

Dipartimento di Biologia e
Biotecnologie Charles Darwin
Strumenti e figure di garanzia
Aprile **2025**



SAPIENZA
UNIVERSITÀ DI ROMA

Strumenti di garanzia per studentesse e studenti

- **Commissione GEP (Gender Equality Plan) del Dipartimento:**

Lavora sulla promozione dell'uguaglianza di genere in Dipartimento attraverso iniziative ed eventi rivolte a studenti e docenti.

Attualmente ne fanno parte: Laura Ciapponi, Raffaele Dello Ioio, Gaia Di Timoteo, Roberto Favaroni, Marco Fidaleo, Paolo Iacono, Francesca Landi, Marcella Marchetti, Stefano Marotta, Margherita Martinelli, Marco Oliverio, Daniela Pontiggia, Sabrina Sabatini, Paola Valentini, Paola Vittorioso.

- **Progetto GENERACT**

Segretariato sociale di orientamento ai servizi anti violenza e antidiscriminazione di genere, realizzato dal Municipio II e gestito da Lucha y Siesta e Donne in Genere. Via dei Volsci 10, progetto.generact@gmail.com

- **Consigliera di Fiducia**

La figura della Consigliera, in base al Codice di condotta nella lotta contro le molestie sessuali di Sapienza, ha il compito di fornire consulenza e assistenza alle vittime. Attualmente questo ruolo è ricoperto dalla **Dott.ssa Giorgia Ortu La Barbera** email: consiglieradifiducia.sapienza@uniroma1.it

- **Safe Zone in Dipartimento**

Persone formate per fornire supporto alle persone LGBTQ+ e per la prevenzione della violenza di genere



- **Garante delle studentesse e degli studenti della Facoltà di Scienze MM FF NN**

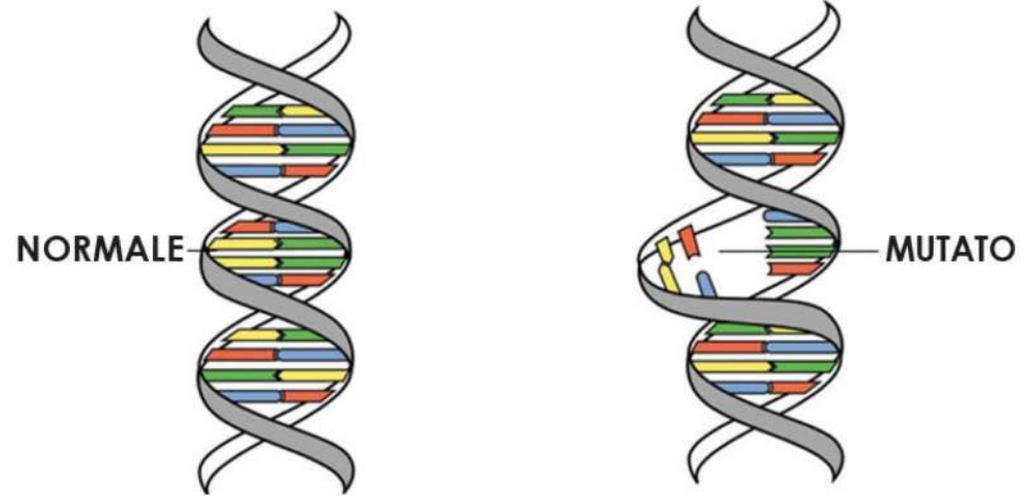
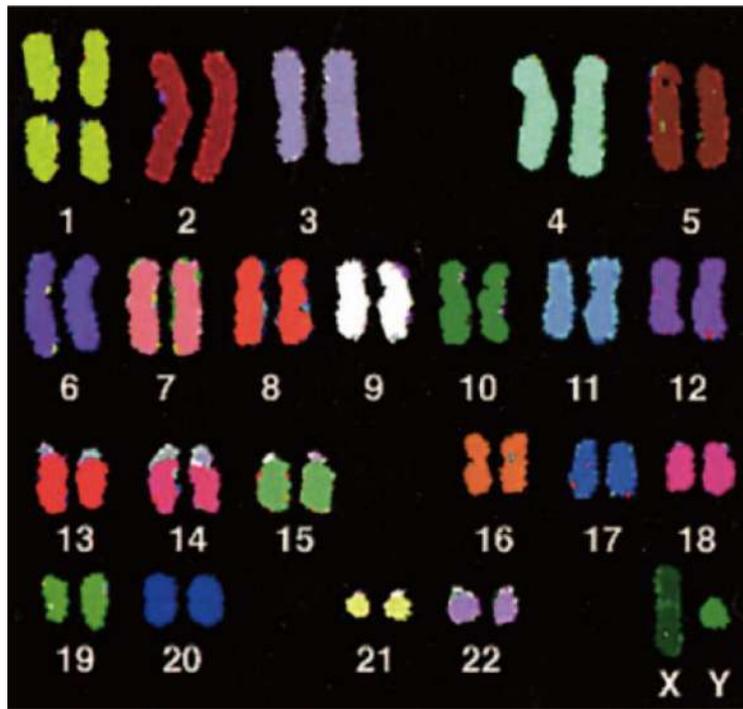
La o il Garante delle studentesse e degli studenti è a disposizione dell'Osservatorio studentesco per assisterlo nell'esercizio delle sue funzioni e per ricevere eventuali reclami, osservazioni e proposte. Attualmente questo ruolo è ricoperto dalla **Prof.ssa Raffaella Schneider** email: garantesmf@uniroma1.it

