

# Indice analitico

- A**
- accoppiamento energetico, 137
  - acetaldeide, 161
  - acetil ACP, 247, 249
  - acetil CoA, 154, 175, 246, 291, 292
    - dalla degradazione degli acidi grassi, 259
  - acetil CoA carbossilasi, 247, 251
  - acetil transacilasi, 247
  - acetilcolina, 143
  - acetilcolinesterasi, 143
  - acetilgalattosammina, 115
  - N*-acetilglucosammina, 114, 117, 118
  - N*-acetilglutammato, 294, 295
  - N*-acetilglutammato sintasi, 295
  - acetoacetato, 292
  - acetoacetil ACP, 247, 248
  - acetoacetil CoA, 263, 292
  - $\alpha$ -acetolattato, 281
  - acetone, 292
  - acido/i, 40
    - abietico, 91
    - acetico, 84
    - *N*-acetilmuramico, 118
    - *N*-acetilneuramminico, 115
    - *N*-acetiltalosamminuronico, 119
    - arachidonico, 89, 250
    - ascorbico (vitamina C), 129
    - aspartico, 41
      - abbreviazioni, 36
      - $pK_a$ , 41
      - struttura, 37
    - biliari, 93, 266
    - carbossilici, 84
    - citrico, ciclo, *v.* ciclo dell'acido citrico
    - colico, 93
    - desossiribonucleico (DNA), *v.* DNA (acido desossiribonucleico)
    - formico, 84
    - fosfatidico, 89, 252
    - fusidico, 364, 365
    - *D*-glucuronico, 117
    - glutammico, 41
      - abbreviazioni, 36
      - $pK_a$ , 41
      - struttura, 37
    - grassi, 84
      - degradazione, 256
      - essenziali, 89
      - insaturi, 85
      - notazione strutturale, 86
        - con lettere greche, 258
        - sistema omega, 86
          - omega-3, 89
          - omega-6, 89
        - saturi, 85
        - sintesi, 246
        - spesa energetica, 249
      - grasso sintasi, 250
      - grasso tiochinasi, 256
      - ialuronico, 117
      - jasmonico, 94
      - laurico, 84, 85, 250
      - linoleico, 85, 86, 89, 249
      - linolenico, 89, 249
      - $\alpha$ -linolenico, 89
      - $\gamma$ -linolenico, 86
      - lisofosfatidico, 252
      - miristico, 250
      - nitroso, 321
      - come agente deaminante, 321
      - nucleici, 8, 65-79
        - DNA (acido desossiribonucleico), *v.* DNA (acido desossiribonucleico)
        - nucleotidi, 66
        - legami fosfodiesteri, 67
        - presenti nelle molecole di DNA e RNA, 67
        - RNA (acido ribonucleico), *v.* RNA (acido ribonucleico)
      - oleico, 84, 85, 86
      - palmitico, 88, 248, 249
      - degradazione, 258
      - pantotenico (vitamina B<sub>5</sub>), 129, 175
      - pentadecilico, 249
      - pimarico, 91
      - retinoico, 393
      - ribonucleico (RNA), *v.* RNA (acido ribonucleico)
      - sinapico, 417
      - tricarbossilici, ciclo, *v.* ciclo dell'acido citrico
      - urico, 289, 295
    - acil CoA, 256, 257, 258
    - acil CoA deidrogenasi, 257
    - acil CoA sintetasi, 256
    - acilcarnitina, 257
    - N*-acilomoserina lattoni, 18
    - aconitasi, 177
    - ACP, *v.* proteina trasportatrice di acidi acqua
      - ionizzazione, 40
      - molecola, 42
    - ACTH, *v.* ormone adrenocorticotropo
    - Actinomyceti, 275
    - Actinomycetales*, 336
    - actinorriza, 275
    - adenilato chinasi, 166, 287
    - adenilato ciclasi, 228
    - adenina, 66, 302
      - tautomeria, 319
    - adenina DNA metilasi (Dam), 320
    - S*-adenosil metionina (SAM), 129
    - anti*-adenosina, 70
    - sin*-adenosina, 70
    - adenosina monofosfato (AMP), *v.* AMP (adenosina monofosfato)
    - adenosina monofosfato ciclico (cAMP), *v.* cAMP (adenosina monofosfato ciclico)
    - adenosina trifosfato (ATP), *v.* ATP (adenosina trifosfato)
    - adenovirus, 452
    - adipociti, 87, 253
    - ADP (adenosina difosfato), 152, 153, 182, 190
    - ADP-glucosio, 215
    - adrenalina, 227, 228, 251, 255
    - adrenoleucodistrofia (ALD), 261
    - aerobio obbligato, 160, 161
    - agarosio, 411, 412, 414
    - IIA<sup>Glc</sup> (proteina), 391
    - Agrobacterium*, 284
      - *tumefaciens*, plasmide Ti, 451
    - ALA (amminolevulinato), 288
    - ALA (amminolevulinato) deidratasi, 288
    - ALA (amminolevulinato) sintasi, 288

- alanina, 43, 170
- abbreviazioni, 36
  - $pK_a$ , 41
  - sintesi, 280
  - struttura, 37
- albero della vita, 28
- albumina, 61
- alcol, 88
- alcol deidrogenasi, 161
- ALD, *v.* adrenoleucodistrofia
- aldeidi, 108
- aldoesosi, 110
- aldolasi, 156
- aldopentosi, 109
- aldoso, 108
- aldosterone, 266
- aldotetrosi, 108
- aldotriosi, 108
- ALDP, 261
- alghe, 23
- allolattosio, 389, 390, 454
- Altman, Sidney, 127
- amido, 6, 115, 200, 208, 224
- di riserva, sintesi, 216
  - enzima ramificante, 215
  - estremità riducente e non riducente, 116
  - sintesi, 214
  - transitorio, sintesi, 216
- amido sintasi, 215
- amilasi, 124, 131, 132
- classificazione EC, 131
- $\alpha$ -amilasi, 6, 132
- $\beta$ -amilasi (EC 3.2.1.2), 132
- amilopectina, 115, 215, 223, 224
- amiloplasti, 216
- amilosio, 115, 117
- amminoacidi, 35
- caratteristiche biochimiche, 37
  - catene polari, 41
  - chetogenici, 292
  - degradazione, 290
  - – degli scheletri carboniosi, 291
  - – liberazione dell'azoto sotto forma di ammoniacca, 290
  - enantiomeri, 38
  - essenziali, 278
  - – sintesi, 281
  - forme D e L, 37
  - glucogenici, 292
  - ionizzazione, 39
  - modificazioni chimiche post-traduzionali, 370, 371
  - modifiche dopo la sintesi proteica, 43
  - non-essenziali, 278
  - – sintesi, 279
  - origine, 26
  - per la gluconeogenesi, 236
  - sintesi, 278
  - – amminoacidi essenziali, 281
  - – amminoacidi non-essenziali, 278, 279
  - – regolazione, 283
- amminoacil-AMP, 353
- amminoacil-tRNA, 359, 364
- amminoacil-tRNA-sintetasi, 353
- Classe I, 354
  - Classe II, 354
- amminoacilazione, 353
- tipologie non usuali, 354
- amminolevulinato (ALA), 288
- ammoniacca
- cellulare, 276
  - escrezione, 290, 292
  - liberazione dell'azoto degli amminoacidi sotto forma di, 290
  - sintesi dell'azoto inorganico, 274
  - *v. anche* ciclo dell'urea
- ammoniotelici, organismi, 292
- AMP (adenosina monofosfato), 165, 166, 354
- ampicillina, 448
- Amycolatopsis rifamycinica*, 336
- Anabaena*, 14, 275
- anabolismo, 10, 123
- anaerobio
- facoltativo, 160, 161
  - obbligato, 160
- analisi di diffrazione a raggi X, 71, 359
- androstenedione, 268
- Anfinsen, Christian, 57, 60
- anfipatica, molecola, 88
- anfotera, sostanza, 39
- angoli torsionali *psi* e *phi*, 47, 48, 49, 58
- anidrasi carbonica, 53, 216
- animali, produzione di acidi grassi, 250
- anomeri, 109, 110
- ansa  $\beta\alpha\beta$ , 54
- antibiotici, 336
- aminoglicosidici, 364
  - aventi come bersaglio il ribosoma batterico, 364
  - semisintetici, 365
- anticodone/i, 356
- contenenti inosina, 356
- anticorpo/i, 408
- monoclonali, 410
  - policlonale, 410
  - primario, 413
  - secondario, 413
- antigene/i, 408
- nucleare delle cellule proliferanti (PCNA), 309
- antiporto, 102
- antranilato sintasi, 285
- AP endonucleasi, 322
- apoC-II, 254
- apoenzima, 129
- apolipoproteine, 254
- apoproteine, 254
- appaiamento/i
- adenina-timina, 303
  - delle basi (doppia elica), 68
  - di basi tra tRNA e mRNA, 356
  - G-U, 356
  - tra basi, 302
- apparato del Golgi, 14, 20, 376
- e produzione delle proteine, 23
- arabinosio, 109
- Archaea, 14
- caratteristiche biochimiche, 17
  - DNA polimerasi, 309
  - girasi inversa, 307
  - pareti cellulari, 119
- Ardipithecus ramidus*, 30
- arginasi, 294
- arginina, 41, 294
- abbreviazioni, 36
  - $pK_a$ , 41
  - sintesi, 280
  - struttura, 37
- argininosuccinasi, 294
- argininosuccinato, 293, 294
- argininosuccinato sintetasi, 293
- argonauta (proteina), 399
- asparagina, 42
- abbreviazioni, 36
  - $pK_a$ , 41
  - sintesi, 280
  - struttura, 37
- asparaginasi, 290
- aspartato, 192, 281
- sintesi, 280
- aspartato aminotrasferasi, 193, 296
- aspartato  $\beta$ -semialdeide, 281
- aspartato transcarbamilasi, 287
- aspartato-argininosuccinato, shunt dell', 296
- Aspergillus oryzae*, 432
- aspirina, 94
- atassia
- spinocerebellare, 324
  - teleangectasia, 324
- aterosclerosi, 254
- atmosfera primordiale, 27
- atomi, 8
- ATP (adenosina trifosfato), 21, 152, 153, 175, 182, 200, 286, 287
- biosintesi, 159
  - dalla degradazione degli acidi grassi, 258
  - idrolisi, 101, 152
  - – proteine di trasporto ATP-dipendenti, 101
  - – – pompe di tipo P, 101
  - – – trasportatori ABC (*ATP-binding cassette*), 101
  - sintesi, 186
  - – controllo, 189
  - –  $F_0F_1$ ATPasi, 187
  - – trasferimento protonico, 186
- ATP sintasi, 159
- del cloroplasto, 206
- ATP solforilasi, 445
- ATPasi, 187
- origine della denominazione, 187
- attacco di cuore, 254
- attenuazione, 394
- attivatore tissutale del plasminogeno umano (TPA), 54
- attività esonucleasica, 126
- autodigestione delle cellule del pancreas, 368
- autoinduttori, 18

