

Índice alfabético

NOTA: una *f* después de un número de página denota una figura; *c* refiere un cuadro; *np* significa nota de pie de página; *PH* alude a un recuadro Perspectiva humana; *VE* denota un recuadro Vías experimentales.

A

aa-tRNA. *Véase* Aminoacil-tRNA (aa-tRNA)

ABC, transportadores (estuche de unión a ATP), 159

fibrosis quística, 160PH

ABL, protooncogén, 684

ABO, grupo sanguíneo, 129, 418

Absorción, espectro, 220

clorofila, 219-220

pigmentos fotosintéticos, 220f

Acción, espectro de, 220-221, 221f

Aceites, 48

Acelulares, sistemas, 280-281

Aceptores de electrones primarios, 223, 224f, 226f, 227

Acetil-CoA (acetilcoenzima A), 183f

ciclo del TCA, 185-186, 185f, 186f

Acetilcolina (AcCh), 168

efectos excitadores e inhibidores, 169

receptores, 169f, 171VE-175VE

estructura, 173VE-174VE, 174VEf

unión, 652

Acetilcolinesterasa, 60, 60f, 170

inhibidores, 103

Acetilo, grupo, 185

Acetilsalicílico, ácido, prevención del cáncer, 666

Acíclica, fotofosforilación, 229

Ácido-base, pares, 39

Ácidos, 38-39

Ácidos grasos, 47-48, 48f. *Véase también*

Grasoacilo, cadenas

ciclo, 186f

TCA y, 186, 186f

colas, de lípidos de membrana, 123f, 126f

ejercicio, 189PH

membranas, estado de saturación, 126,

137, 137np

puntos de fusión, 137c

Acopladas, reacciones, 91-93

Acoplamiento

factor 1 (F_1), de sintetasa de ATP, 200,

201f

proteínas de, 305

activación de vías de señalización

corriente abajo, 637

ACTH. *Véase* Adrenocorticotrópica, hormona (ACTH)

Actina, 360-361. *Véase también*

Microfilamentos

cambios de conformación de la miosina, 60

filamentos delgados de la sarcómera, 370, 370f

monómeros, proteínas secuestradoras de, 376

proteínas formadoras de haces de, 375f, 376

proteínas de unión a, 374-377, 376f

funciones, 375f, 375np

lamelipodios y, 379

Actina, filamentos, 1f, 328f, 329f, 361f. *Véanse también* Microfilamentos;

Delgados, filamentos

citocinesis, 596-597, 596f, 597f

cristalografía de rayos X, 753

desensamblaje (despolimerización),

362, 380, 380f, 381

“efecto de noria”, 362, 362f

efectos de proteínas de unión a actina,

374-377, 376f

ensamblaje (polimerización), 361-362,

362f

estereocilios del oído interno,

366, 367f

formación del tubo neural, 384f

interacciones con miosinas, 364, 364f,

365-366, 365f, 371-373, 372f,

374, 374f, 377f, 381, 382f, 596

“decoración”, 377f

energética, 372-373

hipótesis del brazo de palanca,

371-372, 372f

lamelipodios y, 379, 380f

mecanismo generador de fuerza,

377-378, 377f, 379, 381

motilidad celular y, 362-363, 375f,

377-384, 377f, 380, 380f

motor molecular, 363-368

nucleación, 375-376, 379, 380f

organización dentro de la célula,

374-375, 375f

propiedades, 329c

proteínas cortadoras de, 375f, 376

proteínas despolimerizantes de, 375f,

376

sarcómera, 369f, 371f

terminología, 360

uniones adhesivas y, 260, 261f, 262

Actina-ATP, monómeros (actina G), 376

Actina-espectrina, red, en esqueleto de la

membrana plasmática, 145f,

146

Activación

desaminasa de citosina inducida por

(AID), 709

energía (E_A), 95-96, 95f, 96f

Activo

sitio, de una enzima. *Véase en* Enzimas

transporte, 147f, 157-159, 158f, 159f

acoplamiento a

gradientes iónicos, 162-163, 162f

hidrólisis de ATP, 157-158, 158f,

159

primario y secundario, 162-163

secundario, 162f, 163

en plantas, 163

Acuaporinas, 150, 151f

Adalimumab, 776

Adaptadoras, proteínas

activación de vías de señalización

corriente abajo, 637

estructura terciaria, 638f

Adaptadores en vesículas cubiertas de clatrina, 303-304, 303f, 313, 313f, 323VE

Adenililciclasa

formación de cAMP, 630f

movilización de glucosa, 630

transducción de señales con cAMP,

631-632

Adenina (A), 76, 395, 396f. *Véase también*

Nucleótidos

pareamiento de bases, 397f-398f

estructura, 76f

Adenocarcinoma, 679c

Adenosina

difosfato de. *Véase* ADP

monofosfato de. *Véase* AMP

trifosfato de. *Véase* ATP

Adenovirus, 22f

Adherentes, uniones, 260-262, 261f

Adhesión. *Véanse* Focales, adhesiones;

Integrinas

entre células, 240, 240f, 255, 255f, 256f,

263f. *Véase también* Celular,

moléculas de adhesión

función de las caderinas, 257-258,

257f

entre células y ambiente, 248-254, 253f,

263f

entre células y sustrato, 239f, 240f, 246f,

247, 252-254, 252f, 253f

inflamación y cáncer, 259PH-260PH

Adhesivas, uniones, 260-262, 261f

Adipocitos. *Véase* Adiposas, células (adipocitos)

Adiposas, células (adipocitos), regulación de la captación de glucosa en, 644f

ADP

fosforilación, 110f, 111f, 112-113, 184f,

187. *Véase también* ATP, forma-

ción de

dentro de la sintetasa de ATP, 202

desacoplamiento respecto de la oxida-

ción, 198

energía libre requerida, 109

fuerza de energía, 200, 202

regulador metabólico, 116

Adquirida

inmunorreacción (adaptativa), 695, 696-

697, 701-702

células T colaboradoras, 702-703

síndrome de inmunodeficiencia. *Véase* Sida

(síndrome de inmunodeficien-

cia humana)

Adrenalina

regulación de la glucemia, 628

respuesta de células hepáticas a, 630f

respuestas mediadas por cAMP, 631c

Adrenocorticotrópica, hormona (ACTH),

631c

Aerobia, respiración aerobia, 179-213, 207f

formación aerobia de ATP, 188PH-

189PH

fotosíntesis, 218, 218f

I-2 Índice alfabético

- Aerobio, metabolismo, 188PH-189PH
Afinidad, cromatografía de, 747-748
Africanas, poblaciones, genomas, y origen de la especie humana, 404, 421PH
“Afuera hacia adentro”, señalización de, 250
Agammaglobulinemia, 697
Agua
 difusión a través de membranas, 149-150, 149f, 150f
 vía acuaporinas, 150, 151f
 zonas de oclusión y, 265
disociación, 39
enlaces de hidrógeno, 37-38, 38f
fotosíntesis
 flujo de electrones, 224-226, 224f
 formación de oxígeno, 218
 fotólisis, 225
 fuente de electrones, 215, 223, 227f, 228 y sulfuro de hidrógeno, 215
 oxidación, 224f
iones, 35, 35f
moléculas no polares, 35-36, 36f
polaridad, 33
propiedades
 biológicas, 38
 que favorecen la vida, 37-38
reducción de oxígeno, 196f
 en mitocondrias, 196
separación, 224-225
termodinámica de la transformación del hielo, 89, 89f, 89c
- Aguda
 leucemia linfoblástica (ALL), 668-670, 669f
 perfiles de expresión génica, 668-669, 669f
 leucemia mieloide (AML), 668, 669f, 676c, 684
 perfiles de expresión génica, 668-669, 669f
- AIRE. factor de transcripción, 715
AIRE, gen, 715
Aisladoras, secuencias, 526
“Ajeno”, 694, 715-716
 y propio, 695, 715-716. *Véase también*
 Autoinmunitarias, enfermedades
- Albinismo, 366
Albright, osteodistrofia hereditaria de, 623PHc
- Aldosa, 42
Alelos, 389-390
 ligamiento incompleto, 392-393
 recombinación genética, 393, 393f
- Alergias, 704, 706, 719-720PH
Alerta global y CO₂ atmosférico, 233
Alimento, percepción del sabor, 633-634
ALL. *Véase* Aguda, leucemia linfoblástica (ALL)
- Almidón, 45, 46f, 230
Alostérica, modulación, de enzimas, 115, 115f, 116
Alostérico, sitio, 115, 115f
Alport, síndrome de, 244-245
ALS. *Véase* Amiotrófica, esclerosis lateral (ALS)
- Alta densidad, lipoproteínas (HDL), 316
Alta energía, electrones de, 183np
 formación de ATP, 187, 187f
 fotosíntesis, 218f
- Altamente repetidas, secuencias de DNA, 404-408
 secuenciación del genoma humano y, 415
- Alterados, ligandos peptídicos (APL), para enfermedad autoinmunitaria, 720PH
- Alternativa, iniciación de traducción, 536
Alternativo, *splicing*, 458, 531-532, 531f, 532f
 diferencias entre organismos, 416
 elementos genéticos transponibles, 414np
- Alto rendimiento, cromatografía líquida de (HPLC), 746
- Alu*, secuencias de DNA repetidas, 414
Alzheimer, enfermedad de, 66PH-68PH, 66PHf
 alelos de alto riesgo, 420PH, 420PHnp
 gen *APP*, 66PH-67PH
 plasticidad sináptica, 170
 prevención y tratamiento, 67PH-68PH
 terapias génicas, 771
- Amida, enlaces, 40
Amígdalas, 694f
Amiloide, 66PH-67PH, 66PHf
 proteína precursora de (APP), 66PH, 67PHf
- Amiloide beta, péptidos (A β , A β 40, A β 42, etc.), 66PH-67PH, 67PHf
- Amilopectina, 45
Amino, grupos, 41c
 aminoácidos, 50-51, 50f
 combinación con protones, 38
- Aminoácidos, 50-54. *Véanse también*
 Proteínas, síntesis; Residuos; R, grupos (cadenas laterales)
 activación por sintasas de aminoacil-tRNA, 469-470
 asignación de códigos genéticos, 465-466, 466f
 ciclo del TCA y, 186, 186f
 codones, 464
 especificidad de anticuerpos, 705-706
 estructuras, 50-51, 50f, 51f, 52f
 evolución, 458
 hidrófilos e hidrófobos, 54, 54f
 hidrófobos. *Véase* Hidrófobos, aminoácidos mensajeros extracelulares, 619
 modificaciones posttraduccionales (PTM), 53-54
 pareamiento con tRNA, 467f, 469-470
 proteínas integrales de membrana, 134f
 determinación de relaciones espaciales, 134-135, 135f
 hidrofobicidad, 133-134, 134f
 relaciones entre estructura y función, 51, 52f, 54
 secuenciación, 765-767
 sustituciones
 anemia drepanocítica, 55, 55f
 evolución, 73-74, 75f
- Aminoácidos, secuencias
 cambios de nucleótidos, 465
 degrón, 538
 estructura primaria de las proteínas, 54-55
 función de secuencias de nucleótidos, 399, 431
 orientación de proteínas de membrana, 289f
 relaciones evolutivas, 26VE, 51, 74
- Aminoacil-tRNA (aa-tRNA), 467, 473, 474f, 475
 inicio de la síntesis de proteínas, 471
- Aminoacil-tRNA, sintetetasas de, 469-470, 469f, 470np
 evolución del RNA, 458
- Amiotrófica, esclerosis lateral (ALS), 359
AML. *Véase* Aguda, leucemia mieloide (AML)
- Amortiguadores, 39
AMP
 cinasa de proteína activada por (AMPK), 116
 regulador metabólico, 116
- Amplificación. *Véanse* DNA, amplificación; DNA, secuencias, repetidas; Génica, amplificación; Polimerasa, reacción en cadena de; Señales, amplificación de
 resolución y, 728-729, 729f
 vacía, 726, 729f
- Anabólicas, vías, 107, 108f, 115, 115f
 separación de vías catabólicas, 115-116
- Anaerobia
 ATP, formación, 188PH-189PH
 glucólisis, 113
 oxidación, 113-114, 113f
- Anaerobio, metabolismo, 188PH-189PH
Anaerobios, 180
- Anafase
 complejos promotores (APC), 576, 590, 590f, 594
 detención de la meiosis, 605-606
 inhibidores de, 590, 590f
- Anafase I (meiótica), 600f, 605f
Anafase II (meiótica), 600f, 605f, 606
Anafase (mitótica), 571f, 580f, 590-594
 inicio pospuesto, 592
 mecanismo de inicio, 590
 microtúbulos cromosómicos, 588
 movimiento cromosómico, fuerzas requeridas, 591-592, 593f, 595, 595f
 regulación, 590
 transición desde la metafase, 590, 590f
- Análisis de bandas de DNA, 404, 405f
 electroforético, de RNA ribosómico, 26VEf
 masa peptídica, de proteínas, 70, 70f
- Andamiaje, proteínas de, vía de cinasa de MAP, 641
- Aneuploidía, 592, 606PH-607PH, 664, 676f, 678
- Anfipáticas, moléculas, 47
Anfipáticos, lípidos, 125
Anfotéricas, moléculas, 39
- Angiogénesis
 crecimiento tumoral y, 695f
 inhibición en tratamiento del cáncer, 685-686
- Anillos
 azúcares, 43, 43f, 44, 44f
 esteroides, 40f
- Animales
 células, 8f, 25VEf
 modelos, 67PH. *Véase también*
 Organismos modelo
 receptor de acetilcolina, 171PH-172PH
 transferencia de DNA, 770-771
- Anión, 33
 peroxi, 197
- Aniones, intercambiador de, 747
- Anquirinas, 145f, 146
- Antena, pigmentos, 221, 221f, 222f, 223, 224f, 226, 226f
- Antena de cosecha de luz, 221
- Anteroposterior, desarrollo del eje, en *Drosophila*, 533, 533f

- Antibióticos
resistencia a, 105PH-107PH, 475
tratamiento con bacteriófagos, 24
síntesis de proteína y, 475, 480VE
- Anticodones, 467f, 468, 468f
dentro de ribosomas, 472, 473f, 474f
elongación de polipéptidos, 473-475, 474f
interacciones con codones, 468-469, 469f, 473f, 474f
- Anticuerpo, dominios, 705f
- Anticuerpos, 703. *Véase también en*
Inmunoglobulinas (Igs)
anticuerpos T y B y, 703
bloqueo de la reacción autoinmunitaria, 720PH
contra
integrinas, 251, 251f
moléculas de adhesión celular, 259PH, 260 PH
el propio organismo (autoanticuerpos), 699-700
diversidad, 708-709
dominios, 705f
enfermedad autoinmunitaria, 719PH
especificidad
aminoácidos, 705-706
base de, 704
estructura, 703-706
hipótesis de dos genes-un polipéptido, 706-707
formación en ausencia de antígeno, 698
genes, reordenamientos de DNA, 706-709
cometido de la transposición, 414
inmunización pasiva, 67PH-68PH
limitados por membrana, 699f
marcado fluorescente, en estudios del citoesqueleto, 331, 331f
maternos, 706
producción después de la selección de células B, 698-699
reacción inmunitaria, 697-698
regiones V de, 709
respuestas primaria y secundaria, 704f
tratamiento del cáncer, 683-684
usos, 774-776
- Antidiurética, hormona (ADH). *Véase*
Vasopresina
- Antigénico, determinante, 706
- Antígeno
células presentadoras de (APC)
activación de linfocitos, 701-716-717
interacción de linfocitos T con, 711-713, 711f
péptidos en, 710f
profesionales, 701, 701f, 702
receptores
en enfermedad autoinmunitaria, 718PH
estructura, 709f
unidos a membrana, 709
- Antígeno-anticuerpo, interacción, 706f
- Antígenos
inmunorreacción, 697-698
inmunoglobulinas y, 704
interacción de linfocitos T con, 716-717
presentación a linfocitos T, 693f, 701
complejo mayor de histocompatibilidad, 713-715, 720VE-724VE
inhibición, 721VEc
producción de péptidos, 713f
selección de linfocitos B, 698-699
vías, 712f
- Antiinflamatorios y cáncer, 666
- Antioxidantes, 34PH, 35PH
- Antiporte, 163
- Antisentido, RNA, 459, 464
- Apareamiento, preferencias de, y complejo mayor de histocompatibilidad (MHC), 715
- APC. *Véanse* Anafase, complejos promotores (APC); Antígeno, células presentadoras (APC)
- APC, delección del gen, en poliposis adenomatosa familiar del colon, 677-678
- Apical, membrana plasmática, de células epiteliales, 143f, 144
- Apiladas, bases, de DNA, 397
- APL. *Véase* Alterados, ligandos peptídicos (APL)
- Apolipoproteína, 315, 316, 316f, 462PH
- Apoplejía, fármacos dirigidos a integrina en, 251, 251f
- Apoptósicas, células
células normales o, 653f
eliminación, 657f
- Apoptosis
contra células tumorales, 678-679
factores de necrosis tumoral en, 657
inducida por p53, 675np
oncogenes y, 680-681
p53 en la inducción de, 676-677
protección contra, 664-665
señalización y, 653-657
tumorigénesis, 666-667
vía
extrínseca, 654-655, 655f
intrínseca, 655-657
mediada por mitocondrias, 656, 656f
- Apoptosoma, 656-657
- APP, gen, enfermedad de Alzheimer y, 66PH-67PH
- APP. *Véase* Amiloide, proteína precursora de (APP)
- Arp2/3, complejo, 375-376, 379, 380f
- Arqueas, 13-14, 27VE, 27VEf
- Arqueobacterias, 13, 27VE
genes eubacterianos en, 28VE
genoma eucariótico, 28VE
halófilas (que gustan de la sal), sustituciones de aminoácidos, 73-74, 75f
terminología, 28VEnp
- Arrestinas
sitios de unión a la proteína G, 621
unión a GPCR, 622
- Artefacto en microscopía electrónica, 736
- Artificiales, proteínas. *Véase* Proteínas, sintéticas
- Artritis reumatoide, 719PH
- Asimetría ("lateralidad")
aminoácidos, 51
distribución de electrones, 37
estructura corporal, 350PH, 350PHnp
membranas, 130, 133, 133f, 288, 289f
hojas de la membrana, 138, 288
lípidos de la membrana, 138, 138f
- Asimétrico (quiral), átomo de carbono, 43f, 44
- Asociación, análisis de, 420PH
- Aspártico, ácido, 205-206, 206f
- Ásteres del huso mitótico, 584, 585f
- Astrales, microtúbulos (fibras del huso astrales), 588, 589f
- Ataques cardiacos
fármacos dirigidos a integrina para, 251
trasplantes de médula ósea para, 18PH-19PH
- Ataxia-telangiectasia, 577, 577np
- Ateroesclerosis, 316, 316f
- ATM, cinasa de proteína, 578, 578f
- Atómica
estructuras de resolución, 753
microscopía de fuerza (AFM), 741-742
- Átomo de carbono asimétrico (quiral), 43f, 44
- Átomos, 32, 32f, 33, 35
- ATP, 77. *Véase también* Energía
deslizamiento de actina y miosina, 372, 372f
ensamblaje de filamentos de actina, 361-362
enzima sintetizadora. *Véase* ATP, sintetasa de
formación de cAMP, 630f
movimiento de proteínas motoras y, 338
regulador metabólico, 116
ATP, formación de, 109-114, 110f, 111f.
Véanse también ADP, fosforilación; Glucólisis
ciclo del TCA y, 185f
cloroplastos, 228-229
cociente protón/ATP, 206
coenzimas reducidas, 187-188, 187f
durante la contracción muscular, 188PH-189PH
energía
libre necesaria, 109
necesaria, 202
fosforilación oxidativa en, 187-188, 187f
fotofosforilación
acíclica, 229
cíclica, 229, 229f
fuentes de energía, 189
función de las mitocondrias, 189-198
glucólisis, 183, 184f, 188
gradiente de protones y, 194, 202f
inhibición, 198-199
maquinaria
molecular, 199-206, 199f
de síntesis, 4f, 5
mecanismo de cambio de unión, 202-206, 204f
membrana mitocondrial, 122f, 183f
movimientos de protones y, 187-188, 202, 206
regulación, 206
vía indirecta, 111-112, 111f
- ATP, hidrólisis de, 97f
- acoplamiento al transporte activo, 157-158, 158f, 159
energética, 90-91
reacciones acopladas, 92
usos celulares, 92, 92f
- ATP, sintetasa de, 200-202, 201f
bacteriana y mitocondrial, 200
cambios conformacionales, 203, 204f, 205-206, 206f
catálisis rotacional en, 203-206, 204f
cloroplastos, 227f, 228
mitocondrial, 181f
sitios catalíticos, 200, 202-203, 203f
afinidad de unión, 202
- ATP, transportadores de estuche de unión a (ABC), 159, 160PH
- ATPasa de Ca²⁺ (bomba de calcio), 158-159
- ATPasas, 158-159, 200, 329c, 361
- ATR, cinasa de proteína de, 578, 578f
- Audición y canales iónicos controlados, 152
- AUG, codón de inicio, 470, 471, 471f, 472

I-4 Índice alfabético

Aurora B, cinasa, 583, 594
 Autoanticuerpos, 699-700
 Autocrina, señalización intercelular, 617, 617f
 Autoempalmante, intrones, 453, 454, 454f, 456f, 478VE-479VE, 478VEf
 Autoensamblaje
 complejos macromoleculares, 77-78
 polipéptidos, 63, 63f
 Autofagia, 307-308, 308f
 Autoinmunitaria, reacción, 720PH
 bloqueo, 720PH
 recién nacidos, 703
 Autoinmunitarias, enfermedades, 700, 715, 718PH-720PH
 lupus eritematoso sistémico, 456
 pénfigo vulgar, 262
 penfigoide ampollar, 254
 tratamiento, 719PH-720PH
 "Autorización, factores de", 555-558, 558f
 Autorradiografía, 743
 de microscopía óptica, preparación, 743f
 Autorregulación como propiedad de la célula, 6-7, 6f
 Autosomas
 complemento humano normal, 606PH
 número anormal, 606PH-607PH
 Autótrofos, 215
 Aviar, virus de la eritroblastosis, 680
 Aviar, virus del sarcoma (ASV), 670, 688VE
 Avogadro, número de, 32np
 Axonal
 proyección, 360, 381-383, 382f
 transporte, 336-338, 337f
 dirección, 336, 337f
 función de las cinesinas, 338
 función de los microtúbulos, 336, 337f
 Axonemas, 351, 354-355. *Véanse también*
 Cilios; Flagelos
 deslizamiento de microtúbulos, 355-356
 disposición 9 + 2, 351, 352f
 estructura, 351-352, 352f, 355
 relación con el cuerpo basal, 353f
 síndrome de Kartagener, 350PH
 Axonémica, dineína (cililar, flagelar), 354-355, 355f
 Axones, 164, 164f. *Véanse también*
 Crecimiento, conos de, células nerviosas; Neuronas (células nerviosas)
 conducción saltatoria, 360, 381-383, 382f
 filamentos intermedios, 359
 microtúbulos, 328f, 344
 unión neuronal, 373, 373f
 Azúcares, 42-47. *Véanse también*
 Carbohidratos y tipos específicos, *p. ej.*, Glucosa
 estructura, 42-45, 43f
 ligaduras entre, 44-45, 45f, 46f
 nucleósidos, 395np
 nucleótidos, 75f, 395, 395np, 396f
 RNA y DNA, 75f
 RNA y DNA, 395np
 Azufre, bacterias verdes del, fotosíntesis, 215f, 218

B

B, células, linfoma de
 folicular, gen *BCL-2*, 680-681
 inmunoterapia, 683
 protooncogenes y, 679c

B, linfocitos
 activación, 717
 anticuerpos producidos por, 698, 703-706
 anticuerpos unidos a membrana contenidos en, 699f
 complejos de antígeno unido a membrana y receptor de, 709
 estructura o estructura de células plasmáticas, 700f
 estructuras de receptores antigénicos, 709f
 inmunidad humoral, 697
 linfocitos T colaboradores y, 702-703
 precursores de, 699
 que producen anticuerpos, 698f
 receptores de
 antígeno unido a membrana, 709
 enfermedad autoinmunitaria, 718PH
 señalización celular, 619
 receptores de antígeno de transposiciones de DNA, 706-709
 selección de antígenos, 698-699
 teoría de la selección clonal y, 697-701
 Bacteriana y mitocondrial, membrana, 182
 Bacterianas, toxinas, 700
 inmunorreacción a, 698f
 Bacteriano, cromosoma artificial (BAC), 768
 Bacterianos, plásmidos, clonación de DNA mediante, 761-763, 761f
 Bacterias, 13, 14-15. *Véanse también*
 Microbios; Procariontas
 árbol filogenético, 27VEf
 bomba de protones accionada por luz, 161-162, 162f
 cinasas de proteína, 645
 como dominio, 27VE-28VE
 complejidad del genoma, 403, 403f
 comunidades en seres humanos, 15
 conjugación, 12, 12f
 duplicación de DNA, 546-552
 resumen, 546-547, 546f
 estructura celular, 8f
 fagocitosis, 274f, 307
 cómo algunas sobreviven, 317-318
 flagelos, 12, 13f
 fotosintéticas, 215, 215f
 inmunorreacción innata a, 698-699
 metabolismo, 13
 neurotoxinas, 700
 operón, 510-513, 510f, 511f
 origen de las mitocondrias, 28VE, 182
 propulsión a través del citoplasma, 377f
 secuencias de DNA transpuestas, 412, 412f
 siembra doble e hibridación in situ de colonias, 762f
 terminología, 26VENp
 transformación, 423VE-424VE, 423VEf
 variedad de hábitat, 14-15
 virus. *Véase* Bacteriófagos
 Bacteriófago λ . *Véase* Fago λ
 Bacteriófagos, 24f, 424VEf
 estructura, 22f, 22f
 genomas, 763
 microscopía electrónica de barrido, 741f
 primeros estudios del DNA, 424VE-425VE, 425VEf
 sustitutos de antibióticos, 24
 técnica de exhibición en fago, 776
 Bacteriorrodopsina, 161-162, 162f
 Baja densidad, lipoproteínas (LDL) aterosclerosis, 316, 316f

lipoproteínas de alta densidad (HDL) y, 316
 metabolismo del colesterol, 315-317, 322VE-323VE, 322VEf, 323VEf
 receptores de, 315, 315f, 322VEf, 323VE
 vía endocítica, 315-316, 322VE-324VE, 324VEf
 Baja energía, electrones, 183np, 187, 218f
 Bata, hipótesis, 469, 469f
 Banda, patrones de, cromosomas, 394f, 395
 Bardet-Biedl, síndrome de (BBS), 351PH
 Barr, cuerpos de, 496, 497f
 Barrido
 microscopía electrónica de (SEM), 740-742
 microscopio electrónico de (SEM), 3, 734
 Barriles β , 132, 182, 182f, 319np
 Basal
 estado, de una molécula, 219
 maquinaria de transcripción, 526
 membrana, 143f, 144, 240f, 241-242, 241f, 242f. *Véase también* Glomerular, membrana basal (GBM)
 células epiteliales, 143f, 144
 migración embrionaria, 246f
 redes, 244, 244f, 248, 248f
 Basales, cuerpos, 344, 352-353, 353f
 relación con axonemas, 353f
 síndrome de Bardet-Biedl, 351PH
 Bases
 pares de. *Véanse también* DNA, secuenciación de; Nucleótidos
 discordantes, 555, 555f, 556
 eliminación, 556, 564-565
 DNA, 397-399, 397f-398f
 complementariedad, 399
 números en los genomas, 415, 415f
 o números de genes, 415f
 geometría, 555
 discordante y correctamente pareada, 555f
 RNA
 complementariedad, 432
 no estándar, 432, 432f
 reparación por excisión de (BER), 563-564, 564f
 sustituciones, 464, 465, 465f, 466f
 Bases (de ácidos nucleicos), 75, 75f, 76, 76f, 395-396, 396f. *Véanse también* Nitrogenadas, bases; Nucleótidos
 terminología, 395np
 Bases (químicas), 39
BAX, genes, 675-676
 Bax, proteína, en apoptosis, 655-656, 656f
 Bazo, 694f
BCL-2, gen, en apoptosis, 680-681
Bcl-2, proteínas, en apoptosis, 655-656
BCR-ABL, genes, 684
 Benignos, tumores, 667-668
 β , cadenas, 55, 56f, 57f
 β , láminas plegadas, 55-56, 56f
 Bibliotecas (bases de datos)
 compuestos orgánicos, para diseño de fármacos, 73, 74f
 DNA complementarios (cDNA), 768-769
 genómicas, 767-768
 péptidos, 71
 RNA bicatenarios (dsRNA), 774
 RNA de interferencia pequeños (siRNA), 461

- “Bibliotecas” químicas en diseño de fármacos, 73, 74f
- bicoide*, mRNA, 533, 533f
- Bioenergética. *Véase* Energética; Termodinámica
- Biológicas, moléculas, 42-77, 42f
clasificación por función metabólica, 41-42
polares o no polares, 33
propiedades, 40-42
- Biomarcadores, 71
- Biopelículas, 13
- Bioquímicas, reacciones. *Véanse también* Químicas, reacciones; Metabólicas, reacciones
acopladas, 91-93
cambios de energía libre, 88-93, 89-91
condiciones estándar, 90
equilibrio, 89-90
propiedad de la célula, 6
- Biosintética (secretora), vía, 275, 276f, 278f, 300f, 341f
descubrimiento, 277
estudio por medio de mutantes, 281, 282f
señales de recuperación, 302
- BiP (proteína de unión)
como carabina
proteínas mal plegadas, 292, 292f
síntesis de proteínas, 286f
síntesis de cadenas pesadas de anticuerpos, 79VE
- 1,6-bisfosfatasa de fructosa, 116, 116f
- 1,3-bisfosfoglicerato (BPG), 231f
- Bivalentes (tétradas), 391, 391f, 393f, 602f, 603f, 604
y quiasmas, 605f
- Blanco, proteínas, en señalización celular, 617f, 618
- Blancos, glóbulos. *Véanse* Leucocitos; Neutrófilos
- Bloqueo génico, 772-774
cómo se crean, 772, 773f
uso en estudios
de ciclo celular, 579
de proteínas, 332-333
- Borde de avance de una célula móvil, 378f, 379, 379f, 380f
- Bordetella pertussis*, 624
- BPG. *Véase* 1,3-bisfosfoglicerato (BPG)
- BRCA1*, gen, 686
- BRCA1/BRCA2*, proteínas, 678
- Browniano, trinquete, 320
- Burkitt, linfoma de, 666, 679c, 680
motivo hélice-lazo-hélice y, 521
proteína Myc en, 680
protooncogenes y, 679c
- C**
- c*, anillo, de sintetasa de ATP, 200, 201f, 205-206, 206f
- C*, genes, 707
disposiciones para cadenas pesadas en el ser humano, 709f
secuencias en la codificación de cadenas ligeras de anticuerpos, 707f
- C*₃, plantas, 230
síntesis de carbohidratos, 230-233
- C*₄, plantas, 234-235, 235f
- C*₄, vía, 234
- CAAT, caja (secuencia), 522f, 523
- Cabeza de martillo, ribozima, 76-77, 76f
- Cadena hija en la duplicación, 546f
- Cadena muy larga, ácidos grasos de (VLCFA), y trastornos peroxisómicos, 210PH
- Caderinas, 257-258, 257f, 262, 263f
cáncer, 260PH
uniones adherentes, 260-262, 261f
- CAK. *Véase* Cdk, cinasa activadora de (CAK)
- Calcio
bomba de (ATPasa de Ca²⁺), 158-159
canales iónicos
controlados por voltaje
transmisión sináptica, 169, 169f
trifosfato de inositol y, 646
liberación, inducida por calcio (CICR), 646, 647f
proteínas de unión a iones, 648
- Calcio (Ca²⁺), iones
adhesión célula-célula, 257, 257f
células vegetales, 648-649
contracción muscular, 373-374, 373f
estomas foliares, 649, 649f
exocitosis, 306
fotosíntesis, 224f, 225
mensajeros intracelulares, 628, 645-649, 647f
proteínas activadas por, 648f
retículo endoplásmico liso, 284
transmisión sináptica, 169, 169f
transporte a través de membranas, 158-159
visualización de concentración citoplásmica, 646-648
- Calidad, mecanismos de control de duplicación del DNA, 554-556, 560.
Véase también DNA, reparación y puntos de revisión en el ciclo celular, 577-578, 578f
síntesis de proteínas, 291, 291f, 292, 470, 470np, 491, 491f
vigilancia del mRNA, 475-478
- Callo, 744
- Calmodulina, 648-648f
- Calor. *Véase* Temperatura
- Calorías, dieta baja en, y lapso de vida, 34PH
- Calvin, ciclo de (ciclo de Calvin-Benson), 230, 231-232, 231f, 232f
- Caminata cromosómica, 767-768
- cAMP. *Véase también* Segundos mensajeros
amplificación de señales, 631
elemento de respuesta a (CRE), 631
expresión génica bacteriana y, 512-513, 512f
formación a partir de ATP, 630f
formación localizada de, 625f
inhibición del crecimiento celular, 651
movilización de glucosa, 630-631
procesos afectados por las concentraciones cambiantes de, 632f
proteína receptora de (CRP), 512, 512f
respuestas inducidas por hormona mediadas por, 631c
segundo mensajero, 624-625
vías de transducción de señales de, 631-632
- Campo brillante, microscopía, 730
preparación del espécimen, 730
- Cáncer, 662-691. *Véanse también* Carcinógenos; Malignidad; Oncogenes; Tumores; Tumorales, genes supresores; y cánceres específicos, p. ej., Mamario, cáncer
- aberraciones cromosómicas y, 501PH, 502PH
causas, 665-666
células
asesinas naturales y, 695f, 696
pre malignas, 667f, 677, 677f
ciclo de los centrosomas y, 585f
cometido de moléculas de adhesión celular, 260PH
epidemiología, 666
estrategias para combatirlo, 682-686
detección y tratamiento tempranos, 669-670, 686
inmunoterapia, 683-684
medidas preventivas, 666
quimioterapia
pronóstico del cáncer, 670
proteína p53 en la supervivencia celular, 677f
resistencia a, 686
terapias dirigidas, 683
uso de perfiles de expresión génica, 668-670, 670f
- factores de riesgo, 666
gen
p53, 668, 670, 675-678, 677f
RB y, 673-675, 673f
- genes
“cruciales”, 676
de reparación de DNA y, 678, 681-682
supresores tumorales, 670-682
genética, 666-682
hereditario, variación de secuencias microsatélites, 681-682
incidencia, 663f, 666f
influencias epigenéticas, 667, 671f, 679
inhibición de
angiogénesis, 685-686
proteínas promotoras del cáncer, 684-685
- linfocitos T citotóxicos y, 693-694, 695, 704, 707f, 717
- morfología normal y maligna, 662-664, 666-667
- motivo
cremallera de leucina y, 521
hélice-lazo-hélice y, 520-521
mutaciones del gen *p53*, 675-677
oncogenes, 670-672, 671f, 678f, 679-682, 679c, 684, 686VE-690VE
perfil pronóstico, 670
piel, y defectos en reparación de DNA, 566PH, 567PH
propagación metastásica, 260PH, 663f, 667-669, 668f, 672, 677, 682-683, 686
receptores de factor de crecimiento y, 679f, 681, 686
reparación de discordancias y, 681-682
represión de la transcripción, 528-529
señalización celular y, 664
síndromes
familias en riesgo, 673
hereditarios, 672f
- tipos, 666
incidencia, 663f
transmisión vertical, 687VE
transposiciones cromosómicas y, 502PH, 520-521
tratamiento. *Véase en* Médicos, tratamientos; Medicamentos
virus y, 663-666, 670, 675, 679, 686VE-690VE