Aprile 2025

E9SIXSNW

**SCIENZE BIOLOGICHE
(30857)**

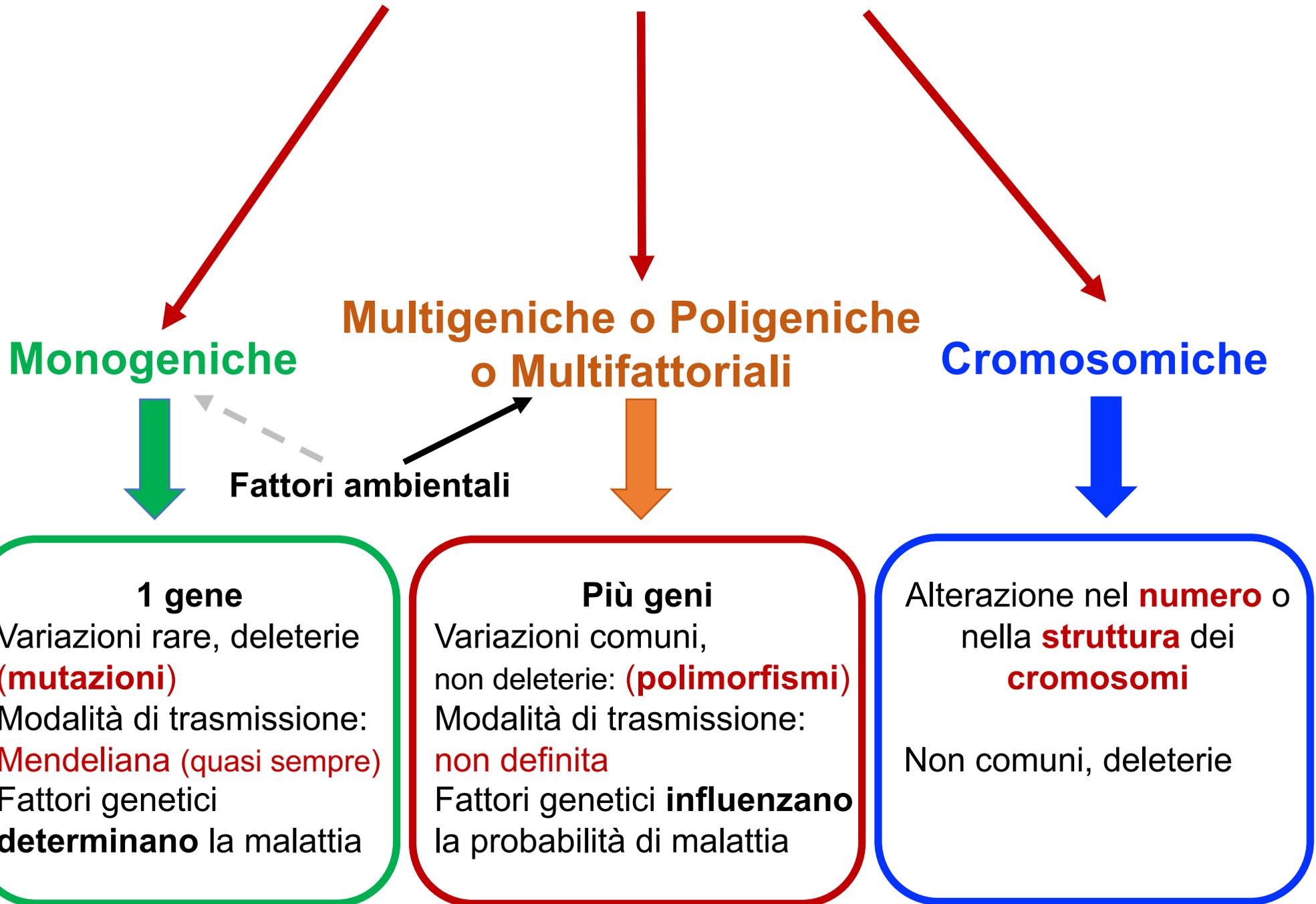
**PATOLOGIA GENERALE
(1019206)**



Le malattie genetiche



Malattie genetiche



MALATTIE GENETICHE da mutazioni

Mutazioni Genomiche (Variazione N° Cromosomi # 46)

- Cromosomi Autosomici
- Cromosomi Sessuali

EREDITARIE E NON EREDITARIE

Mutazioni Cromosomiche (Alterazione Struttura Cromosomi)

- Traslocazioni
- Delezioni
- Duplicazioni
- Inversioni
- Inserzione

EREDITARIE E NON EREDITARIE

Mutazioni geniche (di singoli geni)

- Mutazioni puntiformi, Delezioni, Inserzioni, Espansione di Triplette

Possono essere EREDITATE in modo:

- **MENDELIANO:**

singolo gene dominante/recessivo, cromosomi sessuali

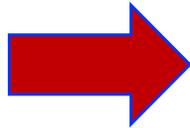
- **NON MENDELIANO:**

Malattie da espansione triplette, mitocondriali

Mutazioni

Conseguenze

**Mutazioni
somatiche**

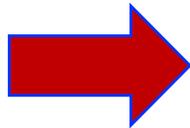


Morte della cellula

Tumore

Patologia congenita

**Mutazioni
germinali
(trasmissibili)**



Morte dell'embrione

Patologia ereditaria

Vantaggio evolutivo

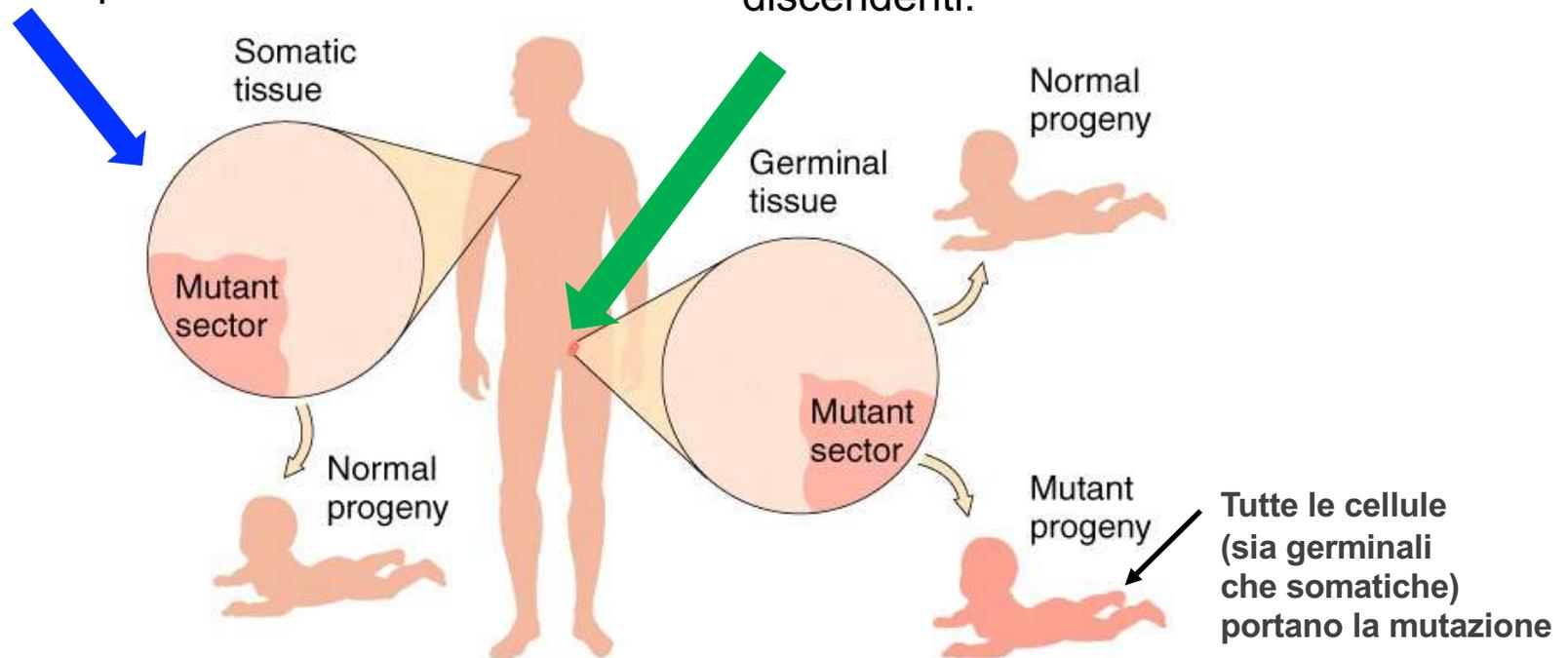
Mosaicismo

In un organismo, il mosaicismo è il prodotto di mutazioni post-zigotiche di **geni** (mosaicismo genico) o di **cromosomi** (mosaicismo cromosomico) che crea la presenza di **due o più popolazioni cellulari geneticamente distinte** ovvero con corredi cromosomici differenti.



Il **Mosaicismo somatico** interessa le cellule somatiche coinvolgendo il solo portatore.

Il **Mosaicismo germinale o gonadico** colpisce le cellule della linea germinale quindi l'alterazione (mutazione) genica o genomica potrà essere trasmessa ai discendenti.

