

M. Krawczak und J. Schmidtke

DNA- Fingerprinting

Aus dem Englischen übersetzt von
Susanne Kuhlmann-Krieg

Inhalt

Vorwort

Abkürzungen

1. Der genetische Hintergrund

- 1.1 Genetische Vielfalt und ihre Grundlagen
 - 1.1.1 Genetische Unterscheidung durch DNA-Sequenzierung
 - 1.1.2 Genetischer Polymorphismus und genetische Individualität
- 1.2 Molekulargenetische Grundlagen
 - 1.2.1 Historischer Rückblick
 - 1.2.2 Die DNA ist Träger der genetischen Information
 - 1.2.3 Genexpression
 - 1.2.4 Chromosomen
 - 1.2.5 Mitose
 - 1.2.6 Meiose (Gametogenese)
 - 1.2.7 Replikation und Mutation
 - 1.2.8 Kern- und Mitochondrien-DNA
- 1.3 Die molekulare Organisation des menschlichen Genoms
 - 1.3.1 Informationsspeicherung und Genomgröße
 - 1.3.2 Genomarchitektur
 - 1.3.3 Tandem- S equenzwiederholungen
 - 1.3.4 Verstreut liegende Sequenzwiederholungen

Quellen

Weiterführende Literatur

- 2. Die Untersuchung von DNA-Polymorphismen 33
 - 2.1 Die analytischen Hilfsmittel 33
 - 2.1.1 Extraktion von genomischer (chromosomaler) DNA 33
 - 2.1.2 Restriktionsenzyme 36

- 2.1.3 Die technische Ausnutzung der Komplementarität von DNA-Strängen
- 2.1.4 Southern-Blot-Analyse
- 2.1.5 Dot-Blot-Analyse
- 2.1.6 Herstellung von DNA-Sonden
- 2.1.7 Die Polymerase-Kettenreaktion
- 2.1.8 DNA-Sequenzierung
- 2.1.9 Der allelspezifische Oligonucleotid-Ansatz (ASO)
- 2.2 Charakterisierung von DNA-Polymorphismen
 - 2.2.1 Die *single locus*-Analyse von DNA-Polymorphismen
 - 2.2.2 Die Quantifizierung von Polymorphismen
 - 2.2.3 Die *multi locus*-Analyse von DNA-Polymorphismen
- 2.3 Anwendungen in der menschlichen Genomforschung und in der klinischen Medizin
 - 2.3.1 Die Kartierung des menschlichen Genoms
 - 2.3.2 Tumorbiologie
 - 2.3.3 Transplantationsmedizin
 - 2.3.4 Medizinische Mikrobiologie

Quellen

Weiterführende Literatur

3. Entstehung und Erhaltung von DNA-Polymorphismen

- 3.1 Grundlagen molekularer Evolution
 - 3.1.1 Mutation
 - 3.1.2 Genfluß
 - 3.1.3 Selektion
 - 3.1.4 Gendrift
 - 3.1.5 Die Selektionisten-Neutralisten-Kontroverse
- 3.2 Mutationsmechanismen, die zu genetischer Vielfalt beitragen
 - 3.2.1 Duplikation
 - 3.2.2 Fehlpaarungen durch Strang Verschiebungen
 - 3.2.3 DNA-Replikations- und Reparaturfehler
 - 3.2.4 Chemische Modifikation von DNA
- 3.3 Meiotische Mutation repetitiver DNA
- 3.4 Mitotische Mutation repetitiver DNA

Quellen

Weiterführende Literatur

4. DNA-Typisierung zur Spurenanalyse	89
4.1 Populationsgenetische Aspekte der DNA-Analyse	89
4.1.1 Das Hardy-Weinberg-Gesetz	90
4.1.2 Kopplungsungleichgewicht	92
4.1.3 Substrukturierung von Populationen	94
4.2 Die Quantifizierung von Indizien	96
4.2.1 Die Bayes'sche Formel	96
4.2.2 <i>likelihood-Berechnungen</i> bei <i>Single /ocws-DNA-Profilen</i>	98
4.2.3 Der Intervall-Ansatz	101
4.2.4 Ist die Multiplikationsregel zulässig?	105
4.2.5 Welche Population?	108
Quellen	110
5. DNA-Typisierung zur Feststellung von Verwandtschaftsverhältnissen	111
5.1 Verwandtschaftsanalysen	111
5.2 <i>Multi /ocws-DNA-Fingerprinting</i>	114
5.2.1 Quantifizierungsverfahren auf der Grundlage gemeinsamer Banden	116
5.2.2 Berechnung des <i>Hkelihood-Quotient&n</i>	117
Quellen	122
Weiterführende Literatur	122
6. Aspekte künftiger Entwicklungen	123
6.1 Technische Verbesserungen	123
6.2 Ethische und juristische Fragen	125
Quellen	129
Glossar	131
Index	141