I-6 Índice alfabético

- Cancerosas, células. *Véase también* Tumorales, células
 células normales y, 664-665
 comportamiento, 663
 inmunorreacción innata a, 699f
 normalizadas mediante tratamiento de interferencia de RNA, 561PH
 potencial de proliferación, 667
 propiedades básicas, 663-665
 propiedades de crecimiento, 663-664, 664f
 selección natural, 667
 telomerasa y, 505-506
- Cancerosas, células madre, 685
- Candidatos, estudios de genes, 420PH
- Capas de electrones, 32, 32f
- Cápside (cubierta proteínica) de virus, 22, 22f
- Cápsula bacteriana, 8f
- Captura en experimento de captura de pulso, 277
- Carabinas
 mitocondria, 79VE
 plegamiento de proteínas, 64, 68, 69f, 78VE-82VE, 291, 291f
 para proteínas mal plegadas, 292, 292f
 retículo endoplásmico, 286f, 287
 síntesis de proteínas, 68
 transporte de proteínas, 318, 319f, 320, 320f
- Carbohidratos, 42-47. *Véanse también*
 Glucosa; *entradas que comiencen con* Gluc-; Azúcares
 almacenamiento de energía, 45, 48
 captura y uso de energía, 109-114
 funciones, 42
 glucoproteínas, 290
 y asimetría de la membrana, 289f
 membranas, 124f, 129
 metabolismo, resumen, 183f
 oxidación, 183-185
 proteínas. *Véase* Glucoproteínas
 síntesis, 215, 217-218, 217f, 231f
 energía necesaria, 228, 230
 fijación de dióxido de carbono y, 229-236
- Carbonilo, grupo, 41c, 42, 43f
- Carbono, átomos de
 α , de aminoácidos, 50, 50f, 51, 51f
 asimétricos (quirales), 43f, 44
 estados de oxidación, 108, 109f
 formaciones moleculares, 40
 moléculas orgánicas, numeración, 43f
 propiedades químicas, 40
 reducción en la fotosíntesis, 227
- Carbono, esqueletos de, 40, 40f
- Carboxilasa de bisfosfato de ribulosa. *Véase* Rubisco
- Carboxilo, grupo, 41c, 50-51, 50f
- Carboxilo terminal, dominio (CTD), de polimerasa de RNA II, 446-447, 446f, 457, 457f
- Carcinógenos, 666, 676, 685VE-687VE
 células cancerosas y, 663
- Carcinoma, protooncogenes y, 679c
- Cardiaco, músculo
 células (fibras cardíacas)
 concentraciones de calcio y, 647
 función del retículo endoplásmico liso, 284
 producción de ATP, 189PH
 uniones en hendidura y, 267, 268
- Cardiolipina (difosfatidilglicerol), 182
- Cardiopatía, colesterol y, 316-317, 316f
- Carga
 densidad de, 749
 receptores, en vesículas de transporte, 299, 300f, 301f
 estudios dinámicos, 323VE
- Carga (eléctrica). *Véanse también* Asimetría ("lateralidad"); Polaridad; Separación de carga; Voltaje
 enlaces químicos, 35, 36f
 ionización, 33
 voltaje y potencial, 164, 164f
- Carga en transporte, 276, 296, 297f, 299-300, 300f, 301f
- Cariotipos, 500f, 665f, 672
 células de cáncer mamario, 665f
- Carotenoides, 220, 220f
- Caspasas, 654
 iniciadora y ejecutora, 655
- Catabólicas, vías, 107, 108f, 115-116, 186, 186f
- Catálisis rotacional (rotatoria) en sintetasa de ATP, 203-206, 204f
- Catalítica, constante (k_{cat} , número de recambio), 95c, 102
- Catalizadores. *Véase* Enzimas
- Cateninas, 258f, 260, 261f
- Cationes, 33
- Catiónico, intercambiador, 747
- Catiónicos, canales
 controlados mecánicamente, 152
 neurotransmisión, 169
- CBP, coactivador de, 527
- CD, proteínas, en linfocitos T, 702
- CD3, anticuerpos, en tratamiento de diabetes, 720PH
- CD20, anticuerpos, en tratamiento del cáncer, 684
- CD20-B7, interacción, 717
- CD28-B7, interacción, 717
- cdc2, cinasa, 574, 575, 575f, 576f, 612VE
- Cdc20, 594
- Cdc25, fosfatasa, 575, 576f, 578, 578f
- CDG. *Véase* Congénitas, enfermedades, de glucosilación (CDG)
- Cdk, cinasa activadora de (CAK), 575, 576f
- Cdk. *Véase* Ciclina, cinasas dependientes de (Cdk)
- cDNA. *Véase* Complementarios, DNA (cDNA)
- CEB-3, gen, 654
- Célula-célula
 adhesión. *Véase* Adhesión, entre células contacto, 240f
 interacciones. *Véase* Comunicación, entre células
 reconocimiento, 255, 255f
 uniones. *Véanse* Uniones entre células y tipos específicos, p. ej., Zonas de oclusión
- Celular
 biología, técnicas, 727-776
 cubierta (glucocáliz), 240, 241f
 división, 570, 572. *Véanse también* Celular, proliferación; Meiosis; Mitosis
 citoesqueleto, 329f, 330
 eucariota y procariota, 12
 inducible, 572
 meiosis y mitosis, 570
 propiedad de la célula, 5
 telómeros, 505
 fusión, 140, 140f
 y movilidad de proteínas de membrana, 140-141
- inmunidad, 697, 711
 complejo mayor de histocompatibilidad en, 711-713
- locomoción, 1f, 330, 330f, 378-381, 378f, 380f
- membrana. *Véase* Plasmática, membrana migración. *Véase también* Móviles, células embrión, 246f, 247, 247f, 258, 258f
 inflamación, 259PH, 259PHf
 moléculas de adhesión, 255-260, 263f.
Véase también Adhesión, entre células
 cáncer, 260PH
 inflamación, 258PH-260PH, 259PHf
 señalización transmembrana, 262-263
 placa, de plantas, 271, 598, 599f
 proliferación. *Véanse también* Cáncer desarrollo de tumores, 667
 telómeros y, 505-506
 receptores de superficie, 240, 240f, 242f.
Véanse también G, proteína; Integrales, proteínas de membrana (proteínas integrales); Membrana, receptores
 captación de ligando extracelular, 311, 314
 receptores "domésticos" y "de señalización", 314, 315, 315f
 señalización celular, 617-618, 619
 vesículas cubiertas, 311, 313f
 vía endocítica, 314-315, 315f
 teoría, 2-3
 terapia de remplazo, 18PH-20PH, 19PHf
- Celular, ciclo, 571-579
 dinámica de los microtúbulos, 345-346, 345f
 duplicación del DNA, 557-558
 duración, 572
 factor promotor de la maduración (MPF), 573-574, 574f
 fases, 571, 571f. *Véanse también* fases específicas, p. ej., Interfase
 gen *pRb* en la regulación del, 674-675
 in vivo, 572
 proteína p53 en la detención del, 675
 punto de restricción, 574np
 puntos de revisión, 577-579, 579f
 daño del DNA y, 577-578, 578f
 punto de revisión del huso, 592-594, 593f, 594f
 puntos de transición (compromiso), 574, 574np, 575f, 577f
 START, 574, 575f
 regulación, 572-579, 590f
 células de mamíferos, 577, 577f
 cometido de las cinasas de proteína, 573-577, 576f
 cometido del factor promotor de la maduración (MPF)
 estudios para determinar, 609VE-612VE
 etapas significativas, 572-579
 localización subcelular, 576-577, 576f
 resumen, 571f
- Celular, señalización, 616-661. *Véanse también* Comunicación, entre células; Señales, transducción
 activación de linfocitos, 716-717
 apoptosis y, 653-657
 balsas lipídicas y, 139, 139f

- calcio como mensajero intracelular, 645-649
- convergencia, divergencia y comunicación cruzada, 649-652
- elementos básicos, 617-619
- fosforilación por proteintirosinas, 634-645
- inicio, 617-618
- mensajeros y receptores extracelulares, 619
- óxido nítrico como mensajero intercelular, 652-653
- receptores acoplados a proteína y segundos mensajeros, 620-634
- terminación, 617-618
- tipos, 617f
- Celulares**
- cultivos, 743-744
- primer cultivo humano, 3, 3f
- tipos, 745f
- líneas, 744
- paredes, 268-271, 270f
- bacterias, 8f
- plantas, 8f, 269-271
- y citocinesis, 598, 599f
- Células. Véanse también tipos específicos, p. ej.,**
- Epiteliales, células**
- actividades dinámicas, 6, 377
- adhesión mutua. Véase Adhesión, entre células
- clases, 7-17
- descubrimiento, 2-3, 2f
- especialización, 15-16, 16f
- estructura, 8f, 10f, 11, 17f
- función de la bicapa lipídica, 128
- evolución, 7
- interacciones, 263f. Véanse también
- Comunicación; entradas en Señal
- ambiente, 6, 239-273, 240f, 263f
- materiales extracelulares, 248-254
- otras células, 254-263
- muerte, 3, 505. Véase también Apoptosis y respuesta de proteína desplegada, 293
- organización
- interna, 3-5, 4f, 17f
- función de los microtúbulos, 336
- tejidos, 240f
- pluripotenciales, 19PH
- procariotas y eucariotas, 7-8, 9-15, 9c
- estructura, 11, 17f
- tamaños, 20
- propiedades básicas, 3-7
- reacciones a estímulos, 6
- reproducción, 570-615. Véase también
- Celular, división
- senescencia, 505, 668
- Células madre, 18PH, 18PHf. Véanse también** Cancerosas, células madre; Embrionarias, células madre (ES)
- desarrollo de tumores, 667
- espermatogoniales, 20PH
- hematopoyéticas (HSC), 18PH, 697, 697f
- rechazo inmunitario y, 19PH
- “transdiferenciación”, 19PH
- trasplante, para enfermedad autoinmunitaria, 720PH
- Celulosa, 45-46, 46f, 269-270, 270f**
- síntesis de microfibrillas, 271f
- CEN-P, proteína motora, 584f, 605f**
- Centelleo, 742**
- Central, elemento promotor, 445f**
- Centrales, histonas, 492, 492f, 494-495**
- duplicación del DNA, 560-561, 561
- promotores, 522-523, 525-526, 525f
- Centrifugación. Véanse también**
- Sedimentación;
- Ultracentrifugación
- diferencial, 280f, 744-746
- de equilibrio, 755-756
- por gradiente de densidad, 745f
- ultracentrifugación y, 754-755
- Centriolos, 8f, 342-343, 342f, 584, 585f, 589f**
- Centrómeros, 506, 506f, 580f, 583-584, 583f, 590, 605f**
- Centrosomas, 342-344, 342f, 343f**
- ausencia, 585-586
- huso mitótico y, 586f
- ciclo de, 584, 584f
- separación y migración, 584-585, 585f
- tubulina γ , 344-345
- Ceramidas, 126f, 127**
- Cerebro. Véase Encéfalo/cerebro**
- Cerebrósidos, 126f, 127**
- Cervical, cáncer, 666-667, 686**
- detección temprana, 686
- protooncogenes y, 679c
- Ceto- (definición), 43f**
- Cetohexosas, 43f**
- Cetosos, 42**
- CFTR. Véase** Quística, fibrosis, regulador de la conductancia transmembrana (CFTR)
- cGMP, canales de sodio controlados por, percepción sensorial, 632**
- percepción sensorial, 632
- vía de transducción de señales, 652f
- CGN. Véase Red de Golgi cis**
- Chaperoninas, 68, 69f, 79VE, 80VE-81VE. Véanse también GroEL; GroES**
- Chargaff, reglas de, composición de bases del DNA, 396**
- Chimpancé, genoma, y del ser humano, 417**
- Chk, cinasas de punto de revisión, 578, 578f**
- Choque térmico, genes, 436**
- proteínas, 78VE. Véase también Carabinas respuesta de, 78VE
- Cianobacterias, 14, 14f**
- cloroplastos, 14, 14f
- ancestrales, 25VEf, 26VE, 26VEf, 215-216
- Cíclica, fotofosforilación, 229, 229f**
- Cíclico, monofosfato de adenosina (AMP cíclico). Véase cAMP**
- monofosfato de guanosina (GMP cíclico). Véase cGMP
- Cíclicos, nucleótidos. Véanse cAMP; cGMP**
- Ciclina, cinasas dependientes de (Cdk)**
- células de mamífero, 577, 577f
- complejos con ciclinas. Véase Ciclina-Cdk, complejos
- detención de la meiosis y, 606
- estado de fosforilación, 575, 576f
- inhibidores, 575, 578-579, 579f
- regulación, 575-577, 576f
- reguladores del ciclo celular, 574, 576f
- Ciclina-Cdk, complejos, 575. Véase también** Maduración-factor promotor (MPF)
- duplicación de centrosomas y, 584
- Ciclinas, 573-574. Véase también** Mitóticas, ciclinas
- cambios de concentración cíclicos, 573-574, 574f, 575, 575f
- degradación, 575-576, 576f
- detención de la meiosis, 605-606
- fecundación, 611VE, 611VEf
- relación con cinasa de proteína cdc2, 612VE
- relación con factor promotor de la maduración, 611VE, 612VE
- Ciclooxigenasa 2 en prevención del cáncer, 666**
- Ciclosporina A, 710, 720PH**
- Cigoteno, 602f**
- Cigótica (inicial), meiosis, 600f, 602**
- Cigotos, 600f**
- número cromosómico, 390f
- anormal, 606PH
- Ciliar (axonémica, flagelar), dineína, 354-355, 355f**
- Ciliopatías, 351PH**
- Cilios, 349-356. Véase también** Axonemas cuerpos basales y, 344, 352-353, 353f
- desarrollo y enfermedad, 350PH-351PH
- estructura, 351, 352f
- flagelos y, 349
- locomoción
- brazos de la dineína, 354-355, 355f
- mecanismo, 355-356, 356f
- teoría de los microtúbulos deslizantes, 356, 356f
- no móviles, 349
- nodo embrionario, 350PHnp
- patrón de batido, 349, 349f
- Cinasa de proteína A (PKA)**
- movilización de glucosa, 630-631
- vía de señalización de cAMP, 631-632
- Cinasa de proteína C (PKC)**
- reclutamiento y activación, 627-628
- respuestas mediadas por, 628c
- Cinasas. Véanse tipos específicos, p. ej.,**
- Tirosincinasas
- de punto de revisión, 578, 578f
- Cinc, motif dedo de, 519, 520f**
- Cinesina, proteínas tipo (KLP), 339-340**
- dirigidas al extremo más y al menos, 339
- Cinesinas, 338-340, 339f, 340f, 341-342, 341f**
- cambios conformacionales, 338, 339f
- despolimerización de los microtúbulos y, 592
- movimiento a lo largo de los microtúbulos, 338, 339f
- sentido de movimiento, 338, 339, 341f
- transporte intraflagelar, 353-354, 353f
- Cinética y termodinámica, 94, 194-195**
- Cinetocoros, 506, 506f, 583-584, 584f**
- cometido de la tensión, 587, 594, 594f
- funciones, 584
- microtúbulos y, 587-588, 587f, 589
- prometafase mitótica, 580f, 587
- proteínas motoras, 595, 595f
- punto de verificación del huso y, 592-594, 593f
- Cinta de estructura molecular, modelo, 57f**
- cis y trans, dobles enlaces, 47
- Cisternal (luminal), espacio. Véase en** Endoplásmico, retículo (ER)
- Cisternas, 274**
- aparato de Golgi, 276f, 294-295, 294f, 300f
- modelo de maduración, 296, 297-298, 297f, 272f
- retículo endoplásmico rugoso, 283, 283f

I-8 Índice alfabético

- Citocina (C), 76, 76f, 395, 396f. *Véase también* Nucleótidos
pareamiento de bases, 397f-398f
- Citocinas
activación de
 linfocitos B, 717-718
 linfocitos T, 702
enfermedad autoinmunitaria, 720PH
fuentes y funciones, 702c
- Citocinesis, 571, 571f, 581, 594f, 596-599, 597f
cuándo ocurre la separación, 598, 598f
dónde ocurre la separación, 597, 598
resumen, 596
surco de separación, 596-597, 596f, 597f
- Citocromo, oxidasa de (oxidasa de citocromo c), 195f, 196-198, 196f, 197f
- Citocromo *b_c*f, 226, 226f, 227f
- Citocromo *b_c*, 196, 226
- Citocromo c, 194, 194f, 196f
en apoptosis, 656, 656f
- Citocromo P450, enzimas, 284, 421PH
- Citocromos, 191, 194f
- Citoesqueleto, 10f, 11f, 180f, 328-387
componentes, 328, 329f
eucariota y procariota, 11
funciones, 329-330, 329f
métodos de estudio, 330-333
mitosis, 574, 580f, 584
naturaleza dinámica, 330f, 349
origen, 26VE
procariotas, 328-329
proteínas del, en apoptosis, 654
proteínas motoras y, 338-342
transmisión de señales y, 262
uniones adherentes y, 261f, 262
- Citomembranas. *Véanse* Citoplásmicas, sistemas de membranas; Endomembranosos, sistemas
- Citoplasma, 11, 11f
intercambio nucleocitoplásmico, 488-491, 488f
- Citoplásmica
cinasas de proteína, oncogenes que codifican, 680
- Citoplásmicas
dineínas, 340-342, 341f
aparato de Golgi y, 333, 341f
dirección de movimiento, 341, 341f
mitosis, 584f, 595, 595f
membranas, 11, 14, 14f
proteintirosincinasas, 634
sistemas de membrana, 122f, 274-327. *Véase también* Endomembranosos, sistemas
- Citosol, 12
células
 animales, 8f
 eucariotas, 10f
 vegetales, 8f
- Citosólico, espacio, del retículo endoplásmico, 283, 283f
- Citotóxicos, linfocitos T (CTL), 702
células presentadoras de antígeno y, 711f
coriomeningitis linfocítica, 720VE-721VE
desarrollo, 715
reconocimiento de antígenos MHC clase 1, 714
- Cítrico, ácido, ciclo. *Véase* TCA, ciclo
- Clasificación, señales. *Véanse también* Reconocimiento, señales; Señal, secuencias
transporte de proteínas, 276, 302, 304
- Clatrina, 312-313, 312f, 321VE, 323VE-324VE, 324VEf, 622
endocitosis mediada por, 323VE-324VE, 324VEf
vesículas cubiertas de, 299, 300f, 303f
endocitosis, 312-314, 312f, 313f, 314f
estructuras, 303-304, 312-314, 313f
estudios dinámicos, 323VE-324VE, 324VEf
formación, 303f, 304, 312f
miosinas y, 368
primeros estudios, 321VE, 323VE
proteínas accesorias, 314
transporte de enzimas lisosómicas, 303, 303f, 304
- Claudinas, 265, 265f
- Clínicos, ensayos, 74f
fases, 67PH-68PH
- Clonación, 513-514, 513np, 514f
vectores, para fragmentos de DNA más grandes, 768
- Clonados, animales
gato, 497f
oveja, 513-514, 513np, 514f
- Clonal
cultivo, 744
teoría de la selección, 697-701, 698f
- Cloro, canales de iones, 169, 169f
- Clorofilas, 219-220, 220f, 226f, 227. *Véanse también* P680; P700; Pigmentos
centros de reacción, 221-222, 221f, 223-224
efectos de la absorción de luz, 219
- Cloroplastos, 8f, 216f, 311f. *Véase también* Tilacoidales, membranas
absorción de energía, 219
captación de proteína, 320-321, 320f
cianobacterias, 14, 14f
enzimas, 231-232, 232f
estructura y función, 216-217
fotosíntesis, 214-238
funciones celulares, 5f
genoma, 215-216, 217
membranas, 216-217, 216f
mitocondrias, 216-217, 218
orígenes supuestos, 28VE
teoría del endosimbionte, 25VE, 25VEf, 26VE, 26VEf
- Clostridium tetani*, inmunización contra, 700-701
- CML. *Véase* Crónica, leucemia mielógena (CML)
- CNP. *Véase* Copias, polimorfismos de número de
- Coactivador mediador, 525f, 526
- Coactivadores de la transcripción, 525f, 527f
- Coagulación, técnicas, 757
- Coágulos. *Véase* Sanguínea, coagulación
- Cocaína, 170
- Cockayne, síndrome de (CS), 566PH
- Código postal, secuencias de localización, 533
- Codones, 464. *Véanse también* Inicio, codones de; Terminación (detención), codones
aminoácidos especificados, 465-466, 466f
mRNA nuclear y mitocondrial, 465
decodificación por tRNA, 467-470
interacciones con anticodones, 468-469, 469f, 473f, 474f
señal de terminación, 465
síntesis de polipeptidos, 473-475, 474f
- variabilidad de tercer nucleótido, 466, 468-469
hipótesis del bamboleo, 469, 469f
- Coenzima A, 185, 186f
- Coenzima Q. *Véase* Ubiquinona (UQ, coenzima Q)
- Coenzimas, 94. *Véanse también* FAD; FADH₂; NAD; NADH
- ciclo
de ácidos grasos, 186f
TCA, 185f, 186
reducidas
cadena de transporte de electrones, 188
energía a partir de, 188
formación de ATP, 187-188
fosforilación oxidativa, 187, 187f
- Coestimuladora, señal, 716
- Cofactores
enzimas, 94
fotosistema I, 227
- Cofilina, 376, 380, 380f
- Cohesina, 582f, 583, 583f, 605, 605f
- Colaboradores, linfocitos T (células T_H), 702-703, 702np
activación de linfocitos B por, 717
células presentadoras de antígeno y, 711f
clases, 702np
formación de anticuerpos, 703f
que reconocen moléculas MHC clase II, 714
- Colágena, genes, mutaciones, 244-245
- Colágenas, 242f, 243-245, 243f
anormalidades, 244
membrana basal, 244f, 248, 248f
- Colas
histonas. *Véase en* Histonas
lípidos de membrana. *Véase* Ácidos grasos, colas
proteínas integrales de membrana, 250f
RNA mensajeros. *Véase* Poli(A), cola de mRNA en Mensajeros RNA (mRNA)
- Colesteriléster, proteína de transferencia de (CETP), 316-317
- Colesterol, 40f, 49, 49f, 315-317. *Véase también* Lipoproteínas
balsas lipídicas, 138, 139f
bicapa lipídica, 127f
complejos de lipoproteína, 315, 316f
forma "buena", 316
hipercolesterolemia familiar y, 322VE-323VE
longevidad, 316-317
membranas, 124f, 127
reductasa de HMG CoA, 322VE
- Colicinas, 479VE-480VE
- Colon
cáncer
 antiinflamatorios, 666
 cambios genéticos progresivos, 668, 668f
 defectos en la reparación de DNA, 567PH
 fármacos que previenen, 666
 forma hereditaria sin poliposis (HNPCC), 681-682
 genes supresores tumorales, 676-678
 mutaciones génicas en, 681-682
 protooncogenes y, 679c
 reparación de disconformidades, 681
 secuencias repetitivas de DNA, 681
 pólipos (adenomas), 668, 677, 677f
 pre malignos, 677-678, 677f

- Colorrectal, cáncer, 531
incidencia, 663f
- Comparativa, genómica, 416-418
- Compartimentalización por membranas, 121, 122f
- Competitivos, inhibidores enzimáticos, 103, 104, 104f, 105f
- Complejidad como propiedad de la célula, 3, 4f
- Complejo I. *Véase* NADH, deshidrogenasa de
- Complejo mayor de histocompatibilidad (MHC), 709-715
activación de linfocitos, 716-717, 716f
alelos, 710c, 710f
distinción entre lo propio y lo ajeno, 715-716
enfermedades autoinmunitarias, 719PH
grupos sanguíneos y, 709-710
infecciones víricas y, 714f
moléculas clase I y clase II, 712f, 713-714
estructura, 722VEf, 724VEf
funciones, 714-715
polimorfismo, 710f, 714-715
presentación de antígeno, 693f, 720VE-724VE
receptores de linfocitos T y, 724VEf
rechazo de injerto, 710
reconocimiento de antígeno por linfocitos T, 711-713, 711f
vías de procesamiento de antígeno y, 712f
- Complementariedad
ácidos nucleicos, 403, 442
DNA, 399
mRNA, 431
RNA, 432f
tRNA, 467, 467f, 468
- Complementariedad, regiones determinantes (CDR), 723VE-724VE
- Complementarios, DNA (cDNA), 449f
bibliotecas, 768-769
purificados 768-769
síntesis, 769f
uso en micromatrices de DNA, 516f-517f, 517
- Complemento en sistema inmunitario, 699
- Completo, duplicación del genoma, 409, 410np
- Compromiso (transición), puntos del ciclo celular, 574, 574np, 575f, 577f
START, 574, 575f
- Computadoras
diseño de fármacos basado en la estructura, 73, 74f
proteómica, 70-71
- Computarizada, tomografía axial (CAT), 738np
- Comunicación
entre células, 240
función de la membrana plasmática, 122, 122f
vía
desmotúbulo, 268
nanotubos de tunelización, 268, 268f
uniones comunicantes, 266-268
entre células y su ambiente, 240
- Concentración, gradientes, 147, 163,
Véanse también Gradientes;
Protomotriz, fuerza ($\Delta\mu$)
separación de carga y, 198
- Condensina, 581-583, 582f
- Condicionales, desactivaciones génicas, 774
- Conductancia de iones, 150, 151f
- Conexinas, 266f, 267-268
- Conexones, 266f, 267-268
- Confocal, microscopio de fluorescencia, trayectorias de la luz, 734f
- Conformación
cadenas polipeptídicas, 55-58, 57f
molecular, 55
nativa, de polipéptidos, 63, 64f, 69f, 431f
proteínas
enfermedades neurodegenerativas, 65PH-68PH
enlaces no covalentes, 58, 59f
priónicas, 65PH, 66PHf
segmentos no estructurados (desordenados), 57
- Conformacionales, cambios, 60, 114
catálisis rotacional, 203-206, 204f
enzimas, 60f, 99-101, 100f, 114-115
modulación
alostérica, 115, 115f
covalente, 114-115
proteínas. *Véase en* Proteínas
receptores, 524, 525f
- Conformómeros, 66PHf
- Congelados, especímenes, en microscopía electrónica, 736-737
- Congelamiento, grabado por, 739-740
- Congénitas, enfermedades, de glucosilación (CDG), 291
- Congresión de cromosomas, 587
- Conjugación en bacterias, 12, 12f
- Conjuntivo, tejido, 240
- Consenso, secuencias, 436, 436f, 445, 453f
- Conservadas, secuencias, 416-418, 417f.
Véase también Evolución
actina, 361
aminoácidos en proteínas, 51, 74
canales iónicos de potasio, 153
centros de reacción fotosintéticos, 223
histonas, 492
microRNA, 462
nucleótidos, en sitios de empalme de pre-mRNA, 453
orígenes de duplicación, 557, 558f
rRNA, 480VE
secuencias de consenso y, 436
secuencias de DNA centroméricas y, 506
selección natural, 416np
sintetasa de ATP, 200
telómeros, 503-504
- Conservativa, duplicación, 543-544, 543f
- Contráctil, anillo, en citocinesis, 596-597, 597f
- Contráctiles, proteínas, y membrana plasmática, 377
- Contractilidad
muscular, 368-374
no muscular, 377-383
- Controlados, canales iónicos, 152. *Véanse también* Voltaje, canales iónicos controlados por y tipos específicos, p. ej., Potasio, canales iónicos
bombas de proteína, 163
cotransportadores, 163
retículo endoplásmico rugoso (translocón), 287
transmisión sináptica, 169, 169f
- Convencionales, miosinas. *Véase* Miosina II (miosina convencional)
- Copaxona, 720PH
- COPI, vesículas cubiertas de, 299, 299f, 300-302, 300f
recuperación de proteínas, 302f
- COPII, vesículas cubiertas de, 299-300, 299f, 300f
- Copia única (no repetidas), secuencias de DNA de, 408-409, 408f
- “Copiar y pegar”, transposición genética, 413, 413f
- Copias, polimorfismos de número de, 418, 419f
- Corneal, estroma, 244, 244f
- Coronaria, enfermedad cardíaca. *Véanse* Ataques cardíacos; Cardiopatía
- Correpresores de la transcripción, 511f, 513, 528, 528f
- Corriente arriba y corriente abajo en el DNA, 434f, 436, 436f
- “Cortar y pegar”, transposición genética, 412, 412f, 413, 413f
- Corteza (zona cortical) de una célula, 374
- Cosecha de luz, complejos
LHCI, 226, 226f
LHCII, 223, 224f
- Cotraduccional, transporte de proteína, 285, 285np, 286f, 287
- Cotranscripcional, procesamiento, 451f
- Cotransporte, 162-163, 162f
- Covalente, modificación de enzimas, 114-115
- Covalentes, enlaces, 32-33
- CPEB, proteína, 534f
- CpG, dinucleótidos, 699
- CREB, factor de transcripción, 651
- Crecimiento
conos de, células nerviosas, 381-383
estructura, 382f
miosina tipo II, 363f
movimiento dirigido, 383, 383f
factor de, receptores, oncogenes que codifican, 679-780
factores de
activación de proteintirosincinasas receptoras, 634
células cancerosas y, 663-664
oncogenes que codifican, 679-680
secreción por células cancerosas, 685-686
hormona del crecimiento (GH), mutagénesis dirigida a un sitio, 73
- Cresta neural, células, migración embrionaria, 246f, 247, 247f, 360
- Crestas, 180f, 181, 181f
- Creutzfeldt-Jakob, enfermedad de (CJD), 65PH-66PH
- Cri-du-chat*, síndrome, 502PH
- Crioeléctronica, tomografía (crio-ET), 738
- Criofijación, 736-737
- Crio fractura
réplicas por, 739-740
células de raíz de cebolla, 740f
formación, 739f
técnicas para estudiar membranas, 131f
- Criomicroscopía electrónica (crio-EM), 753
- Criosecciones, 737-738
- Cristalina, membrana, 181, 181f
- Cristalografía de rayos X, 57, 57f, 752-753
- Cromátides, 583f. *Véase también* Cromosomas
complejo sinaptonémico, 603f
destino, 600-601
meiosis, 601, 602
separación, 605f, 606
ausencia, 606PH
mitosis, 580f, 582f, 583, 583f, 587, 588, 590