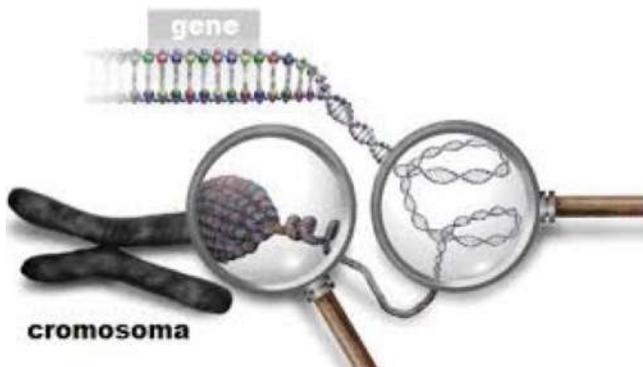


Mutazioni



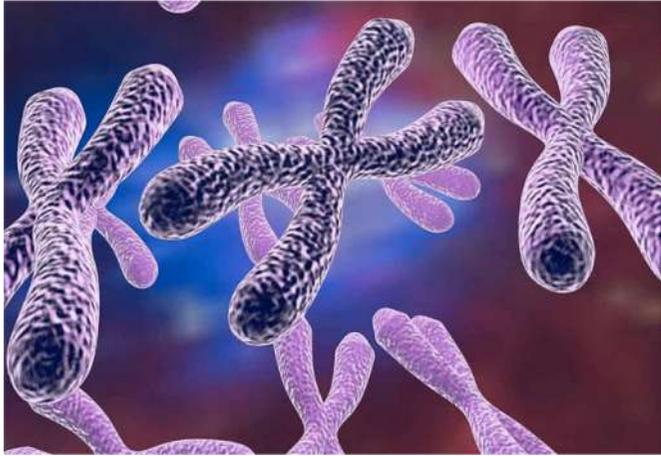
Mutazioni genomiche, che alterano il numero complessivo dei cromosomi.

Mutazioni cromosomiche, che interessano la struttura di un cromosoma.



Mutazioni geniche (o puntiformi), che in gran parte riguardano un solo nucleotide).

Alterazioni del cariotipo



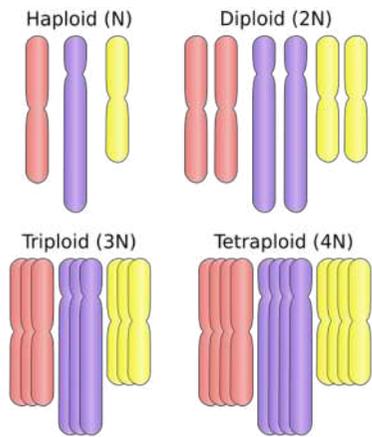
ovvero dell'assetto cromosomico normale (nell'uomo, 22 coppie omologhe di autosomi + 2 cromosomi sessuali XX ♀ o XY ♂)

Le aberrazioni possono essere:

Quantitative se il numero dei cromosomi varia in eccesso o in difetto rispetto a quello tipico della specie (**mutazioni genomiche**)

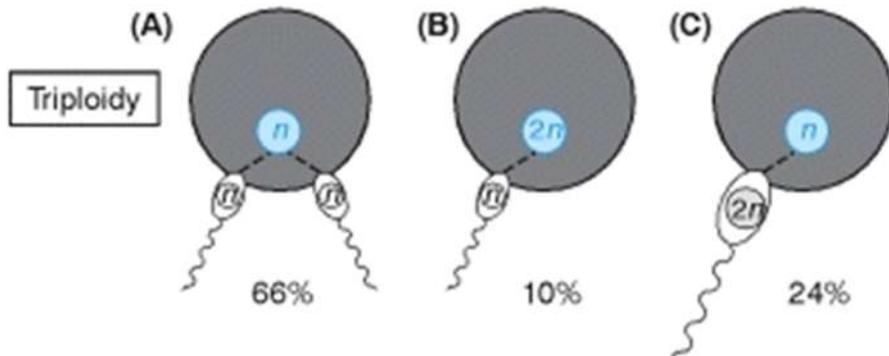
Qualitative se uno o più cromosomi presentano alterazioni (delezione, traslocazione, inversione, inserzione) senza che il numero totale risulti variato (**mutazioni cromosomiche**)

Mutazioni genomiche



POLIPLOIDIE (euploida)

Es. triploidia: difetto di fecondazione. Uovo aploide fecondato da due spermatozoi aploidi oppure fecondazione di un gamete diploide da parte di gamete aploide.

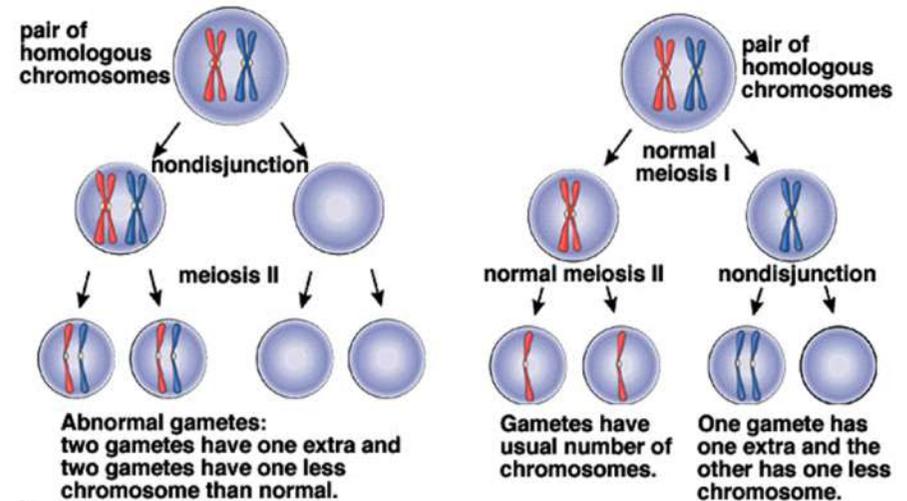


La poliploidia è comune nelle felci, nelle piante da fiore, nel frumento, sia in natura che nelle varietà selezionate dall'uomo; è rara negli animali (pesci, anfibi) e nei mammiferi è sempre incompatibile con la vita.

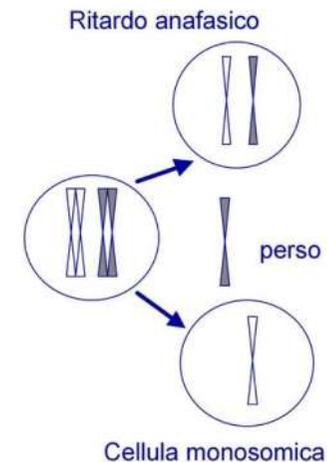
ANEUPLOIDIE: monosomie, trisomie

Sbilanciamento del dosaggio genico

1. Nondisjunction of chromosomes during meiosis



2. Ritardo anafasico



Mutazioni genomiche o alterazioni del cariotipo (esempi di aneuploidie)

TRISOMIE compatibili con la vita

AUTOSOMI

- SINDROME DI DOWN (trisomia 21)
- SINDROME DI EDWARDS (trisomia 18)
- SINDROME DI PATAU (trisomia 13)

ETEROCROMOSOMI
o cromosomi sessuali

- SINDROME DI KLINEFELTER (trisomia XXY)
- SINDROME DELLA TRIPLA X (trisomia XXX)