- autotrofi, 199  
avidina, 418  
avilamicina, 364  
*Azolla*, 275  
azoto, 274  
– eliminazione sotto forma di urea, 293  
– – v. anche ciclo dell'urea  
– fissazione, 274  
– malattie associate ad alterazioni metaboliche, 295  
– riduzione ad ammoniaca, 276  
– sintesi dell'ammoniaca dall'azoto inorganico, 274
- B**  
bacillo, 15  
*Bacillus*, 384, 385  
– *licheniformis*, 284  
– *megaterium*, 354  
– *subtilis*, subunità  $\sigma$ , 386  
*backtracking*, 337  
*BamHI* (enzima), 435, 448  
barbabietola da zucchero, 162  
barriera selettiva, 98  
basi, 40  
– appaiamento, 68  
– azotate (DNA e RNA), 66  
– impilamento, 69, 70  
– riordinamento, 74  
– tautomeria, 319  
– – ed errori di replicazione, 319  
Bassham, James, 208  
batteri, 14  
– azotofissatori simbiotici, 274  
– composizione dei ribosomi, 357, 358  
– fattori di allungamento, v. fattori di allungamento  
– fattori di inizio, v. fattori di inizio  
– fattori di rilascio, v. fattori di rilascio  
– fotosintesi nei, 201, 208  
– impaccettamento del DNA, 77  
– inizio della trascrizione, 385  
– pareti, 117  
– processamento dei frammenti di Okazaki, 313  
– riduzione dei nitrati, 277  
– rossi, 201, 208  
– terminazione della replicazione del DNA circolare, 314  
– verdi, 201, 208  
batterioclorofilla, 202, 208  
batteriofagi, 6, 24  
batteriofago T4 di *Escherichia coli*, 24  
batteroidi, 275  
*BclI* (enzima), 435  
Benson, Andrew, 208  
Bernard, Claude, 5  
betulina, 92  
*BglII* (enzima), 435  
bicarbonato di sodio, 161  
bioapatite, 52  
biocarburante, 139  
– sfruttamento degli enzimi termostabili nella produzione di, 139  
biochimica, 1-12  
– come scienza sperimentale, 11  
– conservazione e impiego dell'informazione biologica, 10  
– e biologia, 2  
– e chimica, 3  
– origini, 5  
– studio del metabolismo, 8  
– studio delle biomolecole di grandi dimensioni, 6  
biofilm, 16  
– comunicazione fra i batteri, 18  
biologia e biochimica, 2  
biomarcatori, 388  
biomolecole  
– di grandi dimensioni, studio, 6  
– insieme di, denominazione, 11  
– polimerizzazione, 27  
biotina, 233, 418  
birra, 161  
1,3-bisfosfoglicerato, 157, 158, 212  
blastocidina S, 364  
Bloom, sindrome di, 324  
bolla trascrizionale, 335  
braccio accettore, 353  
*Bradyrhizobium*, 275  
Branson, Herman, 48  
Burk, Dean, 142  
*Burkholderia*, 275  
butiril ACP, 248  
butiril CoA, 258
- C**  
Cajal, corpi di, 21  
calcio  
– come secondo messaggero, 103  
– controllo del metabolismo del glicogeno, 230  
calcitriolo, 266  
calmodulina, 103  
Calvin, Melvin, 208  
– ciclo di, v. ciclo di Calvin  
Cambriano, 29  
cammelli del Pliocene, 52  
cAMP (adenosina monofosfato ciclico), 103, 168  
canali ionici controllati dal voltaggio, 100  
–  $K^+$ , 101  
–  $Na^+$ , 101  
*Canavalia ensiformis*, 124, 427  
cancro  
– al seno triplo negativo, 388  
– e analisi su microarray, 388  
– e telomerasi, 318  
– forme ereditarie al seno e all'ovaio, 324  
– non poliposico del colon-retto (HNPCC), 324  
cap, 337  
– di tipo 0, 338  
– di tipo 1, 338  
– di tipo 2, 338  
CAP, v. proteina attivatrice del catabolita  
capping, 338  
cappuccio (cap), v. cap  
capside, 24  
– struttura filamentosa, 24  
– struttura icosaedrica, 24  
– struttura testa e coda, 24  
captazione della luce, 201  
carbamil fosfato, 287, 293  
carbamil fosfato sintetasi, 293, 295  
carboidrati, 8, 107-119, 199  
– di membrana, 98  
– disaccaridi, 107, 112  
– eteropolisaccaridi, 117  
– come costituenti della matrice extracellulare e delle pareti batteriche, 117  
– isomeria, 109  
– metabolismo, v. metabolismo dei carboidrati  
– monosaccaridi, 107, 108  
– – diastereoisomeri, 108  
– – enantiomeri, 108  
– – in forma ciclica, 110  
– – rappresentazione della struttura, 109  
– oligosaccaridi, 107, 114  
– polisaccaridi, 107, 115  
– produzione per fotosintesi, 200  
– studio, 426-427  
carbonio, 8, 274  
– chirale, 38, 39  
– fissazione nel ciclo di Calvin, 209  
– fissazione nelle piante C4, 216  
– fissazione nelle piante CAM, 216  
carbonio- $\alpha$ , 36  
2-carbossi-D-arabinitolo-1-fosfato, 210  
carbossi-peptidasi, 130  
carbossi-peptidasi E, 368  
carbosisomi, 216  
carnitina, 256  
carnitina aciltrasferasi, 257  
carnitina/acilcarnitina traslocasi, 257  
 $\beta$ -carotene, 203  
carotenoidi, 203  
carvone, 91  
catabolismo, 10, 123, 134  
catalasi, 260  
catalisi rotazionale, 188  
catalizzatore, 8, 133  
– biologico, 133  
catena/e  
– alimentare, 199  
– di trasporto elettronico, 10, 154, 181-194  
– – disaccoppiamenti, 191  
– – funzione, 183  
– – inibitori, 191  
– – sede, 184  
– – sintesi dell'ATP, 186  
– – controllo, 189  
– –  $F_0F_1$ ATPasi, 187  
– – trasferimento protonico, 186  
– – struttura, 183  
– – trasferimento degli elettroni, 181  
– idrocarburica, 84  
– polari (amminoacidi), 41  
catrame, 92

- cavolo *Symplocarpus foetidus*, 194  
 – odore, 194  
 – termogenesi, 194  
 CD, v. dicroismo circolare  
 cDNA, v. DNA complementare  
 CDP-glucosio, 215  
 Cech, Thomas, 127  
 cellobioidrolasi, 139  
 cellobiosio, 139  
 cellula vegetale, 19  
 – parete cellulare, 19  
 cellulasi, 139, 140  
 – fungina, 140  
 cellule, 13-30  
 – del mesofillo, 217  
 – eucarioti, 19  
 – – apparato del Golgi, 23  
 – – architettura cellulare, 19  
 – – cloroplasti, 22  
 – – mitocondri, 21  
 – – reticolo endoplasmatico, 23  
 – – struttura del nucleo, 20  
 – procarioti, 15  
 – – architettura cellulare, 16  
 – – forma delle cellule, 15  
 – staminali, 318  
 – struttura, 14  
 cellulosa, 6, 117, 139, 259  
 – trasformazione in glucosio, 139  
 centro/i  
 – chirali, 419, 420  
 – di coordinazione, 130  
 – di reazione, 204  
 – – P680, 204  
 – – P700, 204  
 – ferro-molibdeno (FeMo), 276  
 – ferro-zolfo (FeS), 184  
 cera d'api, 88  
 cere, 88  
 cerebrosidi, 90  
 CFTR, v. regolatore transmembrana della fibrosi cistica  
 cGMP (guanosina 3'-5'-monofosfato ciclico), 103  
 Changeux, Jean-Pierre, 146  
 chaperoni molecolari, 56, 59  
 chaperonine, 60  
 Chargaff, Erwin, 71  
 cheratina, 50  
 3-cheto-2-carbossiarabinitolo-1,5-bisfosfato, 209  
 2-cheto-3-desossi-D-arabinoeptulosonato 7-fosfato sintasi, 285  
 3-chetoacil CoA, 258  
 $\beta$ -chetoacil-ACP reductasi, 248  
 $\beta$ -chetoacil-ACP sintasi, 247  
 $\alpha$ -chetobutirrato, 281, 285  
 chetoesosi, 110  
 chetogenesi, 292  
 $\alpha$ -chetoglutarato, 177, 178, 278, 291  
 $\alpha$ -chetoglutarato deidrogenasi, 178  
 – complesso della, 178  
 $\alpha$ -chetoisovalerato, 282  
 chetone, 108  
 chetopentosi, 110  
 chetoso, 108  
 chetotetrosi, 110  
 $\beta$ -chetotiolasi, 258  
 chetotrioso, 108  
 Chevreul, Michel Eugene, 5  
 chilomicroni, 254, 254  
 – residui dei, 254  
 chimica e biochimica, 3  
 chimosina, 139  
 chimotripsina, 143, 368  
 chimotripsinogeno, 368  
 chitina, 6, 19, 117  
 cianelle, 23  
 $\alpha$ -ciano-4-idrossicinnamato, 176  
 cianobatteri, 23, 201, 208, 216  
 – simbiotici, 275  
 – – fissazione dell'azoto, 275  
 cianuro, 191, 194  
 ciaperonina Hsp70, 375  
 ciclasì, 103  
 ciclo  
 – degli acidi tricarbossilici, v. ciclo dell'acido citrico  
 – del gliossilato, 259  
 – dell'acido citrico, 10, 154, 174-181  
 – – collegamento con il ciclo dell'urea, 296  
 – – ingresso del piruvato, 174  
 – – regolazione, 180  
 – – tappe, 175  
 – – utilizzazione di prodotti derivati dalla degradazione degli scheletri carboniosi di amminoacidi, 291  
 – dell'urea, 280, 292, 296  
 – – collegamento con il ciclo dell'acido citrico, 296  
 – – regolazione, 294  
 – – tappe, 293  
 – di Calvin, 208  
 – – tappe, 211  
 – di Cori, 160  
 – di Krebs, v. ciclo dell'acido citrico  
 – futile, 229  
 ciclobutano  
 – dimeri, 323  
 – – riparazione per fotoriattivazione, 323  
 cicloesimide, 365  
 CIEP, v. immunoelettroforesi  
 controcorrente  
 cinetica enzimatica, 138  
 CIP, v. immunoelettroforesi  
 controcorrente  
 cisteina, 41, 42  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 280  
 – struttura, 37  
 cisterne, 23  
 citidilato sintetasi, 287  
 citidina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67  
 citochine, 18, 102  
 citocromo, 185  
 citocromo  $b_5$ , 249  
 citocromo  $b_6$ , 205  
 citocromo  $b_6/f$ , complesso del, 205  
 citocromo  $c$ , 183, 185  
 citocromo  $c$  ossidasi, complesso della, 186  
 citocromo  $f$ , 205  
 citocromo P450, 266  
 citoplasma, 17  
 citosina, 66, 287, 302  
 – tautomeria, 319  
 citosina DNA metilasi (Dcm), 320  
 citrato, 177, 246  
 – trasportatore del, 246  
 citrato sintasi, 177  
 citrullina, 293  
 clonaggio del DNA, 11, 447-457  
 – impiego per ottenere proteine ricombinanti, 453  
 – metodi, 448  
 cloramfenicolo, 364  
 clorofilla, 22, 201, 287  
 – tipi, 202  
 clorofilla  $a$ , 202  
 clorofilla  $b$ , 202  
 clorofilla  $c1$ , 202  
 clorofilla  $c2$ , 202  
 cloroplasti, 20, 22, 200  
 – analogie con i mitocondri, 200  
 co-repressore, 392  
 CoA (coenzima A), 129, 175, 257  
 coagulazione  
 – del sangue, 455  
 – umana, v. fattore VIII della coagulazione umana  
 cocco, 15  
 coda di poli(A), 340  
 codice genetico, 6, 43, 317  
 – degenerazione, 330  
 codice istonico, 372  
 codone/i, 350  
 – di inizio, 351  
 – – alternativi, 357  
 – – e tentennamento, 357  
 – di punteggiatura, 351  
 – di terminazione, 351  
 – interazione con il suo anticodone, 356  
 – raggruppamento in famiglie, 350  
 – riassegnazione del significato dipendente dal contesto, 352  
 – riconoscimento, 356  
 coefficiente di ripartizione, 423  
 coenzima/i, 129  
 cofattori, 128  
*coiled coil* (struttura superavvolta), 51  
 colecalciferolo, 266  
 colesterolo, 92, 254  
 – sintesi, 263  
 – – dei derivati, 266  
 colil CoA, 266  
 collagene, 45, 51  
 – *fingerprinting*, 52  
 colonna cromatografica, 414  
 Complesso I, 183, 184  
 Complesso II, 183, 185

- Complesso III, 183, 185  
 Complesso IV, 183, 185  
 complesso/i  
 – antenna, 204  
 – aperto del promotore, 331  
 – chiuso del promotore, 331  
 – del poro, 20  
 – dell'esosoma, 398  
 – di inizio, 362  
 – di legame al cap, 361  
 – di pre-inizio, 303, 361  
 – di riconoscimento dell'origine, 304  
 – di silenziamento indotto da RNA (RISC), 399  
 – di traslocazione della membrana esterna (TOM), 374  
 – di traslocazione della membrana interna (TIM), 374  
 composti azotati, metabolismo,  
   v. metabolismo dei composti azotati  
 concanavalina A, 427  
 condensazione, 46  
 configurazione *cis*, 86  
 configurazione *trans*, 86  
 coniugazione, 16  
 controllo  
 – allosterico  
 – – negativo, 146  
 – – positivo, 146  
 – da accettore, 190  
 – respiratorio, 190  
 convicina, 240  
 coordinazione  
 – centro di, 130  
 – legami di, 130  
 – sfera di, 130  
 coppia di basi (bp), 73  
 CoQ (coenzima Q), 183  
 CoQH<sub>2</sub>-citocromo *c* riduttasi, complesso della, 185  
 Corey, Robert, 48  
 Cori, ciclo di, 160  
 corismato, 127, 282, 285  
 corpo/i  
 – chetonici, 292  
 – di Cajal, 21  
 – inclusi, 456  
 – umano, elementi chimici componenti, 2  
 correzione di bozze, 309  
 cortisolo, 266  
 costante di Michaelis (*K<sub>m</sub>*), 140  
 COSY, 421  
 CPSF, v. fattore specifico per il taglio e la poliadenilazione  
 Crassulacee, 218  
 CRE, v. elementi di risposta al cAMP  
 creazione di modelli, 48  
 CREB, v. proteina legante gli elementi di risposta al cAMP  
 creste, 21  
 Cretaceo-Terziario, 29  
 Creutzfeldt-Jakob, malattia di, 25  
 Crick, Francis, 65, 68, 71, 302  
 cristallografia a raggi X, 11, 48, 419, 422  
 – studio in dettaglio della struttura delle proteine, 422  
 cromatina, 75, 372  
 – fibra di 30 nm, 77  
 cromatofori, 201  
 cromatografia, 415  
 – coefficiente di ripartizione, 415  
 – fase mobile, 415  
 – fase stazionaria, 415  
 – liquida ad alta prestazione (HPLC), 416, 426  
 – su carta, 71, 415  
 – su colonna, 414, 415  
 – – cromatografia a scambio ionico, 415  
 – – cromatografia in fase inversa, 415  
 – – gel filtrazione, 414  
 – su strato sottile, 415  
 cromatogramma, 424  
 cromosoma/i, 20  
 – impacchettamento del DNA nei, 75  
 – metafasici, 78  
 crotonil ACP, 248  
 CstF, v. fattore di stimolazione del taglio  
 CTD, v. dominio carbossi-terminale  
 CTP (citidintrifosfato), 287  
*Cyanophora paradoxa*, 23  
 Cybulski, Napoleon, 5
- D**  
 DAG, v. 1,2-diacilglicerolo  
 DAHP sintasi, 285, 392  
 dalton (Da), 6  
 Dam, v. adenina DNA metilasi  
 Dayhoff, Margaret Oakley, 36  
 Dcm, v. citosina DNA metilasi  
 ddNTP, v. dideossinucleotidi  
 deaminazione, 74  
 decarbossilazione ossidativa, 175  
 degenerazione del codice genetico, 330  
 degradosoma, 397  
 7-deidrocolesterolo, 266  
 Delbrück, Max, 6  
 denaturazione (proteina), 57  
 Denisovani, tipo umano, genoma, 442  
 deossinucleotidil-trasferasi terminale, 309  
 deossiribonucleasi, 432  
 desaturasi, 249  
 2'-desossadenosina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67  
 2'-desossicitidina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67  
 2'-desossiguanosina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67  
 desossiribonucleasi I, 76  
 – v. *anche* DNasi I  
 desossiribonucleotidi, sintesi, 287  
 2'-desossiribosio, 66, 108  
 2'-desossitimidina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67  
 destrano, 414  
*Desulfobacter*, 160  
 detersivi bioattivi, 441  
 Devoniano superiore, 29  
 diabete mellito, 227  
 1,2-diacilglicerolo (DAG), 103, 252  
 diagramma di Ramachandran, 47  
 dialisi, 57  
 diastasi, 124  
 diastereoisomeri, 108, 109  
 diazotrofi, 274  
 Dicer (proteina), 399  
 dicroismo circolare (CD), 60, 419  
 – studio del contenuto della struttura secondaria di una proteina, 419  
 dideossinucleotidi (ddNTP), 443  
 Δ<sup>2,4</sup>-dienoil CoA, 263  
 Δ<sup>2,4</sup>-dienoil CoA riduttasi, 263  
 differenziamento, 384  
 diffrazione  
 – analisi a raggi X, 71  
 – dei raggi X, 422  
 – – mappa di densità elettronica, 422  
 – – quadro di, 422  
 diffusione  
 – facilitata, 98  
 – trasporto per, 98  
 DIPP, v. diisopropil fluorofosfato  
 digliceride aciltrasferasi, 253  
 diidrolipoil deidrogenasi, 175  
 diidrolipoil transacetilasi, 175  
 diidrossiacetone fosfato, 108, 156, 157, 162, 193, 214, 252, 254  
 1,25-diidrossicolecalciferolo, 266  
 diidrouracile, 74  
 diisopropil fluorofosfato (DIFP), 142, 143, 144  
 dimetilallil pirofosfato, 263  
 dineina, 61  
 2,4-dinitrofenolo, 191  
 dinosauri, 29, 30  
 dipolo, 44  
 disaccaridi, 107, 112  
 disaccoppianti, 191  
 distrofina umana (gene), 336  
 diterpeni, 91  
 DNA (acido desossiribonucleico), 8, 65  
 – antico, 442  
 – cellulare, 20  
 – circolare, 306  
 – – dei batteri, terminazione della replicazione, 314  
 – clonaggio, v. clonaggio del DNA  
 – complementare (cDNA), 437  
 – forcella replicativa, 303, 311  
 – forma-A (DNA-A), 72  
 – forma-B (DNA-B), 70  
 – forma-Z (DNA-Z), 72  
 – fotoliasi, 323  
 – impacchettamento, 75  
 – intergenico, 330  
 – manipolazione con enzimi purificati, 432-442  
 – – enzimi utilizzati, 432  
 – – – ligasi, 436  
 – – – nucleasi, 432  
 – – – polimerasi, 436