- Cromatina, 10f, 11, 486f, 492. *Véanse también* Cromosomas; DNA; Eucromatina; Heterocromatina; Histonas; Nucleosomas
- andamiaje, 495f, 581, 582f
- compactación, 494-496, 496f, 581. *Véase también* Heterocromatina
- complejos de remodelación de, 527f, 526-528, 527f, 528f
- desactivación, 528f
- dinámica, 508f
- duplicación del DNA, 560-561, 561f
- empaque. *Véase* DNA, empaque
- inmunoprecipitación de (ChIP), 523f, 524
- interfase, 496, 581
- lazos (dominios), 495, 495f, 496f
- niveles de organización, 496f
- organización estructural, 492f, 494-496, 494f
- alteraciones por coactivadores, 526-528, 527f
- Cromatografía, 746-748
- afinidad, 747-748
- filtración en gel, 747
- intercambio iónico, 746-747
- Cromosomas, 390-395, 491-506. *Véanse también* Bivalentes (tétradas); Quiasmas; Cromátides; Homólogos, cromosomas; Telómeros
- accesorios, 391
- células normales y cancerosas, 663-665, 664f
- compactación (condensación), 581-582, 581f, 582f, 602, 604, 605
- prematura, 573, 573f
- constricción primaria, 583
- descubrimiento, 390-391
- división reduccional, 391
- entrecruzamiento, 392-394, 393f, 604f, 608, 608f. *Véase también* Genética, recombinación
- desigual, 410, 410f
- "puntos calientes", 421PH, 608np
- escobillón, 495f, 604
- esponjados, 394f, 395
- gigantes, 394-395, 394f
- interfase, 507-508, 507f
- liberación de cohesina, 583
- ligamiento, 391-392
- locus génico, 394, 508f
- mapeo. *Véase* Mapeo
- marcadores, 506
- meiosis, 602-606
- mitosis, 496, 496f, 501, 580f, 581-584, 582f, 589f
- anafase, 590-592, 591f
- metafase, 588-589, 588f, 592-594
- prometafase, 586-588, 586f, 588f
- movimiento, 580f, 586-587, 588f, 590-591, 591f, 595, 595f
- congruación, 587
- despolimerización de los microtúbulos y, 591-592, 592f, 593f
- fuerzas necesarias, 591-592, 593f, 595, 595f
- proteínas motoras, 595, 595f
- tensión en el cinetocoro, 594, 594f
- patrones de bandas, 394f, 395, 500f
- politénicos, 394f, 395
- portadores de la información genética, 391-392
- procariotas y eucariotas, 11, 12
- rotura, 501PH
- sexuales, 392f, 496-497
- simios y seres humanos, 502PH, 503PHf
- variantes estructurales, 410, 410np, 419f, 421
- Cromosómica, caminata, 767-768
- Cromosómicas, aberraciones, 501PH-503PH
- activación de oncogenes, 671f, 672
- apoptosis y, 680
- deleciones, 410, 419f, 421, 501PH, 502PH
- y retinoblastoma, 673-675, 680
- duplicaciones de segmentos, 410, 410f, 410np, 421, 501PH, 502PHf, 503PH. *Véase también* Genes, duplicaciones
- inserciones, 419f, 421
- inversiones, 419f, 421, 501PH, 502PHf
- no disyunción, 606PH-607PH, 606PHf
- oncogén *myc*, 680, 681f
- sitios frágiles, 501PH
- transposiciones, 501PH-502PH, 502PHf
- y malignidad, 502PH, 520-521, 684
- Cromosómico, número, 390-391, 599-600
- anormalidades, 605, 606PH-607PH, 606PHf
- complemento humano normal, 606PH
- diploide, 409
- gametos y cigotos, 390f
- haploide, 402, 502PH
- poliploidización, 409
- Cromosómicos, microtúbulos (cinetocoro, fibras del huso cromosómico), 588, 589, 589f, 591f, 595f
- Crónica, leucemia mielógena (CML), 684
- aberraciones cromosómicas en, 502PH, 684
- desarrollo de fármacos para, 73, 74f
- CRP. *Véase* cAMP, proteína receptora de (CRP)
- Cruzada, comunicación, 649, 650-651, 650f
- entre dos vías de señalización principales, 651f
- Cruzado, enlace, proteínas de, 337f, 375f, 376, 376f
- Cruzados, puentes
- entre elementos del citoesqueleto, 337f, 357, 357f
- sarcómera, 369, 369f, 370f, 371
- energética, 372-373
- rigor mortis, 373
- CTD. *Véase* Carboxilo terminal, dominio (CTD)
- C terminal, dominio. *Véase* Carboxilo terminal, dominio (CTD)
- Cuaternaria, estructura de proteínas, 60-61, 61f
- Cubiertas
- proteínas. *Véase también* Proteínas, capas gemación de vesículas, 281, 281f
- vesículas, 299-300, 300f, 301f, 304
- vesículas, 298, 299-301, 299f, 300f, 303f. *Véanse también* Clatrina, vesículas cubiertas de; COPI, vesículas cubiertas de; COPII, vesículas cubiertas de
- endocitosis mediada por receptor, 312-314
- estudios, 321VE, 321VEf, 323VE-324VE, 324VEf
- formación, 300f, 312, 312f, 314f
- fosfolípidos en, 299np
- pérdida de la cubierta, 324VE, 324VEf
- Cuerpo intermedio de la citocinesis, 596, 5096f
- Cutáneo, cáncer, y defectos en reparación de DNA, 566PH-567PH
- D**
- Dalton (definición), 22np
- Dam1, anillo, en movimiento cromosómico, 592, 593f
- Darwiniana, selección, 416np
- Davson-Danielli, modelo de, 124, 124f
- Débiles
- ácidos y bases, 39, 39c
- enlaces iónicos, 35
- fuerzas de atracción, 36f, 37, 37f
- Decaimiento mediado por secuencias sin sentido (NMD), 475-476
- Defensinas, 699
- Degeneración del código genético, 465, 466f
- Degrón*, secuencia de aminoácidos, 538
- Deleciones. *Véase en* Cromosómicas, aberraciones
- mapeo de, 522f, 523
- Delgados, filamentos. *Véase también* Actina, filamentos
- fibras musculares, 369, 369f
- acoplamiento de excitación y contracción, 374, 374f
- deslizamiento durante la contracción, 370, 370f, 372f
- estructura, 370, 370f
- miosina II como motor, 371
- Demencia. *Véase también* Alzheimer, enfermedad de
- FTDP-17 hereditaria, y proteína relacionada con microtúbulos tau, 335
- Dendritas, 164, 164f
- Dendríticas, células (DC), 701, 701f, 702
- activación de células T, 717
- "Dentro hacia afuera", señalización, 249
- Depresiones cubiertas, 311-313, 312f
- estudios, 321VE, 323VE-324VE, 323VEf, 324VEf
- Dermis, 240, 240f
- Desacoplamiento
- oxidación y fosforilación, 198-199
- proteínas de (UCP), 199
- Desactivaciones génicas condicionales, 774
- Desarrollo, metilación de DNA durante, 529-530, 529f
- Desensibilización, 622
- Desfosforilación
- lípidos, 576f, 625
- regulación del ciclo celular, 575, 576f
- Deshidrogenasas, 112, 191
- Deslizante, filamento, modelo de, para contracción muscular, 369-374, 370f
- Deslizantes, microtúbulos, teoría para la motilidad, 356, 356f
- Desmina, miopatía relacionada con, 360
- Desmosomas (manchas adherentes), 261f, 262, 262f
- Desnaturalización
- DNA, 402, 402f
- proteínas (despliegamiento), 63, 63f
- Desnudo, ratón, 17f
- Desordenados, segmentos proteínicos (no estructurados), 57

- Desoxirribonucleico, ácido. *Véase* DNA
 Desoxirribonucleósidos, terminología, 395np
 Desoxirribosa, 75f, 395, 395np, 422VE
 Desplegada, respuesta de proteína (UPR), 292-293, 292f
 muerte celular y, 293
 Despolarización, 165, 166f
 canales iónicos controlados por voltaje, 154
 en impulso nervioso, 167, 167f, 169, 169f
 microtúbulos y movimiento de cromosomas, 593f, 595f
 Despolimerasas, 592, 593f, 595f
 Destoxificadoras, enzimas, 284
 Detección, pruebas. *Véase también* en Médico, diagnóstico
 diseño de fármacos basado en la estructura, 73, 74f
 Detención, codones de. *Véase* Terminación (detención), codones
 DHA. *Véase* Docosahexaenoico, ácido (DHA)
 Diabetes dependiente de insulina (IDDM), 729PH-720PH
 Diabetes mellitus, 719PH-720PH
 anticuerpos en el tratamiento, 720PH
 autoinmunidad y, 719PH
 insulino dependiente (IDDM), 719PH-720PH
 membrana basal del riñón y, 241
 receptores de insulina, 644-645
 trasplante de islotes pancreáticos, 18PH
 Diacilglicerol, 627-628
 Diacinesis, 602f, 604
 Dicer, ribonucleasa (endonucleasa Dicer), 460, 460f, 463, 499f
 Didesoxirribonucleósido, trifosfatos de (ddNTP), 766-767
 Dieta/alimentación
 cáncer y, 666
 restringida en calorías, y lapso de vida, 34PH
 Diferenciación, 15-16, 16f, 262-263, 263f
 de gametos, 601, 601f
 Diferenciadas, células
 información genética, 513, 514f
 inhibidores de Cdk, 579
 tratamiento de replazo celular, 19PH, 19PHf
 Diferencial, microscopía de contraste de interferencia, 731, 731f
 Difosfatidilglicerol (cardiolipina), 182
 Difracción de rayos X, 752-753
 Difusión, 21, 147
 coeficiente de, 141, 141f, 142
 a través de membranas, 147-148, 148-156, 320
 agua, 149-150, 149f, 150f
 energética, 147
 facilitada, 156-157, 156f
 iones, 150-156
 no electrolitos, 148
 no uniforme, 320
 solutos, 147-149, 147f, 150-157
 zonas de oclusión, 265
 Dímeros. *Véanse tipos específicos, p. ej.*, Histona, dímeros
 Dinamina, 314, 314f
 Dineínas
 ciliares (axonémica, flagelar), 354-355, 355f
 cambios conformacionales, 355, 355f
 deslizamiento en microtúbulos, 355-356, 355f, 356f
 citoplásmicas, 340-342, 341f
 aparato de Golgi y, 333, 341f
 estructura, 340-341, 341f
 mitosis, 584f, 595, 595f
 sentido de movimiento, 341, 341f
 2,4-dinitrofenol (DNP), 198-199
 Dióxido de carbono (CO₂)
 conversión en carbohidrato (CH₂O), 215, 217-218, 217f, 231f
 energía necesaria, 228
 fijación, 230, 230f, 231f, 232-233
 plantas CAM, 236
 plantas C₄, 234, 235, 235f
 síntesis de carbohidratos, 229-236
 vía alterna, 234-235
 fotorrespiración, 232-233, 233f, 234f
 fotosíntesis, 215, 217-218, 227
 Diploide, estado, 409, 599-600
 Diploteno, 602f, 604
 Dipolos, 33, 37. *Véase también* Separación de carga
 Direccionamiento
 proteínas, 276, 302-304, 303f
 al núcleo, 489
 señales, 276, 304, 318, 488-489
 vesículas, 304-306, 305f
 especificidad, 304, 306
 Disacáridos, 44, 45f
 Disconformes, pares de bases, 555
 cáncer de colon y, 567PH
 cómo se detectan, 565
 conformes y, 55f
 eliminación, 556, 564-565
 Disconformidades, reparación, 555f, 556, 564-565
 cáncer y, 672c, 681-682
 defectos, 567PH
 mutaciones y, 567PH
 Disociación, 38
 del agua, 39
 Dispersiva, duplicación, 543f, 544
 Disulfuro, puentes (enlaces disulfuro), 53, 57f
 DNA, 75
 amplificación, 765
 enzimática, 764-765
 análisis de
 bandas, 404, 405f
 huellas, 523
 bibliotecas de, 767
 complementario, 768-769
 genómico, 767-768
 biochips de. *Véase* DNA, microordenamientos ("biochips de DNA")
 cadenas, 395
 complementariedad, 399
 corriente arriba y corriente abajo, 434f
 naturaleza antiparalela, 397
 polaridad, 395
 cambios conformacionales
 durante la transcripción, 445-446, 446f
 por grupo de alta movilidad (HMG), proteínas, 521f, 522
 cantidad total, y número de genes, 415f, 415np
 centrifugación de equilibrio, 756
 circular, 400, 400f
 clonación, 760-763
 mediante plásmidos bacterianos, 761-763, 761f
 cloroplastos, 217
 compactación, 494-496
 comparaciones entre especies. *Véase* DNA, secuencias, cambios, evolutivos
 complementariedad, 398
 complementario. *Véase* Complementarios, DNA (cDNA)
 composición de bases, 395-396. *Véase también* Bases, pares de; Nucleótidos
 reglas de Chargaff, 396
 restricciones estructurales, 398
 teoría del tetranucleótido, 396
 conjugación bacteriana, 12, 12f
 contenido en células espermáticas y predecesoras, 605
 cromatina, 492-496
 daño, 562
 agentes que causan, 501PH, 562, 565
 detección, 563, 563f, 564, 565f
 factor de transcripción p53, 675-676, 676f, 678, 678f
 puntos de revisión en el ciclo celular, 578f
 radiación, 562, 562f, 565, 566, 566PH-567PH
 ultravioleta, 562, 562f
 radicales libres, 34PH
 reparación. *Véase* DNA, reparación
 roturas de la doble cadena, 565
 y cáncer, 567PH
 tumorigénesis, 668
 depósito de información, 399, 399f, 402, 431, 431f
 desnaturalización, 402, 402f
 doble hélice, 397f
 modelo de Watson y Crick, 397-399
 dominios de unión
 factores de transcripción, 519, 519f
 motivos, 519-522
 mutaciones, y función de la p53, 675f
 dúplex. *Véase* DNA, doble hélice
 efectos de las topoisomerasas, 400-402, 401f
 electroforesis en gel, 754
 elementos de frontera, y heterocromatina, 496, 499f
 empaque, 491-496
 enlaces de hidrógeno, 35, 36f
 enzima desenrolladora de, 542f, 550, 551f.
Véase también Helicasas, DNA
 en eucariotas, 558
 estructura, 395-396, 396f, 397f-398f
 apilamiento de bases, 397, 397f
 esqueleto, 395, 396f, 397, 397f-398f
 extremos 5' y 3', 395, 396f
 modelo de Watson y Crick, 388f, 397-399, 397f-398f
 patrones de difracción de rayos X, 388f
 surcos mayor y menor, 397f-398f, 398
 terminología, 395np
 evolución, 458
 formación de lazos
 duplicación, 552, 552f
 transcripción, 528f
 fragmentos
 detección mediante inmunoelectrotransferencia, 757f
 localización de colonias bacterianas que contienen, 762f
 restricción, electroforesis en gel, 755f
 secuenciación, 765-767
 vectores de clonación especializados, 768
 fusión, 402, 402f
 girasa de, 547

- DNA (*cont.*)
 glucosilasas de, reparación de DNA, 563, 564f, 565f
 helicasa de, 446, 542f, 550, 551f, 552f, 559f
 en eucariotas, 557-558, 558f
 heterocromatina, 496
 heterodúplex, 608
 hibridación, 756-758
 interacción con factores de transcripción, 518-519, 519-522, 519f, 520f, 521f, 522-523
 cómo hacen contacto, 526
 estudios, 523-524, 523f
 interacción con histonas, 492f, 493f, 494
 efectos de complejos remodeladores de cromatina, 527-528, 528f
 intergénico, 416
 lazos, 495f. *Véase también* DNA, superenrollado
 paquiteno meiótico, 604
 lesiones, 562. *Véase también* DNA, daño
 ligasas de, 550, 551f, 552f
 duplicación del DNA, 559f
 eucariota, 560
 reparación del DNA, 563, 563f, 565f
 material genético
 descubrimiento, 422VE-435VE
 funciones, 399, 399f
 metilación del, 529-530, 529f
 cáncer colorrectal, 531
 huella genómica, 530
 y reparación de disconformidades, 564-565
 microinyección en óvulo murino fecundado, 770f
 microordenamientos ("chips de DNA"), 515-518, 516f-517f
 análisis de localización a nivel de todo el genoma, 523f, 524
 determinar el perfil de expresión de genes, 668
 determinar el tratamiento del cáncer, 670, 670f
 mitocondrial (mDNA), 181f, 182-183
 mutaciones en, 209PH-210PH, 210PHf
 y nuclear, 210PH
 monocatenario
 sintético, 407f, 408
 transcripción, 434f
 monocatenario o bicatenario, 401, 401f
 nucleosomas, 492, 492f, 493f
 polaridad, 75f
 polimerasa I, 547, 548, 551f, 554
 actividades de exonucleasa, 554, 554f, 555f
 eliminación de bases disconformes, 556
 polimerasa III, 548, 551-552, 551f, 552-554, 552f
 holoenzima (replisoma), 552-554, 553f
 en eucariotas, 558
 polimerasas, 547-548, 552-556. *Véase también* Polimerasa, reacción en cadena de (PCR)
 actividades de exonucleasa, 554, 554f, 555f
 eliminación de bases disconformes, 556
 dependiente de RNA. *Véase* Inversa, transcriptasa
 eucariotas (pol α , β , etc.), 558-560, 559f
 fijación a la plantilla, 552-554, 553f, 559-560, 559f
 funcionamiento, 549f, 551-552, 551f, 552f
 problema de la duplicación del extremo, 504-505
 reparación del DNA, 563, 563f
 en síntesis translesional, 567
 sentido del movimiento, 548, 549f
 polioma por virus tumoral de, mapeo de restricción, 759f
 primeros estudios, 422VE-425VE
 principio transformante, 423VE-424VE
 procariota y eucariota, 11, 12
 promotores. *Véase* Promotores
 proteínas de unión a. *Véanse también*
 Represores, operón bacteriano; Monocatenario, DNA, proteínas de unión a; Transcripción, factores
 y surcos en el DNA, 398
 purificación, 753-754
 quimérico, para estudios con marca fluorescente, 278
 recombinante. *Véase* Recombinante, DNA
 regiones reguladoras y factores de transcripción, 447, 518, 518f
 relajado, 400, 400f
 renaturalización (recocido), 402-403, 403f
 en eucariotas, 404f
 secuenciación de, 765-767
 pasos, 766f
 secuencias
 interpuestas. *Véase* Intrones
 repetidas. *Véase* DNA, secuencias, repetidas
 síntesis. *Véase* DNA, duplicación
 química, 758
 sistemas de suministro de, terapia génica, 161PH
 subenrollado (con superenrollamiento negativo), 400, 400f, 434f
 superenrollado (con superenrollamiento positivo), 400, 434f
 duplicación del DNA, 547, 547f
 formación del cromosoma mitótico, 582
 superenrollado, 400-402, 400f, 434f
 duplicación del DNA, 547, 547f
 formación del cromosoma mitótico, 582
 teoría del tetranucleótido, 396, 422VE
 topoisomerasas de, 400-402, 401f
 transcripción, 432-433, 434f, 477f
 cambios conformacionales, 445-446, 446f
 desenrollamiento (separación de cadenas), 433, 434f, 435f, 436
 enzimas para, 446
 transferencia, células eucariotas y embriones de mamífero, 769-772
 transposiciones
 codificación de cadena κ de inmunoglobulina, 708f
 codificación de cadenas ligeras de anticuerpo, 707-708, 707f
 genes que codifican receptores de antígeno de linfocitos B y T, 706-709
 que forman genes de anticuerpo, 708-709
 transposones de, 413, 413f
 ultracentrifugación, 754-755
 unidad de transcripción, 437
 para rRNA, 440, 440f
 virus tumorales, 665-666
 transmisión, 687VE-688VE
 DNA, duplicación, 543-562. *Véase también*
otras entradas en Duplicación
 actividades de exonucleasa, 554, 554f, 555f
 eliminación de bases dispares, 556
 antígeno nuclear de células en proliferación (PCNA), 559f, 560, 560np
 bacterias, 546-552
 resumen, 546-547, 546f
 bidireccionalidad, 546-547, 546f
 cadena
 directora o adelantada, 549f, 550, 551f, 552f, 553f, 554
 iniciadora, 548, 548f, 549f
 plantilla, 548, 548f, 549f, 552f, 553f, 554, 555f. *Véase también*
 Plantillas, DNA como
 seguidora o atrasada, 549f, 551, 551f, 552f, 553f, 554
 cadenas progenitora e hija, 546f
 centros preduplicación, 561f
 ciclo celular, 557-558, 571, 571f, 572f
 detención, 556, 563, 563f, 567, 576np
 elongación de la cadena (polimerización), 549f
 errores, 554-556, 555f
 reparación. *Véase* DNA, reparación
 eucariotas, 556-562
 complejo
 preduplicación, 558f
 de reconocimiento de origen (ORC), 557, 558f
 cromatina y, 560-561, 561f
 "factores de autorización", 557-558
 métodos de estudio, 556
 proteínas Mcm, 557-558
 proteínas requeridas, 558
 replicones, 556
 factores de duplicación, 561f
 fidelidad, 554-556
 focos de duplicación, 560, 561f
 fragmentos de Okazaki, 550, 551-552, 551f, 552f, 553f, 554
 en eucariotas, 558, 560
 frecuencia de mutación, 555, 556
 función de la matriz nuclear, 560, 560f
 horquillas de duplicación, 546-547, 547f, 548-550, 549f, 550-552, 551f, 553f, 558
 en eucariotas, 556, 557f, 558-560, 559f, 561f
 iniciadores de RNA, 550, 551, 551f, 552f
 eliminación, 554, 554f, 560
 eucariotas, 559, 560
 inicio, 546, 548, 550, 551f
 eucariotas, 556-558, 557f
 señal para, 572
 "lectura y corrección", 556
 modelo de Watson y Crick, 399
 naturaleza semiconservativa, 544-546, 544f, 545f
 origen, 546, 546f
 en eucariotas, 557-558, 558f
 "problema de duplicación del extremo", 504-505, 504f

- proteínas requeridas, 559c
que pasa por alto dímeros de timidina, 567
regulación del ciclo celular, 574np, 577, 577f
sentido de la síntesis, 548, 549f
separación de la cadena
 desenrollamiento del dúplex, 542f, 547, 547f, 550, 551f
 problema de desenrollamiento, 547, 547f
síntesis
 discontinua, 548-550, 549f
 semidiscontinua, 548-550, 549f
telomerasa, 504-505, 504f
- DNA, reparación, 562-566, 567
deficiencias, 566PH-567PH
función de p53, 675
genes mutantes, 681-682
puntos de verificación en el ciclo celular, 577-578, 578f
recombinación homóloga, 566
reparación de cortes, 563-564, 563f, 564f
reparación de disconformidades, 556, 564-565
 defectos, 566PH-567PH
roturas de la doble cadena, 565-566, 565f
síntesis translesional, 567
unión de extremos no homólogos (NHEJ), 565-566
vía acoplada a la transcripción, 563, 563f
vía genómica global, 563, 563f
- DNA, secuencias. *Véanse también* Consenso, secuencias; Genes; Nucleótidos, secuencias; Reconocimiento, secuencias; Secuenciación
aisladores, 526
análisis de bandas, 405f
cambios
 evolutivos, 409-414, 416-418
 sinónimos, 465-466, 487
codifican proteínas. *Véanse* Exones; Genes, codificadores de proteína
conservadas. *Véase* Conservadas, secuencias
 y no conservadas, 416, 416np
duplicaciones y modificaciones, 409-411, 410f
de frontera, 526
funciones cromosómicas y genéticas, 416
interpuestas. *Véase* Intrones
"inútiles", 416
investigaciones policíacas, 404, 405f
no codificadoras, 408, 411, 416. *Véanse también* Intrones; Espaciadores entre genes
 y tamaño del genoma, 415np
no repetidas (de copia única), 404, 404f, 408-409, 408f
polimórficas, 404
polimorfismos de número de copias, 418
regulación de la transcripción, 522-525 repetidas, 404-408, 404f. *Véanse también* Móviles, elementos genéticos; Retrotransposones; Tandem, repeticiones de DNA en; Transponibles, elementos genéticos; Transposones
- cáncer de colon y, 681
codificadoras y no codificadoras, 408
cómo ocurren, 410, 410f, 413-414
dispersión, 411-414
DNA satélite, 506, 506f
estabilidad del mRNA, 536
genes
 de rRNA, 439
 de tRNA, 443
moderadamente repetidas, 404, 404f, 408
 transponibles, 413-414
repeticiones
 invertidas, 412, 413f
 terminales, 412, 413f
 de trinucleótidos, y enfermedad, 405PH-407PH
tamaño del genoma, 415np
 y secuenciación del genoma humano, 415
telómeros, 503-504, 503f, 504f
uso para identificación de personas, 405f
satélite, 404
 cómo se les localiza, 407-408, 407f
ser humano y chimpancé, 417
"significativas" y "basura", 464
variaciones en el ser humano, 418
- DnaB, helicasa de, 550, 551f
DNA-RNA, híbridos, 756-757
conversión a cDNA de doble cadena, 768
durante la transcripción, 433, 434f
e intrones, 449-450, 450f, 451f
- Doble ciego, ensayos, 67PH
Doble marca, fluorescencia de, 727f
Dobles enlaces, 33
 ácidos grasos, y estado de saturación, 126
Dobletes de axonema, 351, 352f
 deslizamiento en microtúbulos, 355-356, 355f, 356f, 357f
- Docosahexaenoico, ácido (DHA), 126
Dolly
 cómo fue clonada, 513-514, 514f
 qué fue de ella, 513np
- Dominantes
alelos, 389-390
 proteínas mutantes negativas, 333, 333f
- Domínios
 procariotas, 13
 proteínas, 58-59, 59f
 "barajado" evolutivo, 59, 414
 transmembrana, 134f
 taxonómicos, 27VE-28VE
- Dopamina
 neuronas productoras de, 18PH
 recaptación, 170
- Down, síndrome de (trisomía 21), 607PH
 cariotipo, 606PHf
- Drepanocítica, anemia, base molecular, 55, 55f
- Drosha, endonucleasa, 460f
Drosophila melanogaster, 392f
 cromosomas, 392f
 desarrollo del eje anteroposterior, 533, 533f
 infección micótica, 698f
 inmunorreacción, 698-699
 investigación genética, 392
- dsRNA. *Véase* RNA, bicatenario (dsRNA)
- Duplicación. *Véase también* DNA, duplicación
 conservativa, 543-544, 543f
 dispersiva, 543f, 544
 factores, 559f, 561f
 focos, 560, 561f
 función del DNA, 399
 genes, 501PH, 502PHf, 503PH
 horquillas. *Véase en* DNA, duplicación
 orígenes. *Véase en* DNA, duplicación
 semiconservativa, 543-546, 543f
 semidiscontinua, 548-550
- E**
E₀. *Véase* Estándares, potenciales redox
ECM. *Véase* Extracelular, matriz (ECM)
EcoR1, enzima, 758-759
eEF. *Véase* Elongación, factores
EF. *Véase* Elongación, factores
Efector, enzima, 618
Efectores, actividad mediada por receptor/inhibición por proteínas G heterotriméricas, 621f
- EGF. *Véase* Epidérmicos, factores de crecimiento (EGF)
EGFR. *Véase* Epidérmico, receptor de factor de crecimiento (EGFR)
- Ehler-Danlos, síndromes de, 244
Eicosanoides en señalización celular, 619
Eicosapentaenoico, ácido (EPA), 126
eIF. *Véase* Inicio, factores de (IF, eIF)
EJC. *Véase* Exones, complejo de unión de (EJC)
- Ejercicio y metabolismo aerobio o anaerobio, 188PH-189PH
- Eléctrico, potencial, carga y voltaje, 164, 164f
- Electroaerosol, ionización por (ESI), 751
Electrolitos, 147-148
Electronegativos, átomos, 33
Electrones
 aceptores de, en fotosíntesis, 223, 224f, 226f, 227
 alta y baja energía, 183np
 cristalografía de, 753
 disposición en los átomos, 32, 32f
 y radicales libres, 34PH
 distribución asimétrica, 37
 donantes de, 187-188, 187f, 194
 durante la fotosíntesis, 218
 excitados, 219
 y unidad fotosintética, 219
 flujo. *Véanse* Electrones, transferencia; Electrones, transporte
 fotosíntesis
 alta y baja energía, 215, 218f
 a partir del agua, 223, 225, 228
 ionización y, 33
 portadores de, 191-198, 195f
 blancos de herbicidas, 228
 cadena de transporte de electrones, 187, 187f, 192-193, 193f
 determinación de su secuencia, 193, 193f
 potencial redox, 193f
 estructuras, 192f
 fotosíntesis
 esquema Z, 223
 fotosistema I, 226
 fotosistema II, 225
 transferencia
 acciones enzimáticas, 99
 ciclo del TCA, 185f, 191
 hacia las mitocondrias, 187
 poder reductor, 114
 potencial de, 189-190

- Electrones (*cont.*)
 transporte, 191-198, 195f
 cadena de, 112, 187, 188, 191-198, 195f
 bombas de protones y, 194
 portadores de electrones, 187, 187f, 192-193, 193f
 determinación de su secuencia, 193, 193f
 complejos de, 194-198, 195f
 mamíferos y bacterias, 195f
 durante la fotosíntesis oxigénica, 222f, 223, 227-228, 227f
 agua al fotosistema II, 224-226
 fotosistema I, 226f, 227
 fotosistema II, 224f
 al fotosistema I, 226, 226f
 a plastoquinona, 223-224
 grupo Mn-Ca a P680⁺, 225
 fotofosforilación cíclica, 229
 herbicidas y, 228
 vías de tunelización, 194, 194f
- Electrónica
 criomicroscopía (crio-EM), 753
 distribución de densidad, 752f
 mapas de densidad
 enlace de hidrógeno, 101f
 receptor de acetilcolina, 174VEf
 sitio activo de una enzima, 98f
 microscopía, 734-736
 preparación del espécimen para, 736-740
- Electrónicas, capas, 32, 32f
- Electrónicos
 microscopios, 3
 autorradiografía, 743f
 formación de la imagen en, 736
 microscopios ópticos y, imagen, 735f
 sistema de lentes en, 735f
 orbitales, 32f
- Electroporación, 770
- Electrostática
 atracción, 37
 carga, de enzimas, 85f
- Elongación
 factores, 446f, 473, 473f, 474, 474f
 síntesis de proteínas, 473-475, 474f
 transcripción, 433, 434f
 coordinación con poliadrenilación y empalme, 457f
 fosforilación de polimerasa de RNA durante, 446f
 polimerasa de RNA en, 447
- Embarazo e inmunidad basada en IgG, 706
- Embrionarias, células madre (ES), 19PH, 19PHf
 blastocistos de mamífero, 772-773
 embriones no viables, 19PH
 partenotos, 19PH
- Embrionario, desarrollo
 aberraciones cromosómicas y, 501PH-503PH
 caderinas, 258, 258f
 cambios en la forma de las células, 383, 384f
 crecimiento axónico, 383
 cuerpos basales, 351PH
 desactivación del cromosoma X, 497, 497f, 497np
 eje anteroposterior, en *Drosophila*, 533, 533f
 fibronectina, 246f
 formación de órganos, 246f, 247
 función de los cilios, 350PH-351PH
 improntación genómica, 530-531
 interacciones entre células, 254-255
 lamininas, 247-248, 247f
 metilación de DNA, 530
 microRNA, 462-463, 463f
 migración
 celular, 246f, 247, 247f
 células de la cresta neural, 360
 moléculas de adhesión celular, 257, 258
 plan corporal básico, 350PH
 reconocimiento entre células, 15
 sistema nervioso, 383, 384f
 situs inversus, 350PH
- Embrionario, nodo, 350PH, 350PHnp
- Enanismo y defectos en la reparación de DNA, 566PH
- Enantiómeros. *Véanse* Isómeros; Estereoisómeros (enantiómeros)
- Encasquetamiento
 de pre-mRNA, 451-452, 452f, 453f, 457f
 enzimas para, 452, 452f
 proteínas de
 filamentos de actina, 375f, 376
 locomoción celular, 379, 380f
- Encefálicos, tumores, 680, 685
 incidencia, 663f
- Encéfalo/cerebro
 barrera hematoencefálica, 265-266
 expresión génica, diferencias entre especies, 70f, 416
 formación de agregados
 enfermedad
 de Alzheimer, 66PH
 de Creutzfeldt-Jakob, 66PH
 de Huntington, 406PH
 ser humano o chimpancé, 416, 417
- Energéticas, reacciones, acoplamiento a reacciones exergónicas, 91-93
- Energéticos, procesos, 89
 hidrólisis de ATP y, 92
- Endocítica, vía
 estudios dinámicos, 323VE-324VE, 324VEf
 primeros estudios, 323VE-324VE
- Endocitosis, 276f, 311-317
 fase masiva, y mediada por receptor, 311
 mediada por clatrina, 323VE-324VE, 324VEf
- Endocrina, señalización intercelular, 617-617f
- Endomembranosos, sistemas, 275, 276f, *Véase también* Citoplásmicas, sistemas de membranas
 conservación de procesos celulares, 281
 métodos de estudio, 277-282
 naturaleza conservada, 281
 resúmenes, 275-277
- Endonucleasas
 duplicación eucariota, 559f, 560
 reparación del DNA, 563
- Endoplásmico, retículo (ER), 8f, 10f, 276f, 282-293, 282f
 compartimento intermedio entre, y aparato de Golgi (ERGIC), 293, 300f
 dinámica de proteínas secretoras y, 278f
 durante la mitosis, 586
 espacio cisternal (luz), 282-283, 283f
 medidas de reducción del estrés, 292-293, 292f
 origen, 25VEf, 26VE
 procesamiento de nuevas proteínas, 287
 procesamiento de proteínas en, 287
 recuperación de proteínas "fugadas", 302
 vigilancia de control de calidad en busca de proteínas aberrantes, 292
- Endosimbiontes, 25VE, 28VE
- Endosimbótica, teoría, 25VE, 26VEf
- Endosomas, 276f
 tardíos, 315, 315f
 tempranos, 315, 315f
 transporte vesicular, 300f
 vía endocítica, 315, 315f
- Endostatina, inhibición de la angiogénesis en cáncer, 685-686
- Endoteliales, células, 239f
- Endotérmicas, reacciones, 87
- Energética, 86-93. *Véase también* Termodinámica
 cotransportador de Na⁺/glucosa, 162f, 163
 fotosíntesis oxigénica (liberadora de O₂), 222
 hidrólisis de ATP, 90-91
 movimiento de solutos, 147-148
- Energía, 86. *Véanse también* ATP; Estándar, cambio de energía libre ($\Delta G'$); Activación, energía (E_A); Excitación, energía; Libre, energía; Protomotriz, fuerza adquisición y uso, como propiedad de la célula, 5-6, 5f
 almacenamiento
 carbohidratos, 45, 48, 230
 grasas, 48-49, 186f
 cadena de transporte de electrones, 188
 captura y utilización, 108-114
 ciclo del TCA, 185, 186-187
 contenido de información, 88
 durante la glucólisis, 183
 ejercicio, 188PH-189PH
 enlaces covalentes, 32
 formación de ATP
 mecanismo de cambio de enlace, 202
 transducción, 203
 formas de almacenamiento, 107
 fotones, 219
 fuentes, 5
 plantas, 230
 proteínas motoras, 338
 gradiente electroquímico de protones, 203
 gradientes iónicos, 189
 uso en el cotransporte, 162-163, 162f
 ley de conservación, 86-87
 mitocondrias, 189
 regulación metabólica, 114, 116
 sistemas (energía interna; E), 86-87, 87f
 cambios (ΔE), 87f
 transducción (conversión), 86-87, 86f, 122
 fotosíntesis, 223
 función de las membranas, 122, 122f
 transferencia. *Véanse también* Electrones, transferencia; Electrones, transporte oxidación, 111f
- Energía de activación (E_A), 95-96, 95f, 96f
- Enfermedades. *Véanse también* enfermedades y tipos específicos, p. ej., Autoinmunitarias, enfermedades
 análisis genómico, 419PH-421PH
 animales clonados, 513np