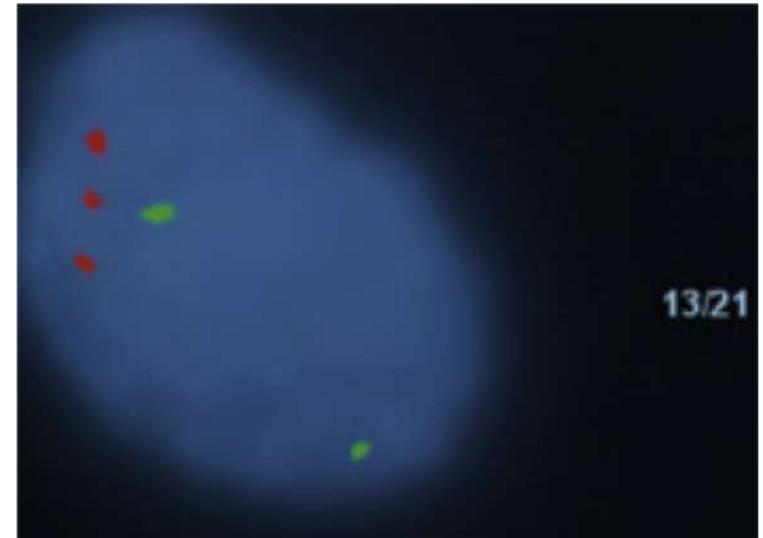
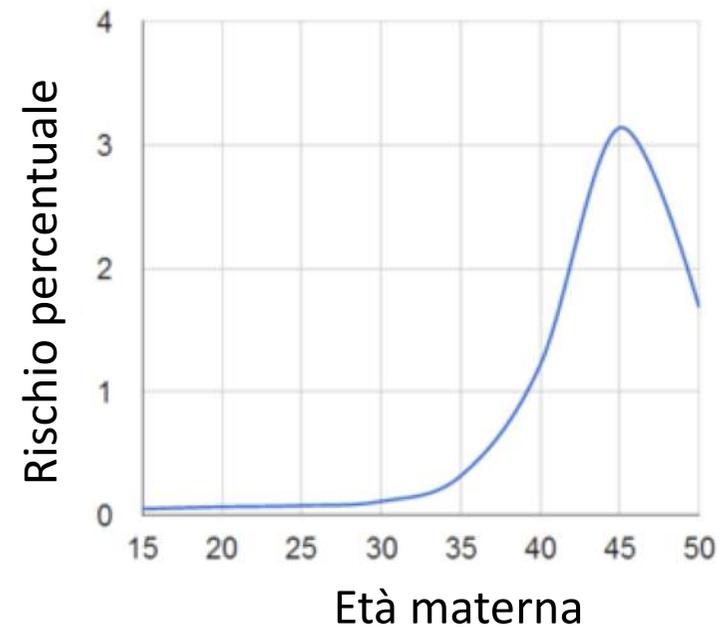
MONOSOMIA compatibile con la vita

- SINDROME DI TURNER (XO)

Mutazioni genomiche (Cromosomi Autosomici)

Sindrome di Down: trisomia 21 (incidenza 1:1000 nel mondo).

- Causata **prevalentemente da non disgiunzione meiotica**, a carico dell'**oocita** nel 95% dei casi; aumenta con l'età della madre (over 35 → amniocentesi) 1/1550 sotto 20 anni, 1/25 sopra i 45 anni.
- Più raramente (1% casi) causata **da non disgiunzione mitotica** in una fase più o meno precoce dell'embriogenesi (**mosaicismo**) con fenotipo più lieve del precedente.
- **Traslocazione robertsoniana** (4% dei casi) del braccio lungo del cromosoma 21 sul 14 (rara). Questa forma è ereditaria.



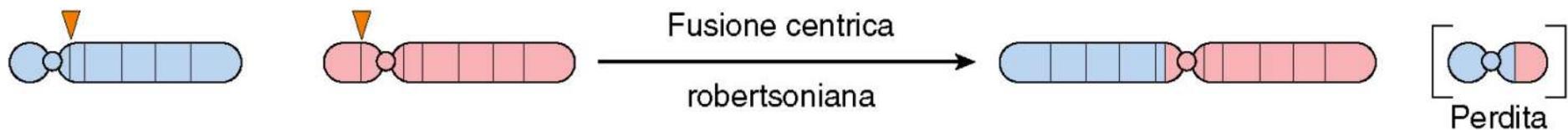
Analisi mediante ibridazione fluorescente in situ (FISH) di un nucleo in interfase attraverso sonde specifiche per il cromosoma 13 (verde) e per il cromosoma 21 (rosso) che rivela tre spot rossi coerenti con la trisomia 21 (da Dr. Schwartz S., Dep. Pathology, University of Chicago, IL).

Sindrome di Down

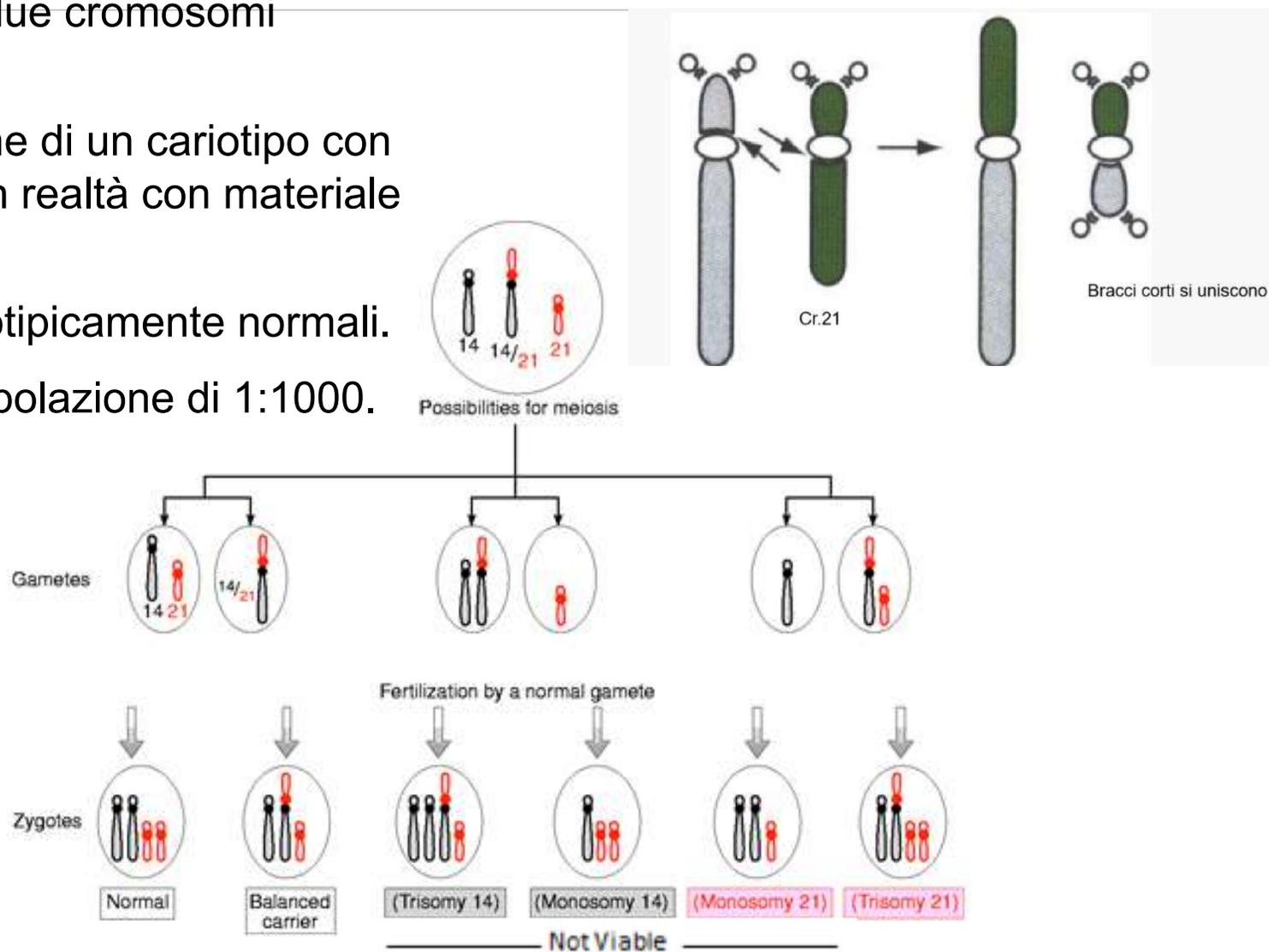
TIPO DI ALTERAZIONE		FREQUENZA
LIBERA (CLASSICA per Non Disgiunzione)	47, +21	93 - 96%
MOSAICISMO	47, +21/46	2 - 4%
TRASLOCAZIONI ROBERTSONIANE	t(14;21)	4%
	t(21;21)	3%
	t(13;21)	3%
	t(15;21)	2%
	t(21;22)	1%
ALTRE TRASLOCAZIONI		< 1%
DUPLICAZIONI INTERSTIZIALI		<< 1%

In circa il 4% dei soggetti con sindrome di Down, la trisomia del cromosoma 21 non è dovuta a non disgiunzione meiotica ma è conseguente a **traslocazione robertsoniana** presente in uno dei genitori

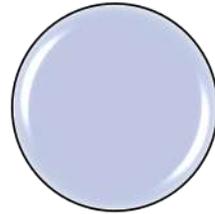
Traslocazione Robertsoniana come possibile causa della sindrome di Down



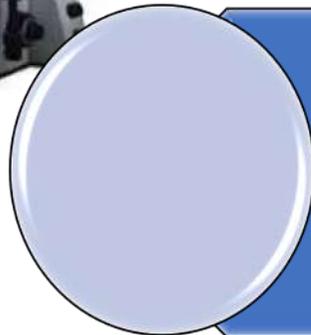
- Coinvolge sempre due cromosomi acrocentrici.
- Porta alla formazione di un cariotipo con 45 cromosomi ma in realtà con materiale genetico normale.
- I portatori sono fenotipicamente normali.
- Frequenza nella popolazione di 1:1000.