- PCR, v. reazione a catena della polimerasi (PCR)
- mitocondriale, 22
- replicazione, 303-317
  - fase di allungamento, 304
  - -- complicazioni dovute alle DNA polimerasi, 309
  - -- DNA topoisomerasi, 304
  - -- forcella replicativa, 311
  - -- problema topologico, 304
  - -- sintesi da parte delle DNA polimerasi, 307
  - inizio, 303
    - in *Escherichia coli*, 303
    - negli eucarioti, 304
    - terminazione, 314
    - -- frammenti di Okazaki, 315
    - -- proteine Tus, 314
    - ricombinante, 447
    - riparazione, 317-325
      - correzione degli errori, 318
      - -- distinzione fra filamento neosintetizzato e filamento parentale, 319
      - -- rimozione della porzione sbagliata del filamento neosintetizzato, 320
      - riparazione dei nucleotidi danneggiati, 321
        - -- per escissione di base, 321
        - -- per escissione di nucleotidi, 323
        - riparazione delle rotture, 324
          - -- difetti nei meccanismi di riparazione e patologie umane, 324
          - -- riparazione post-replicativa, 325
        - sequenze di terminazione, 314
        - sequenziamento, v. sequenziamento del DNA
        - shuffling, 284
        - sintesi, 437
          - dipendente da uno stampo, 70
          - stampo, 443
          - struttura, 65
            - secondaria, 68
            - superavvolto, 306
    - DNA girasi batterica, 307
    - DNA glicosilasi, 322
    - DNA ligasi, 313, 436
    - DNA polimerasi, 309, 313
      - Archaea, 309
      - DNA-dipendente, 308
      - eucariotiche, 309
        - famiglia A, 309
        - famiglia B, 309
        - famiglia C, 309
        - famiglia D, 309
        - famiglia RT, 309
        - famiglia X, 309
        - famiglia Y, 309
        - innesco, 312
        - procariotiche, 309
        - retrovirus, 309
        - RNA-dipendenti, 308
      - DNA polimerasi  $\alpha$ , 309
      - DNA polimerasi  $\gamma$ , 309
      - DNA polimerasi  $\delta$ , 309, 311, 313
      - DNA polimerasi  $\epsilon$ , 309, 311
      - DNA polimerasi I, 126, 308, 313
      - DNA polimerasi I batterica, 436
      - DNA polimerasi III, 308, 312, 313
      - DNA topoisomerasi, 304
        - tipo I, 305
        - tipo II, 305
      - DnaA (proteina), 303
      - DnaB (proteina), 303, 316
      - DnaC (proteina), 303
      - DNasi I, 432
      - dodecilsolfato di sodio, 97
      - domini (proteine), 54
        - a dito, 54
        - fattore di crescita, 54
        - kringle, 54
      - dominio/i, 15
        - carbossi-terminale (CTD), 334
      - doppia elica, 65
        - appaiamento delle basi, 68
        - caratteristiche, 68
        - forma-A, 72
        - forma-B, 70
        - forma-Z, 72
        - forme diverse, 70
          - scoperta, 71
        - impilamento delle basi, 69, 70
        - regioni ricche in AT, 303
        - sequenze complementari, 69
        - solco maggiore, 68
        - solco minore, 68
        - v. anche  $\alpha$ -elica
      - doppia membrana, 20
      - doppio strato lipidico (membrane biologiche), 95
      - dosaggi
        - immunoenzimatici, 411
        - immunologici, 410
      - duodeno, 368

**E**

      - EC (classificazione degli enzimi), 131
        - gruppo EC1, 131
        - gruppo EC2, 131
        - gruppo EC3, 131
        - gruppo EC4, 131
        - gruppo EC5, 131
        - gruppo EC6, 131
        - numero, 131
      - eccitone, trasferimento, 204
      - EcoRI* (enzima), 434
      - edeina, 364
      - effetti sterici, 47
      - EGFR, v. fattore di crescita epidermico
      - eicosanoidi, 93
      - eIF-1, 361, 363
      - eIF-1A, 361
      - eIF-2, 361
      - eIF-3, 361
      - eIF-4A, 361
      - eIF-4E, 361
      - eIF-4F, 361
      - eIF-4G, 361, 362
      - eIF-5B, 363
      - elemento/i
        - di risposta
          - agli ormoni, 393
          - al cAMP (CRE), 393
          - al ferro, 397
        - promotori dello sviluppo, 393
      - elettroendoosmosi, 411
      - elettroforesi, 412
        - in soluzione acquosa, 412
        - su gel, 412
        - di poliacrilammide in presenza di SDS, 412
      - elettromeccanico, 205
      - elica
        - anfipatica, 375
        - di riconoscimento, 385
        - tripla, 52
        - v. anche doppia elica
      - $\alpha$ -elica
        - destrorsa, 49
        - sinistrorsa, 49
      - eliobatteri, 208
      - ELISA (*enzyme-linked immunosorbent assay*), 411
        - diretto, 412
        - indiretto, 413
      - eme, 55, 130, 287, 295
      - emiterpeni, 90
      - emofilia, 455
      - emoglobina, 55, 130, 277
        - cooperatività, 56
        - trasporto dell'ossigeno nel sangue, 55
      - enantiomeri, 38, 108, 109
      - endoglicosidasi, 427
      - endoglucanasi, 139
      - endonucleasi, 76, 432
        - di restrizione, 433, 434
        - protrusioni, 435
        - sequenze riconosciute, 434
        - tipo di taglio, 435
          - -- estremità coesive, 435
          - -- estremità piatte, 435
          - Tipo I, 433
          - Tipo II, 433, 434
          - Tipo III, 433
      - energia
        - di attivazione, 134
        - di legame, 44
        - di risonanza, trasferimento, 204
        - libera, 133
        - libera standard, variazione, 181
        - produzione, 151
          - catena di trasporto elettronico, v. catena di trasporto elettronico
          - ciclo dell'acido citrico, v. ciclo dell'acido citrico
          - glicolisi, v. glicolisi
          - immagazzinamento dell'energia da parte delle molecole trasportatrici attivate, 152
          - produzione in due fasi dell'energia biochimica, 153

- solare
- - cattura nella fotosintesi, 201
- unità di misura, 152
- enoil CoA idratasi, 257
- $\Delta^3$ -enoil CoA, 263
- trans- $\Delta^2$ -enoil CoA, 257, 262, 263
- enoil-ACP reductasi, 248
- enolasi, 157
- enolpiruvilshikimato 3-fosfato sintasi (EPSPS), 284
- enteropeptidasi, 368
- entropia, 135
- enzima/i, 123-147
  - allosterici, 146
  - caratteristiche, 124
  - - molecole di RNA, 127
  - - proteine, 124
  - classificazione, 131
  - cofattori, 128
  - come catalizzatori biologici, 133
  - condensante, 247
  - deramificante, 225, 226
  - di restrizione, 433
  - - *v. anche* endonucleasi di restrizione
  - fattori che influenzano la velocità di una reazione enzimatica, 137
  - - concentrazione del substrato, 138
  - - equazione di Michaelis-Menten, 140, 142
  - - pH, 137
  - - temperatura, 137
  - funzionamento, 132
  - inibitori, 141
  - - irreversibili, 141
  - - reversibili, 144
  - inibizione allosterica, 145
  - malico NADP-dipendente, 217, 246
  - omologhi, 132
  - pH ottimale, 138
  - purificati, 139
  - ramificante, 225
  - - dell'amido, 215
  - reporter, 411
  - specificità di legame del substrato, 136
  - tandem, 167
  - temperatura e reazioni enzimatiche, 137
  - termostabili, 137, 139
  - velocità di una reazione enzimatica
  - - iniziale, 138
  - - massima, 140
- epimeri, 109
- epimerizzazione, 163
- epinefrina, 227
- epitopo, 410
- epossido di squalene, 264
- EPSPS, *v. enolpiruvilshikimato 3-fosfato sintasi*
- equazione di Michaelis-Menten, 140, 142
- eRF-1, 366
- eRF-3, 366
- eritromicina, 364, 365
- eritrosio, forme D e L, 109
- eritrosio 4-fosfato, 241, 282, 285
- eritruolo, 110
- Escherichia coli*, 15, 17
  - batteriofago T4, 24
  - clonaggio del DNA, 448
  - decifrazione del codice genetico, 350
  - DNA, 77
  - DNA polimerasi I, 126, 308, 437
  - DNA polimerasi III, 308
  - EcoRI (enzima), 434
  - inizio della trascrizione, 385
  - ligasi, 436
  - *long patch*, 324
  - operone lattosio, 386
  - origine di replicazione del DNA, 303
  - plasmide, 448
  - produzione di proteine ricombinanti, 454
  - promotori, 331
  - replicazione del DNA, 312
  - riparazione dei misaccoppiamenti, 320
  - RNA polimerasi, 335
  - RNasi I, 433
  - *short patch*, 324
  - sintesi degli amminoacidi, 281
  - subunità  $\sigma^{32}$ , 385
  - subunità  $\sigma^{70}$ , 385
  - terminazione della replicazione, 314
  - triptofano sintasi, 127
  - vettore di clonaggio pUC8, 448
- esochinasi, 155, 169
- esocitosi, 375
- esoglicosidasi, 427
- esoni, 341
- esonucleasi, 432
- esosoma, 398
- esosomofosfati, shunt degli, 237
- espressione genica, 10, 302, 329
  - controllo, 383-402
  - - degradazione degli mRNA, 397
  - - degradazione delle proteine, 399
  - - regolazione, 385
  - - - inizio della trascrizione negli eucarioti, 391
  - - - inizio della trascrizione nei batteri, 385
  - - - terminazione della trascrizione, 394
  - - - traduzione, 394
  - studio dei cambiamenti, 388
- estinzione di massa, eventi di, 29
- estradiolo, 268
- estremità-3', 68
- estremità-5', 68
- estremità 3'-OH, 68
- estremità 5'-P, 68
- estremità coesive, 435
- estremità piatte, 435
- estremofili, 17
- estrogeni, 245, 268
- estrone, 268
- etanolo, 88, 139, 161
- eteropolisaccaride/i, 115, 117
  - come costituenti della matrice extracellulare e delle pareti batteriche, 117
- etichette di affinità codificate da isotopi (ICAT), 417
- eucarioti, 14, 19
  - apparato del Golgi, 23
  - architettura cellulare, 19
  - cloroplasti, 22
  - composizione dei ribosomi, 357, 358
  - DNA polimerasi, 309
  - fattori di allungamento, *v. fattori di allungamento*
  - fattori di inizio, *v. fattori di inizio*
  - fattori di rilascio, *v. fattori di rilascio*
  - mitocondri, 21
  - origini di replicazione (DNA), 304
  - processamento dei frammenti di Okazaki, 313
  - promotori, 332
  - reticolo endoplasmatico, 23
  - struttura del nucleo, 20
- evemimicina, 364
- evoluzione, 26
  - eventi di estinzione di massa, 29
  - origine della vita, 26
  - percorso evolutivo nel tempo, 28
- F**
- $F_0F_1$ ATPasi, 184, 187, 188
  - rotazione, 189
- Fabaceae*, 275
- FAD (flavin adenin dinucleotide), 129, 153, 178
- FADH<sub>2</sub> (forma ridotta del FAD), 153, 154, 178, 181, 183, 186
- famiglia dei recettori nucleari, 393
- farnesil pirofosfato, 264
- fase di lettura aperta, 351
- fattore/i
  - associati alla TBP (TAF), 334
  - di allungamento
  - - negli eucarioti, 364
  - - nei batteri, 364
  - - - EF-1A, 364
  - - - EF-2, 365, 366
  - di crescita, 448
  - - epidermico (EGFR), 371
  - di inizio
  - - negli eucarioti, 360
  - - - eIF-1, 361, 363
  - - - eIF-1A, 361
  - - - eIF-2, 361, 396
  - - - eIF-3, 361
  - - - eIF-4A, 361, 363
  - - - eIF-4E, 361
  - - - eIF-4F, 361
  - - - eIF-4G, 361, 362
  - - - eIF-5B, 363
  - - nei batteri, 360
  - - - IF-1, 361
  - - - IF-2, 361
  - - - IF-3, 360
  - di riciclo del ribosoma (RRF), 366
  - di rilascio
  - - negli eucarioti, 366
  - - - eRF-1, 366