- elementos genéticos transponibles y, 413
 fármacos. *Véase* Medicamentos
 genéticas y hereditarias, 666
 a partir de aberraciones cromosómicas,
 501PH-503PH
 secuencias de DNA repetidas y, 405PH-
 407PH
- Enlace(s), 32-38
 ácidos nucleicos, 75f, 76
 covalentes, 32-33
 cruzados, marcado de, dirigidos a un sitio,
 135f
 disulfuro (puentes disulfuro), 53, 57f
 DNA de, 492, 492f, 494f
 dobles y triples, 33
 fuerzas de van der Waals, 37, 37f
 glucosídicos, 44, 45f
 hidrógeno (puentes de hidrógeno), 35, 36f
 histonas de (histonas H1), 492, 492f, 494-
 495, 494f, 496f
 iónicos, 35, 36f
 no covalentes, 33, 35-38, 36f
 peptídicos, 50f, 51
- Ensayos, 746
 estudios citoesqueléticos, 332
- Entalpia, cambio (ΔH), 88-89, 89c
- Entrecruzamiento. *Véase en* Cromosomas
 dirigido a un sitio, en estudios de proteí-
 nas de membrana, 135, 135f
- Entrecruzamientos, 608f
- Entropía, 87-88, 88f
 cambio (ΔS), 87, 88-89, 89c, 89f
 interacciones hidrófobas, 37np
- Envejecimiento
 mutaciones del DNA mitocondrial,
 209PH-210PH, 210PHf
 no disyunción meiótica, 607PH
 prematuro, 210PH, 487
 radicales libres, 34PH-35PH
 síndrome de Down (trisomía 21), 607PH
 telómeros y, 505
- Enzimas, 6, 94-104. *Véanse también* enzimas
 y tipos específicos, p. ej., tirosina,
 cinasas de
- actividad catalítica, 95c
 cambios conformacionales, 60f, 99-101,
 100f, 114-115
 carga electrostática, 85f
 catalizadores inorgánicos y, 94
 cinética (velocidad de reacción), 101-104,
 105f
 cómo funcionan, 96, 97-101, 98, 99f
 sentido de las reacciones, 200, 200f
 complejo con sustrato, 85f, 97, 97f, 100f
 complejo de Golgi, 195f, 196
 transporte retrógrado, 297f
 vesículas de transporte, 297f, 298, 300f
 control redox, 231-232, 232f
 dominio catalítico, 59f
 efectos
 en sustratos, 97-100, 98f
 en velocidad de reacción, 94, 95c, 102f
 energía de activación y, 95-96, 95f
 especificidad, 94
 glucólisis, 110f
 inhibición por retroalimentación, 115,
 115f
 localización por membranas, 122f
 modificación covalente, 114-115
 modulación alostérica, 115, 115f, 116
 movimientos internos dinámicos, 60, 60f
 número de recambio (constante catalítica),
 95c
- peores del mundo, 230
 propiedades, 94-95
 regulación metabólica, 114-117, 115f
 relación con genes, 430-431
 resistencia a antibióticos y, 105PH-
 107PH
 sitio activo (sitio catalítico), 60, 60f, 85f,
 96-97, 98f, 100f
 especificidad, 97
 modulación
 alostérica, 115, 115f
 covalente, 114-115
 trastornos lisosómicos, 309PHc
- Enzimático, remplazo, terapia de, 310PH
- Enzimáticos, inhibidores, 103-104, 104f
- EPA. *Véase* Eicosapentaenoico, ácido (EPA)
- Epidérmico, receptor de factor de crecimen-
 to (EGFR), 680
 inhibición del cáncer, 685
- Epidérmicos, factores de crecimiento (EGF),
 en activación de proteintirosin-
 cinasa receptora, 634
- Epidermis, 240f
- Epigenética, 506-507
 herencia
 cáncer, 667, 679
 herencia genética y, 506
 huella genómica, 530
- Epitelial, tejido, 240
- Epiteliales, células
 cilios, 349
 primarios, 350PH, 350PHf, 351PH
 componentes citoesqueléticos, 329f
 intestinales, 3-5, 4f
 estructura secretora, 284, 285f
 membrana plasmática, 143-144,
 143f
 uniones entre, zonas de oclusión, 264-
 265, 264f
- Epitopo, 706
- EPR. *Véase* Espectroscopia de resonancia
 paramagnética electrónica
- Epstein-Barr, virus de, 666, 680
 gen *MYC* y, 680
- Equilibrio
 centrifugación de, 755-756
 en separación de DNA de plásmidos,
 762f
 constante de (K_{eq}), 89-90
 constante de, a pH 7 (K'_{eq}), 39, 90c
 metabolismo de estado estable y, 93, 93f
 potenciales de, 164f, 165
 reacciones químicas, 89-90
- ER, degradación relacionada con (ERAD),
 proteínas aberrantes, 292
- ER. *Véanse* Endoplásmico, retículo (ER);
 Liso, retículo endoplásmico
 (SER); Rugoso, retículo endo-
 plásmico (RER)
- eRF. *Véase* Liberación, factores (RF, eRF)
- ERGIC. *Véase* Endoplásmico, retículo (ER),
 compartimiento intermedio
 entre, y aparato de Golgi
 (ERGIC)
- Eritroblastosis
 aviaria, virus de la, 680
 fetal, 706
- Eritrocitos, 144-146
 fantasma de, 144-146, 145f
- Erk-1, 641
 Erk-2, 641
- ES, células. *Véase* Embrionarias, células
 madre (ES)
- Escamosas, carcinoma de células, protoonco-
 genes y, 679c
- Esclerosis múltiple (MS), 718PH-719PH
- Escobillón, cromosomas en, 485f, 604
- Escorbuto, 243
- ESE. *Véase* Exónico, intensificadores del
 empalme (ESE)
- Esfingolípidos
 almacenamiento de, enfermedades,
 309PHc
 en membranas, 126-127, 126f
- Esfingomielina, 126f, 127
- Esfingosina, 126-127, 126f
- Espaciadores entre genes. *Véase también*
 DNA, secuencias, no codifi-
 cadoras
 no transcritos
 síntesis de rRNA, 439f, 440, 440f
 síntesis de tRNA, 443, 443f
 transcritos, síntesis de RNA, 440f
- Espacio lleno, modelo, para estructura
 molecular, 38f
- Especializadas, células, 15-16, 16f
- Especies, diversidad
 secuencias de nucleótidos, 14-15, 399
 transposición genética, 414
- Específicos, factores de transcripción (de
 secuencia), 518. *Véase también*
 Genes, proteínas reguladoras
 cometido en la transcripción, 447
- Especímenes
 preparación
 microscopia de campo brillante, 730
 microscopia electrónica, 736-740
 pasos, 737f
 tinción negativa, 738f
- Espectrina de la membrana eritrocítica, 145f,
 146
- Espectrina y actina, red
 esqueleto de la membrana plasmática,
 145f, 146
- Espectrofotómetro, 751
- Espectroscopia de resonancia paramagnéti-
 ca electrónica, en estudios de
 proteínas de membrana, 135-
 136, 135f
- Espermatídes, 601, 601f
- Espermatocitos
 primarios, 601, 601f
 secundarios, 601f, 605
- Espermatogénesis, 601f
- Espermatogoniales, células madre, 20PH
- Espermatogonios, 601, 601f
- Espermatozoides. *Véase también* Gametos
 contenido de DNA, 605
 desarrollo, 601, 601f
 dominios de membrana plasmática, 144,
 144f
 flagelos, 13f
 deslizamiento de microtúbulo, 357f
 patrón de batido, 354f
 mitocondrias, 180f, 181
 poliespermia, 390
 vertebrados, formación, 601f
- Espliceosomas, 453np, 454, 456
 coordinación de la transcripción y el pro-
 cesamiento, 457f
 cómo funcionan, 455f
 ensamblaje, 455f
 intrones autoempalmados y, 456f
- Espliceosómicas, helicasas, 456
- Espongiforme, encefalopatía, 65PH
- Espontáneos, procesos, 87, 88, 89

- Esporofito, 600f, 602
 Esporogénesis, 602
 Esquelético, músculo
 células
 estructura, 368
 función del retículo endoplásmico liso en, 284
 fibras, de contracción rápida y lenta, 188PH, 189PH, 188PHf
 Esqueléticos, músculos. *Véase también en* Músculo
 anomalías mitocondriales, 208PH-209PH, 209PHf
 estructura, 368-369, 368f
 neurotransmisores químicos y, 168
 Esqueleto
 aparato de Golgi, 295
 membrana plasmática, 136, 142, 142f, 145f, 146
 movilidad de los lípidos y, 143
 red de espectrina y actina, 145f, 146
 Esqueletos
 ácidos nucleicos, 75f
 DNA, 395, 396f, 397, 397f
 fosfoglicéridos, 126, 126f
 fosfolípidos, 49, 49f
 Estable, estado, metabolismo de, 93
 y equilibrio, 93, 93f
 Estándar, cambio de energía libre (ΔG°), 90, 90c
 ΔG y ΔG° , 90, 91
 ΔG° y ΔG° , 90np
 ciclo del TCA, 184f
 reacciones redox, 190, 191
 Estándares
 condiciones, 90, 90np, 190
 potenciales redox, 190, 190c, 190f, 191np
 Estatinas para reducir el colesterol, 316
 Éster, enlaces, 40
 Estereocilios, 366, 367f
 Estereoisómeros (enantiómeros), 43-44, 43f, 44f. *Véase también* Isómeros
 α y β , 44, 44f
 aminoácidos, 51, 51f
 D y L, 43f, 44, 44f
 Estereoisómeros D (dextro-) y L (levo-), 43f, 44, 44f
 Esteroides, 49
 anillos de, 40f
 mensajeros extracelulares, 619
 estructura, 49f
 receptores de hormonas, en señalización celular, 619
 Estímulos. *Véase también* Señales, transducción
 fuerza de, 167
 reacción a (irritabilidad), 163
 reacciones de la célula a, 6
 función de la membrana plasmática, 122
 Estomacal, secreción ácida, por ATPasa de H^+/K^+ , 159, 159f
 Estomas de las hojas, 216f
 iones calcio (Ca^{2+}) en, 649, 649f
 plantas C_4 , 234
 plantas CAM, 236
 Estrechas, uniones. *Véase* Zonas de oclusión
 Estrógeno, 49f
 Estroma
 del cloroplasto, 217
 dominio de direccionamiento, en captación de proteína del cloroplasto, 320, 320f
 Estromáticos, tilacoides (láminas del estroma), 217f
 Estructura, diseño de fármacos basado en la, 73, 74f
 Estructurales
 genes, del operón bacteriano, 510, 510f, 511f
 polisacáridos, 45-47, 46f
 variantes cromosómicas, 419f, 420
Etr1, gen, en señalización, 645
 Eubacterias, 13, 27VE, 28VE
 genes, en arqueobacterias, 28EP
 Eucariotas
 canales de K^+ , 153-156, 154f, 155f
 ciclo celular, 571f
 complejidad del genoma, 403-404, 404f
 control de la expresión génica, 513-538
 niveles de control, 514, 515f
 división celular, 12, 12f, 570-615
 duplicación del DNA, 556-562
 elementos genéticos transponibles, 413, 413f
 estructura del mRNA, 447, 447f
 etimología, 11
 flagelos, 12, 13f
 relaciones evolutivas, 27VEc
 rRNA, 440
 sin mitocondrias, 26VEnp
 tamaños del genoma, 415f
 unicelulares, 15, 15f
 Eucarióticas, células
 aparición, 9f
 células procariotas y, 7-8, 9-15, 9c, 17f
 envoltura nuclear, 486
 factores de transcripción, 437
 polimerasas de RNA, 436-437
 relaciones evolutivas, 26VE-28VE
 citoplasma, 11
 estructura, 8f, 10f, 17f
 organelos, 10f, 11
 origen, 25VE-28VE, 25VEf
 tamaños, 20
 tipos, 15-17
 transferencia de DNA a, 769-772
 Eucarya, 27VEf, 28VE
 Eucromatina, 496
 Evolución. *Véanse también* Conservadas, secuencias; Homólogas, secuencias
 células, 7
 dominios proteínicos, 59, 414
 duplicación de segmentos y, 410np
 empalme de RNA, 457-458
 estudio a través del DNA mitocondrial, 182-183
 función de
 copias extra de genes, 409
 elementos genéticos móviles, 413-414
 elementos genéticos transponibles, 414
 factores de transcripción, 417-418
 mutaciones, 392
 secuencias de nucleótidos, 14
 funciones cambiantes del RNA, 457-458
 genómica comparativa, 416-418
 hipótesis 2R, 409
 intrones y, 458
 invertebrados a vertebrados, 409
 modificaciones génicas y, 409-414
 molecular, 25VE-28VE, 25VEf
 neutra, 416np
 organización celular conservada y, 5
 proteínas, 73-75
 transposiciones cromosómicas y, 502PH, 503PHf
 “tubo de ensayo”, 458
 vigilancia del mRNA y, 476
 Evolutivas, relaciones, estudio a través de DNA microsatélite, 404
 Excitación, energía, 221
 transferencia, 221, 221f, 223, 224f
 Excitación y contracción, acoplamiento, 373-374
 Excitado, estado, de una molécula, 219
 Excitados, electrones
 transferencia
 fotosistema I, 226f
 fotosistema II, 223, 224, 224f
 unidad fotosintética y, 222
 Exergónicas, reacciones, acoplamiento a reacciones endergónicas, 91-93
 Exergónicos, procesos, 89
 Exocitosis, 276f, 306, 306f
 autofagia y, 308, 308f
 Exón-exón, uniones, 476
 Exón-intrón, uniones, 453, 455f
 Exones, 411, 448. *Véase también* Genes, codificadores de proteína
 barajado, 458
 complejo de unión de (EJC), 476, 491, 491f
 enlace (unión), 453, 453f, 454f, 455f
 que actúan como intrones, 458
 repeticiones de trinucleótidos y, 406PHf
 Exónico, intensificadores del empalme (ESE), 453, 455f, 456-457, 532, 532f
 Exonucleasas, 555f
 degradación del mRNA, 536, 536f
 duplicación de DNA, 554, 554f, 560
 eliminación de bases disconformes, 556
 Exosoma, 442, 536, 536f
 Exotérmicas, reacciones, 87
 Expansinas de la pared celular, 270
 “Exportar del ER”, secuencia señal, 299
 Exportinas, 489, 491
 Extracelular
 ambiente, interacción con células, 6, 239-273, 240f, 263f
 espacio, 240-248
 matriz (ECM), 240-248, 241f
 funciones, 240-241
 organización, 242f
 propiedades dinámicas, 248
 Extracelulares
 materiales
 degradación por metaloproteinasas, 248
 interacciones con células, 248-254
 mensajeros, 617
 destrucción, 617-618
 liberación, 617-618
 regulación a la baja del receptor, 314
 señalización celular, 618
 vías de señalización, 617f
 proteínas, 242-243, 242f. *Véase también* tipos específicos, p. ej., Colágenas
 degradación por metaloproteinasas, 248
 desarrollo embrionario, 246f, 247, 247f
 diferenciación celular y, 263, 263f
 “Extrañas”, macromoléculas. *Véase también* “Ajeno”
 y propio, 693-694
 Extremo, proteínas bloqueadoras del (tapaderas), 375f, 376
 en locomoción celular, 379, 380f

- Extremo más (de crecimiento rápido)
filamentos de actina, 361, 361f, 362f
microtúbulos, 334, 343
y comportamiento dinámico, 347, 347f,
348, 348f
- Extremo menos (de crecimiento lento)
filamento de actina, 361, 361f, 362f
un microtúbulo, 334, 343
en nucleación, 344f, 345
- Extremo N de una cadena polipeptídica, 51
- Extremófilas, 13
- F**
- F, actina. *Véase también* Microfilamentos terminología, 360
- F₀, porción, de la sintetasa de ATP
cambios conformacionales, 205-206,
206f
estructura, 200, 201f, 206
función, 205-206, 206f
- F₁, cabeza (factor de acoplamiento), de la sintetasa de ATP, 200, 201f
gradiente de protones y, 201, 201f
sitios catalíticos, 200, 202-203, 203f
cambios conformacionales, 203,
204f
catálisis rotacional, 203-206,
204f
conformaciones L, T y O,
203-204, 203f, 204f
- Fab, fragmentos, 705f
- Facilitada, difusión, a través de membranas,
156-157, 156f
- Facilitador, transportador, 147f, 156, 156f
- FAD en el ciclo de ácidos grasos, 186f
- FADH₂. *Véase también* Reducidas, coenzimas ciclo
de ácidos grasos, 184f
TCA, 187
fosforilación oxidativa, 187f
lanzadera de fosfato de glicerol, 187f
transporte de electrones, 194
- Fago. *Véanse* Bacteriófagos; Fago λ
exhibición en, técnica, 776
- Fago λ
clonación en DNA de, 760
protocolo para clonación en DNA euca-
riótico, 763f
vector de clonación, 763
- Fagocítica, vía, 317f
- Fagocitos (células fagocíticas), 317
- Fagocitosis, 274f, 317-318, 317f, 657f
- Familiar
hipercolesterolemia (FH), y endocitosis,
322VE-323VE
poliposis adenomatosa (FAP)
genes supresores tumorales, 672f,
677-678
- Fantasmas de membrana plasmática eritrocí-
tica, 144-146, 145f
- Faraday, constante de, 222f
- Fármacos. *Véase* Medicamentos
desarrollo. *Véase* Medicamentos
- Fase, microscopía de contraste de, 730-731
- Fase I, II y III, ensayos clínicos, en desarrollo
de fármacos, 67PH-68PH
- Fc, fragmento, 705f
- Fecundación
actividad de factor promotor de la madu-
ración (MPF), 610VE
ciclinas, 611VE, 611VEf
concentraciones de calcio, 647f
fin de la detención meiótica, 606
número cromosómico, 390f, 391
vertebrados, y meiosis, 601, 601f
- Feofitina (Feo, Feo ↓), 223-224, 224f
- Fermentación, 113-114, 113f
- Ferredoxina, 226f, 227
control redox, 231-232, 232f
- Ferredoxina-NADP⁺, reductasa de (FNR),
227, 227f
- Feulgen, tinción de, 730f
- Fibras musculares de contracción rápida,
188PH-189PH, 188PHf
- Fibrilares, colágenas, 243-244, 243f
- Fibrinógeno e integrinas, 249, 251, 251f,
251c
- Fibroblastos, 16f, 181f
locomoción, 330f, 378f, 379, 379f, 380f
fuerzas de tracción, 381f
mitocondrias y microtúbulos, 180f
- Fibronectina, 242f, 245-247
adhesión celular, 239f
desarrollo embrionario, 246f, 247, 247f
estructura, 246f
migración celular, 247
sitios de unión, 246-247, 246f
unión a integrinas, 246f, 251f
- Fibrosas, proteínas, 57-58
- Fijación, proteínas de, para unir vesículas y
blancos, 304, 305f
- Fijador en microscopía óptica, 730
- Filadelfia, cromosoma, 502PH
- Filamentos. *Véase tipos específicos,*
p. ej., Actina, filamentos;
Intermedios, filamentos (IF)
proteínas cortadoras de, 375f, 376
- Filogenéticos, árboles, 26VE, 27VE-28VE,
27VEf
- Filoquinona, 237
- FISH. *Véase* Fluorescencia, hibridación in
situ y (FISH)
- Flagelar (ciliar, axonémica), dineína,
354-355, 355f
- Flagelina, 699
- Flagelos, 349-356, 351f, 352f. *Véase también*
Axonemas
bacterianos, 8f, 349
cilios y, 349
cuerpos basales y, 344, 352-353, 353f
espermatozoides, 13f
eucariotas y procarionas, 12, 13f
locomoción
función de la dineína, 354-355, 355f
mecanismo, 355-356, 356f, 357f
teoría de los microtúbulos deslizantes,
356f
patrones de movimiento (formas de onda),
351, 351f, 354f, 357f
procarionas, 349
transporte intraflagelar (IFT), 353-354,
353f
- Flavina, mononucleótido de. *Véase* FMN
- Flavina y adenina, dinucleótido de. *Véase*
FAD; FADH₂
- Flavoproteínas, 51, 191
- Flipasas, 288
- Fluidez y viscosidad, 136np
- Fluorescencia
hibridación in situ y (FISH), 407-408,
407f
microscopía, 731-733
detección de sondas de DNA, 757
estudios del citoesqueleto, 330-333,
330f, 331f
microscopía de puntos de, 331, 348f
recuperación, después de fotoblanquea-
miento (FRAP), 141, 141f
transferencia de energía por resonancia de
(FRET), 136, 732-733
- Fluorescentes, marcas/etiquetas
estudios de transporte de proteínas,
277-279, 279f
seguimiento de virus, 23, 23f
- Fluorocromos, 731
sensibles a calcio, 732
- Fluoróforos, 731
- FMN, formas oxidada y reducida, 192f
- Fn. *Véase* Fibronectina
módulos de, 246, 246f
- FNR. *Véase* Ferredoxina-NADP⁺, reductasa
de (FNR)
- Focal, cinasa de adhesión (FAK), 654. *Véase*
también Proteína, cinasas de
- Focales
adhesiones, 252, 253f, 263f
complejos focales, 381np
fuerzas de tracción, 252, 253f
transmisión de señales, 252, 253f
complejos, 381np
contactos. *Véase* Focales, adhesiones
- Forbol, ésteres de, 627-628
- Formilmetionina, 471
- Formina en nucleación de filamentos de
actina, 375-376
- Fosfatasa
regulación del ciclo celular, 575, 576f, 578,
578f
vías de señalización, 618, 631, 645
- Fosfatídico, ácido, 126
- Fosfatidilcolina (lecitina; PC); 49f, 126, 126f
- Fosfatidilinositol (PI)
fosforilación, 625-627
membranas, 299np
segundos mensajeros derivados de,
625-627
- Fosfatidilinositol, 3-cinasa de. *Véase* PI,
3-cinasa de (PI3K)
- Fosfato
grupos, 41c. *Véanse también* Fosforilación;
Proteína, cinasas de
ácidos nucleicos, 75-76
baja y alta energía, 112f
eliminación. *Véase* Desfosforilación
formación de ATP, 110f, 111f, 116
glucólisis, 110-111, 110f, 184f
hidrólisis de ATP, 92-93, 92f, 116
interacciones entre proteínas, 62
lípidos de membrana, 126, 126f
nucleótidos, 75f, 395, 396f
y terminología de ácidos nucleicos,
395np
potencial de transferencia, 112, 112f
sistema amortiguador, 39
3'-5'-fosfodiéster, enlaces, 75f, 76, 395, 396f
- Fosfodiesterasas, 564, 564f
inhibición, 653
- Fosfoenolpiruvato, carboxicinasa de
(PEPCK), 116f, 522. *Véase*
también PEPCK, gen
- Fosfofructocinasa, 116, 116f
- Fosfoglicerato, cinasa de, 110f
- 3-fosfoglicerato (PGA, 3-PGA), 110f, 111,
111f
fijación de dióxido de carbono y, 230,
230f, 231f
fotorrespiración, 233f, 234f
- Fosfoglicéridos, 126, 126f
- 2-fosfoglicolato, 232, 233, 233f, 234f

- Fosfoinosítido
 cinasas de, 626
 fosfatos de. *Véase* PIP
- Fosfoinosítidos, 299np, 626-627, 627f
 células tumorales y, 678-679
- Fosfolipasa C, 59, 59f, 627
- Fosfolipasas, 625
- Fosfolípido
 cinasas de, 625
 fosfatasas de, 625, 678
 proteínas de transferencia de, 290
 segundos mensajeros a base de, 626f
- Fosfolípidos, 49, 49f, 625. *Véase también*
 Membrana, lípidos
- lipoproteínas de baja densidad, 315, 316f
- membrana plasmática, 124f
- membranas, 123f
- modificaciones, 289-290, 289f
- movilidad, 139-140, 140f, 143, 143f
- síntesis, 288
- vesiculares, 299np
- señalización celular, 626
- transferencia entre membranas, 289f, 290
- Fosforilación. *Véanse también* Oxidativa, fosforilación; Fotofosforilación; Proteínas, cinasas; Sustrato, fosforilación al nivel del ADP. *Véase* ATP, formación de bombas iónicas y, 157-158, 158f, 159 cambios conformacionales en proteínas, 157-158, 158f, 203, 204f, 205-206 desacoplamiento respecto de la oxidación, 198-199 factores de inicio, 534 glucólisis, 110-111, 110f histonas, 498, 498f inversión. *Véase* Desfosforilación para detener la síntesis de proteínas, 292f, 293 polimerasa de RNA II, 446-447, 446f proteína relacionada con microtúbulos τ , 335 regulación del ciclo celular, 574, 575, 576, 576f, 577f tirosina, 634-645 vías de señalización, 618
- Fosfotirosina, dominios de unión a (PTB), 636, 637f
- Fotoautótrofos, 215
- Fotodependientes, reacciones fotosintéticas, 218-219, 219-229, 227f ciclo de Calvin, 231, 231f flujo de electrones durante, 222f
- Fotofosforilación, 228-229, 229f
- Fotoindependientes (oscuras), reacciones fotosintéticas, 219, 231f, 232
- Fotoinhibición, 226
- Fotólisis y fotosistema II, 222f
- Fotones, 219. *Véase también* Luz absorción, 219 en fotosíntesis, 221, 221f, 222f, 224, 224f, 225, 226, 226f
- Fotorrespiración, 232-233, 233f, 234f
- Fotosíntesis, 214-238, 218f, 232f absorción de luz, 219-221 bacterias, 215 cianobacterias, 14, 14f espectro de acción, 220-221, 221f flujo de electrones, 222f, 223, 227f fuente de energía, 5, 5f NADPH, 114 oxigénica (liberadora de O₂), 215, 222 reacción global, 215, 217-218 lumínica global, 228 redox, 218 reacciones fotodependientes, 218-219 respiración aerobia y, 218f resumen, 215
- Fotosintéticas bacterias, 215, 215f unidades, 221-228
- Fotosintéticos centros de reacción, 221-228, 221f, 224f, 226f. *Véase también* P680, P700 pigmentos, 219-221, 220f procariotas, en evolución de los eucariotas, 25VEf sistemas. *Véase* Fotosistemas
- Fotosistema I (PSI), 222f, 223, 226-227, 226f, 227f y fotofosforilación cíclica, 229, 229f
- Fotosistema II (PSII), 222f, 223-226, 224f, 227f absorción de luz, 223, 224f extracción de electrones del agua, 224-226 flujo de electrones, 223-224, 224f fotoinhibición, 226
- Fotosistemas, 222-228 clorofilas del centro de reacción, 222f efectos de herbicidas, 228 *FOXP3*, mutación del gen, 703
- Fraccionamiento ácidos nucleicos, 754-756 contenido celular, 744-746 proteínas, 69, 70f, 746-752
- Fragmoplasto, 345f, 346, 598
- FRAP. *Véase* Fluorescencia, recuperación después de fotoblanqueamiento (FRAP)
- FRET. *Véase* Fluorescencia, transferencia de energía por resonancia de (FRET)
- Friedreich, ataxia de, 406PHf
- Frontera elementos, y heterocromatina, 499f secuencias, 526
- Fructosa de 1,6-difosfatasa, 116, 116f
- Fruta, mosca de la. *Véase* *Drosophila melanogaster*
- Fuertes, ácidos y bases, 39, 39c
- Fuerzas de atracción entre átomos, 33
- Funcionales, grupos, 40-41, 41c
- "Furtivos", liposomas, 128f, 129
- Fusión, proteínas de, 278, 279f, 502PH, 671f
- Fusionadas, células, 140-141, 140f
- G**
 ΔG ; ΔG° ; $\Delta G^\circ'$. *Véase también en* Libre, energía, cambio de (ΔG)
- G₀, estado del ciclo celular, 572
- G₁, ciclinas, 574, 575f
- G₁, fase del ciclo celular, 571f, 572, 590, 590f
- G₁, vía de señalización del punto de verificación, 578, 578f
- G₂, fase del ciclo celular, 571, 571f
- G₂, vía de señalización del punto de verificación, 578, 578f
- G, actina (monómeros de actina-ATP), 376
- G, proteína, cinasa de receptor acoplado a (GRK), 622
- G, proteínas, 287np ciclo, 639f defectos, trastornos relacionados, 623PHc estructura, 639f fijación de vesículas a los blancos, 304, 305f heterotriméricas, 620f activación o inhibición de efectores, 621f especificidad de respuestas, 628-629 procesos fisiológicos mediados por, 620c tipos, 622 olfato y, 633 oncogenes que codifican, 679 señalización, 622-623 celular, 619 síntesis de proteínas secretoras, 287 superfamilia de, 638-639 transmisión de señales, 262 transporte nuclear, 490-491, 490f unidas a GTP y GDP, 287 vesículas cubiertas, 299-300
- G, proteínas, receptores acoplados a (GPCR), 622 especificidad de respuestas de, 628-629 fosforilación, 622 percepción celular, 632-634 procesos fisiológicos mediados por, 620c señalización celular, 619 sitio de unión a ligando, 621 a proteína de señalización intracelular, 621 topología, 620-621 transducción de señales, 620-624 transmisión de señales desde, 651f trastornos relacionados, 623PH-624PH, 623PHc unión de GTP a, 622
- GAG. *Véase* Glucosaminoglucanos (GAG)
- Galactocerebrósido, 127
- Gamética, meiosis (terminal), 600f, 601
- Gametofito, 600f
- Gametogénesis, 601f
- Gametos, 600f. *Véanse también* Oocitos; Espermatozoides diferenciación, 601, 601f número cromosómico, 390f, 391 propiedades genéticas, 389-390
- Ganancia de función, mutaciones, 406PH, 671f
- Gangliósidos, 126f trastornos, 310PH
- GAP. *Véase* Glicer aldehído 3-fosfato
- Gases, constante universal de (*R*), 90
- Gástrico, cáncer, 672c
- Gastrulación migración celular, 383, 384f plan corporal básico, 350PH
- Gatos clonados, 497f con pelaje calicó, 497, 497f
- Gaucher, enfermedad de, 310PH
- GC, caja, 522f, 523
- GDP. *Véase* GTP, hidrólisis
- Gel cromatografía de filtración, 747 electroforesis bidimensional, 770, 771f fragmentos de restricción de DNA, 755f

- poliacrilamida, 749-750, 751f
seguimiento de los movimientos del colorante en, 769-770
separación de DNA por, 754
- Gemelos idénticos, diferencias epigenéticas, 506
- Gemtuzumab ozogamicina en tratamiento del cáncer, 684
- Genealogía, estudio a través del DNA mitocondrial, 182-183
- Generación de fuerza
citocinesis, 596
dineína ciliar/flagelar, 355f
formación de tubos neurales, 383f
mitosis, 341, 587, 595, 595f
motilidad, 330, 340, 341f, 355, 356, 356f, 377-378, 377f, 379, 381
combustible, 338
movimiento ciliar y flagelar, 355, 356, 356f
polimerización de actina, 377f, 379, 381
proteínas motoras, 338
- Generales, factores de transcripción (GTF), 518, 526, 527f
mRNA, 445, 445f, 446, 446f
- Genes. *Véase también* DNA, secuencias
activación. *Véase* Génica, expresión
cambio del concepto, 419, 430-431, 706-707
codificadores de proteína, 408. *Véase también* Exones
cantidad de DNA y, 415f, 415np
copias extra, 408, 418
número en el genoma humano, 415
y número de proteínas, 416
números, en diferentes genomas, 415f
conceptos de Mendel, 389-390
base física, 391, 607
conservados. *Véase* Conservadas, secuencias
desactivación. *Véase en* Génica, expresión
descubrimientos históricos, 389f
determinación de la función, 772-774
divergencia, 411, 411f
duplicaciones, 408-411, 410f, 411, 411f, 419f, 501PH, 502PHf, 503PH
tipos, 410np
efecto de la posición, 496
espaciadores entre. *Véase* Espaciadores entre genes
faltantes, 501PH, 502PH, 502PHf
familias relacionadas, 408, 410-411, 411f
grupos de ligamiento, 391-392
huella genómica, 530, 531
locus en un cromosoma, 394, 508f
mapeo. *Véase* Mapeo
móviles, 411-414
naturaleza química, 395-402, 422VE-425VE
operón bacteriano, 510, 510f, 511f
penetrancia, 419PH-420PH, 420PHnp
péptidos múltiples, 68np, 431, 458
polimórficos, 418, 420PH, 420PHnp
proteínas reguladoras, 510. *Véanse también* DNA, proteínas de unión a; Transcripción, factores
recombinación. *Véase* Génica, recombinación
regiones reguladoras, 518, 5128f
relación
con proteínas, 430-432
con secuencias de nucleótidos, 399
"saltarines", 411-413, 412f, 413f
- secuencias no codificadoras, 411, 416.
Véase también Intrones
y tamaño del genoma, 415np
separados (mosaico o interrumpidos), 447-450, 457-458
seudogenes, 411, 411f
silenciamiento. *Véase* Transcripción, represión
supresores tumorales. *Véase* Tumorales, genes supresores
tipo huella, 530-531
pérdida, 531
transferencia lateral (LGT), 28VE
transformantes. *Véase* Oncogenes
vinculados con enfermedad, identificación, 419PH-421PH, 420PH
- Genética
alteraciones, en cánceres humanos, 672
anticipación, 406PH
cáncer, 666-682
conceptos de Mendel, 389-390
base física, 391
descubrimientos históricos, 389f
directa, 772
enfermedad, y enfermedad hereditaria, 666
formación de tumores, 672
herencia, y herencia epigenética, 506
ingeniería. *Véase también* Proteínica, ingeniería; Bloqueo génico
nacimiento, 760
plantas, 771
C₄, 235
inversa, 772
recombinación, 392-394, 607-608, 608f.
Véase también Cromosomas, entrecruzamiento
cuándo comienza, 602-603
"puntos calientes", 421PH
puntos "calientes" y "fríos", 608np
quiasmas y, 604
variabilidad genética y, 607
transposición "cortar y pegar", 412, 412f, 413, 413f
variabilidad. *Véase también* Especies, diversidad
poblaciones humanas, 418
- Genética, información
almacenamiento y uso, 431
animales clonados, 513-514
células diferenciadas, 513, 514f
diversidad evolutiva, 409
división celular, 5
flujo a través de la célula, 431-432, 431f
genoma, 402, 408-409
poliploidización, 409
propiedad de la célula, 5
relaciones evolutivas, 28VE
traducción, 470-478
- Genético, código, 464-467, 466f
decodificación por tRNA, 467-470
degeneración, 465
nuclear y mitocondrial, 466
propiedades, 464-466
significados de los codones, 465-466
superpuesto y no superpuesto, 464, 465f
tabla de decodificación, 466f
universalidad, 466
- Genético, material
DNA como, descubrimiento, 422VE-425VE
funciones, 399, 399f
virus, 21, 22f
- Genéticos
defectos, en cáncer, 662
mosaicos, 497, 497f
polimorfismos, 418, 419f
con GPCR defectuosos, 624PH
riesgo de enfermedad y, 420PH, 420PHnp
reordenamientos. *Véase* Transponibles, elementos genéticos
- Génica
amplificación. *Véase también* DNA, secuencias, repetidas
activación de oncogenes, 672
expresión, 429-484. *Véase también* Proteínas, síntesis; Transcripción
activación
de genes múltiples, 524
por hormonas esteroides, 525f
alteraciones, uso en investigación, 332-333
diferencias entre especies, 70f, 532
diferencias en control, 416
eliminación (desactivación)
determinar la función de genes, 332-333, 772-774
heterocromatina, 496, 497, 497f
ratones con desactivación génica, 332-333, 773
RNA de interferencia pequeños, 461
estudio mediante micromatrices de DNA, 515-518, 516f-517f, 668
perfil de, 668, 669f, 670, 670f
leucemias, 669f
micromatrices de DNA en determinación, 515-518, 516f, 668
regulación, 485-541
bacterias, 509-513, 511f
eucariotas, 513-538
microRNA, 462-463
nivel postraduccional, 537-538
nivel de procesamiento, 514, 515f, 531-532
nivel traduccional, 514, 515f, 532-537
nivel de transcripción, 514, 515-531, 515f
sitios del DNA implicados, 522-525
selectiva, 514-538
terapia, 670-682
interferencia de RNA, 461PH-462PH
sistemas de suministro de DNA para, 161PH
transferencia de DNA en, 769-770
uso de virus, 24, 161PH, 769-770
- Génicas, transposiciones. *Véanse también* DNA, transposiciones; Móviles, elementos genéticos
genes de anticuerpo, cometido de transposición génica, 414
regulación por microRNA, 463
- Genital, herpes, tratamiento de interferencia de RNA, 462PH
- Genoma, estudios a nivel de todo el análisis de localización, 523-524, 523f
polimorfismos vinculados con enfermedades, 420PH
- Genomas, 388. *Véase también* Humano, genoma
cloroplastos, 215-216, 217
comparaciones por tamaño, 415f, 415np
complejidad, 402-409