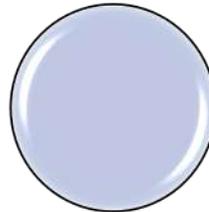
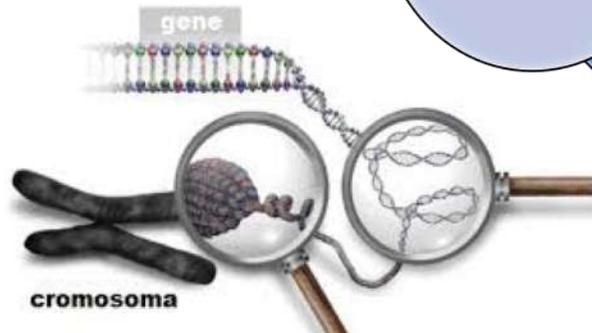
Mutazioni



Mutazioni genomiche, che alterano il numero complessivo dei cromosomi.



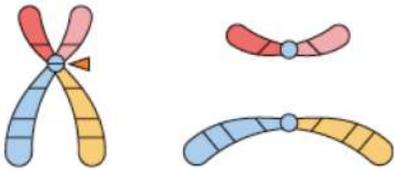
Mutazioni cromosomiche, che interessano la struttura di un cromosoma



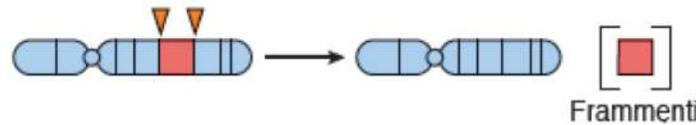
Mutazioni geniche (o puntiformi), che in gran parte riguardano un solo nucleotide).

Mutazioni cromosomiche di struttura

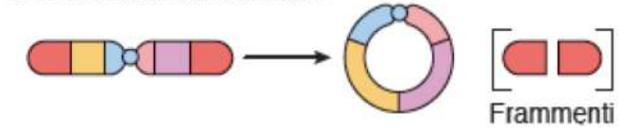
ISOCROMOSOMI



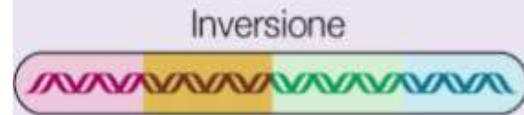
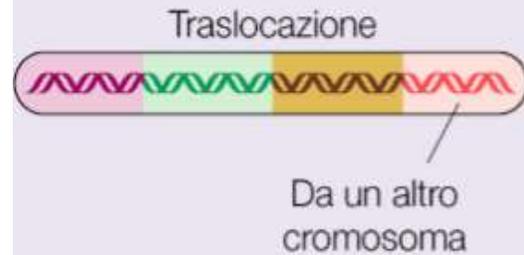
DELEZIONI (Interstiziali o terminali)