- – eRF-3, 366
  - – nei batteri, 366
  - – – RF-1, 366
  - – – RF-2, 366
  - – – RF-3, 366
  - di stimolazione del taglio (CstF), 340
  - nod, 275
  - specifico per il taglio
    - e la poliadenilazione (CPSF), 340
    - transattivi le IRES (ITAF), 362
    - trascrizionale IID (TFIID), 334
    - VIII della coagulazione umana, 455
  - – gene, 455
  - – sintesi come proteina ricombinante, 455
  - fave, avversione per le, 240
  - favismo, 240
    - e via dei pentoso fosfati, 240
  - fegato, controllo allosterico
    - del metabolismo del glicogeno, 231
  - Fehling e Benedict, saggi di, 116
  - FEN1 (endonucleasi), 313
  - fenilalanina, 43
    - abbreviazioni, 36
    - $pK_a$ , 41
    - sintesi, 281, 282, 285
    - struttura, 37
  - fenilalanina idrossilasi, 295
  - fenilchetonuria, 295
  - fermentazione alcolica, 161
  - ferredossina, 206, 213, 276
  - ferredossina-tioredoxina riduttasi, 213
  - ferritina, 61, 396
  - fibra di cromatina di 30 nm, 77
  - fibroina, 52
  - fibrosi cistica, 101
    - regolatore transmembrana della (CFTR), 101
    - terapia genica, 102
  - ficobiline, 203
  - ficocianina, 23, 208
  - filamento
    - continuo, 310
    - discontinuo, 310
    - stampo, 308
  - fimbrie, 16
  - fingerprinting*
    - del collagene, 52
    - di massa peptidica, 416
  - Fischer, Emil, 5, 136
  - Fischer, Hans, 5
  - Fischer, proiezione di, 109
  - fissazione del carbonio, 208
  - fitocromo, 289
  - flagelli, 16
  - flagellina, 16
  - flap endonucleasi, 313
  - flavonoidi, 275
  - 5-fluorouracile, 289
  - flusso metabolico, 424
  - FMN (flavin mononucleotide), 129, 153, 184
  - foglie, colorazione autunnale, 203
    - foglietto- $\beta$ , 48
      - antiparallelo, 49
      - parallelo, 49
    - forcella replicativa (DNA), 303, 311
    - forcina (RNA), 339
    - N-formilmetionina, 355
    - forze di van der Waals, 44, 51
    - fosfatasi, 168
    - fosfatidato fosfatasi, 252
    - fosfatidilglicerolo, 90
    - fosfatidilinositolo 4,5-bisfosfato (PIP<sub>2</sub>), 103
    - fosfatidilserina, 89
    - fosfato inorganico, 152
    - fosfocolina, 90
    - fosfodiesterasi, 103, 323
    - fosfoenolpiruvato, 157, 158, 217, 233, 282, 285
    - fosfoenolpiruvato carbossichinasi, 233
    - fosfoenolpiruvato carbossilasi, 217
    - fosfofruttochinasi 2, 156, 164, 166, 169
      - controllo ormonale, 166
    - 2-fosfoglicerato, 157
    - 3-fosfoglicerato, 157, 158, 209, 212, 217, 280
    - fosfoglicerato chinasi, 157, 212
    - fosfoglicerato mutasi, 157
    - 2-fosfoglicolato, 217
    - fosfoglucoisomerasi, 156
    - fosfoglucomutasi, 164, 214, 226
    - 6-fosfogluconato, 238
      - via del, 238
    - 6-fosfogluconato deidrogenasi, 238
    - 6-fosfoglucono- $\delta$ -lattone, 237, 238
    - fosfolipasi A2, 367
    - fosfopanteteina, 247
    - fosfopentoso epimerasi, 239
    - fosfopentoso isomerasi, 238
    - fosforibosil pirofosfato (PRPP), 283, 287
    - fosforilasi chinasi, 228
    - fosforilazione
      - a livello del substrato, 159
      - ossidativa, 159, 182
      - fotofosforilazione, 204
      - ciclica, 207
      - (6-4) fotoliasi, 323
    - foto prodotti, 323
    - foto prodotto (6-4), 324
    - foto protezione, 207
      - ruolo dei pigmenti carotenoidi, 207
    - fotorepirazione, 217
    - fotoriattivazione, 323
    - fotosintesi, 22, 199-218
      - anossigenica, 208
      - nei batteri, 201, 208
      - reazioni al buio, 208
      - – ciclo di Calvin, 208
      - – tappe, 211
      - – fissazione del carbonio nelle piante C4, 216
      - – fissazione del carbonio nelle piante CAM, 216
      - – sintesi del saccarosio, 214
      - – sintesi dell'amido, 214
    - reazioni alla luce, 201
    - – cattura dell'energia solare, 201
    - – fotofosforilazione, 204
    - – trasporto elettronico, 204
  - fotosistema, 203
    - I, 204
    - II, 204
  - frammenti di Okazaki, 310, 311, 312
    - problemi alle estremità delle molecole di DNA lineari, 315
  - processamento negli eucarioti, 313
  - processamento nei batteri, 313
  - Frankia*, 275
  - Franklin, Rosalind, 71
  - frequenza di risonanza, 420
  - fruttochinasi, 162
  - fruttofuranosio, 112
  - fruttosio, 110, 161, 162, 200
  - fruttosio 1,6-bisfosfatasi, 214, 234
  - fruttosio bisfosfatasi 2, 166
  - fruttosio 1,6-bisfosfato, 156, 166, 214
  - fruttosio 2,6-bisfosfato, 166, 237
  - fruttosio 1-fosfato, 162
  - fruttosio 1-fosfato aldolasi, 162
  - fruttosio 6-fosfato, 156, 166, 167, 169, 200, 214, 239, 241
    - controllo da parte del glucagone, 168
  - fucoxantina, 203
  - fumarasi, 179
  - fumarato, 178, 291, 294, 296
  - furano, 110
  - furanosi, 110
- G**
- Gag (poliproteina), 369
    - sintesi, 369
  - Gag-Pol (poliproteina), 370
    - sintesi, 369
  - GAL (promotore), 456
  - galattochinasi, 163
  - $\beta$ -galattosidasi, 387, 390
  - $\beta$ -galattoside transacetilasi, 387
  - $\beta$ -galattosidi, 387, 390
  - $\beta$ -galattosil glicerolo, 390
  - galattosio, 110, 162
  - galattosio 1-fosfato, 163
  - galattosio 1-fosfato uridil trasferasi, 163
  - galla del colletto, 451
  - gangliosidi, 90
  - gas nervini, 144
  - gascromatografia, 415, 423
  - GAT, v. glifosfato N-acetiltransferasi
  - GDP (guanosin difosfato), 178
  - gemme, 21
  - gene/i, 71, 329, 383
    - alterazione dei codoni tramite PCR, 441
    - codificanti proteine, 330
    - discontinui, 341
    - *housekeeping*, 383
    - null, 332
    - per l'insulina umana, 392, 393
    - relazione con la proteina specificata, 341
    - sempre attivi, 383
    - temporaneamente attivi, 383



- genoma, 11, 21  
geranil pirofosfato, 263  
geraniolo, 91  
Gibbs, Josiah Willard, 133  
girasi inversa degli Archaea, 307  
glicani, 114  
– dei gruppi sanguigni A, B e 0, 427  
– sequenziamento, 427  
– studio della struttura, 427  
glicemia, 227  
gliceraldeide, 38, 108, 162  
– enantiomeri, 38  
– forme D e L, 108  
gliceraldeide 3-fosfato, 127, 156, 157, 158, 162, 208, 212, 214, 239, 241  
gliceraldeide 3-fosfato deidrogenasi, 157, 212  
glicerofosfolipidi, 89  
glicerolo, 87, 254  
glicerolo chinasi, 254  
glicerolo 3-fosfato, 193, 252, 254  
glicerolo 3-fosfato aciltrasferasi, 252  
glicerolo 3-fosfato deidrogenasi, 193, 252, 254  
glicina, 38, 43, 52  
– abbreviazioni, 36  
– codoni, 351  
– ionizzazione, 39  
–  $pK_a$ , 41  
– sintesi, 280  
– struttura, 37  
glicocolato, 93, 266  
glicogenina, 225  
glicogeno, 6, 117  
– metabolismo, 223  
– – controllo allosterico nelle cellule del fegato, 231  
– – controllo da parte del calcio, 230  
– – degradazione, 223  
– – regolazione, 226  
– – sintesi, 223  
glicogeno fosforilasi, 225, 228  
glicogeno fosforilasi *a*, 228  
glicogeno fosforilasi *b*, 228  
glicogeno sintasi, 224, 225, 228  
glicogeno sintasi *a*, 228  
glicogeno sintasi *b*, 228  
glicolipidi, 98  
glicolisi, 10, 152-170  
– da monosaccaridi diversi dal glucosio, 161  
– – fruttosio, 161  
– – galattosio, 162  
– in assenza di ossigeno, 159  
– – fermentazione alcolica, 161  
– – trasformazione del piruvato in lattato nei muscoli in forte attività, 159  
– regolazione, 164  
– tappe della via glicolitica, 154  
– – trasformazione di una molecola di glucosio in due di piruvato, 155  
– – utilizzazione dell'ATP, 158  
glicomica, 423, 427  
glicoproteine, 23, 98  
glicosamminoglicani, 118  
glicosidasi, 131, 427  
glicosilazione, 23, 114  
N-glicosilazione, 114  
O-glicosilazione, 114  
glifosato, 284  
glifosato N-acetiltrasferasi (GAT), 284  
gliossilato, ciclo del, 259  
gliosisomi, 259  
globina- $\alpha$ , 55  
globina- $\beta$ , 55  
globina umana, 440  
globuli rossi, 55  
globulo fuso, 58  
glucagone, 167, 227, 228, 251, 255  
– controllo del fruttosio 6-fosfato, 168  
glucochinasi, 162  
glucocorticoidi, 245  
gluconeogenesi, 160, 231  
– regolazione, 236  
– spesa energetica, 235  
– substrati, 234  
– tappe, 232  
glucopiranosio, 112  
– forme D, 110, 112  
glucosamina, 114  
 $\alpha(1\rightarrow6)$  glucosidasi, 226  
 $\beta$ -glucosidasi, 139  
glucosio, 6, 108, 110, 113, 200, 226, 390  
– concentrazione nel sangue, 227  
– degradazione della molecola per la produzione di energia, 151, 153, 154, 155  
– forma ciclica, 110  
– regolatore negativo dell'operatore lattosio, 390  
– trasportatore eritrocitario del (GLUT1), 99  
– trasporto, 99  
– v. anche glicolisi  
glucosio 6-fosfatasi, 226, 234  
glucosio 1-fosfato, 163, 164, 200, 214, 224, 225  
glucosio 6-fosfato, 155, 156, 169, 214, 237  
glucosio 6-fosfato deidrogenasi, 237  
– deficit, 240  
GLUT1, v. trasportatore eritrocitario del glucosio  
glutamato, 280, 291  
– forma L, 278  
– sintesi, 278  
glutamato deidrogenasi, 278, 291  
glutammato  $\gamma$ -semialdeide, 280  
glutammato, 42, 279  
– abbreviazioni, 36  
–  $pK_a$ , 41  
– sintesi, 278  
– struttura, 37  
glutammato sintetasi, 279  
glutazione, 240  
glutazione perossidasi, 240, 352  
glutazione reductasi, 240  
Golgi, apparato del, 14, 20, 376  
gomma, 91  
gota, 295  
gradiente elettrochimico, 187  
grafico di Lineweaver-Burk, 141, 142, 145  
grana, 22  
grani, 200  
granuli intercromatinici, 21  
GroEL/GroES, complesso, 60  
gruppi prostetici, 129  
gruppo  
– aldeidico, 108  
– ammidico, 42  
– amminico, 37, 39, 41, 46  
– – ionizzazione, 39  
– C-terminale, 46  
– carbonile, 84  
– carbossile, 36, 39, 41, 42, 46, 84  
– – ionizzazione, 39  
– formile, 108  
– N-terminale, 46  
– ossidrilico, 84  
– peptidico, 46  
– tiolo, 42  
GTP (guanosin trifosfato), 153, 178  
guaina del fascio, cellule, 217  
guanilil trasferasi, 338  
guanina metil-trasferasi, 338  
guanina, 66, 302  
guanosina, 338  
guanosina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67  
guida d'onda «zero-mode», 446  
Gunther, malattia di, 295  
guttaperca, 91
- ## H
- H1 (istone), 77  
H1<sup>o</sup> (istone), 77  
H1a-H1e (istone), 77  
H1t (istone), 77  
H2A (istone), 77  
H2B (istone), 77  
H3 (istone), 77  
H4 (istone), 77  
H5 (istone), 77  
Haber, processo, 276  
HAT, v. istone acetiltransferasi  
HDAC, v. istone deacetilasi  
HDL, v. lipoproteine a densità elevata  
HGPRT, v. ipoxantina-guanina fosforibosiltrasferasi  
HinfI (enzima), 435  
His-12, 126  
His-119, 126  
HIV (virus), 24  
HIV-1 (virus), 369  
HMG CoA, 263, 264, 292  
HMG CoA reductasi, 263, 264  
HNPC, v. cancro non poliposico del colon-retto  
*Homo habilis*, 30  
*Homo sapiens*, 30  
– genoma, 442  
HPLC, v. cromatografia liquida ad alta prestazione  
HRP, v. perossidasi di rafano