- Genomas, complejidad (*cont.*)
 bacterias y virus, 403, 403f
 eucariotas, 403-404, 404f
 duplicación segmentaria, 410np
 estabilidad, 409-415
 estructura, 402-409
 genómica comparativa, 416-418
 inestabilidad, 409-415
 información genética y, 402, 308-309
 naturaleza dinámica, 411-414
 no codificadores y porciones codificadoras de proteínas, 416
 p53 como guardián, 675-677
 poliploidización, 409
 pruebas de genes "ajenos", 28VE
 secuenciación, 415-421
 y relaciones evolutivas, 28VE
- Genómica
 búsqueda, para cáncer de mama, 686
 comparativa, 416-418
 huella, 530-531
- Genómico, análisis, aplicación a la medicina, 419PH-421PH
- Germinales, vesículas, 609VE
- Germinativas, células
 división mitótica y meiótica, 391
 migración embrionaria, 247f, 248
 primordiales, 601f
- GFP, proteína de fusión, 278
 estudios de transporte de proteínas, 278, 279f
- GFP. *Véase* Verde, proteína fluorescente (GFP)
- GGA, proteínas adaptadoras, 303-304, 303f
- Gigantes, cromosomas, 394-395, 394f
 usos en investigación, 395
- Glandulares, células, polaridad de organelos, 284, 285f
- Glicer aldehído 3-fosfato
 glucólisis, 110f, 111
 oxidación, 111-112, 111f
 síntesis de carbohidrato, 230, 230f, 231f
- Glicéridos. *Véase* Fosfoglicéridos
- Glicerol
 componente, de las grasas, 48f
 esqueleto
 fosfoglicéridos, 125, 125f, 126f
 fosfolípidos, 49, 49f
 lanzadera de fosfato de, 187, 187f
- Glicolato en fotorrespiración, 232, 234f
- Glioxisomas, 208, 208f
- Global, vía genómica, de reparación de DNA, 563f
- Globina
 cadenas de, en hemoglobina, 60
 genes
 evolución, 411, 411f
 humana y murina, 416
- Globulares, proteínas, 58
- Glóbulos rojos. *Véase* Eritrocitos
- Glomerular, membrana basal (GBM), 241-242, 242f
- Glucagon
 regulación de la glucemia, 628
 respuesta
 de células hepáticas a, 630f
 mediadas por cAMP, 631f
- Glucocáliz, 240, 241f
- Glucocorticoides
 deficiencia, 623PHc
 elementos de respuesta a (GRE), 524-525, 524f, 525f, 527f
- receptor (GR), y activación génica, 524-525, 524f, 525f, 527f
 secreción de, 524-525, 524f
- Glucoforina A, 133, 134f
 en membrana plasmática eritrocítica, 144, 145f, 146
- Glucógeno, 45, 46f
 degradación, 628
 fosforilasa de, 631
 relación con glucosa, 45
 sintetasa de, fosforilación, 631
 síntesis, receptores de insulina en, 644
- Glucolípidos, 45, 127
 membrana plasmática, 124f
 membranas, 126f, 127
 sitios de síntesis, 288
 vaina de mielina, 127
- Glucólisis, 109-113, 110f, 183-185. *Véase también* ATP, formación de cambio de energía libre, 110f
 cambios de energías libres (ΔG , ΔG°), 91
 ecuación neta, 113, 184f
 gluconeogénesis y, 115-116, 116f
 necesidades de ATP en el músculo, 188PH-189PH
 resumen, 184f
 vía anaerobia, 113
- Gluconeogénesis, glucólisis y, 115-116, 116f
- Glucoproteínas, 45. *Véase también* Oligosacáridos
 búsqueda de defectos, 291, 291f
 ensamblaje en el retículo endoplásmico rugoso, 290-292, 290f
 mal plegadas, 291-292
 destrucción, 292-293
 membrana plasmática, 124f, 129, 129f
 modificación, en aparato de Golgi, 296
- Glucosa
 ATP de, 110f, 188
 catabolismo. *Véase* Glucólisis
 cotransporte con ion sodio, 162-163, 162f
 difusión facilitada a través de la membrana, 156f, 157
 efecto, 512
 fuente de energía, 5, 629
 metabolismo energético, 109
 movilización, 630-631
 reacciones que causan almacenamiento o movilización, 628f
 receptores de insulina en el transporte de, 644
 regulación
 de captación en músculo y adipocitos, 644f
 de valores sanguíneos, 629-632
 síntesis. *Véase* Gluconeogénesis
 transportadores, 157
- Glucosa, transportadores de (GLUT), 156
- Glucosaminoglucanos (GAG), 47
 en proteoglucanos, 245, 245f
- Glucosídicos, enlaces, 44, 45f, 129, 129f
- Glucosilación
 aparato de Golgi, 296, 296f
 mutaciones (enfermedades congénitas de la glucosilación, CDG), 291
 retículo endoplásmico rugoso, 290-292
- Glucosilfosfatidilinositol (GPI)
 enlace, en proteínas de membrana periféricas, 136
 proteínas de membrana ancladas a, 130f, 136
 balsas lipídicas y, 138, 139f
- GLUT. *Véase* Glucosa, transportadores de (GLUT)
- GLUT4, transposición, 644
- Glutamato
 como neurotransmisor cerebral, 169-170
 y fortalecimiento sináptico, 170
 receptor de, 536
- Golgi, aparato de, 8f, 10f, 276f, 293-298, 294f
 cisternas. *Véase* Cisternas
 citocinesis en plantas y, 598-599, 599f
 dinámica de proteínas secretoras, 278f, 285f
 dineína citoplásmica, 333, 341f
 durante la mitosis, 586
 enzimas, 280, 295f, 296, 296f
 transporte en vesículas, 297f, 298
 esqueleto de membrana, 295
 estudio vía fraccionamiento celular, 280
 glucosilación, 296, 296f
 microtúbulos y, 341f
 morfología, 294-295, 294f
 origen, 26VE
 polaridad, 294f
 transporte a través de, 296-298, 297f, 300f
 modelo de maduración de cisternas, 296, 297-298, 297f
 modelo de transporte vesicular, 296-297, 297f
- Golgi, pila de, 294-295, 294f, 295np
- Golgi *cis*, red de (CGN), 294f, 295, 300f
- GPCR. *Véase* G, proteínas, receptores acoplados a (GPCR)
- Gradientes
 electroquímicos, 148
 a través de
 envoltura nuclear, 490-491
 membranas, energética del cotransporte, 162f, 163
- Grande, antígeno T, del virus SV40, 558, 559f
- Granos, 217
 tilacoides de los, 217f
- Granzimas, 702
- Grasas, 47-49. *Véase también* Lípidos
 almacenamiento de energía, 186f
 depósitos de energía, 48-49
 síntesis, y transferencia de electrones, 114
- Grasoacilo, cadenas. *Véase también* Ácidos grasos
 lípidos de membrana, 123, 123f, 126
- Graves, enfermedad de, autoinmunidad y, 719PH
- Grb2, proteína, estructura, 638f
- GRE. *Véase* Glucocorticoides, elementos de respuesta a (GRE)
- GroEL, carabina molecular, 79VE-81VE, 79VEf, 80VEf, 81VEf
 cambios conformacionales, 80VE, 80VEf, 81VEf
 sitio de unión a polipéptido, 80VE-81VE
- GroES, carabina molecular, 79VE-81VE, 80VEf, 81VEf
- Gruesos, filamentos, de fibras musculares, 369, 369f
 estructura, 370-371
- Grupos cabeza de lípidos de membrana, 123, 123f, 126, 126f
- Grupos sanguíneos (tipos sanguíneos)
 antígenos, 129f
 determinantes, 129, 129f, 146
 sistema ABO, 709-710

- GTF. *Véase* Generales, factores de transcripción (GTF)
- GTP
hidrólisis
ensamblaje de microtúbulos y, 346-347, 347-348, 347f
síntesis de proteínas secretoras, 286f, 287
proteínas de unión a. *Véase* G, proteínas
- GTP (trifosfato de guanosina), 77
ensamblaje de microtúbulos, 346-348, 346np, 347f
- GTPasa
actividad débil, 622-623
ciclo de las proteínas G, 639f
microtúbulos, 329c
proteína activadora de (GAP), 639
- Guanililciclase, activación de, 652-653
- Guanina (G), 76, 395, 396f. *Véase también* Nucleótidos
estructura, 76f
factores de intercambio de nucleótido (GEF), 639
inhibidores de la disociación de nucleótido (GDI), 639f, 640
pareamiento de bases, 397f-398f
sitio de unión a nucleótido, receptor acoplado a proteína G, 622
- Guanosina, trifosfato de. *Véase* GTP (trifosfato de guanosina)
- Guarda, cierre de células, iones calcio en, 649f
- H**
 ΔH . *Véase* Entalpía, cambio (ΔH)
- H⁺. *Véase* Hidrógeno, iones; Protones
- H⁺/K⁺, ATPasa de, 159, 159f
- H1, H2, etc., histonas, 492-493, 492f, 492c, 493f
- H1, histonas. *Véase* Enlace(s), histonas de (histonas H1)
- "Habla, gen del", 417-418
- Halófilas, 13
- Haploide, estado, 17f, 281
duración, 600f
- Haploides, células
al final de la meiosis, 600f, 606
gametocitos y gametos, 605
mitosis, 581
uso en investigación, 281
- Haplotipos, 421PH
relacionados con enfermedad, identificación, 421PH
SNP y, 421PH, 421PHf
- HapMap, 421PH
- Harvey, virus del sarcoma de, 689VE-690VE
- HAT. *Véase* Histona, acetiltransferasas de (HAT)
- HDAC. *Véase* Histona, desacetilasas de (HDAC)
- HDL. *Véase* Alta densidad, lipoproteínas (HDL)
- HeLa, célula, 3, 3f
infectada por virus, 23f
- Helicasas
antígeno T grande, 558
DNA, 446
duplicación de DNA, 504f, 550, 557-558, 559f
reparación del DNA, 563, 563f
empalme de pre-mRNA, 456
RNA, 442
- Hélice α , 55, 56f, 57f
fusión de membrana, 305, 306f
motif de factores de transcripción, 519, 519f
proteínas integrales de membrana, 124f, 133, 133np, 134f
- Hélice(s)
DNA, 388f, 397, 397f
acciones durante la transcripción, 433, 434f, 435f
filamentos de actina, 361f
RNA bicatenarios, 76f, 432, 432f, 468, 468f, 472
transmembranas (relacionadas con membrana), 120f, 130f, 132f, 133, 133np, 134f, 145f
canales iónicos, 152f, 153-154, 153f, 154, 155f, 174VEf
fusión de membrana, 306f
- Hélice-lazo-hélice (HLH), motif, 519-521, 520f
cáncer y, 520-521
- Hematoencefálica, barrera, 265-266
- Hematopoyéticas, células madre (HSC), 18PH, 697
trasplante, para enfermedad autoinmunitaria, 720PH
vías de diferenciación, 697f
- Hemicelulosas, 270, 270f, 271f
- Hemidesmosomas, 254, 254f, 263f
- Hemo, grupos
citocromo *c*, 54f
citocromos, 191, 192f, 197, 197f
deshidrogenasa de succinato, 191
mioglobina, 58, 58f, 102f
- Hemoglobina. *Véase también* Globina
anemia drepanocítica, defecto molecular, 431
cambios conformacionales, 60-61, 61f
estructura cuaternaria, 61f
formas embrionaria, fetal y del adulto, evolución, 411, 411f
subunidades globina, 60, 61f
- Heparán, proteoglicanos, sulfato de (HSPG), 245
- Hepáticas, células, reacción a glucagon o adrenalina, 630f
- Hepático, cáncer, 666, 663f, 672c, 677
incidencia, 663f
- Hepatitis B, 666
alelos MHC presentes en, 711
- Hepatitis C, 696
inmunorreacción a, 699
- Heptosas, 42
- HER2*, gen, en estrategias contra el cáncer, 683
- Herbicidas y transporte de electrones, 228
- Herceptina, 682-683
tratamiento del cáncer, 683
- Hereditario, cáncer de colon no polipósico (HNPCC), mutaciones, 681-682
- Hereditarios, trastornos
defectos de proteína G y, 624PH
trastornos genéticos y, 666
tratamiento de remplazo mitocondrial para, 19PH
- Herencia
conclusiones de Mendel, 389-390
base física, 391
epigenética, 506-507
y genética, 506
mitocondrial y mendeliana, 210PH
- Herpes, tratamiento de interferencia de RNA, 462PH
virus, 665-666
- Heterocromática, proteína 1 (HP1), 498-499, 499f
- Heterocromatina, 486f, 496-498
constitutiva, 496
facultativa, 496, 497f
formación, 498-499, 499f
metilación de histona y, 498f
- Heterocromatización, 498-499, 499f
cromosoma X, 497, 497f
- Heterodimerización de factores de transcripción, 520, 521f
- Heterodímeros, 60
- Heterogéneas, ribonucleoproteínas nucleares (hnRNP), 454
- Heterogéneos, RNA nucleares (hnRNA), 444-445, 444f, 447-450, 448f
empalme y, 454
- Heteroplasma, 209PH, 210PH
- Heterótrofos, 214
- Hexosas, 42
estructura, 43f
- HGPS. *Véase* Hutchinson-Gilford, síndrome de progeria de (HGPS)
- Híbridas, células, de fusión celular, 140f
- Hibridoma de células T, apoptótico y anormal, 653f
- Hibridomas, 775
- Híbridos DNA-RNA, 756-757
conversión a cDNA de doble cadena, 768
durante la transcripción, 433, 434f
e intrones, 449-450, 450f, 451f
- Hidrocarburos, 40
- Hidrófilas
moléculas, 35
naturaleza polar, 35
regiones
lípidos de membrana, 123f, 126, 126f, 127f
proteínas integrales de membrana, 131
- Hidrófilos, aminoácidos, 54, 54f
- Hidrófobas
interacciones, 35-37, 36f
aminoácidos no polares, 54, 54f
membrana plasmática, 123, 123f
moléculas, 36
naturaleza no polar, 36
regiones
lípidos de membrana, 123, 123f, 126, 126f
proteínas integrales de membrana, 124f, 131, 132, 134f
y transporte dentro de la membrana del retículo endoplásmico, 287, 288f
- Hidrófobos
aminoácidos, 54, 54f
membrana plasmática, 133-134
proteínas integrales de membrana, 133-134, 134f
residuos, en canales iónicos, 174VE, 174VEf
- Hidrogenación, 48
- Hidrógeno
donación de iones, 38
enlaces, 35, 36f
entre moléculas de agua, 37-38, 38f
iones, 39np. *Véase también* Protones
exclusión en canales de acupurina, 150, 151f
pH e, 39
simporte y antiporte, 163

- Hidrógeno, iones (*cont.*)
 transporte a través de membranas, 122f
 por bombas de tipo V, 159
 peróxido de, 34PH
 en peroxisomas, 208
 sulfuro de, y agua, para fotosíntesis, 215
- Hidrólisis, 41f
 de ATP, 91f
 energética, 90-91
 reacciones acopladas, 92
 usos celulares, 92, 92f
- Hidrolíticas (hidrolizantes), enzimas, 307, 307c. *Véase también*
 Lisosómicas, enzimas (proteínas lisosómicas)
 trastornos lisosómicos y, 309PH-310PH
- Hidropatía, gráfica de, 133-134, 134f
- Hidrostática, presión, en plantas. *Véase* Turgencia, presión de
- Hidroxilo
 grupo, 41c
 ion, 38
 radical, 34PH
- 5-hidroxitriptamina. *Véase* Serotonina
- Hielo. *Véase* Agua
- Hierro y azufre
 centros de, 192, 193f, 226f, 227
 proteínas con, 192, 193f
 cadena de transporte de electrones, 192
 fotosistema I, 226f, 227
- Hígado
 enzimas, desintoxicación, y retículo endoplásmico liso, 284
 sistema inmunitario, 697, 701
- Hipercalcemia hipocalciúrica familiar, 623PHc
- Hiperosmótica, solución. *Véase* Hipertónica (hiperosmótica), solución
- Hiperparatiroidismo neonatal, 623PHc
- Hipertermófilas, 13-14
- Hipertiroidismo, 623PHc
- Hipertónica (hiperosmótica), solución, 149, 149f
- Hipofisarios, tumores, 623PHc
- Hipoosmótica, solución. *Véase* Hipotónica (hipoosmótica), solución
- Hipoparatiroidismo, GPCR defectuosos en, 624PH
- Hipotónica (hipoosmótica), solución, 149, 149f
- Histona
 acetiltransferasas de (HAT), 526, 527f
 complejo de modificación de, 525f
 desacetilasas de (HDAC), 528-529, 528f
 dímeros, 493, 493f, 527, 528f
 metiltransferasas de (HMTasas), 498, 499f, 528f
 tetrameros de, 493f
 variantes, 493-494, 493c, 527, 528f
 en centrómeros, 506
- Histonas, 492-494, 492f, 494-495, 496f
 acetilación, 498, 498f, 499f
 duplicación de DNA, 556
 transcripción, 526, 527f
 centrales, 492, 492f, 494-495
 duplicación del DNA, 560-561, 561
 clases, 492c
 código de, 498, 498f
 fenómenos epigenéticos y, 507
- colas, 493, 495
 modificaciones, 498-499, 498f, 526
 represión de la transcripción, 528f, 529
- contacto con DNA, 492f, 493f, 494, 527-528, 527f, 528f
- desacetilación, 528, 528f
- efectos de complejos de remodelación de cromatina, 527-528, 528f
- fosforilación, 498, 498f
- genes, repeticiones en tándem y espaciadores no transcritos, 440
- metilación, 498-499, 498f, 499f, 528f
 fenómenos epigenéticos y, 507
- modificaciones, 526
 represión de la transcripción, 528f, 529
- organización estructural, 493, 493f
- HLH. *Véase* Hélice-lazo-hélice (HLH), motif
- HMG CoA, reductasa de, 322VE, 322VEf y medicamentos contra el colesterol, 316
- HMG, motivo caja, 521-522, 521f
- HMTasa. *Véase* Histona, metiltransferasas de (HMTasas)
- hnRNA. *Véase* Heterogéneas, RNA nucleares (hnRNA)
- hnRNP. *Véase* Heterogéneas, ribonucleoproteínas nucleares (hnRNP)
- Hojas
 organización funcional, 216f
 plantas C₄, 235, 235f
 estomas, 234
- Hojas de membranas, 123, 124f
 asimetría, 138, 288, 289f
 tamaño, 127-128
- Holliday, uniones de, 608f
- Homodímeros, 60, 61f
- Homogeneización de células para fraccionamiento, 279
- Homóloga, recombinación, 773
 vía de reparación de DNA, 566
- Homólogas
 proteínas, 73-75
 geles de electroforesis, 69, 70f
 genética, 458
Saccharomyces y seres humanos, 17f
 secuencias. *Véanse también* Conservadas, secuencias; Evolución
 dominios proteínicos, 59, 59f
- Homólogos, cromosomas, 391, 391f, 392f, 500f
 complejo sinaptonémico, 603-604
 separación en la meiosis, 605
 falta de, 606PH
- Hongos, origen, 25VEf
- Hormonas
 regulación de la glucemia, 628
 señalización celular, 617
 transporte de información a través de la membrana y, 122f
- Hox*, genes, e investigación sobre la evolución, 409
- HP1. *Véase* Heterocromática, proteína 1 (HP1)
- Hpa* II, fragmentos, 759f
- HSC. *Véase* Hematopoyéticas, células madre (HSC)
- Hsp60, carabinas, 70VE
 importación de proteína del cloroplasto, 320f
- Hsp70. *Véase también* Choque térmico, proteínas
- carabinas, 68, 69f, 79VE
 importación de proteína del cloroplasto, 320f
 mitocondrial, 318, 319f, 320
- Huella genómica, 530
- Huellas, análisis, de DNA, 523
- Humana
 migración, estudio vía DNA mitocondrial, 182-183
 virus de inmunodeficiencia (VIH), 22f
 alelos *CCR5* y supervivencia en, 624PH
 cómo se multiplica, 413
 desprendimiento de partículas, 24f
 linfocitos T colaboradores y, 703
 orígenes evolutivos, 413
- Humano, genoma
 genes *RAS* y *RAF* en, 679np
 genoma
 del chimpancé y, 417
 murino y, 416
 "materia negra" 415
 número de genes, 415
 codificadores de proteína, 415
 y número de pares de bases, 415f
 proteínas, 416
 número de pares de bases, 415, 415f
 porción codificadora de proteína, 409
 qué se conserva y qué no, 416, 416np
 qué se transcribe y qué no, 464
 receptores acoplados a proteína G en, 623PH
 secuenciación, 415
 secuencias repetidas *Alu*, 414
 SNP, 418
 tamaño, pares de bases y número de genes, 415f
 variaciones, 418, 419f
 número de copias, 418
 secuencia de DNA, 418
- Humano, Proyecto Genoma del
 Cáncer, 672
- Humano, virus del papiloma (HPV), 666, 675
- Humoral, inmunidad, 697
- Huntington, enfermedad de base molecular, 406PH
 genética, 405PH-406PH
 repeticiones de trinucleótidos CAG, 405PH-406PH, 406PHf
- Huso
 fibras, 588
 astrales (microtúbulos astrales), 584-585, 585f, 588, 589f, 598f
 cromosómicas (microtúbulos del cinetocoro), 588, 589, 589f
 polares (microtúbulos interpolares), 588-589, 589f, 591f
 proteínas motoras, 595, 595f
- polos
 citocinesis, 597-598, 598f
 meiosis, 605, 605f
 mitosis, 580f, 586f, 589f
 punto de revisión del, 592-594, 593f, 594f
- Husos. *Véanse* Meióticos, husos; Mitótico, huso
- Hutchinson-Gilford, síndrome de progeria de (HGPS), 487, 487f
- I**
 I, células, enfermedad de, 309PH
 Ibritumomab tiuxetan, tratamiento del cáncer, 684

- IF. Véanse Inicio, factores de (IF, eIF); Intermedios, filamentos (IF)
- IFT. Véase Intraflagelar, transporte (IFT)
- Ig. Véase Inmunoglobulinas (Ig)
- IgE, 704
- IgG, 704
fetal, 706
- IgM, 704
- IgSF. Véase Inmunoglobulinas, superfamilia de (IgSF)
- Imágenes, procesamiento, videomicroscopia y, 733
- Imatinib, 73, 684
efectos inhibidores de proteínas, 684-685
- Importinas, 489, 490, 490f, 491
- Impulsos nerviosos, 163, 164, 166-171
conducción saltatoria, 167, 167f
propagación (conducción), 166-167, 167f. Véanse también Neurotransmisión; Neurotransmisores
- In situ, hibridación, 407, 758, 762
de colonias bacterianas, 762f
- In vitro
(definición), 3
mutagénesis, 772
- Incompleto, ligamiento, 392-393
- Independiente, distribución
ley de, 390
variabilidad genética y, 607
- Indicadoras, proteínas, 62
- Individual, partícula, seguimiento (SPT), 141-142
- Indometacina en prevención de cáncer, 666
- Inducido, ajuste, de enzima y sustrato, 100, 100f
- Inductor de operón, 511f, 512
- Inestabilidad dinámica de microtúbulos, 346-349, 348f
- Infecciones
alelos MHC y, 711, 719PH-720PH, 720VE-724VE
bacterianas
bacteriófagos como terapia, 24
inmunorreacciones innatas, 719PH
mecanismos protectores, 694-696
por priones, 65PH-66PH, 66PHf
resistentes a antibióticos, 105VE-107VE
víricas, 23-24, 23f, 24f
presentación de antígeno, 718, 719PH-720PH
- Inflamación, 696, 699, 703-704
cometido de la adhesión celular, 258PH-260PH
- Inflamatoria, enfermedad, autoinmunitaria, 718PH-719PH
- Inflamatorias, citocinas, efecto bloqueador, 720PH
- Influenza
pandemia de 1918, 23
tratamiento de interferencia de RNA, 461PH
virus, 23
salto de aves a seres humanos, 23
- Ingeniería proteínica, 72-73, 74f
- Inhibidores de acetilcolinesterasa, 103
- Iniciador (Inr) en promotores eucariotas, 445f
- Iniciadora, cadena
DNA, 548, 548f, 549f
duplicación del DNA, 549f, 559, 551f, 552f, 553f, 554
- Iniciadores para polimerasas de DNA, 548, 548f
- Iniciativa Estructura Proteínica, 59
- Inicio
codones de, 470, 470np, 471f, 472
inicio de la traducción alterna, 536
marco de lectura y, 475
complejo de, 471, 471f
factores de (IF, eIF), 470-471, 471f
eucariotas (eIF), 534, 534f
fosforilación, 534
sitio de (punto de inicio)
transcripción
en eucariotas, 445f-446f, 464
en procariotas, 445f, 436, 436f
- Injerto, rechazo de, 710
genes MHC y, 710
- Inmunitaria
base celular y molecular, 703-718, 719PH
celular, 697, 711
complejo mayor de histocompatibilidad en, 711-713
humoral y celular, 697
a largo plazo, 698f, 699
mediada por células T, 711
pasiva, 706
- Inmunitaria
autotolerancia, 703
localización, 776
memoria, en inmunidad a largo plazo, 699
reacción. Véase Inmunorreacción respuesta. Véase Inmunorreacción sinapsis, 713
tolerancia, 699-700
- Inmunitario
rechazo, células madre y, 19PH
sistema, 693-694, 694f
anticuerpos, 703-706
armas, 693-694
cáncer y, 693, 696, 704, 707f, 717
células, 693-694
zonas de oclusión de la barrera hematoencefálica y, 265
"genético", 459
humano, 694f
mecanismos, 698f
resumen, 694-697
- Inmunización, 700-701
enfermedad de Alzheimer, 67PH-68PH
pasiva, 67PH-68PH, 701
- Inmunoelctrotransferencia de fragmentos de DNA, 757, 757f
- Inmunofluorescencia, 732
directa e indirecta, 776
- Inmunoglobulina (Ig), dominios, 256, 256f
- Inmunoglobulinas (Ig), 703-704. Véase también Anticuerpos
cadenas
ligeras, 703-707, 704c
pesadas, 703-707, 704c
cadenas λ , 704, 705
cadenas κ , 704-705
reordenamientos de DNA, 708f
cambio de clase, 709
células T colaboradoras en la formación, 703f
clases, 704c
estructura, 703-706
moléculas de adhesión celular, 256-257, 256f
secuencias de aminoácidos, 705
sitios de síntesis, 284
usos, 774-776
- Inmunoglobulinas, superfamilia de (IgSF), 697, 713
inflamación, 259PH
moléculas de adhesión celular, 256f, 257, 263f
- Inmunorreacción, 693-724
adquirida (adaptativa), 694, 695, 696-697, 701-702
células T colaboradoras, 702-703
contra el propio organismo, 694, 696, 699-700, 714, 715-716, 718PH-724PH
Drosophila, 698-699
innata, 694-696, 696f
primaria, 704f
resumen, 694-697
secundaria, 699, 704f, 708
- Inmunosupresores, 720PH
- Inmunoterapia
activa, 684
cáncer, 683-684, 685
pasiva, 683-684
- Innata, inmunidad, respuestas, 694-696, 696f
- Innatos, errores, del metabolismo, 430
- Inositol, 1,4,5-trifosfato de (IP₃)
canales de calcio controlados por voltaje, 646
fosfolipasa C, 628
reacciones celulares inducidas por, 628c
receptores, como canales iónicos de calcio, 646
- Insaturados, ácidos grasos, 47, 48f
- "Instrucción", modelo de, diversidad de anticuerpos, 697-698
- Insulina, 664
células cancerosas e, 664
diabetes dependiente de (IDDM), 729PH-720PH
receptor de, sustratos (IRS), 642-644
fosforilados por tirosina, 643f
regulación
de captación de glucosa en músculo y adipocitos, 644f
de glucemia, 629
resistencia a, 645
secuencia de aminoácidos, 765
secuenciación, 55
transportadores de glucosa e, 157
- Insulina, receptores
autofosforilación, 644
cadenas α y β , 641-642
diabetes mellitus, 644-645
respuesta a unión de ligando, 643f
señalización por, 641-645
transporte de glucosa, 644
- Integrales, proteínas de membrana (proteínas integrales), 124f, 130-136, 130f, 486f. Véanse también Celular, receptores de superficie; Integrinas; Membrana, proteínas; Transmembrana, proteínas
adhesión entre células, 255
colas citoplásmicas, 250f
difusión a través de, 147f
direccionamiento, 276, 304
dominios transmembrana, 133, 134f, 145f
funciones, 130-131
integración en membranas, 287-288, 288f
movilidad, 140-142, 140f, 142f
orientación en las membranas, 288, 288f, 289f

- Integrales, proteínas de membrana (*cont.*)
 regiones hidrófobas, 124f
 y transporte al interior de la membrana del ER, 287, 288f
 relaciones espaciales internas, 134-136, 135f
 señalización transmembrana, 262-263
 síntesis en los ribosomas, 287-288, 288f
 sitio de síntesis, 284
 sitios y funciones, 143f
- Integrina
 anticuerpos, 251, 251f
 receptores de, 251c
- Integrinas, 248-251, 250f
 activación de cinasa de proteína, 250, 252, 253f
 adhesión e, 263f
 adhesiones focales e, 252, 253f
 anticuerpos contra, 251, 251f
 conformaciones, 249, 249f, 250f, 250np, 253f
 funciones, 250
 hemidesmosomas e, 254, 254f
 inflamación, 259PH-260PH, 259PHf
 ligandos para moléculas de adhesión celular, 257
 supervivencia celular, 250
 transmisión de señales e, 250, 252, 253f, 262-263
 unión a ligando, 249-250, 250-251, 250f, 251c, 252, 253f, 262
- Intensificadores en la transcripción, 525-526, 525f
- Interacciones. *Véanse* Células, interacciones; Comunicación; Uniones entre células
- Intercambiadores en transporte activo secundario, 163
- Inter celular
 comunicación. *Véase* Comunicación, entre células
 moléculas de adhesión (ICAM), 259PH, 259PHf
 señalización, tipos, 617f
- Inter celulares, mensajeros, óxido nítrico como, 652-653
- Intercinesis, 605
- Interfase
 ciclo celular, 571, 571f
 en meiosis, 600f
 cromatina en, 496
- Interferencia, microscopio de, 731
- Interferón, elementos de respuesta estimulados por (ISRE), 718
- Interferón α (IFN- α), 695f, 698f, 718
- Interferón B, 699
- Interferones (IFN), 295f, 696, 702, 702c, 718
- Interleucinas (IL), 702, 717
 activación de células T, 702
 en enfermedad autoinmunitaria, 720PH
 fuentes y funciones, 702c
- Intermedia (esporótica), meiosis, 600f, 602
- Intermedios, filamentosos (IF), 328, 329c, 357-360, 358f
 axónicos, 337f, 359
 ensamblaje y desensamblaje, 358-359, 358f
 funciones, 329f, 359-360
 hemidesmosomas, 254, 254f
 tipos, 358c, 359-360
 trastornos relacionados, 360
- Interna
 energía (ΔE), 86-87, 87f
- membrana mitocondrial. *Véase* Mitocondrias, membranas
- Internamiento, señal de, en endocitosis, 323VE
- Internet, sitios
 ATPasa de Na^+/K^+ (bomba de sodio y potasio), 158f
 cambios conformacionales en proteínas, 60
 caminata de neutrófilos, 259, 379np
 canales de acuaporina, 151f
 dinámica de acetilcolinesterasa, 60f
 mitosis, 581
 proteínas integrales de membrana, 132
 tratamientos para enfermedad de Alzheimer, 68PH
- Internos, sitio de entrada de ribosomas (IRES), 472np
- Interpolares (polares), microtúbulos (fibras del huso mitótico), 588-589
- Interpuestas, secuencias (IVS). *Véanse* Intrones; Espaciadores entre genes
- Intestinal, células del epitelio, 3-5, 4f
 absorción de glucosa, 162-163, 162f
- Intestinales, microvellosidades, 3, 4f
- Intracelulares
 mensajeros, iones calcio como, 645-649
 patógenos, respuesta innata a, 699
- Intraflagelar, transporte (IFT), 353-354, 353f
- Intrón-exón, uniones, 453, 455f
- Intrones, 411, 448-450, 458. *Véase también* DNA, secuencias, no codificadoras
 autoempalme. *Véase Splicing*
 efecto evolutivo, 458
 eliminación. *Véase Splicing*
 formación de lazos, 454, 454f
 grupo I, 454
 grupo II, 454, 454f
 y empalme de pre-mRNA, 454, 456f
 que actúan como exones, 458
 repeticiones de trinucleótidos e, 406PHf
- Inversa, transcriptasa, 687VE-688VE
 elementos genéticos transponibles, 413, 413f, 414
 resistencia a fármacos, 107PH
- Inversiones cromosómicas, 501PH, 502PHf
- Invertebrados, evolución hasta vertebrados, 409
- Invertidas, repeticiones, en DNA, 412, 413f
- Iones, 33. *Véase también* Protones
 bombas
 bacterias, 161-162
 tipo P, 159
 tipo V, 159
 comportamiento en agua, 35, 35f
 conductancia, 150, 151f
 difusión a través de membranas, 150-156
 sistemas de transporte, 157-159, 158f, 159f, 161-163, 162f. *Véase también* Iónicos, canales
- Iónico
 cromatografía de intercambio, 746-747
 producto, constante del agua, 39
- Iónicos
 canales, 150-156. *Véanse también* Voltaje, canales iónicos controlados por, y tipos específicos, p. ej., Potasio, canales iónicos
 cambios conformacionales en, 135-136, 135f, 174VE, 174VRf
- defectos, enfermedades relacionadas, 160PH-161PH, 160PHc
 desactivación, 154-156, 155f
 receptor de acetilcolina, 173VE, 174VE, 174VEf
 transmisión sináptica, 169, 169f
 vías de señalización, 617
- enlaces, 35, 36f
- gradientes. *Véase también* Concentración, gradientes
 acoplamiento al transporte activo, 162-163, 162f
 energética del cotransporte, 163
 forma de energía, 189
 mitocondrias, 189
 a través de membranas, 157
 voltaje a través de la membrana y, 164
- Ionización, 33
- Ionizante, radiación, daño del DNA por, 562, 565, 566
 puntos de verificación en ciclo celular y, 577-578, 578f
- Irritabilidad, 163
- Isoeléctrico
 enfoque, 770
 punto, 747
- Isoformas
 dismutasa de superóxido (SOD), 34PH
 proteínas, 74, 410
 y elementos genéticos transponibles, 414np
- Isómeros, 43-44, 44f. *Véase también* Estereoisómeros (enantiómeros)
- Isoprenoide, unidad, 192f
- Isotónica (isoosmótica), solución, 149, 149f
- IVS (secuencias interpuestas). *Véase* Intrones
- J**
 J, segmentos, 707, 708
 Jabones, 47, 48f
 JAK-STAT, vía, 718
 Joule, 32np
- K**
 K (temperatura absoluta), 88, 90
 K^+ . *Véase* Potasio, iones
 κ , cadenas, de inmunoglobulinas, 704-705
 transposiciones de DNA, 708f
- Kaposi, sarcoma de, 666
- Kartagener, síndrome de, 350PH
- KDEL, receptor, 302, 302f
- K_{eq} , K'_{eq} . *Véase* Equilibrio, constante de
- Kilocaloría (definición), 32np
- Klinefelter, síndrome de, 607PH
- KLP. *Véase* Cinesina, proteínas tipo (KLP)
- Krebs, ciclo de. *Véase* TCA, ciclo
- Ku, proteína, en reparación del DNA, 565f
- Kuru, 65PH
- L**
 L (levo-) y D (dextro-), isómeros, 43f, 44, 44f
- L1
 molécula de adhesión celular, 256f, 257
 secuencias de DNA repetidas, 414
 trastornos por deficiencia de, 257
- lac, operón, 512-513, 512f
- Lactasa, 44
- Lactosa, 44, 45f
- lacZ, gen, 748-749
- LAD. *Véase* Leucocitaria, deficiencia de adhesión (LAD)