CROMOSOMI AD ANELLO



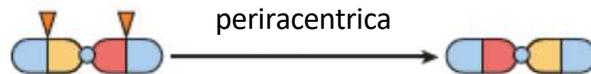
Riposizionamento di materiale genetico



INVERSIONI



paracentrica



periracentrica

Delezione



Perdita di materiale genetico

Cromosoma/cromosomi mancanti

Sequenza di tipo selvatico



Cromosoma/cromosomi aggiuntivi



Duplicazione

Acquisizione di materiale genetico

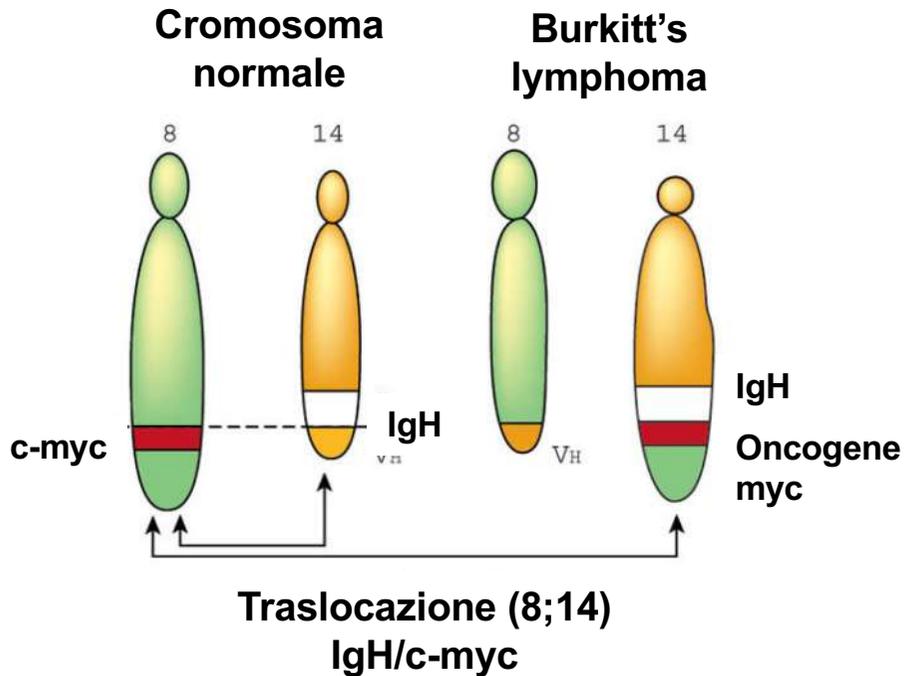
Malattie legate a traslocazioni

TRASLOCAZIONI

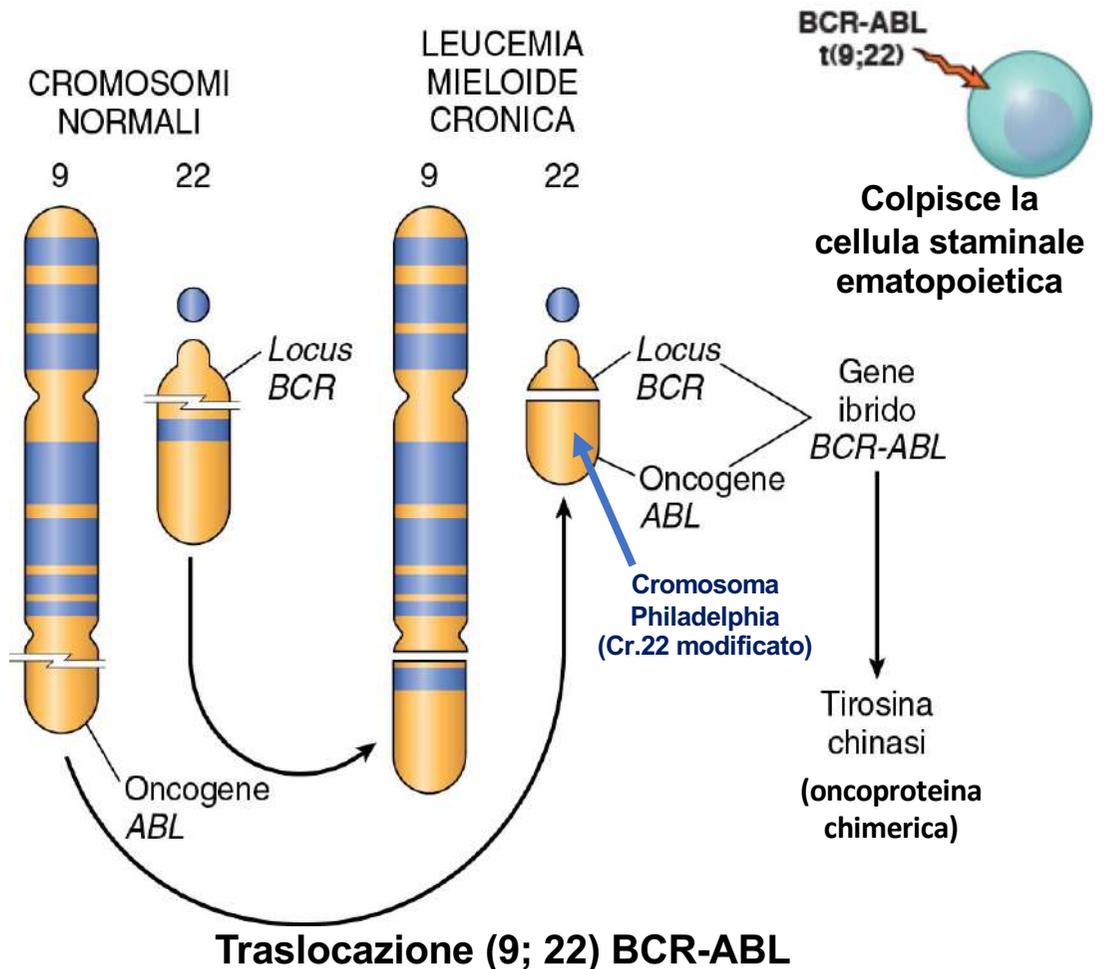


Tumori maligni:

Linfoma di Burkitt

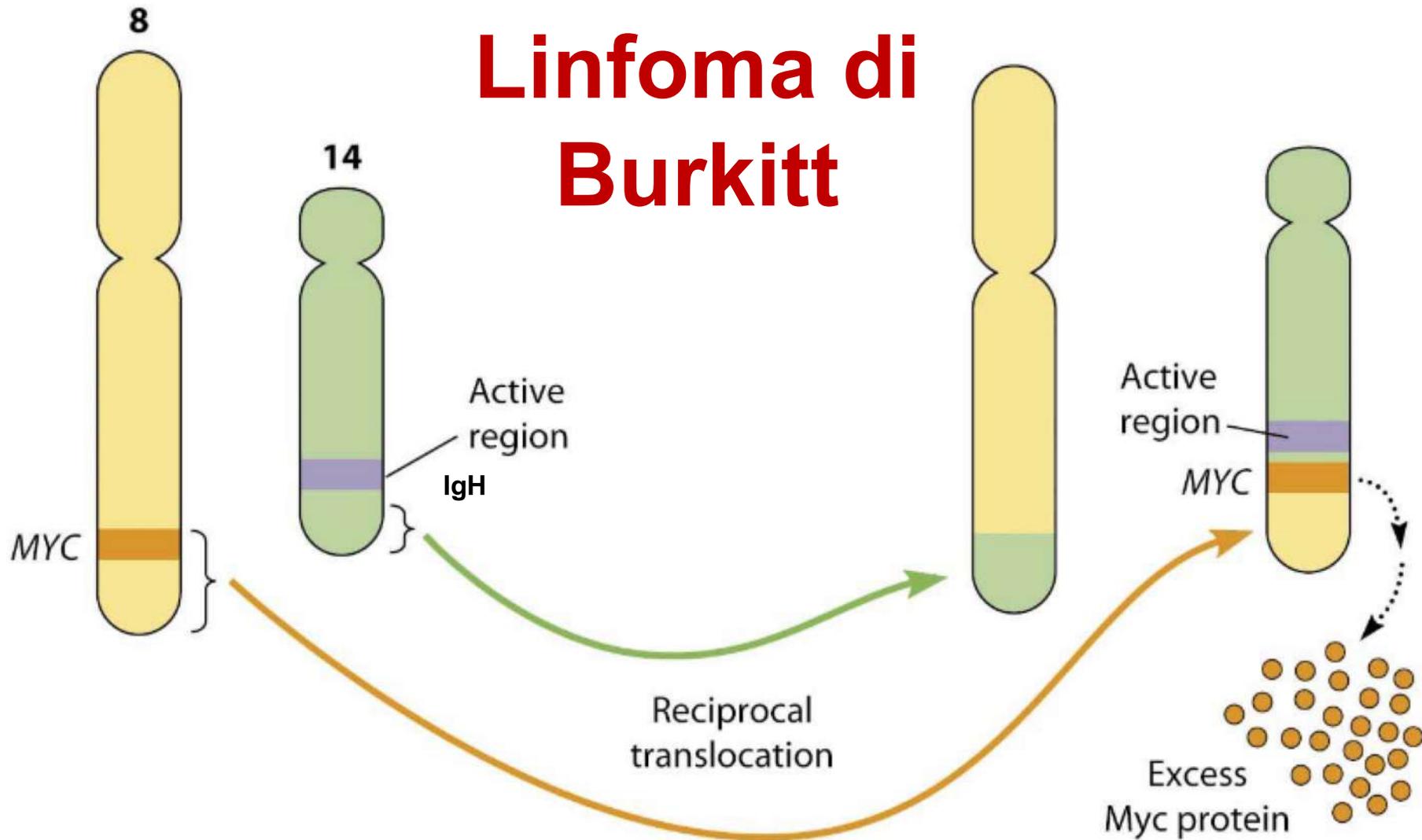


Leucemia mieloide cronica



Esempi di Traslocazioni bilanciate

Linfoma di Burkitt



Iper-espressione del proto-oncogene myc

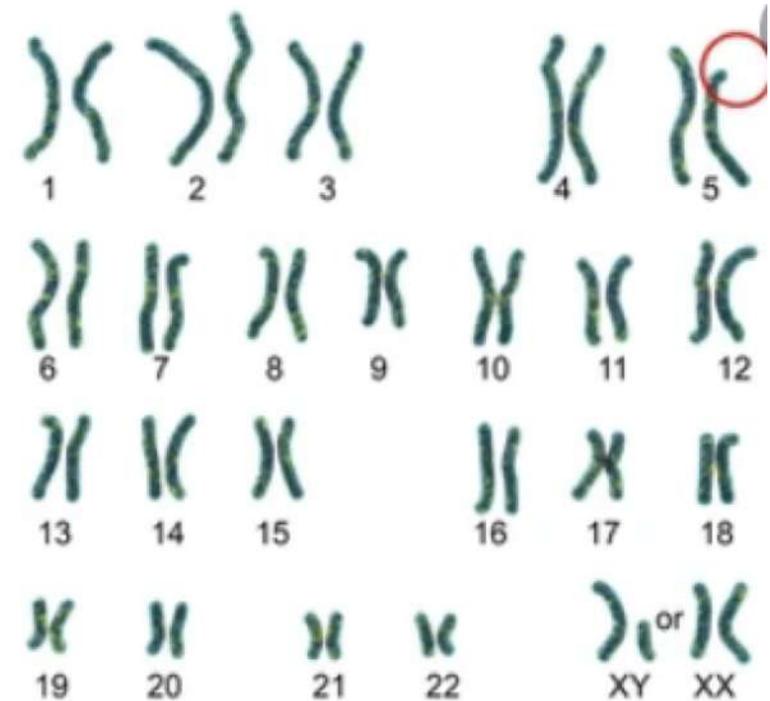
Neoplasia dei linfociti B maturi

Malattie legate a delezioni cromosomiche

I esempio

- **Sindrome del Cri du chat**

incidenza tra 1:15000 e 1:50000 bambini nati vivi



Delezione braccio corto cr. 5

Il esempio

- **Sindrome di Angelman**
- **Sindrome di Prader-Willi**

Sindromi rare con microdelezione del cromosoma 15 caratterizzate da "imprinting genomico"

Malattie legate all'imprinting genomico (Sindrome di Angelman e di Prader-Willi)

L'**Imprinting genomico o genetico** implica il silenziamento dell'allele materno (**imprinting materno**) o paterno (**imprinting paterno**) di specifici geni durante la gametogenesi.
La perdita dell'allele attivo (senza imprinting) causa la malattia.