Hsp70 (proteine), 59, 393  
 HU (proteina), 77

**I**

ibridoma, 410  
 ibuprofene, 94  
 ICAT, v. etichette di affinità codificate da isotopi, 417  
 icerolo 3-fosfato deidrogenasi, 193  
 IDL, v. lipoproteine a densità intermedia idrofili, 42  
 idrofobo, composto, 43  
 idrogeno, 274  
 – struttura atomica, 205  
 idrolasi, 131  
 idrolisi dell'ATP, 101  
 3-idrossi-3-metilglutaril CoA, 263  
 3-idrossiacil CoA, 257  
 idrossiacil CoA deidrogenasi, 258  
 3-idrossiacil-ACP deidratasi, 248  
 D-3-idrossibutirrato, 292  
 D-3-idrossibutirril ACP, 248  
 idrossido di sodio, 88  
 4-idrossiprolina, 44, 51  
 IF-1, 361  
 IF-2, 361  
 IF-3, 360  
 igromicina B, 364  
 imbuto energetico, 58  
 immunoelettroforesi, 411, 412  
 – controcorrente (CIP o CIEP), 411  
 immunoglobulina/e, 408, 409  
 – anti-coniglio, 413  
 – catene leggere, 409  
 – catene pesanti, 409  
 – e diversità anticorpale, 409  
 – IgA, 409  
 – IgD, 409  
 – IgE, 409  
 – IgG, 409  
 – IgM, 409  
 – regioni costanti, 409  
 – regioni variabili, 409  
 immunoprecipitazione, reazione di, 410  
 impilamento delle basi (doppia elica), 69, 70  
 importina, 374  
 indirizzamento (proteine), v. proteine indolo, 127  
 indolo-3-glicerolo fosfato, 127  
 induttore, 389  
 infarto del miocardio, 254  
 infezioni  
 – batteriche, 365  
 – virali, diagnosi precoce, 440  
 informazione biologica, 10  
 – conservazione e impiego, 10  
 ingegneria  
 – genetica, 447  
 – proteica, 140, 441  
 inibitori, 141  
 – irreversibili, 141  
 – reversibili, 144

inibizione  
 – allosterica, 145  
 – reversibile competitiva, 144  
 – reversibile non competitiva, 144  
 innesco, 310  
 inosina, 356  
 inositolo 1,4,5-trisfosfato (IP<sub>3</sub>), 103  
 insulina, 227, 229, 251, 255, 448, 453  
 – sintesi, 368  
 – umana, gene, 392, 393  
 integratori a base di omega-3 e omega-6, 89  
 interfase, 78  
 introni, 341  
 – GU-AG, 342  
 invertasi di lievito, 139  
 involucro  
 – cellulare, 16  
 – nucleare, 20  
 iodopsina, 94  
 ione, 39  
 – idronio, 40  
 ionizzazione, 39  
 – degli amminoacidi, 39  
 – dell'acqua, 40  
 – electrospray, 426  
 ionofori, 191  
 IP<sub>3</sub>, v. inosotolo 1,4,5-trisfosfato  
 iperamniemia, 295  
 iperglicemia, 227  
 ipofisi, 370  
 ipoglicemia, 227  
 ipoxantina-guanina fosforibosiltrasferasi (HGPRT), 295  
 ipoxantina, 74  
 IPTG, v. isopropil-β-D-tiogalattoside  
 IRES, v. sito interno di legame al ribosoma, 362  
 IRP-1 (proteina), 397  
 isocitrato, 177  
 isocitrato deidrogenasi, 177  
 isocitrato liasi, 259  
 isoelettrofocalizzazione, 412  
 isoenzimi, 179, 286  
 isoleucina, 43  
 – abbreviazioni, 36  
 – pK<sub>a</sub>, 41  
 – sintesi, 281, 285  
 – struttura, 37  
 isomerasi, 131  
 isomeri, 38  
 – ottici, 38  
 isomeria  
 – nei carboidrati, 109  
 isomerizzazione, 131  
 isopentenil pirofosfato, 263  
 isoprene, 90  
 isopropil-β-D-tiogalattoside (IPTG), 454  
 isotopi, 8  
 isozimi, 179  
 istidina, 41  
 – abbreviazioni, 36  
 – pK<sub>a</sub>, 41  
 – sintesi, 283

– struttura, 37  
 istone acetiltransferasi (HAT), 372  
 istone deacetilasi (HDAC), 372  
 istone/i, 20, 75, 372  
 – modificazioni chimiche, 372  
 ITAF, v. fattori transattivanti le IRES

**J**

Jacob, François, 386  
 joule, 152

**K**

KDEL, sequenza, 377  
 Kennedy, Eugene, 256  
 K<sub>m</sub> (costante di Michaelis), 140  
 Koshland, Daniel, 146  
 Kozak, sequenza consenso di, 361  
 Krebs, Hans, 154  
 – ciclo di, v. ciclo dell'acido citrico  
 Ku (proteine), 325

**L**

lacZ' (gene), 450  
 Langerhans, isole di, 368  
 lanosterolo, 264  
 Laplace, Pierre, 5  
 β-lattamasi, 448  
 lattasi, 113, 162  
 lattato, 165, 166, 236  
 lattato deidrogenasi, 159, 236  
 latte, 113, 114, 162  
 – digestione, 113  
 lattice, 91  
 lattonasi, 238  
 lattosio, 112, 162, 389, 390  
 – operone, regolazione, 389  
 – – regolazione, ruolo del glucosio, 390  
 – tolleranza al, 113  
 lattosio permeasi, 386  
 Lavoisier, Antoine, 5  
 LDL, v. lipoproteine a densità bassa  
 lectine, 427  
 legame/i  
 – chimici, 43  
 – – a idrogeno, 44  
 – – covalenti, 43  
 – – – doppi, 44  
 – – – semplici, 44  
 – – elettrostatici, 44  
 – – forze di van der Waals, 44  
 – di coordinazione, 130  
 – disolfuro, 51  
 – fosfato-fosfato, 152  
 – fosfodiesteri, 68  
 – N-glicosidici, 132  
 – O-glicosidici, 112, 132  
 – S-glicosidici, 132  
 – glicosidico, 131  
 – isopeptidico, 400  
 – peptidici, 46  
 – – particolarità, 47  
 – β-N-glicosidico, 66  
 leghemoglobina, 277  
 leguminose, 275

- Lehninger, Albert, 256  
 Lesch-Nyhan, sindrome di, 295  
 leucina, 43  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 282  
 – struttura, 37  
 leucodistrofia, 261  
 Levinthal, Cyrus, 57  
 – paradosso di, 58  
 liasi, 131  
 licheni, 275  
 lievito, 161  
 – genoma, 341  
 ligasi, 131, 432  
 ligazione  
 – di estremità coesive, 436  
 – di estremità piatte, 436  
 Lineweaver, Hans, 142  
 Lineweaver-Burk, grafico di, 141, 142, 145  
 linfociti B, 408  
 lipasi, 253, 255  
 lipidi, 8, 83-95  
 – metabolismo, v. metabolismo dei lipidi  
 – struttura, 84  
 – – acidi grassi, 84  
 – – – insaturi, 85  
 – – – notazione strutturale, 86  
 – – – saturi, 85  
 – – glicerofosfolipidi, 89  
 – – sfingolipidi, 89  
 – – steroidi, 92  
 – – – anabolizzanti, 93  
 – – steroli, 92  
 – – terpeni, 90  
 – – triacilgliceroli (trigliceridi), 86, 236  
 – – – cere, 88  
 – – – complessi, 87  
 – – – degradazione, 253  
 – – – saponi, 88  
 – – – semplici, 87  
 – – – sintesi, 252  
 – studio, 423-426  
 – – gascromatografia, 423  
 – – spettrometria di massa, 425  
 lipidoma, 11  
 lipidomica, 423  
 lipolisi, 253  
 lipoproteina lipasi, 254  
 lipoproteina/e, 253, 254  
 – a densità bassa (LDL), 254  
 – a densità elevata (HDL), 254  
 – a densità intermedia (IDL), 254  
 – a densità molto bassa (VLDL), 254  
 liposomi, 176, 453  
 lipotropine, 370  
 liquido sinoviale, 117  
 lisina, 41  
 – abbreviazioni, 36  
 – acetilazione, 372  
 – carbamilata, 371  
 – metilazione, 372  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 281  
 – struttura, 37  
 lisosomi, 378  
 lisozioma, 119  
*Lobaria*, 275  
 long patch (*Escherichia coli*), 324  
 luce  
 – del sole, 200  
 – non polarizzata, 419  
 – polarizzata circolarmente, 419  
 – polarizzata linearmente, 419  
 luciferasi, 445  
 luciferina, 445  
 lume tilacoidale, 200  
 lupeolo, 92
- M**  
 macromolecole, 6  
 magnesio, 201, 210  
 malato, 179, 192, 217, 234, 246, 296  
 malato deidrogenasi, 179, 192, 246, 296  
 malato deidrogenasi NADP-dipendente, 217  
 malato sintasi, 259  
 malattia di Creutzfeldt-Jakob, 25  
 malattia di Gunther, 295  
 MALDI-TOF (*matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight*), 416, 417  
 malonil ACP, 247  
 malonil CoA, 247, 251  
 – sintesi, 251  
 malonil transacilasi, 247  
 malto, estratto acquoso di, 124  
 maltosio, 112  
 mammiferi, produzione di acidi grassi, 250  
 mannosio, 110  
 MAP chinasi, 102, 393  
 marcatore di selezione, 450  
 marcatura a impulso, 401  
 massa molecolare, 6, 8  
 matrice  
 – extracellulare, 23, 117  
 – mitocondriale, 21  
 meccanismo della catalisi rotazionale, 188  
 Mek (proteina), 102  
 melanotropine, 370  
 melittina, 367  
 membrana/e  
 – biologiche, 95-103  
 – – come barriere selettive, 98  
 – – – proteine recettoriali, 102  
 – – – sistema della MAP chinasi, 102  
 – – – trasporto attivo, 99  
 – – – canali ionici controllati dal voltaggio, 100  
 – – – idrolisi dell'ATP, 101  
 – – – trasporto per diffusione, 98  
 – – – del glucosio, 99  
 – – – diffusione facilitata, 99  
 – – struttura, 95  
 – – doppio strato lipidico, 95  
 – – – modello a mosaico fluido, 96  
 – – – proteine, 96  
 – cellulare, 16  
 – citoplasmatica, 16  
 – mitocondriale esterna, 21  
 – mitocondriale interna, 21  
 – tilacoidale, 200  
 Menten, Maud, 140  
 mesofillo, cellule, 217  
 mesosomi, 16  
 messaggero  
 – primo, 102, 103  
 – secondo, 102, 103  
 metabolismo, 8, 10  
 metabolismo dei carboidrati, 223-241  
 – gluconeogenesi, 231  
 – – regolazione, 236  
 – – spesa energetica, 235  
 – – substrati, 234  
 – – tappe, 232  
 – metabolismo del glicogeno, 223  
 – – controllo allosterico nelle cellule del fegato, 231  
 – – controllo da parte del calcio, 230  
 – – degradazione, 223  
 – – regolazione, 226  
 – – sintesi, 223  
 – via dei pentoso fosfati, 237  
 – – e favismo, 240  
 – – fase non-ossidativa, 238  
 – – fase ossidativa, 237  
 metabolismo dei composti azotati, 273-297  
 – ciclo dell'urea, 292  
 – – collegamento con il ciclo dell'acido citrico, 296  
 – – regolazione, 294  
 – – tappe, 293  
 – degradazione degli amminoacidi, 290  
 – – degradazione degli scheletri carboniosi, 291  
 – – liberazione dell'azoto sotto forma di ammoniaca, 290  
 – sintesi degli amminoacidi, 278  
 – – amminoacidi essenziali, 281  
 – – amminoacidi non-essenziali, 278, 279  
 – – regolazione, 283  
 – sintesi dei nucleotidi, 286  
 – – desossiribonucleotidi, 287  
 – – ribonucleotidi, 286  
 – sintesi dei tetrapirroli, 287  
 – sintesi dell'ammoniaca dall'azoto inorganico, 274  
 – – fissazione dell'azoto, 274  
 – – riduzione dei nitrati, 277  
 metabolismo dei lipidi, 254-268  
 – degradazione degli acidi grassi, 256  
 – degradazione dei triacilgliceroli, 253  
 – sintesi degli acidi grassi, 246  
 – – spesa energetica, 249  
 – sintesi dei derivati del colesterolo, 266  
 – sintesi dei triacilgliceroli, 252  
 – sintesi del colesterolo, 263  
 metaboloma, 424  
 metabolomica, 424