- λ , cadenas, de inmunoglobulinas, 704
 secuencias de aminoácidos, 705
 Lamelipodios, 378f, 379-381, 379f, 380f, 382f, 383
 Lámina basal. *Véase* Basal, membrana
 Láminas, 487, 654
 Laminitis, 242f, 247-248, 263
 Lapso de vida, ampliación, 34PH-35PH
 Largo plazo, potenciación a (LTP), función sináptica, 170
 Láser
 barrido, microscopía confocal de, 733-734
 pruebas de motilidad, 332, 332f
 Lateral, transferencia, de genes (LGT), 28VE
 Laterales, cadenas. *Véase* R, grupos (cadenas laterales)
 "Lateralidad". *Véase* Asimetría ("lateralidad")
 LDL. *Véase* Baja densidad, lipoproteínas (LDL)
 Lecitina (fosfatidilcolina, PC), 126
 Lectinas, 263f
 Lectura del codón de terminación, 536
 "Lectura y corrección" de DNA recién sintetizado, 556, 560
 Lenguaje, trastornos, 417-418
 Lenta, contracción, fibras musculares de, 188PH-189PH, 188PHf
 Lente objetivo del microscopio, 728-729, 728f
 Lentes, sistemas de
 electromagnéticas, 735-736
 microscopios electrónicos y ópticos, 735f
 Lento, crecimiento (menos), extremo del microtúbulo. *Véase* Extremo menos (de crecimiento lento)
 Leptoteno, 602, 602f
 Leucemias
 desarrollo, 667
 incidencia, 663f
 perfil de expresión génica, 668, 669f, 670, 670f
 protooncogenes y, 679c
 rapidez de división celular, 667
 transposiciones cromosómicas, 502PH
 virus de la leucemia murina de Friend, 687VEf
 Leucina, estructura de cremallera de (LZ), 521
 cáncer y, 521
 Leucocitaria, deficiencia de adhesión (LAD), 259PH-260PH
 Leucocitos, en inflamación, 259PH-260PH, 259PHf
 Levadura
 células de
 fermentación, 113, 113f
 mutantes sensibles a temperatura (ts), 546, 574
 uso en investigación, 281
 cromosomas artificiales de (YAC), 768
 sistema de dos híbridos de (Y2H), ensayo, 62-63, 748-749, 749f
 Ley de todo o nada del funcionamiento nervioso, 166
 LGT. *Véase* Lateral, transferencia, de genes (LGT)
 LHCI, LHCII. *Véase* Cosecha de luz, complejos
 Liberación, factores (RF, eRF), en terminación de traducción, 475
 Libre, energía, 88-93
 cambio de (ΔG), 88-93, 89c
 cuando solutos cruzan membranas, 147-148
 estándar (ΔG°), 90, 90c
 ΔG y ΔG° , 90, 91, 109
 ΔG° y ΔG° , 90np
 glucólisis, 109, 110f
 reacciones bioquímicas, 89-91
 reacciones metabólicas, 109-110, 110f
 relación entre reactivos y productos, 90
 fuerza protomotriz, 198
 liberación en la transferencia de electrones, 193f, 194
 Li-Fraumeni, síndrome de, 672c
 Ligaduras. *Véase también* Enlace(s)
 almidones, 45, 46f
 cadenas de RNA y DNA, 75-76, 75f, 76
 en celulosa, 45-46, 46f
 entre
 azúcares, 44-45, 45f, 46f
 grupos funcionales, 40
 genes, 391-392
 incompletas, 392-393
 Ligamiento, grupos de, 391-392
 Ligando, canales controlados por, 152, 619
 Ligandos. *Véase también* Primeros mensajeros
 en endocitosis, 311, 313f, 314-315, 315f
 estímulos externos, 122
 portadores de mensajes, 314
 respuesta
 de cAMP a, 631-632
 de receptor de insulina a, 643f
 tipos, 311
 unión a
 integrinas, 249, 250-251, 250f, 251c
 selectinas, 256f
 Ligeras, cadenas, de inmunoglobulinas, 703-707, 704c
 Lignina de la pared celular vegetal, 271
 Linaza, aceite de, 48f
 LINE (elementos dispersos largos), 408
 secuencias L1, 414
 Lineweaver-Burk, gráfica de, 103, 103f
 Linfáticos
 ganglios, 694f
 vasos, 694f
 Linfocito B-antígeno, complejo receptor de, activación, 717
 Linfocitos
 activación
 señales de superficie celular en, 716-717, 716f
 transducción de señales en, 717-718
 en inmunidad, 697
 Linfomas, 666, 671f, 672c, 679c, 680, 682-684
 gen *BCL-2* en, 680-681
 incidencia, 663f
 Lipídica, envoltura, de virus, 22, 22f
 Lipídicas
 "balsas", 124f, 138-139, 139f
 bicapas, 120f
 criofractura, 131, 131f
 efectos en la temperatura, 136-137, 137f
 fluidez, 120f
 factores que influyen, 136-137
 fusión, 305
 membranas, 123-124, 123f, 124f, 145f
 incorporación de proteínas, 287, 288f, 289f
 movimiento de sustancias a través de, 147f, 148
 naturaleza e importancia, 127-129
 segundos mensajeros y, 627f
 Lípido
 cinasas de, actividades, 626
 enzimas desfosforiladoras de, 625
 proteínas de membrana ancladas a, 130, 130f, 136
 Lípidos, 47-49. *Véanse también* Grasas; Fosfolípidos
 enzimas que desdoblan (lipasas), 625
 membranas. *Véase* Lipídicas, bicapas
 Lipofección, 770
 Lipofuscina, gránulos, 308, 308f
 Lipoproteínas, 315-317, 316f
 y enfermedad de Alzheimer, 420PH
 Liposomas, 128-129, 128f
 estudio de
 formación de vesículas, 281, 281f
 fusión de vesículas, 305
 Líquido
 centelleo, espectrometría de, 742
 columna de, cromatografía en, 746-749
 Liso, retículo endoplásmico (SER), 282, 282f, 284, 284f
 células eucariotas, 8f, 10f
 retículo endoplásmico rugoso y, 283
 Lisosomas, 8f, 10f, 276f, 307-308, 308f
 captación de enzimas lisosómicas, 303f
 funcionamiento defectuoso, 309PH-310PH
 origen, 26VE
 transporte vesicular, 300f
 Lisosómicas, enzimas (proteínas lisosómicas), 307, 307c
 adición de señales de reconocimiento, 302
 clasificación y transporte, 302-304, 303f
 direccionamiento a los lisosomas, 303f
 fosforilación en aparato de Golgi, 302, 303f
 retículo endoplásmico a los lisosomas, 303f
 síntesis en los ribosomas, 286-287, 286f
 transporte desde la TGN, 303, 303f, 304, 315f
 trastornos lisosómicos, 309PH
 vía endocítica, 315f
 Lisosómico, almacenamiento, trastornos, 309PH-310PH, 309PHf
LMNA, genes, mutaciones en, 487
 Localización
 de mRNA, 532-533
 secuencias de, 533
 Loci de genes en un cromosoma, 394
 movimientos, 508f
 Locomoción. *Véase también* Móviles, células celular, 1f, 330, 330f, 378-381, 378f, 380f
 cililar y flagelar
 función de la dineína, 354-355, 355f
 mecanismo, 355-356, 356f
 teoría de los microtúbulos deslizantes, 356, 356f
 cinesinas, 338, 339f
 motilidad de membrana, 128f
 Longevidad
 concentración de colesterol y, 316-317
 incremento, 34PH-35PH
 Lou Gehrig, enfermedad de (esclerosis lateral amiotrófica, ALS), enfermedad de Parkinson, 359

- LTP. *Véase* Largo plazo, potenciación a (LTP)
- Luminal, espacio (cisternal). *Véase en* Endoplásmico, retículo (ER)
- Lumínica, energía. *Véase* Fotones
uso en transporte activo, 161-162, 162f
- Lumínica, reacción, en fotosíntesis, 228
- Luteinizante, hormona (LH), 631c
- Luz, absorción de, en fotosíntesis, 219-221, 222-223
por pigmento antena, 224f, 226, 226f
por unidad fotosintética, 221, 221f
- Luz solar. *Véase también* Ultravioleta, radiación
daño por, 34PH
fuente de energía, 5
- Lyon, hipótesis de, 497
- M**
- M (mitótica), fase del ciclo celular. *Véase* Mitosis
- Macrófagos, 317
inmunorreacción, 698f
trastornos de almacenamiento lisosómico, 310PH
- Macromoleculares, complejos, 31f, 77-78
- Macromoléculas, 41-42
endocitosis mediada por receptor, 311
"extrañas" y propias, 693-694. *Véase también* "Ajeno"
precursoras, 42
- Macular, degeneración, 420PH, 462PH
- Mad2, proteína de punto de verificación, y alineamiento cromosómico, 592-593, 593f
- Maduración
modelo de, movimiento de Golgi, 296, 297-298, 297f
oocitos, 604, 609VE, 609VEf
- Maduración-factor promotor (MPF), 573-574, 609VE-612VE. *Véase también* Ciclina-Cdk, complejos
ciclo celular y, 574f, 610VE, 610VEf
concentraciones de cinasa cíclica, 573, 574f
diacinesis, 604
maduración de los oocitos y, 609VE, 609VEf
relación con
ciclina, 611VE, 612VE
cinasa cdc2, 574, 612VE
- Maíz, secuencias de DNA transpuestas, 412, 412f
- Mal de garganta, patógenos, 719PH
- Mal plegadas, proteínas. *Véase* Proteínas, plegamiento
- Malato, deshidrogenasa de, 73-74, 75f
- Malato-aspartato, lanzadera de, 187
- Maligna, transformación
familias de proteínas G, 622
genes supresores tumorales y, 672-679
oncogenes, 679-682
- Malignas, líneas de células tumorales, 689VE
- Malignidad. *Véanse también* Cáncer; Tumores aberraciones cromosómicas, 501PH-503PH
telómeros y, 505
- Maligno, melanoma. *Véase* Melanoma
- Mamarias, células de glándulas, diferenciación, 262-263
- Mamario, cáncer
cariotipo, 665f
detección temprana, 686
factores de riesgo, 666
genes relacionados, 665f, 672c
incidencia, 663f
inmunoterapia, 683-684
perfil de expresión génica, 668-670
proteínas BRCA1/BRCA2 en, 678
protooncogenes y, 679c
selección del tratamiento, 670
uso de datos de micromatrices de DNA, 670, 670f
- Mamíferos, embriones de, transferencia de DNA, 770-772
- Mamografía, 686
- Mancha adherente. *Véase* Desmosomas (manchas adherentes)
- Manganeso (Mn), iones, en fotosíntesis, 224f, 225
- Manosa, 6-fosfato de
receptores (MPR), 302, 303f, 304
trastornos lisosómicos, 309PH
- MAP, cinasa de, 641
cascada de, 640, 540f
oncogenes y, 680
pasos, 740f
plantas, 645
- MAP. *Véase* Microtúbulos, proteínas relacionadas (MAP)
- Mapeo. *Véase también* Secuenciación
deleción, 522f, 523
genes en los cromosomas, 394
haplotipos, 421PH
restricción, 759-760, 759f
- Marañas neurofibrilares, 335
- Marcadores, cromosomas, 506
- Marcas/etiquetas fluorescentes
estudios de transporte de proteínas, 277-279, 279f
seguimiento de virus, 23, 23f
- Marco de lectura, 470, 475
cambio, traduccional, 536
control de la expresión génica y, 536
equivocado, mutaciones, 475
mutaciones por corrimiento, 475
traduccional, corrimiento, 536
- Masa
cultivo en, 744
espectrometría de, 751-752
fragmentación en, 752np
identificación de proteína, 69-71, 70f
espectrómetro de, 751f
ley de acción de, 89
- Mascarina, proteína, 534f
- Matriz
ionización de desabsorción láser asistida por (MALDI), 751
metaloproteinasas de (MMP), y cáncer, 260PH
mitocondrial. *Véase* Mitocondrias
- McCune-Albright, síndrome de, 623PHc
- Mcm, proteínas, 557-558, 558f, 559f
- MDM2, proteína, 676
- Mecánica, actividad, como propiedad de la célula, 6
- Mecánicamente, canales controlados, 152
- Mediador, coactivador, 525f, 526
- Medicamentos. *Véase también* medicamentos específicos
abrir zonas de oclusión en la barrera hematoencefálica, 266
adelgazar
bloqueadores canabinoides, 170
desacopladores de oxidación y fosforilación, 198, 199
antiinflamatorios no esteroideos (NSAID), 666
basados en estructura proteínica, 73, 74f
cáncer
daño del DNA por, 577-578
y ciclo celular, 565
inhibidores
desacetilasa de histona, 529
huso mitótico, 345
metaloproteinasas de la matriz (MMP), 260PH
topoisomerasa II, 402
preventivos, 666
pronóstico de cáncer y, 670
resistencia a, 686
tratamiento de interferencia de RNA, 461PH-462PH
desarrollo de fármacos, 74f
ensayos clínicos, 74f
fases I, II, III, 67PH-68PH
ensayos preclínicos, 74f
direccionamiento de proteínas, 71, 73, 74f
distrofia muscular, tratamiento con codones sin sentido, 576
efectos en las sinapsis, 170
enfermedades autoinmunitarias, 719PH-720PH
enzimas citocromo P450 y, 284
fibrosis quística, tratamiento con codones sin sentido, 476
genes citocromo P450 y, 420PH-421PH
infecciones. *Véase* Antibióticos
inhibidores
enzimáticos competitivos, 104
de selectina antiinflamatorios, 259PH
personalizados a través del perfil genético, 420PH-421PH
prevenir ataques cardíacos o apoplejía
agentes antiintegrina, 251, 251f
estatinas reductoras de colesterol, 316
inhibidores de proteína de transferencia de colesterol-éster (CETP), 317
reducir el colesterol sanguíneo, agentes de interferencia de RNA, 462PH
suministro por liposomas, 128-129, 128f
trastornos lisosómicos
sangre del cordón umbilical, 310PH
tratamiento de remplazo enzimático, 310PH
xeroderma pigmentoso, enzimas de reparación de DNA, 566PH
- Médico, diagnóstico
proteómica sérica, 71
pruebas de detección
cáncer, 71-72
micromatrices de proteínas, 71-72
- Médicos, tratamientos. *Véanse también* Génica, terapia; Medicamentos
bacteriófagos para infecciones, 24
inmunoterapia para cáncer, 683-684
interferencia de RNA, 461PH-462PH
nanomáquinas en cáncer, 332
sistemas de suministro de DNA, 161PH
trasplantes de células madre para enfermedad autoinmunitaria, 720PH
trasplantes de médula ósea, 18PH
ataque cardíaco, 10PH-19PH
tratamiento de remplazo celular, 18PH-20PH
tratamientos dirigidos en cáncer, 683

- Médula ósea, 694f
 diferenciación de células madre hematopoyéticas en, 697f
 sistema inmunitario, 693, 694f, 697, 697f, 715, 718PH
 trasplantes, 18PH-19PH
- Meiosis, 599-609
 cuándo ocurre, 600f, 601f
 destino de las cromátidas, 600-601
 detención, 605-606
 entrecruzamiento durante, 393, 393f
 desigual, 410, 410f
 errores durante, 501PH-503PH, 606PH-607PH, 606PHf
 etapas, 600f, 602-606
 inicial (cigótica), 66f, 602
 mitosis y, 570
 número cromosómico y, 391, 391f
 terminación tardía en mujeres, 601, 602
 y no disyunción meiótica, 607PH
- Meiótica, no disyunción, 606PH-607PH, 606PHf
- Meióticos, husos, 604, 607PH
- Melanoma, 567PH, 663f, 672c, 679c
 genes supresores tumorales en, 672c
 incidencia, 663f
 protooncogenes y, 679c
- Melanosomas (gránulos pigmentarios), 366, 366f
- Membrana
 dominios, y polaridad celular, 143-144
 lípidos, 124f, 125-129, 126f, 127c.
Véanse también Lipídicas, bicapas y tipos específicos, p. ej., Fosfolípidos
 asimetría, 138, 138f
 estructura química, 126f
 fluidez de membrana y, 136-139
 modificaciones, 289-290, 289f
 movilidad, 139-140, 140f
 restricciones, 143, 143f
 proporción con proteínas, 125
 síntesis, 288-290
 transferencia entre membranas, 289f, 290
 vesículas, 299np
- potenciales, 165, 166f
 canales iónicos controlados y, 154
 en equilibrio, 166
 impulsos nerviosos y, 163-167
- proteínas, 124f, 130-136. *Véanse también*
 Integrales, proteínas de membrana (proteínas integrales);
 Periféricas, proteínas de membrana (proteínas periféricas);
 Transmembrana, proteínas
 ancladas a
 GPI, 130f
 lípido, 130, 130f, 136
 clases, 130, 130f
 como canales iónicos, 152
 criomicroscopía electrónica, 753
 de organelos, 130, 318-321
 orientación, 133, 133f, 134, 134f, 288, 288f, 269f
 proporción con lípidos, 125
 receptores. *Véase también* Celular, receptores de superficie
 neurotransmisores, 169, 169f
 transducción de señales, 122, 617-618, 617f, 619-624
 sistemas, origen, 26VE
- tráfico, 274-327. *Véanse también* Proteínas, transporte; Vesicular, transporte
 aparato de Golgi al retículo endoplásmico, 300f, 302-302
 estudio mediante sistemas acelulares, 281
 retículo endoplásmico al aparato de Golgi, 293f, 300f, 302f
 a través del aparato de Golgi, 296
- Membranas. *Véanse también* Difusión, a través de membranas;
 Endomembranosos, sistemas, Lipídicas, bicapas; Transporte, a través de, membranas; y
membranas específicas, p. ej., Plasmática, membrana
 bacterianas y mitocondriales, 182, 182f
 carbohidratos, 124f, 129
 celulares, flujo a través de, 288, 289f
 células eucarióticas y procarióticas, 11
 cianobacterias, 14f
 y cloroplastos, 14
 citoplásmicas, 11, 274-327
 composición química, 124f, 125-130
 despolarización, 154
 estructura de tres capas (trilaminar), 120-121, 121f
 fluidez, 136-139
 importancia, 137
 mantenimiento, 138
 formación de vesículas. *Véase* Vesículas, formación
 funciones, 121-122, 122f, 147
 hojas, 123
 "lateralidad" (asimetría), 130, 133, 133f, 138, 138f, 288, 289f
 lípidos. *Véanse* Membrana, lípidos; Fosfolípidos
 naturaleza dinámica, 125, 139-146
 permeabilidad, 148-149, 148f
 semipermeables, 149
 síntesis, 288-290
 modificaciones, 289f
 vesícula y blanco, fusión, 305-306, 306f
- Memoria
 células de, 698f, 699-701, 702
 en inmunización, 700-701
 inmunitaria, 697, 699
- Mendel, leyes de genética de, 390
 base física, 391, 607
- Mensajeros RNA (mRNA), 431, 431f. *Véase también* RNA
 activación traduccional, 534, 534f
 capuchón 5' de metilguanosa, 447, 447f, 451-452, 452f, 472
 degradación, 535, 536f
 cola 3'-poli(A), 447, 447f, 452, 452f, 535-536
 complementario, 431
 control de la estabilidad, 535-536
 degradación, 535, 536f
 descubrimiento, 431
 destrucción por interferencia de RNA, 459, 459f, 460f, 461
 usos médicos, 461PH-462PH
 edición, 536
 elongación del polipéptido naciente, 473-475, 474f, 475
 ensamblaje. *Véase* Transcripción
 errores en la síntesis, 554
 estructura, 447, 447f
 exportación desde el núcleo, 491, 491f
- inicio de la síntesis de proteínas, 470-472, 471f, 472np
 interacción con tRNA, 468-469, 469f
 intrones y, 449f
 localización citoplásmica, 532-533
 marco de lectura, 536
 moléculas precursoras. *Véase* Pre-mRNA
 mutaciones y, 475-476
 portadores de información, 431, 431f
 procesamiento, 450-457, 453f, 531-532.
Véase también Splicing
 coordinación con la transcripción, 457f
 intermediarios que se forman, 455f, 457f
 puntos, 508, 508f
 regiones no traducidas (no codificadoras) (UTR), 447, 447f
 control de la traducción, 532, 533, 534, 534f
 estabilidad del mRNA, 536
 repeticiones de trinucleótidos, 406PHf
 regulación de la traducción, 532-537
 ribointerruptores en bacterias, 513
 síntesis y procesamiento, 444-459
 traducción, 470-478, 471f, 473f, 474f
 control, 533-535, 535f
 traducción simultánea, 477
 transcripción, 445-447, 477, 477f
 complejo preinicio, ensamblaje, 445f, 446f
 vigilancia, 475-478
- Mensajeros en señalización celular, 617-618, 617f
- Metabólicas
 reacciones. *Véase también* Bioquímicas, reacciones
 acopladas, 91-93
 cambios de energía libre en, 90-91
 interrelación, 91, 233, 234f
 velocidad. *Véase* Reacción, velocidad de vías, 42, 107, 108f
- Metabolismo, 107-117, 108f. *Véase también*
 Metabólicas, reacciones
 anaerobio y aerobio, 188PH-189PH
 carbohidratos, resumen, 183f
 estado estable, 93
 y en equilibrio, 93, 93f
 "errores innatos", 430
 fotosintético, 217-219
 inhibición por retroalimentación, 115, 115f
 oxidativo, 183-188
 y radicales libres, 34PH
 procariotas, 13
 propiedad de la célula, 6
 regulación, 114-117
- Metabolitos (intermediarios metabólicos), 42, 107
- Metafase, placa, 588, 588f
 formación, 587f
 meiosis, 605
- Metafase (mitótica), 571f, 580f, 588-589
 fuerzas necesarias para los movimientos durante, 595, 595f
 punto de verificación, 592-594
- Metafase I (meiótica), 600f, 602f, 605, 605f
 Metafase II (meiótica), 600f, 605-606, 605f
 Metafase y anafase, transición entre, 590, 590f
 punto de verificación del huso mitótico, 592-594
- Metanógenos, 13
- Metastásicas, células, propiedades, 260PH

- Metástasis, 260PH, 662, 670, 672, 677-678, 678f, 679, 682-683, 686
 cometido de las moléculas de adhesión celular, 260PH
- N*-metil-D-aspartato (NMDA), receptor de, 170
- Metilación
 DNA, 529-530, 529f
 y reparación de disconformidades, 564-565
 histonas, 498-499, 498f, 499f
 pre-rRNA, 440
 cometido de snoRNA, 442, 443f
- Metilguanósina, capuchón de mRNA, 447, 447f, 351-452, 472
 degradación, 535, 536f
 pre-mRNA, 452f
- Metilo, grupo, 41c
- Metionil-tRNA, 471, 471f
- Metionina, y codón de inicio, 471
- MHC. *Véase* Complejo mayor de histocompatibilidad (MHC)
- Micelas, 47
 de jabón, 48f
- Michaelis, constante de (K_M), 102-103, 102f, 103f
- Michaelis-Menten
 ecuación de, 103
 relación de, 101, 102f
- Micoplasma, 680
- Microbios. *Véanse también* Bacterias; Procariotas
 en ser humano, 15
- Microcuerpos. *Véase* Peroxisomas (microcuerpos)
- Microfilamentos, 328, 360-368. *Véase también* Actina, filamentos
 células animales, 8f
 efectos de la rotura, 362-363
 ensamblaje y desensamblaje, 361-363
 equilibrio entre, 362
 funciones, 329f
 motilidad, 360
 terminología, 360
 transporte vesicular, 366, 366f
- Microordenamientos
 DNA (biochips de DNA), 515-518, 516f-517f
 análisis de localización a nivel de todo el genoma, 523f, 524
 determinación del tratamiento del cáncer, 670, 670f
 determinar el perfil de expresión génica, 668
 proteínas (chips de proteína), 71
- Microorganismos. *Véanse* Bacterias; Microbios
- Micropipeta, técnica, 151f
- MicroRNA (miRNA), 460f, 464-463, 463f
 cáncer y, 682
 control de la traducción y, 535, 536
 función en el desarrollo, 462-463
- Microsatélites
 DNA, 404
 variación de secuencias, 681-682
- Microscopia, 728-742. *Véase también técnicas específicas, p. ej.*, Fluorescencia, microscopia
- Microscopio electrónico de barrido (SEM), 3, 734
- Microscopios. *Véase también instrumentos específicos, p. ej.*, Ópticos, microscopios
- lente objetivo, 728
 primeros modelos, 2, 2f
- Microsomas, 279. *Véase también* Vesículas, membranosas
 aislamiento para estudio, 279-280, 280f
- Microtubulares
 despolimerasas, 584f
 motores (motores relacionados con microtúbulos). *Véase también* Moleculares, motores
 cinesinas como, 338-340, 341-342, 341f
 dineínas como, 340-342, 341f
 dirigidos al extremo más, 338
 y dirigidas al extremo menos, 339
 mitosis, 586, 595, 595f
- Microtúbulos, 180f, 328, 328f, 333-356. *Véase también* Huso, fibras
 axonemas, 351, 352f, 353f
 deslizantes, 355-356, 356f
 cambios durante el ciclo celular, 345-346, 345f
- células
 eucariotas, 8f, 12, 12f
 vegetales, 345-346, 346f
- centros organizadores (MTOC), 342-345, 343f, 584
 comportamiento dinámico, 331f, 345-349, 345f, 347f, 348f
 dímeros de tubulina y, 347-348, 347f
 estudios, 346-348, 348-349
 mitosis, 586-587, 587-588, 587f, 589, 589f, 591, 591f
- corticales, 334f, 336
 cromosómicos (microtúbulos del cinetocoro; fibras del huso cromosómico), 589f
 cuerpos basales, 353f
 desensamblaje y reensamblaje, 346
 estudios in vitro, 346-348
 despolimerización y movimiento cromosómico, 591-592, 592f, 593f, 595f
- elongación, 343
 ensamblaje, 343-344, 342f, 343f
 in vitro, 346-347, 347f
 ensayos de motilidad, 332, 332f
 estructura y composición, 333-334, 334f
 extremos más, 334, 343
 y comportamiento dinámico, 347, 347f, 348, 348f
- extremos menos, 334, 343
 en nucleación, 344f, 345
 flujo, 587f, 589, 589f, 591, 593f
 formación del tubo neural, 383, 384f
 función de los centrosomas, 342-344, 343f
 funciones, 329f, 335-338
 mitosis, 580f
 australes (fibras del huso astral), 589f
 formación de
 áster, 584, 585f
 huso, 584, 585f
 placa de metafase, 587f
 metafase, 588-589
 polares (microtúbulos interpolares; fibras del huso polar), 589f
 prometafase, 586-587, 586f, 587f
 separación del centrosoma y, 585
 subunidades de tubulina, 591
- movilidad intracelular y, 336-338
 función de cinesinas, 338-340, 339f, 341-342, 341f
 función de dineína citoplásmica, 340-342, 341f
- nucleación, 342, 343, 343f, 344-345, 344f, 345-346, 346f
- polaridad, 334, 338, 343
 cómo se establece, 344f, 345
- propiedades, 329c
- proteínas relacionadas (MAP), 334-335, 335f, 584
- protofilamentos, 333-334, 334f
- sentido, 338, 339
- soporte estructural, 335-336, 335f, 336f
- +TIP (proteínas de unión al extremo más de microtúbulos; proteínas de seguimiento del extremo más), 348
- transporte, 330f, 336, 337f, 340, 341f, 366, 366f
 túbulos A y B, 351, 352f
- Microvellosidades intestinales, 3, 4f
- Mielina, vaina de, 125f, 164, 164f, 167, 167f
- Minisatélites, DNA, 404
- Mioblastos, 368
- Miocárdico, infarto. *Véase* Ataques cardíacos
- Miofibrillas, 369, 373-374, 373f
- Mioglobina, 58, 58f
- crystalografía de rayos X resuelta en tiempo, 102f
 evolución, 411
- Miosina, puentes cruzados, 369f, 370f
- Miosina I, 365, 376f
- Miosina II (miosina convencional), 363-365. *Véase* Gruesos, filamentos
 citocinesis, 596, 597f
 cómo funciona, 371-373
 contracción muscular, 371-372, 372f
 energética, 372-373
 dominio de cola, 364f, 365
 dominios de cabeza y cuello, 364, 364f, 371-372
 estructura, 364, 364f
 filamentos, 365, 365f
 bipolaridad, 365, 365f
 fragmento S1, 364f, 371-372, 372f
 funciones, 363, 363f
 interacción con actina, 364, 364f, 371, 374, 374f, 381
 locomoción celular, 381
- Miosina V. *Véase* Miosinas, no convencionales
- Miosinas, 363-368
 convencionales. *Véase* Miosina II (miosina convencional)
 decoración de actina, 377f
 dominio de cabeza (motor), 364, 364f, 371-372. *Véase también* Miosina, puentes cruzados
 estructura, 363
 locomoción celular, 381, 382f
 músculo. *Véase* Miosina II (miosina convencional)
 no convencionales, 363, 365-368, 365f, 366f
 y estereocilios del oído interno, 366-368, 367f
 sarcómera, 370-371, 371f
 tipos, 363
- Miotónica, distrofia, 406PHf
- miRNA. *Véase* MicroRNA (miRNA)
- Mitocondrial, DNA (mtDNA), 181f, 182-183
 mutaciones, 209PH-210PH, 210PHf
- Mitocondriales, carabinas, 70VE
- Mitocondrias, 4f, 5, 8f, 10f, 180-213, 180f, 181f

