	428
I proto-oncogeni cellulari influenzano i meccanismi di trasduzione del segnale e la trascrizione	391	La tipizzazione del DNA mitocondriale può essere resa più complicata dall'eteroplasmia	430
L'Erceptina colpisce un recettore di un fattore di crescita espresso in molte cellule del tumore della mammella	394	La tipizzazione del DNA mitocondriale riapre il caso dello strangolatore di Boston	430
Il Gleevec inibisce una chinasi mutata nelle cellule leucemiche	395		

Le STR del cromosoma Y hanno il vantaggio di essere specifiche per i maschi	432	La tipizzazione del DNA scagiona le persone ingiustamente condannate	438
Il DNA degradato è analizzato con le "mini-STR"	432	La tipizzazione del DNA ha affrontato i ricorsi in tribunale	439
I polimorfismi a singolo nucleotide sono promettenti per le applicazioni forensi	434	Le vittime di un disastro di massa sono identificate mediante tipizzazione del DNA	440
La possibilità di ricavare caratteristiche fisiche dalla tipizzazione del DNA è controversa	435	La tipizzazione del DNA risolve un caso di sospetta frode scientifica	441
Le prove di DNA devono essere raccolte con cura sulla scena del crimine	436	● Bibliografia	442
La tipizzazione del DNA permette l'identificazione "cold hit" dei colpevoli	436		
Le ricerche familiari identificano i sospetti	437	Crediti delle illustrazioni	447
Negli Stati Uniti i mandati d'arresto possono essere emessi basandosi solo sul profilo del DNA	437	Indice analitico	449