La delezione della regione cromosomica
15q12 di origine materna porta alla
Sindrome di Angelman

prevalenza 1:10.000–20.000



Disturbi neurologici
Microcefalia
Atassia
Andatura da "burattino"
lingua protusa all'esterno
spazio tra i denti
riso immotivato
epilessia

La delezione della regione cromosomica
15q12 di origine paterna porta alla
Sindrome di Prader-Willi

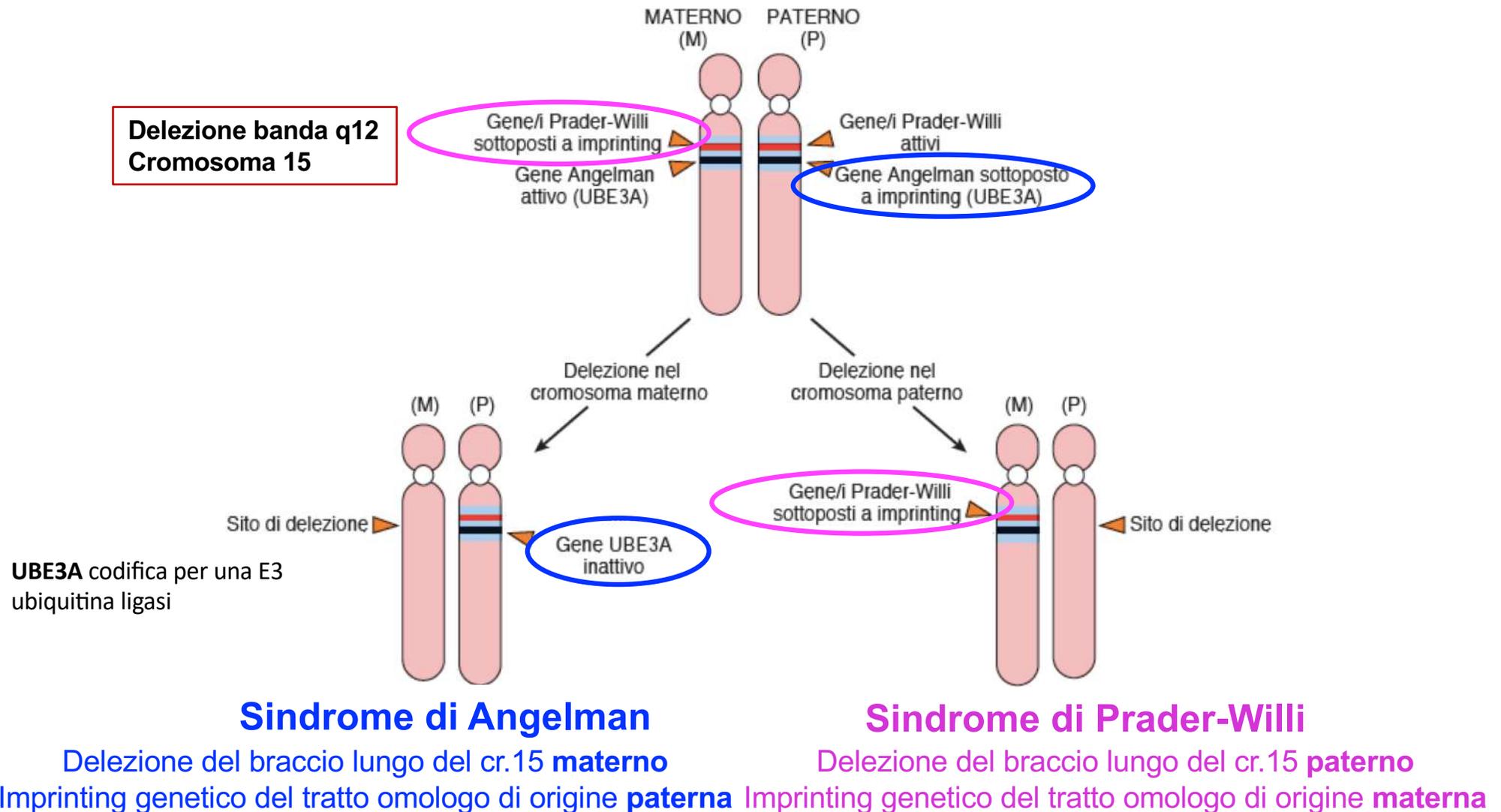
prevalenza 1 :15.000-25.000



Aspetti clinici:

Ritardo mentale
Bassa statura e mani/piedi piccoli
Ipotonia
ipogonadismo
obesità
bulimia
facies caratteristica
problemi comportamentali

Sindrome di Angelman e Prader-Willi per effetto di delezione cromosomica + imprinting genomico



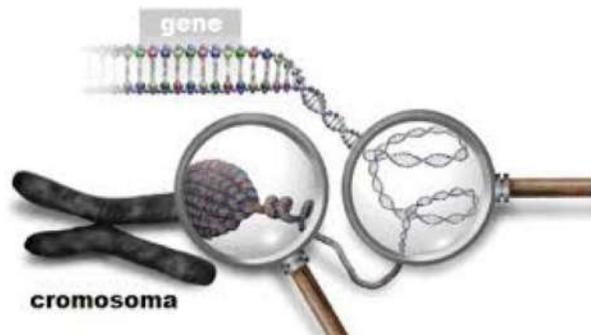
Queste sindromi possono essere anche causate da **disomia uniparentale** ovvero due cromosomi 15 di origine paterna ed assenza di quello omologo di origine materna in Angelman e due cromosomi 15 di origine materna ed assenza di quello omologo di origine paterna in Prader-Willi

Mutazioni



Mutazioni genomiche, che alterano il numero complessivo dei cromosomi.

Mutazioni cromosomiche, che interessano la struttura di un cromosoma.

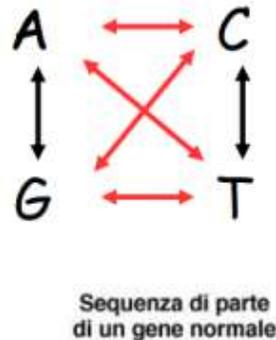


Mutazioni geniche
(o puntiformi, spesso riguardano un solo nucleotide).

Mutazioni geniche

PUNTIFORMI

Sostituzione di base



Transizioni da pu-py a pu-py

Transversioni da pu-py a py-pu



missenso

nonsenso

sinonima/silente

neutra

frameshift

Le mutazioni che riguardano porzioni codificanti di geni (ESONI) di solito hanno delle conseguenze fenotipiche perché possono comportare cambiamenti nella sequenza aminoacidica codificata.