- almacenamiento y uso de energía, 189
 anomalías, 208PH-210PH, 209PHf, 210PHf
 apoptosis, 655-657
 autofagia, 307-308, 308f
 células diferenciadas, 16
 ciclo del TCA, 186-187
 cloroplastos y, 216-217, 218
 desaparición durante la evolución, 26VEnp
 estructura y función, 180-183
 fibras musculares, 188PH
 formación de ATP, 189-198
 fotorrespiración, 233, 234f
 frecuencia respiratoria, 206
 fuerza protomotriz y, 198, 199, 206
 lípidos de membrana, transferencia desde el retículo endoplásmico, 290
 matriz, 181f, 182-183, 318, 319f
 membranas, 181-182
 bacterianas y, 182f
 espacio intermembranoso, 182
 externa (OMM), 181, 181f, 182, 318, 319f
 internas (IMM), 181, 181f, 182, 318-320, 319f
 permeabilidad, 182
 músculo cardíaco, 189PH
 orígenes endosimbiontes, 25VE-26VE, 25VEf, 28VE
 proteínas
 captación, 318-320, 319f
 sitios de síntesis, 318
 respiración aerobia, 207f
 transporte
 electrones, 187, 187f, 194-198, 195f
 mediado por cinesina, 340, 340f
 protones, 187-188, 187f, 195f
 Mitógeno, cinasa de proteína activada por. *Véase* MAP, cinasa de
 Mitosis, 12, 12f, 571, 571f, 579-599, 580f. *Véanse también* Celular, división; Cromosomas, mitosis; y *etapas específicas, p. ej.*, Anafase
 destino de cromátides, y meiosis, 600-601
 duración, 571, 572
 etapas, 580f, 581
 fuerzas requeridas, 595, 595f
 meiosis y, 570
 resumen, 580f
 terminología, 579
 transición a G₁, 590, 590f
 Mitótica, ciclina, cinasas dependientes de, 574, 576f
 Mitóticas, ciclinas, 574-575, 575f, 576-577, 576f
 Mitótico, huso, 12, 12f, 570f, 580f, 584, 586f, 588f
 anafase, 591f
 ásteres, 584, 585f
 citocinesis, 596-598, 596f, 597f, 598f
 citoesqueleto, 349
 flujo de tubulina y, 589, 589f
 formación, 584-586, 585f, 586f
 fuerzas requeridas, 595, 595f
 metafase, 588
 microtúbulos, 345f, 346, 349
 polos, 586f, 589f, 597-598, 598f
 quimioterapia del cáncer y, 345
 MMP. *Véase* Matriz, metaloproteinasas de (MMP)
 Mol (definición), 32np
 Molecular
 biología, técnicas, 727-776
 dinámica, simulaciones por computadora, 60, 60f, 151f
 evolución, 25VE-28VE
 Moleculares
 estructuras, representaciones
 modelo de barras y esferas, 40f, 43f
 modelo de cinta, 57f
 modelo de espacio lleno, 38f
 numeración de carbonos, 57f
 motores, 205, 338. *Véanse también* Microtubulares, motores (motores relacionados con microtúbulos); Motoras, proteínas; y *tipos específicos, p. ej.*, Dineínas
 filamentos de actina, 363-368
 mitosis, 595, 595f
 observación por videomicroscopía, 332, 332f
 polimerasa de RNA, 433
 “Moleculares, máquinas”, 62
 Monocatenario, DNA, proteínas de unión a (proteínas de unión a una sola cadena, SSB), 550, 551, 551f, 552f
 Monoclonales, anticuerpos, 774-775
 cómo están hechos, 775-776, 775f
 usos terapéuticos, 776
 cáncer, 683-684
 Monoinsaturados, ácidos grasos, 126
 Monómeros
 en macromoléculas, 41f
 proteínas
 polimerizantes de, 375f, 376
 secuestradoras de, 375f, 376
 Monomoleculares, ensayos
 estudios del citoesqueleto, 332, 338, 355f, 364f, 365f
 transcripción, 433, 435f
 Monosacáridos, 42
 Monosomías, 606PH-607PH
 Morfogénesis. *Véase* Embrionario, desarrollo
 Mosaico fluido, modelo, para estructura de la membrana, 124-125, 124f
 Mosaicos genéticos, 497, 497f
 Motilidad
 células, 360, 380f. *Véase también* Locomoción, celular
 no musculares, 374-383, 384f
 citoesqueleto y, 328-387
 componentes celulares, 360
 ensayos sobre, estudios del citoesqueleto, 332, 332f
 función de filamentos de actina, 362
 impulsada por polimerización de actina, 377-378, 377f, 379
 intracelular, función de microtúbulos, 336-338
 no procesiva, 371
 procesiva, 338, 365-366, 365f
 relacionada con microfilamentos, 360
 teoría de microtúbulos deslizantes, 356f
 Motivos
 caja HMG, 521-522, 521f
 cremallera de leucina (LZ), 521
 dedo de cinc, 519, 520f
 hélice-lazo-hélice (HLH), 519-521, 520f
 Motoras
 neuronas, 373, 373f
 proteínas, 6, 329f. *Véanse también* Moleculares, motores; Miosina
 cambios conformacionales, 338
 cinetocoros y, 584f
 dirigidas al extremo más, 338
 y al extremo menos, 339
 ensayos de motilidad, 332, 332f
 mitosis, 570f, 586, 586f, 595, 595f
 movimiento
 cromosómico y, 587, 587f
 a lo largo de los microtúbulos, 336, 337f
 polaridad y, 338
 resumen, 338
 transporte
 axónico, 336, 337f
 intraflagelar, 353f
 uso en investigación, 332-333, 333f
 Motores. *Véanse también* Microtubulares, motores (motores relacionados con microtúbulos); Moleculares, motores; Motoras, proteínas
 Móviles
 células, 378-381, 378f, 379f, 380f. *Véanse también* Celular, locomoción; Lamelipodios
 citoesqueleto, 330, 330f
 pasos en el movimiento, 378, 378f, 380f
 elementos genéticos, 411-414
 cometido en la evolución, 413-414
 Movilidad
 cromosomas, 588f
 lípidos de membrana, 139-140, 140f, 143, 143f
 proteínas de membrana, 140-142, 140f, 142f
 Movimiento. *Véanse* Locomoción; Celular, locomoción; Motilidad; Movilidad; Transporte
 proteínas de, plantas, 268, 269f
 MPF. *Véase* Maduración-factor promotor (MPF)
 MPR. *Véase* Manosa, 6-fosfato de, receptores (MPR)
 mRNA *bicoide*, 533, 533f
 mRNA. *Véase* Mensajero RNA (mRNA)
 MtDNA. *Véase* Mitocondrial, DNA (mtDNA)
 MTOC. *Véase* Microtúbulos, centros organizadores (MTOC)
 Muerte
 celular 3, 293, 505. *Véase también* Apoptosis
 rigor mortis, participación de puentes cruzados de la sarcómera, 373
 Multigénicas, familias, 408, 410-411, 411f
 Multiproteínicos, complejos, 61, 61f
 Multisubunitarios, complejos, determinación de estructura, 752-753
 “Mundo de DNA, RNA y proteína”, 458
 Muscarínicos, receptores de acetilcolina, 172VEnp
 Muscular
 distrofia, 146, 476, 487
 miosina. *Véase* Miosina II (miosina convencional)
 tejido
 anomalías mitocondriales, 209PH
 trastornos relacionados con la desmina, 360
 Musculares
 células
 fermentación, 113, 113f
 función de la desmina, 360
 regulación de captación de glucosa, 644f

- Musculares (*cont.*)
 contracciones, 368-374
 acoplamiento de excitación y contracción, 373-374
 base molecular, 369f, 371-372, 372f
 cambios conformacionales de miosina y, 60
 energética, 373-373
 fuentes de energía, 188PH-189PH
 función de la tropomiosina, 374, 374f
 modelo de filamentos deslizantes, 369-374, 370f
 retículo endoplásmico liso y, 284
 fibras, 368, 368f, 373f
- Músculo liso y uniones comunicantes, 267
- Músculos estriados, 369
- Mutaciones, 392
 acontecimientos sucesivos, 673
 activación de protooncogenes, 671f, 672
 cambios de nucleótidos no sinónimos, 487
 cáncer, 667-668, 674-679
 código genético, 465, 466
 codones de terminación, 475-476
 corrimiento del marco de lectura, 475
 daño del DNA, 562, 566PH-567PH
 divergencia génica, 411, 411f
 DNA de anticuerpo transpuesto, 698-699, 706-709
 dominantes negativas, 333, 333f
Drosophila melanogaster, 392f
 duplicaciones génicas, 410, 411, 411f
 elementos genéticos "saltarines", 413
 enfermedad humana por, 209PH-210PH, 210PHf, 624PH, 673-674
 errores de duplicación, 554-555, 556
 formación de tumores, 672
 ganancia de función, 406PH
 genes supresores tumorales y oncogenes, 671f
 mitocondriales, 209PH
 pérdida de función, 407PH
 proteínas
 base molecular, 431
 estructura terciaria y, 64
 relaciones evolutivas, 26VE
 repeticiones de trinucleótidos, 405PH
 secuencia de aminoácidos y, 55
 pseudogenes, 411
 sin sentido, 475
 sistema de reparación de disconformidades, 567PH
 somáticas, GPCR defectuosos en, 634PH
 uso en investigación, 73, 281, 282f, 332-333, 772
 víricas, 23
- Mutador, fenotipo, 681-682
- Mutagénesis
 dirigida a un sitio (SDM), 72-73, 772
 in vitro, 772
 investigación con *Drosophila*, 394
- Mutágenos, agentes, 665-666, 676f
- Mutantes, 281, 392
 dominantes negativos, 333, 333f
 sensibles a temperatura, 279, 279f
 uso en investigación, 279, 279f, 281, 394
- MYC, gen, 680
- N
- N, extremo, de cadena polipeptídica, 51
- Na⁺. Véase Sodio, iones
- Na⁺/glucosa, cotransportador, 162f, 163
- Na⁺/K⁺, ATPasa de (bomba de sodio-potasio), 157-158, 158f, 159, 162f, 163, 165
 gradiente de concentración y, 200, 200f
- nAChR. Véase Nicotínico, receptor de acetilcolina (nAChR)
- Naciente, RNA, 434f, 436f, 439, 439f
- Nacientes, polipéptidos, 68, 69f, 286-287, 286f
 procesamiento en el retículo endoplásmico, 287
 unión de oligosacáridos, 290f, 291
- NAD, NAD⁺, 112f
 ciclo de los ácidos grasos, 186f
 fermentación, 113, 113f
 glucólisis, 183f, 184f
 metabolismo de los carbohidratos, 184f
 oxidación, 111-112, 111f
 regeneración, 183f, 189PH
- NAD⁺-NADH, par, 190
- NADH, 112f. Véase también Reducidas, coenzimas
 ciclo
 ácidos grasos, 186f
 TCA, 187
 deshidrogenasa de, 195f
 fermentación, 113, 113f
 fosforilación oxidativa, 187f
 glucólisis, 183, 184f, 185
 lanzadera de fosfato de glicerol, 187f
 oxidación anaerobia, 113f
 reacciones redox, 190, 191
 transporte electrónico, 195f
- NADP, 112f
- NADPH, 112f
 formación por fotosíntesis, 226f, 227, 228
 requerimientos de fotones, 228
 transferencia de electrones desde, 114
- Nanomáquinas, 205, 332
- Nanotecnología, 332
- Nanotubos de tunelización, 268, 268f
- Nativa, conformación, de polipéptidos, 63, 64f, 69f, 431f
- Natural, selección, 416np
 cambios de nucleótidos, 465-466
 entrecruzamiento meiótico, 607
 secuencias conservadas, 416, 416np
- Naturales, células asesinas (NK), 698f, 699, 714
- Ncd, proteína motora, 339
- ncRNA. Véase RNA, no codificador
- Negativa
 selección, 416np, 715, 715f, 718PH
 tinción, 738
- Negativo, DNA con superenrollamiento (subenrollado), 400, 400f, 434f
- NER. Véase Nucleótidos, reparación de escisión de (NER)
- Nernst, ecuación de, 165, 165np
- Nerviosas, células. Véase Neuronas (células nerviosas)
- Nervioso, sistema
 desarrollo, 383, 384f
 migración de la cresta neural, 246f, 247, 247f, 360
 moléculas de adhesión celular en, 257
 edición de RNA, 536
 enfermedades. Véase también Neurodegenerativas, enfermedades; Priones; y enfermedades específicas, p. ej., Alzheimer, enfermedad de anormalidades mitocondriales, 209PH
 conformación de proteínas, 65PH-68PH
 disfunción sináptica, 170
 mutaciones en la miosina, 368
- Nerviosos, gases, y neurotransmisión, 170
- NES. Véase Nuclear, señales de exportación (NES)
- Neural
 cresta, células, migración embrionaria, 246f, 247, 247f, 360
 placa, formación, 383, 384f
 tubo, formación, 383, 384f
- Neuroblastoma, 679c
- Neurodegenerativas, enfermedades. Véase también enfermedades específicas, p. ej., "Vacas locas, enfermedad de las"
 conformación de proteínas, 65PH-68PH
 expansión de trinucleótidos, 405PH-407PH, 406PHf
 neurofilamentos, 359
 proteína relacionada con microtúbulos τ , 335
- Neurofibrilares, marañas, 335
- Neurofibromatosis, 672c
- Neurofilamentos, 359
 transporte axónico, 337f
- Neurológicos, trastornos. Véase Nervioso, sistema, enfermedades; Neurodegenerativas, enfermedades
- Neuromusculares, uniones, 168, 168f, 373
- Neuronas (células nerviosas), 164, 164f.
 Véase también Axones; Crecimiento, conos de apoptósicas, 654
 componentes citoesqueléticos, 329f
 conducción saltatoria, 167, 167f
 enfermedad por almacenamiento lisosómico, 309PHf
 transporte axónico, 336-338, 337f
- Neurotransmisión, 168-170, 373. Véase también Sináptica, transmisión
- Neurotransmisor, receptores, 169, 169f
- Neurotransmisores, 168-170, 168f, 169f
 efectos de toxinas, 305
 excitadores e inhibidores, 169-170
 exocitosis, 306, 306f
 primeros estudios, 171VE
 proteínas de acoplamiento de SNARE y, 305
 recaptación, 170
- Neutral, evolución, 416np
- Neutras, grasas (triacilglicérols, triglicéridos), 47, 48f
- Neutrófilos, 259PH, 259PHf, 317
- Nexina (interdoblete), puente de, axonema, 351, 352f
- Nicotina, efectos en el músculo, 171VE
- Nicotinamida y adenina, dinucleótido de. Véase NAD; NADH
- Nicotínico, receptor de acetilcolina (nAChR), 172VE-175VE, 172VEp, 174VEf
- Niemann-Pick, enfermedad de, 316
- NIH3T3, línea celular, 689VE
- Nítrico, óxido (NO), como mensajero intracelular, 652-653
- Nitrogenadas, bases. Véase también Nucleótidos

- DNA, 395
 nucleótidos, 75, 75f, 76, 76f
 terminología, 395np
 Nitrógeno, fijación de, 14, 771-772
 Nitroglicerina, 652-653
 NLS. *Véase* Nuclear, señales de localización (NLS)
 nm (nanómetro), 20
 NMD. *Véase* Decaimiento mediado por secuencias sin sentido (NMD)
 NMDA, receptor de, y refuerzo sináptico, 170
 No codificadoras, secuencias de DNA. *Véase* Intrones
 No codificadoras (no traducidas), regiones de mRNA. *Véase en* Mensajeros RNA (mRNA)
 No competitiva, inhibición enzimática, 104, 105f
 No covalentes, enlaces, 33, 35-38, 36f
 estructura de las proteínas, 58, 59f, 60
 No disyunción de cromosomas, 606PH-607PH, 606PHf
 No electrólitos, 147
 difusión a través de membranas, 148
 No esteroideos, antiinflamatorios (NSAID), 666
 No estructurados (desordenados), segmentos proteínicos, 57
 No fibrilares, colágenas, 244
 no Hodgkin, linfoma, de células B, 683-684
 No homólogos, unión de extremos (NHEJ), reparación de DNA, 565-566, 565f
 No polares, moléculas, 33, 35-36, 36f, 54, 54f
 No polares (hidrófobos), aminoácidos, 133-134, 134f
 No repetidas (copia única), secuencias de DNA, 404, 408-409, 408f
 No sinónimos, cambios de nucleótidos, 465-466
 No traducidas (no codificadoras), regiones de mRNA (UTR). *Véase en* Mensajeros RNA (mRNA)
 NO. *Véase* Nítrico, óxido (NO)
 Nodos de Ranvier, 164f, 167, 167f
 Noradrenalina, 168
 NPC. *Véase* Nuclear, complejo de poro (NPC)
 Nucleación
 filamentos de actina, 361, 362f
 función de las proteínas de nucleación, 375-376
 microtúbulos, 342, 343, 343f, 344-345, 344f, 345-346, 346f
 proteínas, 375-376, 375f
 Nuclear
 complejo de poro (NPC), 486f, 488-490, 489f
 envoltura, 8f, 11, 486-491, 486f
 gradiente a través de, 490-491
 meiosis, 603, 603f, 604, 605, 606
 membranas, 486-487, 486f
 mitosis, 580f, 586, 594, 594f
 origen, 25VEf
 transporte a través de, 488-489, 488f
 fragmentación, durante
 apoptosis, 656, 656f
 mitosis, 586
 lámina, 486f, 487f, 586
 matriz, 486, 486f, 508-509, 509f, 560, 560f
 señal de localización, receptores (NLS), 490, 490f, 491
 señales de exportación (NES), 491
 señales de localización (NLS), 488-490, 490f, 491
 transporte, 488-491, 488f
 exportación desde el núcleo, 491, 491f
 importación en el núcleo, 490-491, 490f
 Nucleares
 cuerpos, 508
 poros, 486-487, 486f, 488
 tráfico a través de, 488-491, 488f
 Nucleico, ácido, hibridación, 403, 407-408, 756-758
 Nucleicos, ácidos, 75-77, 75f, 76f. *Véanse también* DNA; RNA
 fraccionamiento, 754-756
 funciones, 75
 origen del término, 422VE
 primeros estudios, 422VE-425VE
 purificación, 753-754
 sedimentación, 756f
 terminología, 395np
 ultracentrifugación, 754-756
 virus, 22f
 Núcleo, 8f, 10f, 486-509
 control de la expresión génica y, 485-541
 eucariota y procariota, 11
 morfología, 486f
 nucleóide y, 9, 11
 organización, 507-509
 Nucleocitoplásmico, intercambio, 488-491, 488f
 Nucleoide y núcleo, 9
 Nucleolos, 8f, 10f, 486, 486f
 cometido en la transcripción, 438, 438f
 Nucleoplasma, 8f, 486, 486f
 Nucleoporinas, 488
 Nucleósidos, 75, 396f
 terminología, 395np
 Nucleosomas, 492-494, 492f, 496f. *Véase también* Cromatina
 cambios conformacionales, 527, 528f
 coeficiente de empaque de DNA, 496
 deslizamiento a lo largo del DNA, 527, 528f
 duplicación, 560-561, 561f
 estructura, 492f, 493f
 modificaciones por coactivadores, 526-528, 527f
 partículas centrales, 492, 492f, 493f, 561f
 Nucleótidos, 75. *Véanse también* Bases, pares de; Bases (de ácidos nucleicos)
 DNA, 395
 estructura, 395-396, 396f
 extremos 5' y 3', 395, 396f
 incorporación en, 549f
 modelo de Watson y Crick, 388f, 398
 polaridad, 395, 396f
 primeros estudios, 422VE-425VE
 estructura, 75-76, 75f
 funciones, 77
 metabolismo energético, 395np
 reparación de escisión de (NER), 563, 563f
 defectos, 566PH, 567, 681
 RNA, 395np
 secuenciación, y relaciones evolutivas, 26VE, 27VEc, 28VE
 secuencias, 765-767. *Véanse también* Consenso, secuencias; Conservadas, secuencias; DNA, secuencias; Genomas; Humano, genoma; Reconocimiento, secuencias
 cambios. *Véanse también* Bases, sustituciones; Mutaciones
 no sinónimos y sinónimos, 465-466
 complementariedad, 398
 y formación de la doble cadena, 403, 442
 diversidad de especies, 14-15, 399
 palíndromos, 524, 759
 relación con genes, 399
 relación con secuencias de aminoácidos, 399, 431
 repetidas. *Véase* DNA, secuencias, repetidas
 tripletes de código genético, 405PH, 464, 466, 468-469
 hipótesis del bamboleo, 469, 469f
 terminología, 395np
 transcripción, 433, 434f
 O
 O₂ (oxígeno molecular). *Véase* Oxígeno
 O₂• (radical superóxido), 34PH
 Ocludina en zonas de oclusión, 265, 265f
 Ocular, lente, 728
 Odoríferos, receptores, en percepción sensorial, 633
 Ojo, poder de resolución, 729f
 Okazaki, fragmentos de, 550, 551-552, 551f, 552f, 553f, 554, 558, 560
 Olfatorias, neuronas, 633
 Oligo- (definición), 44
 Oligodendrocitos para terapia de remplazo celular, 19PH
 Oligosacáridos, 44, 129, 129f
 ensamblaje, 290-291, 290f
 membrana plasmática, 124f, 129, 240
 modificación, 291, 296, 296f
 Omega-3, ácidos grasos, 126
 Oncogenes, 461PH, 670-672. *Véase también* Protooncogenes
 codifican
 cinasa de proteínas citoplásmicas, 680
 factores de crecimiento o receptores de factor de crecimiento, 679-680
 factores de transcripción nuclear, 680
 productos que intervienen en la apoptosis, 680-681
 crecimiento tumoral, 688VE-689VE
 descubrimiento, 686VE-690VE
 efectos de las mutaciones en, 671f
 fenotipo mutador, 681-682
 funciones, 670
 transformación maligna, 679-682
 Oncogénicos, virus, 679-680
 Onda, formas de (patrones de batido), de flagelos, 351, 351f
 Oocitos. *Véanse también* Óvulos; Gametos activados, 19PH
 división celular, 5, 5f
 maduración, 604, 609VE, 609VEf
 factor promotor de la maduración y, 609VE
 maduración pospuesta, 602
 no disyunción meiótica y, 607PH
 primarios, 601, 601f
 profase meiótica prolongada, 601, 602
 secundarios, 601f, 605
 trasplantes nucleares, terapia de remplazo celular, 19PH, 19PHf
 Oogénesis, 601f, 604

- Oogonias, 601, 601f
 Operador de operón bacteriano, 510-512, 510f, 511f
 unión por represor, 511f
 Operones bacterianos, 510-513, 510f, 511f
 inducibles, 511f, 512
 reprimibles, 511f, 513
 Opiáceos y vías de señalización, 631-632
 Óptica, microscopia, autorradiografía de, preparación, 743f
 Ópticas
 pinzas, 142, 332, 332f
 trampas, 332
 Ópticos, microscopios, 728, 728f
 campo brillante, 730
 contraste de fase, 730-731
 electrónicos y, imágenes, 735f
 fluorescencia, 731-733
 iluminación, 730
 microscopia confocal de barrido láser, 733-734
 preparación del espécimen para, 730
 procesamiento de imagen, 733
 resolución, 728-729
 sistema de lentes en, 735f
 visibilidad con, 729-730
 Orbitales de electrones, 32f
 Organelos, 10f, 11, 274-275, 275f, 744-745.
Véase también organelos específicos
 aislamiento, 746
 autoensamblaje, 77-78
 autofagia, 307-308, 308f
 células diferenciadas, 16
 células secretoras, polaridad, 284, 285f
 estudios
 fraccionamiento, 279-280, 280f, 744-746
 proteómica, 280
 función de miosinas en el movimiento de, 365f, 368
 interdependencia, 233, 234f
 movimiento a lo largo de los microtúbulos, 330f, 337f
 mediado por cinesina, 340, 340f, 341-342, 341f
 mediado por dineína, 341-342
 origen posible, 25VE
 procariontas y eucariotas, 8f
 recambio, 307
 sin membranas, 11
 sistema endomembranoso, 275
 Orgánicas, moléculas, 40
 Organismos modelo, 16-17, 17f. *Véase también* Animales, modelos
 enfermedades del ser humano, 67PH
 estudios de la división celular, 610VE
 Organización como propiedad de la célula, 3-5, 4f
 Órganos, trasplantes. *Véase* Trasplantes
oriC, secuencia, 546
 Origen, complejo de reconocimiento de (ORC), 557, 558f
 Orígenes de duplicación, 546, 546f
 eucariotas, 557-558, 558f
 Oscuras, reacciones fotosintéticas (fotoindependientes), 219, 231f, 232
oskar, mRNA, 533, 533f
 Ósmosis, 149, 149f, 150f
 Ovárico, cáncer, 623PHc, 663f, 678
 detección de cambios proteómicos, 71
 prioncogenes y, 679c
 pruebas de detección para, 71-72
 Óvulos. *Véanse también* Gametos; Oocitos
 fecundados, y cese de la detención meiótica, 606
 vertebrados, formación, 601f
 Oxidación
 anaerobia, 113-114, 113f
 carbohidratos, 183-185, 184f
 desacoplamiento respecto de fosforilación, 198-199
 transferencia de energía, 111f
 Oxidación-reducción, reacciones. *Véanse* Redox, reacciones (de oxidación-reducción); Estándares, potenciales redox
 Oxidado, estado, 108
 Oxidantes
 agentes, 108, 190
 durante la fotosíntesis, 218, 223, 228
 equivalentes, 225, 225f
 Oxidativa, fosforilación, 108f, 187-188, 187f, 189
 fosforilación al nivel del sustrato y, 189
 Oxidativo, metabolismo, 34PH, 183-188
 Oxigénica (liberadora de O₂), fotosíntesis, 215, 22f, 223
 Oxígeno
 átomos
 anión peroxi reactivo, 197
 forma ultrarreactiva (oxígeno singlete [¹O]), 220
 complejo generador, 224f, 225
 de fotosíntesis, 217-218, 225, 225f
 radicales libres y, 34PH
 Oxígeno/CO₂, cociente, y fotorrespiración, 233
P
 P, cuerpos, y degradación del mRNA, 535
 P, tipo, bombas iónicas, 157, 159, 159f
 p21, Cdk, inhibidor, 578f
 p27, Cdk, inhibidor, 579, 579f
 p53, factor de transcripción, 578-579, 578f, 675-677, 676f, 677f
 P680, clorofila del centro de reacción, 222f, 223, 224f
 P680, 223
 P680⁺, 223, 225
 P700, clorofila del centro de reacción, 222f, 223, 226, 226f
 P700, 227
 P700⁺, 226f, 227
 PAGE. *Véase* Poli(acrilamida, electroforesis en gel de (PAGE)); Sodio, electroforesis en gel de poli(acrilamida-dodecilsulfato de (SDS-PAGE)
 Palanca, hipótesis del brazo de, acción de la miosina, 371-372, 372f
 Palindrómicas, secuencias nucleotídicas, 524, 759
 Paludismo, 711
 Páncreas en la regulación de la glucosa, 645
 Pancreáticas, proteínas secretoras, dinámica, 277, 278f
 Pancreáticos, islotes, trasplante, 18PH
 Panitumumab en tratamiento del cáncer, 683-684
 Papanicolaou, frotis de, 667, 667f, 686
 Paquiteno, 602f, 604
 Paracelular, vía, y zonas de oclusión, 264, 264f
 Paracrina, señalización intercelular, 617, 617f
 Paraquat, herbicida, 228
 Parasitarias, infecciones, reacción de anticuerpos a, 704
 Paratiroidea, hormona, 631c
 Pareamiento de bases
 empalme, 455f
 transcripción, 433, 434f
 Parkinson, enfermedad de
 disfunción mitocondrial y, 209PH
 neurofilamentos, 359
 terapia de remplazo celular, 18PH
 Paroxística, hemoglobinuria nocturna, 136
 Partenotos, 19PH
 Pasiva, inmunización, 67PH-68PH
 Pasivo, transporte, 147f
 Paternidad, disputas, y DNA minisatélite, 404
 Paternos, cromosomas X, desactivación, 497np
 Patógenos
 enfermedad autoinmunitaria, 719PH
 reacción innata a, 699
 PC. *Véanse* Fosfatidilcolina (lecitina; PC); Plastocianina (PC)
 PCM. *Véase* Pericentriolar, material (PCM)
 PCNA, 559f, 560, 560np, 561f
 PCR. *Véase* Polimerasa, reacción en cadena de (PCR)
 PDGF. *Véase* Plaquetas, factor de crecimiento derivado de (PDGF)
 Pectinas en la pared celular vegetal, 270, 270f
 Penetrancia y enfermedad, 419PH-420PH, 420PHnp
 Pénfigo vulgar, 262
 Pentosa (5 carbonos), azúcares en nucleótidos, 395, 395np, 396f
 Pentosas, 42
 PEPCK, gen. *Véase también*
 Fosfoenolpiruvato, carboxicinas de (PEPCK)
 glucocorticoides, 524, 524f
 gluconeogénesis, 522, 522f
 Peptídicos, enlaces, 50f, 51
 formación durante la traducción, 473, 474f, 475
 Peptidilo, transferasa de, 473, 479VE-480VE
 Péptido, huella digital de masa de, 70, 70f
 Peptidoglucanos en paredes celulares bacterianas, 699
 Péptidos
 bolsillos de unión a antígeno MHC, 722VEf, 723VE
 determinación de la masa molecular de, 751-752
 modelos tridimensionales, 723VEf
 presentación de antígeno, 693f, 710f
 procesamiento de antígeno y, 713f
 Pequeñas
 ribonucleoproteínas nucleares (snRNP), 454
 cómo funcionan, 455f
 estructura, 456f
 tipos U1, U2, etc., 454-456, 455f, 456f
 ribonucleoproteínas nucleolares (snoRNP), 442, 443f
 Pequeños
 RNA de interferencia (siRNA), 460-461, 460f
 microRNA (miRNA) y, 463
 sintéticos, 461PH
 uso en investigación, 333, 461
 uso en medicina, 461PH-462PH
 RNA no codificadores, 459-461, 499, 499f
 RNA nucleares (snRNA), 454, 456, 456f
 cómo funcionan, 455f

- tipos U1, U2, etc., 455f, 456
U6, 442np, 455f, 456, 456f
RNA nucleolares (snoRNA), 442, 443f
codificación por intrones, 458
Pérdida de función, mutaciones, 407PH, 671f
Perforinas, 702
Pericentriolar, material (PCM), 342, 342f, 343, 344-345
Periféricas, proteínas de membrana (proteínas periféricas), 130, 130f, 136, 139f, 142, 143f, 146, 375f
Periodontal, enfermedad, 260PH
Peristaltismo y uniones comunicantes, 267
Permeabilidad de zonas de oclusión, 265
Peroxí, anión, 197
Peroxisomas (microcuerpos), 8f, 207-208, 207f, 208f
anormalidades, 210PH
captación de proteínas, 318
fotorrespiración, 233
microtúbulos y, 330f
transporte mediado por cinesina, 340
Peroxisómico, señales de direccionamiento (PTS), 318
Pesadas, cadenas, de inmunoglobulinas, 703-707, 704c
Pescado, aceite de, 126
PGA. Véase 3-fosfoglicerato (PGA, 3-PGA)
pH, 39
dominio, 626-627, 626f
gradiente de (Δ pH), 198, 198np
PI, 3-cinasa de (PI3K), 643f, 644, 651-652
PI. Véase Fosfatidilinositol (PI)
Piel
enfermedades vesicantes, 254, 262, 360
estructura, 240, 240f
filamentos intermedios de queratina en, 359f
impermeabilidad, y zonas de oclusión, 265
injertos, 710
membrana basal, 240f
Pigmento, gránulos (melanosomas), 366, 366f
Pigmentos. Véanse también Antena, pigmentos; Cloroplastos
definición, 219
fotosintéticos, 219-221, 220f
transferencia de energía, 223-224
unidad fotosintética, 221-222
Pigmentos del centro de reacción (clorofilas), 222f, 223, 224f, 226f, 227
transferencia de electrones, 223
Pilosas, células, del oído, 366-368, 367f
estereocilios, 366, 367f
Pinocitosis. Véase Endocitosis, fase masiva
Pinza β , 552-554, 553f
PIP, 626-627, 626f, 643f, 644
Piranosas, anillo, 43f, 44, 44f
Pirimidina, dímeros de, 562f
reparación, 563
Pirimidinas, 76, 76f, 395
Pirofosfatos
activación de aminoácidos, 470
transcripción, 433, 434f
Piruvato
ciclo del TCA, 185f, 186f
complejo de deshidrogenasa de, 61, 61f
generación en la glucólisis, 185
oxidación anaerobia, 113-114, 113f
pK, 53f
Placebo, ensayos controlados por, 65PH
Planar, anillo, 43, 43f
Plano de separación en citocinesis, 596-597, 598f
Plantas (vegetales)
bombas iónicas, 159
C., 234-235
CAM, 236
citocinesis, 598-599, 599f
cloroplastos, 8f
cómo funcionan los herbicidas, 228
fijación de CO₂, 229-236, 231f
fotorrespiración, 232-233, 233f
fuentes de energía y almacenamiento, 230
función de iones calcio, 648-649
funciones de las membranas, 122f
interrelaciones de organelos, 233, 234f
manipuladas por ingeniería genética, 235, 771
metilación de DNA, 530, 530f
microfilamentos, 360
microtúbulos, 334f, 336, 345-346, 345f, 346f
mitocondrias, 181
mitosis, 580f
origen, 25VEf
ósmosis, 149-150, 150f
paredes celulares, 269-271, 270f, 271f, 598, 599f
peroxisomas (microcuerpos), 8f, 208, 208f
plasmodesmas, 268, 269f
presión de turgencia, 149-150, 150f, 310, 336
proteínas
de movimiento, 268, 269f
vacuolares, síntesis, 286-287
síntesis
de ATP, 228-229
de carbohidratos, 229-236, 231f
sistemas de transporte activo secundarios, 163
vacuolas, 310, 311f
vías de señalización, 645
Plantillas
DNA como, 431, 432-433, 434f, 436f.
Véase también DNA, duplicación, cadena, plantilla
duplicación del DNA, modelo de Watson y Crick, 399
mRNA como, 431
polimerasa de DNA, 547-548, 548f, 553f, 554
Plaquetaria, agregación, 249, 251, 251f
Plaquetas, factor de crecimiento derivado de (PDGF)
activación de proteintirosincinasas receptoras, 634
dimerización, 634-636
oncogenes que codifican, 679-680
vía de Ras-cinasa de MAP, 641
Plasmalógenos, 207-208
Plasmática, membrana, 8f, 10f, 120-178.
Véase también Membranas
carbohidratos, 129
células epiteliales, 143-144, 143f
"cercas", 142, 142f, 143, 143f
direccionamiento de proteínas a, 304
dominios diferenciados, 143-144, 143f, 144f
endocitosis, 311, 312f
eritrocito, 144-146
esqueleto, 136, 142, 142f, 145f, 146
estructura, 123-125, 123f, 124f
naturaleza de tres capas (trilaminar), 120-121, 121f
exocitosis, 306, 306f
funciones, 147
lípidos, 126f. Véanse también Lipídicas, bicapas; Membrana, lípidos
modelo de Davson-Danielli, 124
naturaleza dinámica, 128, 128f, 139-146
oligosacáridos y, 44
proteínas. Véanse Integrales, proteínas de membrana (proteínas integrales); Periféricas, proteínas de membrana (proteínas periféricas)
transferencia de hormona/neurotransmisor a través de, 621
transporte de sustancias, 147-163
vaina de mielina, 125f
zonas de oclusión, 264-265, 264f
Plasmáticas
células, 699, 700f, 702-703
proteínas, 71
Plásmido, DNA, en clonación, 761-763, 761f, 762f, 769f
Plasmodesmas, 8f, 122f, 268, 269f
Plasmólisis, 150, 150f
Plastocianina (PC), 226, 226f, 227
Plastoquinol (PQH₂), 224, 224f, 225f, 226, 226f
Plastoquinonas (PQ), 223-224, 224f, 225f
Plastos, 45
PLC. Véase Fosfolipasa C
Plectina, 337f, 357, 357f
Plegamiento
intrones, 454f
polipéptidos, y familias de proteínas, 59
RNA, 432
Pluripotenciales, células, 19PH
Pneumococcus, formas S y R, 423VE, 423VEf
pol, proteínas. Véase DNA, polimerasas, eucariotas (pol α , β , etc.)
Polares
cuerpos, 601f
grupos cabeza polares (hidrófilos), de lípidos de membrana, 123, 123f, 126, 126f
moléculas, 33
enlaces de hidrógeno y, 35
naturaleza hidrófila, 33
Polares (interpolares), microtúbulos (fibras del huso polar), 588-589, 591f, 595, 595f
Polaridad, 33
agua, 33
aminoácidos, 51-53, 52f, 54
atracción electrostática, 37
célula
dominios de membrana, 143-144
potencial de acción, 165
células móviles, 379, 380f
difusión a través de membranas, 148
hidrofilicidad, 35
microtúbulos, 338, 343
cómo se establece, 344f, 345
nucleótidos, 395, 396f
proteínas motoras, 338
Poli(A), cola de mRNA. Véase en Mensajeros RNA (mRNA)
Poliacrilamida, electroforesis en gel de (PAGE), 749-750, 751f
Policiacas, investigaciones, uso de DNA, 404, 405f
Policlonal, antisuero, 774-776
Polispermia, 390