- metalloenzimi, 129, 130  
 metalloproteine, 130  
 metanolo, 88  
 6-metil-adenina, 320  
 5-metil-citosina, 320  
 metilazione, 74  
 7-metilguanina, 74  
 7-metilguanossina, 338  
 metilmalonil CoA, 263  
 metilmalonil CoA mutasi, 263  
 metionina, 43, 355  
 – abbreviazioni, 36  
 – codone, 350, 351  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 281  
 – struttura, 37  
 mevalonato, 264  
 micelle, 89  
 Michaelis-Menten, equazione di, 140, 142  
 Michaelis, Leonor, 140  
 – costante di, 140  
 microarray, 388  
 – analisi su, 388  
 microbioma, 18  
*Micrococcus*, 352  
 microfossili, 26  
 microRNA, v. miRNA  
 mioglobina, 56  
 miosina, 61  
 mircene, 91  
 miRNA (microRNA), 74, 330, 399  
 misaccoppiamento/i, 319  
 – riparazione, 320  
 – – in *Escherichia coli*, 320  
 – – per escissione, 320  
*mismatch*, 73  
 Mitchell, Peter, 186  
 mitocondri, 14, 20, 21  
 – analogie con i cloroplasti, 200  
 – e ciclo dell'acido citrico, 174  
 modello  
 – a mosaico fluido, 96  
 – chiave-serratura, 136  
 – concertato, 146  
 – dell'adattamento indotto, 136  
 – sequenziale, 146  
 modificazione  
 – chimica (proteine), 370  
 – – funzione regolatrice, 370  
 – – modificazione degli istoni, 372  
 – post-traduzionale (proteine)  
 – – modificazione chimica, 370  
 – – taglio proteolitico, 367  
 modulo heat shock, 393  
 mole, 152  
 molecola anfipatica, 88  
 molecole marcate, 388  
 molecole trasportatrici attivate, 152  
 Monod, Jacques, 146, 386  
 monomeri, 6  
 monosaccaridi, 107, 108  
 – diastereoisomeri, 108  
 – enantiomeri, 108  
 – in forma ciclica, 110  
 – rappresentazione della struttura, 109  
 monoterpeni, 90  
 mosaico del tabacco, virus del (TMV), 55  
 motivo  
 – elica-giro-elica, 385  
 – strutturale, 54  
 –  $\alpha$ , 54  
 movimento retrogrado, 337  
 Mpc1 (proteina), 176  
 Mpc2 (proteina), 176  
 mRNA (RNA messaggero), 329  
 – degradazione, 397  
 – emivita, 401  
 – monitoraggio, 399  
 – traduzione in un polipeptide, 360  
 – – inizio della traduzione negli eucarioti  
 in assenza della scansione, 362  
 – – negli eucarioti, 361  
 – – nei batteri, 360  
 – – sintesi del polipeptide, 363  
 – – terminazione della sintesi, 366  
 muntijak indiano, 20  
 mutagenesi *in vitro*, 441  
 mutageni, 318  
 mutarotazione, 112  
 mutazione, 60, 317  
 Muth (proteina), 321  
 MutS (proteina), 321  
 mutualismo, 275  
*Mycobacterium tuberculosis*, 15  
*Mycoplasma*, 352  
*Myricaceae*, 275  
*Myrmecia pilosula*, 20
- N**
- Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>-ATPasi, 100, 101  
 NAD<sup>+</sup> (nicotinammide adenin  
 dinucleotide), 129, 153  
 NADH (nicotinammide adenin  
 dinucleotide, forma ridotta), 153, 175,  
 181, 183  
 NADH-citocromo *b*<sub>5</sub> riduttasi, 249  
 NADH citosolico, 191  
 NADH-CoQ riduttasi, complesso della,  
 185  
 NADP<sup>+</sup> (nicotinammide adenin  
 dinucleotide fosfato), 129, 153, 206  
 NADP riduttasi, 206  
 NADPH (nicotinammide adenin  
 dinucleotide fosfato, forma ridotta),  
 153, 200, 206, 237  
 navetta  
 – del glicerolo 3-fosfato, 193  
 – malato-apartato, 192  
 – mitocondriale, 192  
 Neanderthal, tipo umano, genoma, 442  
 neomicina, 364  
 Neuberger, Carl, 5  
 NHEJ, v. unione delle giunzioni non  
 omologhe  
 niacina (vitamina B<sub>3</sub>), 129  
 Nicholson, G.L., 96  
 nitrati, riduzione dei, 274, 277  
 nitrato riduttasi, 277  
 nitrito, 277  
 nitrito riduttasi, 277  
 nitrogenasi, complesso della, 276  
 NMR, v. spettroscopia di risonanza  
 magnetica nucleare  
 nodulo radicale, 275  
 NOESY, 421  
 nomenclatura delle specie, 15  
 noradrenalina, 255  
 nucleasi, 76, 432  
 nucleasi endonucleasi, 432  
 nucleasi esonucleasi, 432  
 nucleo, 14, 20  
 – cellulare, 20  
 nucleotide, 14  
 nucleoli, 21  
 nucleoplasma, 20  
 nucleoside difosfato chinasi, 287  
 nucleoside monofosfato chinasi, 287  
 nucleosomi, 77  
 nucleotidasi, 445  
 nucleotidi, 286  
 – con un marcatore di terminazione, 446  
 – danneggiati  
 – – riparazione per escissione di base,  
 321  
 – – riparazione per escissione  
 di nucleotidi, 321  
 – sintesi, 286  
 – – desossiribonucleotidi, 287  
 – – ribonucleotidi, 286  
 numero  
 – atomico, 8  
 – di massa, 8
- O**
- Okazaki, frammenti di, v. frammenti  
 di Okazaki  
 Okazaki, Reiji, 310  
 Okazaki, Tsuneko, 310  
 oli polinsaturi, 88  
 oligogalattosio, 114  
 oligopeptidi, 18  
 oligosaccaridi, 107, 114  
 Olio di Lorenzo, 261  
 oloenzima, 129  
 omopolisaccaride, 115  
 omoserina, 281  
 operatore, 389  
 operone  
 – inducibile, 392  
 – lattosio, 386, 454  
 – – regolazione, 389  
 – – – ruolo del glucosio, 390  
 – reprimibile, 392  
 – triptofano, 392, 395, 396  
 orbitali atomici, 43, 205  
 Ordoviciano-Siluriano, 29  
 organismo/i  
 – modello, 15  
 – viventi, 13  
 – – pluricellulari, 13  
 – – unicellulari, 13  
 organuli, 14, 19

- origini di replicazione (DNA)  
 – in *Escherichia coli*, 303  
 – in *Saccharomyces cerevisiae*, 304  
 – negli eucarioti, 304  
 ormone/i, 18  
 – adrenocorticotropo (ACTH), 255, 370  
 – eicosanoidi, 89  
 – peptidici, sintesi, 370  
 – sessuali, 93  
 – steroidei, 245, 266, 393  
 – tiroideo, 393  
 ornitina, 280, 293, 294  
 ornitina transcarbamilasi, 293  
 orotato, 287  
 ortoformimicina, 365  
 orzo, 161  
 ossa, riconoscimento, 52  
 ossalacetato, 175, 192, 217, 233, 246, 280, 291  
 ossidasi alternativa, 194  
 ossidazione, 131  
 $\beta$ -ossidazione, 254, 257, 258  
 ossidoreduttasi, 131  
 – reazioni catalizzate da, 131  
 ossigeno, 274  
 – singoletto, 207  
 – specie reattive, 207  
 osteomalacia, 266  
 ottanil CoA, 262  
 Outcherlony, tecnica di, 411  
 ovalbumina, 61
- P**
- P680, 204  
 P700, 204  
 PABP, v. proteina legante il poli(A)  
 palmitato, 249  
 palmitil ACP, 248  
 palmitil CoA, 251  
 pancreas  
 – autodigestione delle cellule, 368  
 – isole di Langerhans, 368  
 pane, 161  
 – lievitato, 161  
 paradosso di Levinthal, 57  
 parete  
 – batterica, 16, 117  
 – cellulare, 16  
 PARP1 (proteina), 325  
 particella/e  
 – di riconoscimento del segnale (SRP), 376  
 – subvirali, 25  
 Pauling, Linus, 48, 71  
 Payen, Anselm, 5, 124  
 PC, v. plastocianina  
 PCNA, v. antigene nucleare delle cellule proliferanti  
 PCR, v. reazione a catena della polimerasi  
 pece, 92  
*Pelomyxa*, 22  
*Peltigera*, 275  
 penicillina, 119  
 pentoso, 66  
 pentoso fosfati, via dei, v. via dei pentoso fosfati  
 pepsina, 138  
 peptidasi del segnale, 376  
 peptide/i, 36  
 – di transito, 375  
 – segnale, 368, 376  
 peptidil transferasi, 364  
 peptidoglicano, 16, 118  
 Permiano, 29  
 perossidasi di rafano (HRP), 411  
 perossido di idrogeno, 260  
 perossisomi, 256  
 – degradazione degli acidi grassi, 260  
 Persoz, Jean-François, 5, 124  
 PEST, sequenza, 401  
*Petunia*, 284  
 pH (scala), 40  
*phaeophyceae*, 203  
 pI, 40  
 piante  
 – C3, 218  
 – C4, 217  
 – – fissazione del carbonio, 216  
 – CAM, 217, 218  
 – – fissazione del carbonio, 218  
 – da raccolto, 216  
 – – aumento della capacità fotosintetica, 216  
 – – resistenti agli effetti del glifosato, 284  
 – produzione di acidi grassi, 250  
 – riduzione dei nitrati, 277  
 – Roundup Ready, 284  
 – termogeniche, 194  
 piccole ribonucleoproteine nucleari (snRNP), 344  
 piccoli RNA nucleari (snRNA), 330  
 piccoli RNA nucleolari (snoRNA), 330  
*Pichia pastoris* (lievito), 456  
 picornavirus, 362  
 pigmenti  
 – accessori, 202  
 – biliari, 289  
 pili, 16  
 piline, 16  
 pinza magnetica, 316  
 pinzetta ottica, 60  
 PIP<sub>2</sub>, v. fosfatidilinositolo 4,5-bisfosfato  
 pirano, 110  
 piranosio, 110  
 piridossal fosfato, 290  
 pirimidine, 66  
 $\Delta^1$ -pirrolina 5-carbossilato, 280  
 pirrolisina, 43  
 pirrololisina, 352, 355  
 piruvato, 153, 280, 291  
 – ingresso nel ciclo dell'acido citrico, 174  
 – nel ciclo dell'acido citrico, 174  
 – trasformazione in acetil CoA, 175  
 piruvato carbossilasi, 233, 247  
 piruvato chinasi, 158, 169  
 piruvato decarbossilasi, 161  
 piruvato deidrogenasi, 175  
 – complesso della, 175  
 piruvato deidrogenasi chinasi, 180  
 piruvato deidrogenasi fosfatasi, 180  
 piruvato P<sub>i</sub> dichinasi, 217  
 Pitagora, avversione per le fave, 240  
 pK<sub>a</sub>, 40  
 – degli amminoacidi, 40  
 plasmide/i, 448  
 – 2  $\mu$ m, 451  
 – di *Escherichia coli*, 448  
 – di integrazione di lievito, 451  
 – di lievito, integrazione in un cromosoma, 453  
 – episomici di lievito, 451  
 – Ti, 451  
*Plasmodium falciparum*, 409  
 plastochinone (PQ), 205  
 plastocianina (PC), 205  
 Pliocene, 52  
 – cammelli del, 52  
 PNPasi, v. polinucleotide fosforilasi  
 polarità, 41  
 poli(A) polimerasi, 340  
 poliaccrilammide, 412, 414  
 poliadenilazione, 340  
 polimerasi, 432, 436  
 polimeri, 6  
 polimerizzazione delle biomolecole, 27  
 polinucleotide fosforilasi (PNPasi), 397, 398  
 polinucleotidi, 66  
 – antiparalleli, 68  
 poliovirus umano, 55  
 polipeptide/i, 35  
 – come polimeri di amminoacidi, 46  
 – traduzione di un mRNA, v. mRNA, traduzione in un polipeptide  
 poliproteine, 367, 369  
 – processamento proteolitico, 369  
 poliribosoma, 366  
 polisaccaridi, 6, 107, 115  
 polisilossano, 423  
 polisoma, 366  
 politerpeni, 90, 91  
 pompe di tipo P, 101  
 porfirina, 201  
 porfobilinogeno, 288  
 porfobilinogeno deaminasi, 288  
 porine, 174  
 poro, complessi del, 20  
 potenziale  
 – d'azione, 100  
 – di membrana, 100  
 – redox, 182  
 – – standard, 182  
 PQ, v. plastochinone  
 pre-mRNA, 342  
 pre-tRNA, 128  
 prefenato, 282  
 pregnenolone, 266  
 preproinsulina, 368  
 previtamina D<sub>3</sub>, 266  
 primasi, 311  
 primer, 310  
 primosoma, 311