Es: SOSTITUZIONI DI SINGOLE BASI

MUTAZIONE MISSENSO GAA→GAT (Glu-Asp)

MUTAZIONE NONSENSO GAG→TAG (Glu-stop)

Spesso le mutazioni riguardanti la terza base di un codone non ne cambiano l'aminoacido (ridondanza codice genetico): **MUTAZIONE SINONIMA/SILENTE** GAA→GAG (glu-glu)

Le variazioni che non cambiano il fenotipo definite **NEUTRE** sono alla base dei **Polimorfismi** → **variabilità genetica individuale.**

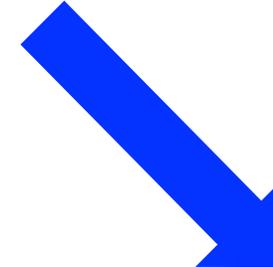
FRAMESHIFT: inserzione o delezione di un numero di nucleotidi non divisibile per 3 con alterazione dello schema di lettura.

MUTAZIONI



Perdita di funzione

Il prodotto genico ha
funzione ridotta o
nulla



Guadagno di funzione

Il prodotto genico ha una
nuova funzione o
potenzia quella
preesistente

Mutazioni che inducono perdita di funzione (**loss-of-function**) generalmente sono recessive. Se dominanti si parla di **APLOINSUFFICIENZA**

Aploinsufficienza

- Insufficiente quantità di prodotto genico causata da una mutazione in eterozigosi.
- La mutazione genera un **allele amorfo** (inattivo) o **ipomorfo** (attività qualitativamente normale ma quantitativamente ridotta).
- **Colpisce geni per i quali il 50% di prodotto genico non è abbastanza per garantirne la funzione.**
- Spesso un dosaggio preciso è richiesto ai fattori di trascrizione e alle molecole di trasduzione del segnale espressi nel corso dello sviluppo.

Malattie Mendeliane: difetti monogenici (mutazioni di singoli geni con ampio effetto)

- in genetica, il carattere (o l'allele) è dominante se l'eterozigote è indistinguibile dall'omozigote
- in medicina, la mutazione è:
 - **dominante**: fenotipo clinicamente manifesto con 1 allele mutato
 - **recessiva**: fenotipo clinicamente manifesto con 2 alleli mutati (omozigote o eterozigote composto)
 - Autosomiche dominanti (es. Ipercolesterolemia Familiare)
 - Autosomiche recessive (es. Fibrosi cistica)
 - Sex-Linked (es. Emofilia A)

Prevalenza stimata nei nati vivi di alcune malattie mendeliane

Patologia	Prevalenza stimata
Trasmissione autosomica dominante	
Ipercolesterolemia familiare	1:500
Rene policistico	1:1.000
Sferocitosi ereditaria	1:5.000 (Nord Europa)
Sindrome di Marfan	1:5.000
Malattia di Huntington	1:10.000
Trasmissione autosomica recessiva	
Anemia falciforme	1:500 (USA afroamericani**)
Fibrosi cistica	1:3.200 (USA caucasici)
Malattia di Tay-Sachs	1:3.500 (ebrei Ashkenaziti USA; franco-canadesi)
Fenilchetonuria	1:10.000
Mucopolisaccaridosi-tutte	1:25.000
Glicogenosi-tutte	1:50.000
Galattosemia	1:60.000
Trasmissione recessiva legata all'X	
Distrofia muscolare di Duchenne	1:3.500 (maschi USA)
Emofilia	1:5.000 (maschi USA)

**la prevalenza degli eterozigoti per l'anemia falciforme è di 1:12 negli afroamericani

Basi biochimiche e trasmissioni ereditarie di alcune patologie mendeliane

Patologia	Proteina patologica	Tipo/Funzione della proteina
Trasmissione autosomica dominante		
Ipercolesterolemia familiare	Recettore per LDL	Recettore di trasporto
Sindrome di Marfan	Fibrillina	Strutturale di supporto: matrice extracellulare
Sferocitosi ereditaria	Spectrina, anchirina o proteina 4.1	Strutturale di supporto: membrane eritrocitarie
Neurofibromatosi di tipo I	Neurofibromina-I (NF-I)	Regolazione della crescita
Rene policistico dell'adulto	Policistina-I (PKD-I)	Interazioni intercellulari e cellula-matrice
Trasmissione autosomica recessiva		
Fibrosi cistica	Regolatore transmembrana della FC	Canale ionico (canale del cloro CFTR: CF transmembrane conductance regulator)
Fenilchetonuria	Fenilalanina idrossilasi	Enzima
Malattia di Tay-Sachs	Esosaminidasi	Enzima
Immunodeficienza combinata grave	Adenosina deaminasi	Enzima
Talassemia α e β^*	Emoglobina	Trasporto di ossigeno
Anemia falciforme*	Emoglobina	Trasporto di ossigeno
Trasmissione recessiva legata all'X		
Emofilia A	Fattore VIII	Coagulazione
Distrofia muscolare di Duchenne/Becker	Distrofina	Strutturale di supporto: membrana cellulare
Sindrome dell'X fragile	FMRP	Traduzione dell'mRNA

*Sebbene la talassemia conclamata richieda mutazioni bialleliche, gli eterozigoti per talassemia e anemia falciforme possono essere affetti da forme lievi. Tali patologie sono classificate come autosomiche "codominanti"

OMIM

OMIM

Search

[Limits](#) [Advanced](#)

[Help](#)



OMIM

OMIM is a comprehensive, authoritative compendium of human genes and genetic phenotypes that is freely available and updated daily. OMIM is authored and edited at the McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, Johns Hopkins University School of Medicine, under the direction of Dr. Ada Hamosh. Its official home is omim.org.

Using OMIM

[Getting Started](#)

[FAQ](#)

OMIM tools

[OMIM API](#)

Related Resources

[ClinVar](#)

[Gene](#)

[GTR](#)

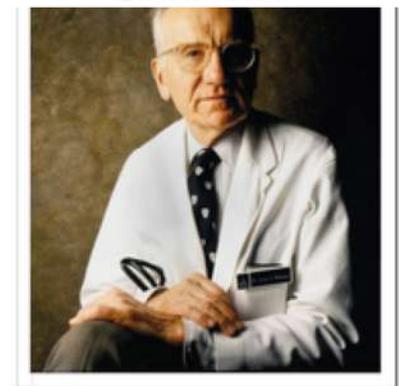
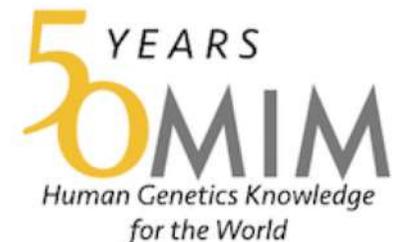
OMIM[®] - Online Mendelian Inheritance in Man[®]

Welcome to OMIM[®], Online Mendelian Inheritance in Man[®]. OMIM is a comprehensive, authoritative compendium of human genes and genetic phenotypes that is freely available and updated daily. The full-text, referenced overviews in OMIM contain information on all known mendelian disorders and over 16,000 genes. OMIM focuses on the relationship between phenotype and genotype. It is updated daily, and the entries contain copious links to other genetics resources.

This database was initiated in the early 1960s by Dr. Victor A. McKusick as a catalog of mendelian traits and disorders, entitled Mendelian Inheritance in Man (MIM). Twelve book editions of MIM were published between 1966 and 1998. The online version, OMIM, was created in 1985 by a collaboration between the National Library of Medicine and the William H. Welch Medical Library at Johns Hopkins. It was made generally available on the internet starting in 1987. In 1995, OMIM was developed for the World Wide Web by NCBI, the National Center for Biotechnology Information.

OMIM is authored and edited at the McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, Johns Hopkins University School of Medicine, under the direction of Dr. Ada Hamosh.

[NLM's Profiles in Science -- The McKusick Papers](#)



Last updated on: 03 Apr 2025