- prioni, 25  
 procarioti, 14, 15  
 – architettura cellulare, 16  
 – DNA polimerasi, 309  
 – forma delle cellule, 15  
 processività, 439  
 processo Haber, 276  
 produttori primari, 199  
 profilo genetico, 441  
 progesterone, 245, 266, 268  
 proiezione di Fischer, 109  
 proinsulina, 368  
 prolina, 43, 44, 48, 50, 51  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 280  
 – struttura, 37  
 promelittina, 367  
 promotore/i, 331  
 – basali, 332, 392  
 – batterici, 385  
 – complesso aperto, 331  
 – complesso chiuso, 331  
 – forti, 331  
 – in *Escherichia coli*, 331  
 – negli eucarioti, 332, 391  
 prooppiomelanocortina, 370  
 proormone convertasi, 368  
 propionil ACP, 249  
 propionil CoA, 263  
 propionil CoA carbossilasi, 263  
 prostaglandine, 94  
 proteasoma, 401  
 protein chinasi A, 168, 228  
 protein chinasi insulina-dipendente, 229  
 protein fosfatasi, 228  
 proteina chinasi attivata da AMP, 251  
 proteina fosfatasi 2A, 251  
 proteina/e, 6, 35-61, 96  
 – 7TM, 168  
 – amminoacidi costitutivi, 35  
 – attivatrice del catabolita (CAP), 390  
 – come componenti di enzimi, 124  
 – degradazione, 399  
 – denaturazione, 56  
 – di membrana di Tipo I, 377  
 – di membrana di Tipo II, 378  
 – di membrana di Tipo III, 377  
 – di trasporto ATP-dipendenti, 101  
 – – pompe di tipo P, 101  
 – –  $Na^+/K^+$  ATPasi, 100, 101  
 – – trasportatori ABC (*ATP-binding cassette*), 101  
 – di trasporto in antiporto, 102  
 – di trasporto in simporto, 102  
 – di trasporto per uniporto, 99  
 – emivita, 401  
 – ferro-zolfo (FeS), 184  
 – fibrose, 50  
 – G, 168  
 – – recettore accoppiato a, 168  
 – globulari, 50  
 – integrali di membrana, 97  
 – legante gli elementi di risposta al cAMP (CREB), 393  
 – legante il DNA in maniera sequenza-specifica, 385  
 – legante il poli(A) (PABP), 361  
 – legate a lipidi, 97  
 – Mek, 102  
 – motorie, 61  
 – periferiche di membrana, 97  
 – produzione, 23  
 – profiling, 414  
 – Raf, 102  
 – recettore dell'ubiquitina, 402  
 – recettoriali, 98, 102  
 – regolatrici, 61  
 – ribosomiali L1-L11, 396  
 – ricombinanti, 453  
 – ripiegamento (*protein folding*), 56  
 – – chaperoni molecolari, 56, 58  
 – – – chaperonina, 59  
 – – – complesso GroEL/GroES, 59  
 – – – proteine Hsp70, 58  
 – sequenza, 36  
 – sintesi, v. proteine, sintesi  
 – SSB, 304  
 – – struttura, v. proteine, struttura  
 – – studio, v. proteine, studio  
 – termostabile, 140  
 – transmembrana, 97  
 – trasportatrice di acili (ACP), 247  
 – Uvr, 324  
 – v. *anche* amminoacidi  
 proteine, sintesi, 349-380  
 – codice genetico, 350  
 – – amminoacilazione, 353  
 – – codoni, 351, 356  
 – – degenerazione, 350  
 – – varianti, 351  
 – indirizzamento delle proteine, 373  
 – – esocitosi, 375  
 – – localizzazione ad altre destinazioni, 376  
 – – localizzazione luminale, 375  
 – – localizzazione mitocondriale, 374  
 – – localizzazione nei batteri, 379  
 – – localizzazione nucleare, 374  
 – – sequenze di localizzazione, 373  
 – meccanismo della sintesi, 357  
 – – ribosomi, 357  
 – – traduzione di un mRNA in un polipeptide, 360  
 – modificazione post-traduzionale delle proteine, 366  
 – – modificazione chimica, 370  
 – – taglio proteolitico, 367  
 proteine, struttura, 45-56  
 – primaria, 45  
 – quaternaria, 54  
 – secondaria, 45, 48  
 – – foglietto- $\beta$ , 48  
 – – previsione, 49  
 – – stima del contenuto con dicroismo cellulare, 419  
 – –  $\alpha$ -elica, 48  
 – – terziaria, 50, 53  
 – – studio con la cristallografia a raggi X, 422  
 – – studio con la spettroscopia NMR, 420  
 proteine, studio, 407-423  
 – identificazione di una singola proteina, 408  
 – – dosaggi immunoenzimatici, 411  
 – – reazioni antigene-anticorpo, 408  
 – – reazioni di immunoprecipitazione, 410  
 – studio del proteoma, 413  
 – – confronto della composizione di due proteomi, 417  
 – – identificazione delle proteine con la spettrometria di massa, 416  
 – – separazione delle proteine, 414  
 – studio della struttura, 418  
 – – cristallografia a raggi X, 422  
 – – dicroismo cellulare (CD), 419  
 – – spettroscopia di risonanza magnetica nucleare (NMR), 420  
 proteoma, 383  
 – studio, v. proteine, studio  
 proteomica di espressione, 414  
 protezione dalla nucleasi, 433  
 protomeri, 24  
 Prout, William, 5  
 PRPP, v. fosforibosil pirofosfato  
 pseudomureina, 17  
 pseudouracile, 74  
 pUC8 (plasmide), 448  
 punto isoelettrico, 40  
 purine, 66  
 puromicina, 364
- Q**  
 qPCR, v. PCR quantitativa  
 quencher, 439  
 quorum sensing, 18
- R**  
 rachitismo, 94, 266  
 Racker, Efraim, 188  
 Raf (proteina), 102  
 raggi X  
 – cristallografia a, v. cristallografia a raggi X  
 – diffrazione dei, v. diffrazione dei raggi X  
 Ramachandran, G.N., 47  
 – diagramma di, 47  
 rapporto massa/carica (spettrografia di massa), 416  
 real-time PCR, 439  
 reazione/i  
 – a catena della polimerasi (PCR), 432, 437  
 – – applicazioni, 440  
 – – in tempo reale, 439  
 – – quantitativa (qPCR), 440  
 – al buio, 200  
 – alla luce, 200  
 – antigene-anticorpo, 408

- di immunoprecipitazione, 410
  - di ossidazione e riduzione (redox), 131
  - diretta, 135
  - endoergonica, 134
  - esoergonica, 134
  - inversa, 135
  - reversibili, 135
  - recettore/i
    - $\beta$ -adrenergico, 228
    - per il mannosio 6-fosfato, 378
    - per la vitamina D<sub>3</sub>, 393
    - per SRP, 376
    - proteici, 18
  - reflectron, 417
  - regione non tradotta
    - al 3' (3'-UTR), 351
    - al 5' (5'-UTR), 351
  - regioni di inizio (DNA), 304
  - regolatore transmembrana della fibrosi cistica (CFTR), 101
  - regolazione
    - a *feedback*, 145
    - globale, 396
    - trascritto-specifica, 396
  - rennina, 139
  - replisoma, 312, 314
    - interazione con le proteine Tus, 316
  - repressore lattosio, 389
  - RES, 362
  - resine degli alberi, 91
  - respirasomi, 184
  - respirazione, 153
    - cellulare, 21
    - resistente al cianuro, 194
  - restrizione, 434
    - endonucleasi di, 433, 434
  - reti alimentari, 2
  - reticolo endoplasmatico, 20
    - e produzione delle proteine, 23
    - liscio, 24
    - rugoso, 24
  - reticolo sarcoplasmatico, 230
  - retinolo, 94
  - retrovirus, 309
  - RF-1, 366
  - RF-2, 366
  - RF-3, 366
  - Rhizobiaceae*, 275
  - Rhizobium*, 275
  - Rho (proteina), 339
  - Rhopalodia gibba*, 275
  - riassegnazione del significato del codone dipendente dal contesto, 352
  - riboflavina (vitamina B<sub>2</sub>), 129
  - ribonucleasi, 57, 433
  - ribonucleasi A, 125
  - ribonucleasi P, 127
  - ribonucleotide reductasi, 287
  - ribonucleotidi, sintesi, 286
  - ribosio, 66, 108, 109
    - forma ciclica, 110
  - ribosio 5-fosfato, 238, 239
  - ribosio-fosfato difosfochinasi, 283
  - ribosomi, 24, 330, 357
    - composizione, 357
    - - negli eucarioti, 357, 358
    - - nei batteri, 357, 358
    - - proteine, 358
    - - rRNA, 358
    - - siti, 359
    - - subunità, 358, 359
    - struttura tridimensionale, 358
    - - analisi di diffrazione a raggi X, 359
    - traslocazione, 359
  - ribozima, 127
    - *hammerhead*, 128
  - ribulosio, 110
  - ribulosio 1,5-bisfosfato, 209, 212, 213
  - ribulosio bisfosfato carbossilasi, 208, 209, 371
  - ribulosio 5-fosfato, 212, 238, 239
  - ribulosio 5-fosfato chinasi, 212
  - ricombinazione, 325
  - riduzione dei nitrati, 274, 277
  - riduzione, 131
  - rifabutina, 336
  - rifamicine, 336
  - rifampicina, 336
  - riparazione
    - dei miscaccoppiamenti, 320
    - - in *Escherichia coli*, 320
    - - per escissione, 320
    - dei nucleotidi danneggiati, 321
    - - per escissione di base, 321
    - - per escissione di nucleotidi, 323
  - ripiegamento
    - delle proteine, v. proteine
    - via di, 57
  - ripiegamento- $\beta$ , 53
  - RISC, v. complesso di silenziamento indotto da RNA
  - risonanza magnetica nucleare (NMR), 11
    - spettroscopia, v. spettroscopia di risonanza magnetica nucleare
  - RNA (acido ribonucleico), 8, 65
    - codificanti, 330
    - come componente di enzimi, 127
    - manipolazione con enzimi purificati, 432-442
    - - enzimi utilizzati, 432
    - - - ligasi, 436
    - - - nucleasi, 432
    - - - polimerasi, 436
    - - PCR, v. reazione a catena della polimerasi (PCR)
    - messaggero (mRNA), v. mRNA
    - microRNA (miRNA), 74, 330, 399
    - modificazioni chimiche, 74
    - nei primi stadi dell'evoluzione, 128
    - non codificante, 330
    - ribosomiale (rRNA), 330, 358
    - sintesi, 329-345
    - - processamento, 340
    - - - rimozione degli introni dai pre-mRNA degli eucarioti, 341
    - - trascrizione del DNA in RNA, 329
    - - - inizio, 330
  - - - sintesi, 334
  - - - terminazione, 338
  - struttura, 65
    - - secondaria, 68
  - transfer (tRNA), v. tRNA
  - RNA elicasi B, 398
  - RNA polimerasi, 311, 335
    - DNA-dipendente, 331
    - forma basale (core), 331
    - forma oloenzima, 331
    - RNA polimerasi I, 333
      - promotori, 333
    - RNA polimerasi II, 332, 336
      - promotore basale, 332
      - - sequenza di inizio (Inr), 332
      - - TATA box, 332
    - RNA polimerasi III, 333
      - promotori, 333
    - RNasi E, 398
    - RNasi I, 433
    - RNasi VI, 433
  - rodopsina, 94
  - rotenone, 191
  - Roundup Ready, piante, 284
  - RRF, v. fattore di riciclo del ribosoma
  - rRNA (RNA ribosomiale), 330, 358
  - Rubisco, 208, 209, 371
    - attività nelle piante da raccolto, 216
    - di cianobatteri, 216
    - Rubisco attivasi, 209, 210
- S**
- S1 (endonucleasi), 432
  - saccaridi, 107
  - saccarosio, 112, 114, 200, 208
    - sintesi, 214
  - saccarosio 6-fosfato, 214
  - saccarosio fosfato fosfatasi, 214
  - saccarosio fosfato sintasi, 214
  - Saccharomyces cerevisiae*, 20, 160, 161
    - lievito, 456
    - origini di replicazione (DNA), 304
    - plasmide 2  $\mu$ m, 451
    - plasmide di integrazione di lievito, 451
  - saggi di Fehling e Benedict, 116
  - SAM, v. S-adenosil metionina
  - Sanger, Frederick, 443
  - sapone di Castiglia, 88
  - saponi, 88
  - saponificazione, 88
  - saturazione dei doppi legami, 74
  - Sau3AI* (enzima), 435
  - scambiatore Na<sup>+</sup>/Ca<sup>2+</sup>, 102
  - Scheele, Carl Wilhelm, 5
  - schema Z, 207
  - Schrödinger, Erwin, 5, 6
    - e la biologia, 6
  - scienze della vita, 2
  - scivolamento della fase di lettura, 369
    - programmato, 369
  - scorbuto, 129
  - scrapie, 25
  - SDS, v. sodio dodecil solfato
  - sedoeptulosio 7-fosfato, 239

- segmento  
 – corto, meccanismo, 324  
 – di coda, 351  
 – di testa, 351
- segnale  
 – di localizzazione nucleare, 374  
 – di ritenzione, 376
- selenocisteina, 43, 352, 355
- semi in germinazione, 259
- senescenza cellulare, 318
- sequenza/e, 36  
 – complementari (doppia elica), 69  
 – consenso, 331  
 – – di Kozak, 361  
 – di blocco del trasferimento, 377  
 – di localizzazione, 373  
 – – luminale, 375  
 – – mitocondriale, 374  
 – di mezzo, 341  
 – di Shine-Dalgarno, 360  
 – di terminazione, 314  
 – espresse, 341  
 – Inr, 332  
 – intergeniche, 330  
 – KDEL, 377  
 – PEST, 401
- sequenziamento del DNA, 11, 442-447  
 – con sistemi massivi in parallelo, 446  
 – di nuova generazione, 443, 446  
 – di seconda e terza generazione, 446  
 – di singole molecole in tempo reale, 446  
 – per terminazione di catena, 443  
 – pirosequenziamento, 444
- seril-tRNA-sintetasi, 355
- serina, 42  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 280  
 – struttura, 37
- seta, 52
- sfera di coordinazione, 130
- sfingolipidi, 89
- sfingosina, 90
- Shine-Dalgarno, sequenza di, 360
- short patch* (*Escherichia coli*), 324
- shunt degli esoso monofosfati, 237
- shunt dell'aspartato-argininosuccinato, 296
- simbiosi batterica, 274
- simporto, 102
- sindrome  
 – di Bloom, 324  
 – di Lesch-Nyhan, 295  
 – di Werner, 324
- Singer, S.J., 96
- sintesi *de novo*, 287
- sintesi proteica, v. proteine, sintesi
- siroeme, 277
- sistema  
 – del complemento, 408  
 – immunitario, 408  
 – omega (notazione degli acidi grassi), 86
- sistemi di traduzione acellulare, 364
- sito  
 – A, 359, 363, 364, 366  
 – abasico, 322  
 – accettore, 342  
 – allosterico, 145  
 – amminoacilico, 359  
 – AP, 322  
 – attivo, 126  
 – di attacco del ribosoma, 360  
 – di splicing al 3', 342  
 – di splicing al 5', 342  
 – di uscita, 359  
 – donatore, 342  
 – E, 359, 366  
 – interno di legame al ribosoma (IRES), 362  
 – P, 359, 363, 366  
 – peptidilico, 359
- smorzamento non fotochimico, 207
- snoRNA (piccoli RNA nucleolari), 330
- snRNA (piccoli RNA nucleari), 330
- snRNP (piccole ribonucleoproteine nucleari), 344
- sodio dodecil solfato (SDS), 412
- solco maggiore (doppia elica), 68
- solco minore (doppia elica), 68
- solfo batteri  
 – rossi, 208  
 – verdi, 208
- solfo di idrogeno, 208
- solitromicina, 365
- somatostatina, 61
- somatotropina, 61
- sonda reporter, 439
- spazio intermembrana, 21
- specie, nomenclatura, 15
- spettrometria di massa, 416  
 – a quadrupolo, 426  
 – a settore magnetico, 426  
 – riconoscimento dei lipidi, 425  
 – tandem, 426
- spettroscopia di risonanza magnetica nucleare (NMR), 419, 420  
 – interpretazione dello spettro, 421  
 – studio della struttura di piccole proteine in soluzione, 420
- spirillo, 15
- spliceosoma, 344  
 – minore, 343
- splicing, 342  
 – alternativo, 345  
 – complicazioni topologiche, 343  
 – precisione del taglio, 342
- spostamento chimico, 420
- squalene, 92, 264  
 – epossido di, 264
- SRP, v. particella di riconoscimento del segnale
- SSB (proteine), 304
- stato di transizione, 134
- stem-loop*, 339
- stereoisomeri, 109
- steroidi, 92  
 – anabolizzanti, 93
- steroli, 92
- stigmaterolo, 92
- streptomina, 364
- stroma, 22, 200
- struttura  
 – a filo di perle, 77  
 – a flap, 339  
 – a forcina, 339  
 – a quadrifoglio, 73  
 – delle proteine, v. proteine, struttura  
 – intermedia, 134  
 – stelo-ansa, 73  
 – superavvolta, 51  
 – tetraloop, 74
- substrato, 135  
 – concentrazione e velocità di reazione, 138  
 – effetto della concentrazione sull'azione enzimatica, 138  
 – legame cooperativo, 146  
 – – modello concentrato, 146  
 – – modello sequenziale, 146  
 – specificità di legame, 136  
 – – modello chiave-serratura, 136  
 – – modello dell'adattamento indotto, 136
- subtilisina, 441
- subunità  $\sigma$ , 385  
 – *Bacillus subtilis*, 386  
 – *Escherichia coli*, 385
- succinato, 178, 259
- succinato deidrogenasi, 174, 178
- succinato CoQ riduttasi, complesso della, 186
- succinil CoA, 178, 263, 291
- succinil CoA sintetasi, 178  
 – isoenzimi, 179
- Sumner, James, 124
- superavvolgimento (DNA circolare), 77, 306
- superelica, 51
- sviluppo dell'organismo, 384
- Symplocarpus foetidus*, v. cavolo
- Symplocarpus foetidus*
- Synechococcus elongates*, 216
- T**
- tabacco, piante geneticamente modificate, 216
- TAF, v. fattori associati alla TBP, 334
- taglio proteolitico, 367  
 – poliproteine, 369  
 – proteine, 367
- Takamine, Jokichi, 5
- talassemia, 440
- tappa di impegno, 145
- Taq* polimerasi, 437
- tasso basale di trascrizione, 331, 392
- TATA box, 332
- TATA-binding protein (TBP), 334
- taurocolato, 93, 266
- tautomeria delle basi ed errori di replicazione, 319
- TBP (TATA-binding protein), 334
- tecnica di Outcherlony, 411

- telomerasi, 316  
 – allungamento dell'estremità di un cromosoma umano, 317  
 – e cancro, 318  
 temperatura  
 – e reazioni enzimatiche, 137  
 – – ottimale, 137  
 tentennamento, 356  
 – e codoni di inizio alternativi, 357  
 teoria  
 – chemiosmotica, 186  
 – endosimbiotica, 22  
 terminatori intrinseci, 339  
 terminatori Rho-dipendenti, 339  
 termociclatore, 437  
 termogenina, 191  
 terpeni, 84, 90  
 terpineolo, 91  
 Terra primordiale, 26  
 territori cromosomici, 20  
 tessuto adiposo  
 – bianco, 87  
 – bruno, 87  
 testosterone, 93, 268  
 tetraciclina, 364  
 tetrametilbenzidina, 412  
 tetrapirroli, 287  
 – sintesi, 287  
 TFIIB (fattore trascrizionale), 334  
 TFIID, *v.* fattore trascrizionale IID  
 TFIIF (fattore trascrizionale), 334  
*Thermus aquaticus*, 437  
 – DNA polimerasi I, 437  
 tilacoidi, 22, 200  
 TIM, *v.* complesso di traslocazione della membrana interna  
 timidilato sintasi, 287  
 timina, 66, 302  
 – tautomeria, 319  
 tioesterasi, 248  
 tiolasi, 263  
 tiolisi, 258  
 tioredossina, 213  
 tiosostituzione, 74  
 4-tiouracile, 74  
 tirosina, 41, 43, 278  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 281, 282, 285  
 – struttura, 37  
 tirosina chinasi recettoriale, 371  
 titina, 36  
 TMV, *v.* virus del mosaico del tabacco  
 TOCSY, 421  
 TOM, *v.* complesso di traslocazione della membrana esterna  
 topoisomerasi  
 – classe IA, 306  
 – classe IB, 306  
 – classe IIA, 306  
 – classe IIB, 306  
 TPA, *v.* attivatore tissutale del pasminogeno umano  
 traduzione, 10, 394  
 trans- $\Delta^2$ -enol CoA, 257, 262, 263  
 transaldolasi, 239  
 transaminasi, 290  
 transaminazione, 193, 280, 290  
 transchetolasi, 239, 241  
 transesterificazione, 343  
 transferasi, 226  
 trapianto di cellule staminali ematopoietiche, 261  
 trasaldolasi, 133  
 – reazione biochimica catalizzata da una, 133  
 trascrittasi inversa, 388, 437  
 trascritti, 337  
 – primari, 340  
 trascrittoma, 11, 388  
 trascrittomica, 388  
 trascrizione, 10, 21  
 – inizio negli eucarioti, 391  
 – inizio nei batteri, 385  
 – terminazione, 394  
 trasduzione del segnale, 98, 102  
 trasferasi, 131, 133  
 – reazione biochimica catalizzata da una, 133  
 trasferimento  
 – degli elettroni, 181  
 – dell'eccitone, 204  
 – dell'energia di risonanza, 204  
 – elettronico diretto, 204  
 – protonico, 186  
 traslocazione, 359  
 traslocone, 376  
 trasportatore/i  
 – ABC (*ATP-binding cassette*), 101  
 – aspartato-glutammato, 296  
 – del citrato, 246  
 – eritrocitario del glucosio (GLUT1), 99, 158  
 – malato- $\alpha$ -chetoglutarato, 296  
 – mitocondriale del piruvato, 174  
 – – scoperta, 176  
 –  $Na^+$ /glucosio, 102  
 trasporto  
 – attivo, 99  
 – – canali ionici controllati dal voltaggio, 100  
 – – idrolisi dell'ATP, 101  
 – elettronico  
 – – catena, *v.* catena di trasporto elettronico  
 – – nella fotosintesi, 204  
 – per diffusione, 98  
 – – del glucosio, 99  
 – – diffusione facilitata, 99  
 tratto poli-pirimidinico, 342  
 Traube, Moritz, 5  
 trealosio, 112  
 treonina, 42, 285  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 281  
 – struttura, 37  
 treonina deidratasi, 285  
 treosio, forme D e L, 109  
 triacilgliceroli (trigliceridi), 86, 236  
 – cere, 88  
 – complessi, 87  
 – degradazione, 253  
 – saponi, 88  
 – semplici, 87  
 – sintesi, 252  
 triacilglicerolo sintetasi, 253  
 triacontanolo, 88  
 Triassico-Giurassico, 29  
 trigliceridi, *v.* triacilgliceroli  
 trioleina, 87  
 trioso chinasi, 162  
 trioso fosfato isomerasi, 157, 162, 214  
 tripalmitina, 87  
 tripletta, 350  
 tripsina, 368  
 tripsinogeno, 368  
 triptofano, 43, 127  
 – abbreviazioni, 36  
 – codone, 350  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 282, 285  
 – struttura, 37  
 triptofano sintasi, 127  
 tRNA (RNA transfer), 73, 74, 127, 330  
 – isoaccettori, 354  
 – nomenclatura, 354  
 – ruolo nella sintesi proteica, 353  
 trombina, 6  
 trombossani, 94  
 troponina, 230  
 Tus (proteine), 314  
 – interazione con il replisoma, 316
- U**  
 UBF (*upstream binding factor*), 333  
 ubichinolo (CoQH<sub>2</sub>), 185  
 ubichinone, 183  
 ubiquitina, 265, 372, 400  
 – proteina recettore, 402  
 ubiquitina ligasi, 400  
 ubiquitinazione, 400  
 UCE (*upstream control element*), 333  
 UDP (uridina difosfato), 214  
 UDP-galattosio, 163  
 UDP-galattosio 4-epimerasi, 164  
 UDP-glucosio, 163, 214, 224  
 UDP-glucosio pirofosforilasi, 214, 224  
 umor vitreo, 117  
 UMP, 287  
 unione delle giunzioni non omologhe (NHEJ), 325  
 unità di lunghezza per le molecole degli acidi nucleici, 73  
 URA3 (gene), 453  
 uracile, 287, 289  
 urea, 293  
 – ciclo, *v.* ciclo dell'urea  
 ureasi, 124  
 ureotelici, organismi, 292  
 uricotelici, organismi, 292  
 uridina 5'-trifosfato, abbreviazioni, 67

uridina difosfato (UDP), 214  
 uroporfirinogeno, 289  
 uroporfirinogeno cosintetasi, 295  
 UTP (uridina trifosfato), 287  
 3'-UTR, v. regione non tradotta al 3'  
 5'-UTR, v. regione non tradotta al 5'  
 uva, 161  
 Uvr (proteine), 324

**V**

valina, 43  
 – abbreviazioni, 36  
 –  $pK_a$ , 41  
 – sintesi, 281  
 – struttura, 37  
 van der Waals, forze di, 44, 51  
 variazione di energia libera standard, 181  
 velocità di una reazione enzimatica  
 – iniziale, 138  
 – massima, 140  
 vescicole, 23  
 – di smistamento, 379  
 vettore/i  
 – di clonaggio, 448  
 – di espressione, 454  
 via  
 – dei pentoso fosfati, 237  
 – – e favismo, 240  
 – – fase non-ossidativa, 238  
 – – fase ossidativa, 237  
 – del fosfogluconato, 237  
 – di interconversione galattosio-glucosio, 163  
 – di recupero, 286

– di ripiegamento, 58  
*Vibrio cholerae*, 15  
 vicina, 240  
 vino, 161  
 violaxantina, 207  
 viroidi, 25, 128  
 virus, 24  
 – adeno-associati, 452  
 – capsidi, 24  
 – – struttura filamentosa, 24  
 – – struttura icosaedrica, 24  
 – – struttura testa e coda, 24  
 – ciclo vitale tipico, 25  
 – del mosaico del tabacco (TMV), 55  
 – dell'immunodeficienza umana HIV-1, 369  
 – difettivi, 25  
 – HIV, 24  
 – satellite a RNA, 25  
 virusoidi, 25, 128  
 vita, 60  
 – albero della, 28  
 – origine, 26  
 vitamina/e  
 – A, 93, 94  
 – B<sub>2</sub>, 129  
 – B<sub>3</sub>, 129  
 – B<sub>5</sub>, 129  
 – C, 129  
 – D, 93, 94, 266  
 – D<sub>3</sub>, 266  
 – E, 93, 94  
 – K, 93, 95  
 – liposolubili, 93

VLDL, v. lipoproteine a densità molto bassa  
 vulcanizzazione, 91

**W**

Warburg, Otto, 176  
 Watson, James, 65, 68, 71, 302  
 Werner, sindrome di, 324  
*wobble*, 356  
 Wyman, Jeffries, 146

**X**

X-gal, 450  
 xantina, 74  
 xantofilla, 203  
 – ciclo della, 207  
*xeroderma pigmentosum*, 324  
 xilosio, 109  
 xilulosio, 110  
 xilulosio 5-fosfato, 239, 241

**Y**

Yip5 (plasmide), 453

**Z**

zattere lipidiche, 98  
 zeaxantina, 207  
*zinc finger*, 394  
 – motivo a chiave di violino, 394  
 – motivo Cys<sub>2</sub>-His<sub>2</sub>, 394  
 zona di equivalenza, 411  
 zucchero, 6  
 – conformazione raggrinzita, 70, 72  
 – nel sangue, 227  
 zwitterione, 39