- Poliinsaturadas, grasas, 48
 Poliinsaturados, ácidos grasos, 126
 Polimerasa, reacción en cadena de (PCR), 763-765, 764f
 aplicaciones, 765
 Polimerasa-primasa, complejo, 561f
 Polimerasas. *Véanse* DNA, polimerasas; RNA, polimerasas
 Polímeros, 41, 41f, 45
 Polimorfismos, 418, 419f. *Véase también* Un solo nucleótido, polimorfismos (SNP)
 riesgo de enfermedades y, 420PH, 420PHnp
 Polinucleótidos, síntesis, 758
 Polipeptídicas (polipéptidos), cadenas, 51.
 Véanse también Nacientes, polipéptidos; Proteínas; Proteínica, estructura
 autoensamblaje, 63
 conformaciones, 55-58, 57f
 nativas, 64, 64f, 69f, 431f
 cristalografía de rayos X, 752
 ensamblaje, 286-287, 286f. *Véase también* Proteínas, síntesis
 carabinas en, 68, 69f
 elongación, 473-475, 474f
 inicio, 470-472, 471f
 mecanismo, 431, 431f
 sitios, 284
 mensajeros extracelulares, 619
 plegamiento. *Véase* Proteínas, plegamiento
 sintéticas, 72-73
 Poliploidización, 409
 Poliúística, nefropatía (PKD), 350PH-351PH
 Polirribosomas (polisomas), 476, 476f, 477f
 Polisacáridos, 45-47, 46f. *Véanse también* Azúcares y tipos específicos, p. ej., Hemicelulosas; Oligosacáridos
 matriz extracelular, 242f
 Polisomas. *Véase* Polirribosomas (polisomas)
 Politénicos, cromosomas, 394f, 395
 Porfirina, anillo de, 192f, 219, 220f
 Porinas, 182, 182f, 217
 Poros de fusión, 306, 306f
 Positiva, selección, 416np, 715
 Postraduccional
 control, de expresión génica, 537-538
 silenciamiento génico (PTGS), 459
 Postraducionales, modificaciones (PTM)
 aminoácidos, 53-54
 bases de tRNA, 467
 pre-rRNA, 440, 443f
 funciones, 440
 Potasio
 canales de fuga de, 165, 166f
 canales iónicos, 153-156, 154f, 155f
 cambios conformacionales, 135-136, 135f
 células nerviosas, 165
 controlados por voltaje (Kv), 152-156, 152f, 153f, 154f, 155f
 cómo se abren y cierran, 153, 153f, 154-156, 155f
 desactivación, 154, 155f
 potencial de acción, 165, 166f
 procariotas, 152-153
 iones, gradiente de concentración, 157
 y gradiente eléctrico, 165
 potencial de equilibrio de (E_K), 165
 espermatoцитos, 601, 601f
 oocitos, 601, 601f
 Primasa en duplicación del DNA, 550, 551f, 552f, 559f
 eucariotas, 559
 Primeros mensajeros, 617, 617f, 625. *Véase también* Ligandos
 Pri-miRNA, 460f, 463
 Primordiales, células germinales, 601f
 migración embrionaria, 248
 Primosoma en duplicación de DNA, 551
 Priones, 65PH-66PH, 66PHf
 Priónicas, proteínas, 136
 Pribnow, caja de, 436
 "Problema de la duplicación de los extremos", 504-55, 504f
 Procariotas. *Véase también* Bacterias
 ancestros de los eucariotas, 25VE, 25VEf, 28VE
 biopelículas, 13
 citoesqueleto, 328-329
 clasificación, 13-15
 diversidad de hábitat, 14-15, 15c
 división celular, 12
 enzimas de restricción a partir de, 758-760
 etimología, 11
 flagelos, 12, 13f
 grupos taxonómicos (dominios), 13
 metabolismo en, 13
 número y biomasa, 15c
 relaciones evolutivas, 27VEc
 transcripción, 435-436, 435f
 transferencia lateral de genes en, 28VE
 Procariotas, células, 8f, 17f. *Véase también* Bacterias
 células eucariotas o, 7-8, 9-15, 9c, 17f
 envoltura nuclear, 486
 factores de transcripción, 437
 polimerasas de RNA, 436-437
 propiedades compartidas, 9
 relaciones evolutivas, 26VE-28VE
 miembros de la clase, 8
 tamaños, 20
 tipos, 13-15
 Procariotas K⁺, canales, 152-153, 152f, 153f
 Procasasas, 655-657
 Procesamiento, control de expresión génica a nivel de, 514, 515f, 531-532
 Procesivo, movimiento, 338
 helicasa, 551
 polimerasa de RNA, 433
 proteínas motoras, 338, 365-366, 365f
 Profase I meiótica, 600f, 602-605, 602f
 detención prolongada, 601, 602
 Profase II meiótica, 600f, 605
 Profase mitótica, 571f, 580f, 581-586
 fuerzas requeridas, 595
 Profilina, proteína polimerizante de, locomoción celular, 379-380, 380f
 Progenitoras, células
 desarrollo de tumores, 667
 formación de células sanguíneas, 697
 Progeria, 487, 487f
 Programada, muerte celular. *Véase* Apoptosis
 Prometáfase mitótica, 571f, 580f, 586-588, 586f
 fuerzas requeridas, 595, 595f
 Promotores, 522, 522f, 522np
 centrales, 522-523, 525-526, 525f
 elementos, 522f, 523, 525
 expresión del gen de PEPCK, 522, 522f
 mapeo por delección, 522f, 523
 Potenciales. *Véanse* Eléctrico, potencial; Membrana, potenciales; Reposo, potencial en
 Potenciales de acción, 165-167, 166f
 propagación como impulsos nerviosos, 166-167, 167f
 potenciales redox, 190
 reacciones redox, 108, 110f, 111-112, 111f
 unidades fotosintéticas, 221, 221f, 222
 naturaleza exergónica, 226
 vía
 cadena de transporte de electrones, energía de, 188
 de NADH, 187f, 188, 191
 oxidada de citocromo, 197, 197f
 PP_i. *Véase* Pirofosfatos
 PQ. *Véase* Plastoquinonas (PQ)
 PQH₂. *Véase* Plastoquinol (PQH₂)
 Prader-Willi, síndrome de, 530
pRB. *Véase también* Rb, proteína reguladora, regulación del ciclo celular, 577, 674-675
 Preclínicos, ensayos, desarrollo de fármacos, 74f
 Precoz, pubertad, 623PHc
 Preduplicación, complejos (pre-RC), 557, 558f, 577f, 590f
 Preinicio, complejos
 traducción, 472
 transcripción, 445-447, 446f, 527f, 528f
 ensamblaje, 445f, 446f
 Prematura, codones de terminación, 475-476, 491f
 Pre-miRNA, 460f, 463
 Pre-mRNA, 431f, 444-445, 449. *Véase también* Primarias, transcripciones, mRNA
 casquete de metilguanosa y cola poli(A), 452, 452f
 exportación desde el núcleo, 491, 491f
 procesamiento, 450-457, 451f, 452f, 457f. *Véase también* Splicing
 resumen, 453f
 sitios de empalme, 452, 453f, 455f
 Preprofase, banda, 345f, 346
 Pre-RNA (transcripciones primarias), 437
 Pre-rRNA, 440. *Véase también* Primarias, transcripciones, rRNA
 metilación, 440
 modificación postraduccional, 440, 443f
 procesamiento, 440-442, 442f, 443f
 autoempalme, 478VE-479VE, 478VEf
 estudios, 441-442, 441f
 síntesis, 438-440
 Pre-tRNA. *Véase también* Primarias, transcripciones, tRNA
 procesamiento, 443-444
 Primarias, transcripciones, 437
 empalme, 452-457
 micro-RNA (pri-miRNA), 460f, 463
 mRNA. *Véase también* Pre-mRNA
 conversión en mRNA, 450-457
 intrones y, 448-449, 457f
 procesamiento cotraduccional, 451f
 rRNA, 439, 439f, 440. *Véase también* Pre-rRNA
 transcripción primaria de 45S, 441, 441f
 tRNA, 443. *Véase también* Pre-tRNA
 vías de procesamiento, 458, 531
 Primarios
 cilios, 349, 350PH, 350PHf

- operón bacteriano, 510, 510f, 511f
transcripción, 433
 eucariotas, 445, 445f
 funciones, 433
 polimerasas de RNA, 442-443, 442np, 445, 445f, 446, 446f
 procariotas, 436, 436f
 factor σ y, 435-436, 435f
 rRNA, 440, 440f
 tRNA, 443
- Propagación de impulsos nerviosos, 166-167, 167f
- “Propio”, 696, 714, 718PH-719PH, 724VE
 “ajeno” y, 693-694
 anticuerpos contra, 695f, 697, 699-700, 718PH-720PH, 722VE
 inadvertido para los linfocitos T, 714-715
 no propio, 694-695, 715-716
 tolerancia inmunitaria, 699-700, 703, 703f
- Prostático, cáncer
 incidencia, 663f
 pruebas de detección, 72
- Prostéticos, grupos, 58, 191
- Proteasomas, 537, 537f
 control de calidad, 291f, 292
 degradación de proteínas, 537-538, 537f
 procesamiento de antígenos, 712f
 regulación del ciclo celular, 575
- Proteína
 bombas de, y canales controlados, 163
 microordenamiento (chips de proteína), 71
- Proteína de recubrimiento ARF1, 303f, 304
- Proteínas, 49-75. *Véanse también*
 Glucoproteínas; Polipeptídicas, (polipéptidos) cadenas; y *tipos específicos*, p. *ej.*, DNA, proteínas de unión a
 adaptación y evolución, 73-75
 anclaje a cinasa de proteína A (AKAP), 632, 633f
 anormales, 537-538
 bioquímica. *Véase* Proteómica
 bloques de construcción, 50-54
 cambios conformacionales, 57, 60-61, 61f, 114-115
 fosforilación, 157-158, 158f
 modificación covalente, 114-115
 modulación alostérica, 115, 115f
 motores moleculares, 338
 chips de. *Véase* Proteínas, microordenamiento (chips de proteína)
 complejo con DNA, 31f
 complejos
 de importación. *Véase* Transposición (importación de proteínas), complejos
 multiproteínicos, 61, 61f
 conjugadas, 94
 control redox, 230-232, 232f
 degradación, 537-538, 537f
 desnaturalización (desplegamiento), 63
 diversidad, 49-50, 50f. *Véanse también* Alternativo, *splicing*; Multigénicas, familias
 empalme, 536
 estabilidad, 537-538
 estructura. *Véase* Proteínica, estructura
 expresión. *Véase* Génica, expresión
- familias, 59, 74-75, 408
 formas homólogas, 73-74
 funciones, 49, 81VE
 cómo se les identifica, 63, 72
 múltiples, 68np
 grupos prostéticos, 58
 ingeniería de, 72-73, 74f
 interacciones con ácidos nucleicos, 432-433, 469
 interacciones entre, 61-63, 62f, 63f
 dependiente de fosfotirosina, 636
 determinación, 748-749
 isoformas, 74, 410, 414np
 lapso de vida, 538
 membranas. *Véanse también* Integrales, proteínas de membrana (proteínas integrales); Membrana, proteínas
 mensajeros extracelulares, 619
 modificación
 en aparato de Golgi, 296
 en retículo endoplásmico, 287, 290-292, 290f
 reclutamiento, 276-277
 relación con genes, 430-432
 señalización celular, 618, 618f
 síntesis. *Véanse* Polipeptídicas (polipéptidos), cadenas, ensamblaje; Proteínas, síntesis
 sintéticas, 72-73, 74f
 superfamilias de, 74-75
 supuesto material genético, 422VE-424VE
- técnicas de estudio, 69-71, 70f, 280
 aislamiento, purificación y fraccionamiento, 69, 70f, 746-752
 criomicroscopia electrónica, 753
 cromatografía, 746-749, 747f, 748f
 de filtración en gel, 747f
 inmunolocalización, 776
 localización por microscopia de fluorescencia, 331, 331f
 medición y análisis, 751-752
 precipitación selectiva, 746
 tráfico. *Véase* Proteínas, transporte
 unión a GTP. *Véase* G, proteínas
 vía biosintética (secretora), 276
- Proteínas, capas
 sobre vesículas, 298, 299-300, 299f, 301f, 303-304. *Véase también* Proteínas, capas
 formación de vesículas, 281, 281f
 primeros estudios, 321VE, 321VEf
 virus (cápsula proteínica, cápside), 22, 22f
- Proteína, cinasas de, 115. *Véanse también* Fosforilación; Tirosincinasas
 activación, 250, 252, 253f, 262, 636
 blancos de caspasas, 654
 daños del DNA y, 578, 578f
 dependiente de DNA, reparación de roturas de doble cadena, 565f
 inicio de la duplicación, 557, 558f
 leucemia mielógena crónica (CML), 502PH
 oncogenes que codifican, 680
 paredes celulares vegetales, 270-271
 regulación del ciclo celular, 573-577, 576f
 señalización celular, 262, 618, 618f
 traducción de mRNA, 534-535
 transcripción, 446, 447
- Proteínas, plegamiento, 63-68, 63f, 64f, 69f, 291-292, 431f
 carabinas, 64, 68, 69f, 78VE-82VE, 81VEf, 291, 291f, 292, 292f
 consecuencias letales, 65PH-68PH
 diversidad, 59
 familias de proteínas y, 59
 incorrecto, 64, 80VE, 291-292, 291f
 destino, 292-293
 enfermedad de Huntington, 406PH
 vigilancia para control de calidad, 291f
 priones y, 65PH-66PH, 66PHf
- Proteínas, síntesis, 470-478, 477f. *Véase también* Polipeptídicas, cadenas (polipéptidos), ensamblaje
 bloqueo por interferencia de RNA, 460-461, 460f
 cometido de las membranas microsómicas, 281
 control
 postraduccional, 537-538
 de traducción de mRNA, 533-535
 eucariotas y procariotas, 477, 477f
 hipótesis de la señal, 285
 inicio, 470-472, 471f
 mecanismos de control de calidad, 291, 291f, 292, 491, 491f
 ribosomas rodeados por membrana, 286-287, 286f, 320f, 321
 y en ribosomas libres, 284-286
 terminación, 475
 por fosforilación, 292f, 293
- Proteínas, transporte
 direccionamiento, 276, 302-304, 303f, 489
 estudios, 277-279, 278f, 279f
 importación en el núcleo, 490-491, 490f
 al interior de
 cloroplastos, 320-321, 320f
 mitocondrias, 318-320, 319f
 peroxisomas, 318
 a lo largo de la vía biosintética/secretora, 275-276, 276f
 aparato de Golgi, 295, 296, 296-298, 297f
 al retículo endoplásmico, 300f
 clasificación en red de Golgi *trans*, 302-304, 303f
 al interior de membrana del retículo endoplásmico, 288f
 red de Golgi *trans* a su destino, 276f, 303, 303f, 304-306
 del retículo endoplásmico al aparato de Golgi, 276f, 293, 293f, 300f
 a través de la membrana del retículo endoplásmico, 285, 285np, 286f
 vuelta al retículo endoplásmico, 302
 postraduccional, 285np, 318-321
 retrogrado, 297f, 300-302, 300f
 señales de clasificación (reconocimiento), 302
 a través de membranas, cómo funcionan las carabinas, 320
- Proteínofosfatasas. *Véanse también* Desfosforilación; Fosfatasas
 señalización celular, 618, 618f, 631
- Proteínica, estructura, 54-61. *Véanse también* Proteínas, plegamiento; Proteínas, cambios conformacionales
 cambios dinámicos, 59-60, 60f

- Proteinica, estructura (*cont.*)
 conformaciones, 55
 enfermedades neurodegenerativas y, 65PH-68PH
 segmentos no estructurados (desordenados), 57
 cuaternaria, 60-61, 61f
 diversidad, 59
 dominios, 58-59, 59f
 evolución, 59, 414
 enlaces no covalentes, 58, 59f, 60
 estudios, 752-753
 función y relaciones, 54
 homodímeros y heterodímeros, 60
 niveles de organización, 54
 polaridad de aminoácidos y, 54, 54f
 primaria, 54-55
 secundaria, 55-57, 57f
 en plegamiento de proteínas, 64, 64f
 subunidades, 60
 terciaria, 57-58, 57f, 58f
- Proteinica, ingeniería, 72-73, 74f
- Proteintirocinasas, 634
 mutantes, 634
 receptores de insulina como, 641-642
 fosforilación, en señalización celular, 634-635
- Proteoglucanos, 242f, 245, 245f
- Proteólisis, 575-576, 611VE
- Proteomas, 68, 71
 Proyecto Proteoma Plasmático, 71
- Proteómica, 68-72, 280
 interrogantes de investigación, 69
 usos médicos, 71
- Protistas, 15, 15f, 25VEf
- Protofilamentos de microtúbulos, 333-334, 334f
- Protomotriz, fuerza (Δp), 198-199, 199f, 206
- Protones, 38-39, 39np. *Véase también*
 Hidrógeno, iones
 bomba de, 194
 bacterias, 161-162
 impulsadas por reacciones redox, 196, 196f
 plantas, 159
 exclusión de canales de acuaporina, 150, 151f
 formación de ATP, 187-188, 187f
 gradientes, 187, 187f, 197
 formación de ATP, 194
 fotosistema II, 224, 224f, 225
 fuerza protomotriz, 198
 porción F_1 de la sintetasa de ATP, 202, 202f
 transporte activo impulsado por luz, 162
 a través de la membrana tilacoidal, 227, 228-229, 229f
- movimiento (transposición)
 a través de membrana mitocondrial, 187-188, 187f, 194, 195f, 196, 197-198
 canal transmembranoso para, 200, 201f
 fuerza protomotriz y, 198-199
 movimiento a través de sintetasa de ATP, 203, 205-206, 206f
 oxidasa de citocromo y, 196, 196f, 197
 "sustrato" y "bombeados", 197
- transferencia
 acciones enzimáticas, 99, 99f
 oxidación, 111
 vías de conducción de ("cables protónicos"), 197-198
- "Protones, cables de" (vías de conducción de protones), 197-198
- Protooncogenes, 670-672. *Véase también*
 Oncogenes
 crecimiento tumoral, 690VE
 daño del DNA y, 678f
 desarrollo de cáncer, 680
 mecanismos de activación, 671f
 tumores del ser humano relacionados con, 679c
- Protoplastos, 217, 744
- Provenge en tratamiento del cáncer, 684
- Provirus, 23-24
- Proyecto Genoma del Cáncer Humano, 672
- PrP^C (proteína priónica celular), 65PH, 66PHf, 136
- PrP^{Sc} (proteína priónica de escrapie), 65PH, 66PHf
- PSA, prueba para cáncer prostático, 72, 686
- Pseudomonas aeruginosa* en fibrosis quística, 160PH-161PH, 161PHf
- PSI, PSII. *Véase* Fotosistema I (PSI); Fotosistema II (PSII)
- PTB, dominio, 636-637
 sustratos para receptor de insulina y, 643f
- PTEN*, genes, células tumorales y, 678-679
- PTM. *Véase* Postraducionales, modificaciones (PTM)
- Pubertad precoz, 623PHc
- Pulmonar, cáncer
 incidencia, 663f
 protooncogenes y, 679c
 reparación de defectos del DNA y, 567PH
- Pulso y persecución, experimentos, 277, 278f
- Puntos
 fluorescencia, microscopia, 331, 348f
 procesamiento de mRNA, 508, 508f
 revisión del ciclo celular. *Véase en* Celular, ciclo
- "Puntos calientes" en recombinación genética, 421PH, 608np
- Purificación
 ácidos nucleicos, 753-754
 proteínas, 746
- Purinas, 76, 76f, 395
- Q**
- Q, ciclo, de transposición de protones, 195f, 226, 226f
- Queratina, filamentos de, 254, 359f
- Queratinas, 359
- Quiasmas, cromosómicos, 393f, 604-605, 604f, 607PH
- Quiméricas, proteínas. *Véase* Fusión, proteínas de
- Quimérico, DNA, 278
- Quiméricos, ratones, 773
- Químicas
 bases, de la vida, 31-84
 reacciones. *Véanse también* Bioquímicas, reacciones; Metabólicas, reacciones
 cambios de energía libre en, 89-91
 exergónicas y endergónicas, 89
 exotérmicas y endotérmicas, 87
 predicción del sentido, 88
- Quimioatrayentes, 699
- Quimioautótrofos, 215
- Quimiocina, alelos para receptor de, y supervivencia en infección por VIH, 624PH
- Quimiocinas en la activación de células T, 702
- Quimioosmótico, mecanismo, 187f, 188
- Quinonas, 192f, 223-224, 224f, 225f, 227. *Véase también* Ubiquinona (UQ, coenzima Q)
 radicales libres, 224f
- Quística, fibrosis (CF), 160, 292, 476
 regulador de conductancia transmembrana (CFTR), 160PH-161PH
- Quitina, 46-47
- R**
- R, grupos (cadenas laterales), de aminoácidos, 50f, 51-54, 52f
 código genético y, 466, 466f
 en enzimas, 60, 60f, 97, 98f, 99, 99f
 estructura y función de proteínas, 54
- R, lazo, técnica de investigación, 449-450, 450f, 451f
- R. *Véase* Gases, constante universal de (R)
- 2R, hipótesis de evolución, 409
- Rab, proteínas de unión, 304, 305f, 365f, 366
- Radiación
 carcinógeno, 663, 665
 daño del DNA por, 562, 562f, 565, 566, 566PH-567PH
 y puntos de revisión en el ciclo celular, 577-578, 578f
 mutágeno, 394
 tratamiento del cáncer, 662-663, 676-677, 682
- Radicales libres, 33, 34PH-35PH
 daño del DNA por, 565
 quinonas, en la fotosíntesis, 224f
 símbolo, 34PH
- Radioisótopos, 742c
 usos en investigación, 742-743
- Radón, daño del DNA por, 567PH
- RAF*, genes, en genoma humano, 679np
- Raf, proteína, 640-641
- Ran, proteína, y transporte nuclear, 490-491, 490f
- Ranvier, nodos de, 164f, 167, 167f
- RAS*, genes, 638-639, 679np, 682, 689VE-690VE
- Ras, proteínas, 638-639
 activación de linfocitos, 717
 proteínas de membrana, 136
- Ras-cinasa de MAP, cascada de, 638-641, 640f
- Ratón desnudo, 17f
- Rauscher, virus de leucemia murina de (R-MLV), 687VE
- Rayos X
 cristalografía, 57, 57f, 752-753
 difracción, 752-753
- RB*, gen, mutaciones, en retinoblastoma, 673f, 674
- Rb, proteína reguladora, en ciclo celular, 577f, 674-675
- rDNA. *Véase* Ribosómico, DNA (rDNA)
- Reacción, velocidad de, 94-96, 95c, 97, 99, 101-104, 102f, 103f, 105f
 concentración de reactivo (sustrato), 89-90, 101-103, 102f, 103f
 ecuación de Michaelis-Menten, 103
 efecto de enzimas en, 94, 95c
 energía de activación, 95-96, 96f
 factores limitantes de la velocidad, 101-102
 gráfica de Lineweaver-Burk, 103, 103f

- relación de Michaelis-Menten, 101
 velocidad inicial, 101-102, 102f
 velocidad máxima ($V_{\text{máx}}$), 102, 102f
 efectos de inhibidores enzimáticos, 104, 105f
- Reacción a estímulos como propiedad de la célula, 6
- Reactivos. *Véase también* Sustratos de enzimas
 concentración, y cambio de energía libre (ΔG), 90, 91
 en estado de transición, 96
- RecA, proteína, en recombinación genética, 608
- Recambio, número de (constante catalítica), 6, 95c, 102
- Recaptación de neurotransmisor, 170
- Receptor
 endocitosis mediada por (RME), 311, 312f, 321VE-324VE
 tratamiento de enfermedades lisosómicas, 310PH
 regulación a la baja del, 314
- Receptor y ligando, complejos, endocitosis, 315f
- Receptoras, proteintirosincinasas (RTK), 619, 634, 635f, 636-638, 641-642
- Recesivos, alelos, 389-390
- Recocido (renaturalización) del DNA, 402-403, 403f, 404f
- Recombinación
 frecuencia, 394, 421
 intermediarios, 608
 nódulos, 603f
- Recombinante, DNA
 cómo se crea, 760, 760f
 tecnología, 758-763
- Reconocimiento
 secuencias. *Véanse también* Señal, secuencias; TATA, caja (secuencia)
 cola poli(A), 452
splicing de RNA, 453, 453f
 señales. *Véanse también* Señal, secuencias; Clasificación, señales
 captación de proteínas, 318
 transporte de proteínas, 376, 302
- Recuperación de proteínas que "escaparon" del retículo endoplásmico, 302, 302f
- Redox
 control, 230-232, 232f
 potenciales, 189-191. *Véase también* Estándares, potenciales redox
 portadores de electrones, 192-193, 193f, 194
 reacciones (de oxidación-reducción), 108
 cambio de energía libre estándar, 190
 fotosíntesis y, 218
- Reducidas, coenzimas. *Véase también* FADH₂; NADH
 ciclo
 de ácidos grasos, 186f
 TCA, 185f, 187
 energía, 188
 formación de ATP y, 187-188
 fosforilación oxidativa, 187, 187f
- Reducido
 dinucleótido
 de flavina y adenina. *Véase* FADH₂
 de nicotinamida y adenina. *Véase* NADH
 estado, 108
- Reductor, poder, 114
- Reductores, agentes, 108, 189-190
 durante la fotosíntesis, 218, 223, 228
- Refractario, periodo, después de un potencial de acción, 166, 167f
- Regulación
 como propiedad de la célula, 6-7, 6f
 señalización por proteínas G (RGS), 623
- Regulada
 secreción, 275
 vía secretora, 276f
- Reguladora, región
 DNA, y factores de transcripción, 447, 518, 518f
 genes, 518, 518f
 genomas, participación en diferencias entre organismos, 416
- Reguladores
 genes, del operón bacteriano, 510f
 linfocitos T (células T_{Reg}), 703
- Reinos, 27VEc, 28VE
- Renal, cáncer, incidencia, 663f
- Renaturalización (recocido) del DNA, 402-403, 403f, 404f
- Reparto, coeficiente de, 148, 148f
- Reperusión, daño por, 259PH
- Réplica, siembra en placa de, 762, 762f
- Replicones, 556, 558f
- Replisoma (holoenzima polimerasa de DNA III), 552-554, 553f
 en eucariotas, 558
- Reposo, potencial en, 164-165, 166f
 cómo se mide, 164, 164f
 potencial de membrana y, 164
- Represores
 eucariotas (silenciadores), 528, 528f
 operón bacteriano, 510-512, 510f, 511f, 513
- Reprimibles, operones, 511f, 513
- Reproducción
 celular, 570-615
 propiedad de la célula, 5
 sexual y número cromosómico, 599-600
- RER. *Véase* Rugoso, retículo endoplásmico (RER)
- Residuos, 51. *Véase también* Aminoácidos
 canales iónicos, 174VE, 174VEf
 código genético y, 466
 hidrófilos (polares) e hidrófobos (no polares), 54, 54f
 plegamiento de polipéptidos y, 80VE
- Resolución (poder de resolución)
 amplificación y, 729f
 microscopio óptico, 727-728
 límite, 729
 ojo, 729f
- Respiración
 aerobia, 179-213
 y formación anaerobia de ATP, 188PH-189PH
 fotosíntesis y, 218, 218f
- Respiratoria, cadena. *Véase* Electrones, transporte, cadena de
- Restricción
 endonucleasas de (enzimas de restricción), 758-760
 descubrimiento de intrones, 449f
 mapeo de, 759-760, 759f
 punto de, ciclo celular, 574np
- Resveratrol, 35PH
- Retina
 excitación de bastoncillos en, 632
- GPCR, 632-633
- receptores de proteína G y muerte celular en, 622
- Retinal en transporte activo, 161-162, 162f
- Retinitis pigmentosa, 623PHc
 GPCR defectuosos, 623PH-624PH
 mecanismo de la ceguera, 622
- Retinoblastoma, 673-675, 673f
 base genética, 673-674
 genes supresores tumorales, 672c
 mutaciones del gen *RB*, 673f
- Retroalimentación, inhibición por, de vías metabólicas, 115, 115f
- Retrotransposones, 413
- Retrovirus (virus tumorales de RNA), 665-666
 genes transformantes y, 689VE
 oncogenes y, 670, 679, 686VE-690VE
 orígenes evolutivos, 413
 terapia génica, 769-770
 viriones a partir de, 687VE
- Reumática, fiebre, 719PH
- Reumatoide, artritis, 719PH
- Reversibles, inhibidores enzimáticos, 103-104
- RF. *Véase* Liberación, factores (RF, eRF)
- RGD, secuencia (arginina-glicina-ácido aspártico), 246f, 251, 251c
 medicamentos contra apoplejía y ataque cardíaco, 251, 251f
- Rh⁺, fenotipo, 706
- Ribointerruptores, 513
- Ribonucleasa P en procesamiento de pre-tRNA, 444
- Ribonucleasas, desnaturalización y nuevo plegamiento, 63, 63f
- Ribonucleico, ácido. *Véase* RNA
- Ribonucleoproteínas (RNP), 451, 451f, 491, 491f. *Véanse también* Pequeñas, ribonucleoproteínas nucleares (snRNP); Pequeñas, ribonucleoproteínas nucleolares (snoRNP)
- Ribosomas, 8f, 10f, 11, 11f, 283, 283f, 432, 437, 477f
 codones de detención y, 475, 476
 envoltura nuclear y, 487
 libres y unidos a membrana, 284, 286
 membrana tilacoidal, 320f
 mitocondrias, 181f, 182
 relación con ribozimas, 458, 480VE
 relaciones entre estructura y función, 472, 473f
 salto traduccional, 536
 síntesis de proteína, 286-287, 286f, 431f, 470-471, 471f, 472
 en elongación, 473-475, 474f
 fijación a mRNA, 470, 471f, 472np, 477f
 movimiento a lo largo del mRNA, 474, 474f, 475
 y marco de lectura, 470, 475
 sitio A (aminoácido) de, 472, 473f
 sitio E (exit) de, 472, 473f
 sitio P (peptidilo) de, 471, 471f, 472, 473f
 sitios de unión a tRNA, 472, 473f
 subunidades, 76, 77-78, 77f, 429f, 440, 442, 472, 473f
 autoensamblaje, 77-78
 que cruzan la envoltura nuclear, 488, 488f
 qué significa "S", 440np
 sitio de transferencia de peptidilo, 480VE
- Ribosómico, DNA (rDNA), 437-438, 438f, 439f

- Ribosómicos, RNA (rRNA), 76, 76f, 432, 432f. *Véase también* RNA
 elongación de un polipéptido naciente, 473, 474f
 estudios de evolución molecular, 26VE-27VE, 26VEf
 funciones, 432, 472
 genes, 439f
 repeticiones en tándem, 439
 y espaciadores no transcritos, 440
 “huellas digitales” electroforéticas, 26VEf
 inicio de síntesis de proteínas, 471f
 intermediario de 32S, 441, 441f, 442f
 intermediario de 41S, 442f
 moléculas de 5S, 437c, 438f, 440, 442f
 síntesis y procesamiento, 442-443
 moléculas de 16S, 26VE
 moléculas de 28S, 18S, 5.8S, 437c, 438f, 440-441, 440np, 441f, 442f
 precursores. *Véase* Pre-rRNA
 procesamiento, 440-442, 441f, 442f, 443f
 promotores, 440, 440f
 relaciones evolutivas y, 26VE-28VE, 27VEf, 27VEc
 síntesis, 438-442, 439f
 estudios, 440-442, 441f
 transcripción primaria de 45S, 441, 441f
 sucesos de separación, 441, 442f
 unidad de transcripción, 440, 440f
- Ribozimas, 76
 cabeza de martillo, 76-77, 76f
 descubrimiento, 453, 478VE-480VE
 elongación del polipéptido naciente, 473, 474f
 en empalme, 455f, 456
 evolución, 458
 sintéticas, 458
 transferasa de peptidilo, 473, 480VE
- Ribulosa, 1,5-difosfato (RuBP)
 fijación de dióxido de carbono, 230
 fotorrespiración, 232, 233f, 234f
 síntesis de carbohidratos, 231f
- Riñón
 cáncer, incidencia, 663f
 membrana basal glomerular (GBM), 241-242, 242f
 y síndrome de Alport, 244-245
 túbulos, y zonas de oclusión, 265
- RISC, complejo proteínico (complejo de silenciamiento inducido por RNA), 460f, 461, 463
- Rixutan en tratamiento del cáncer, 683
- RNA, 75. *Véanse también* MicroRNA (miRNA); Nucleicos, ácidos; y tipos específicos, p. ej., Heterogéneos, RNA nucleares (hnRNA)
 antisentido, 459, 464
 bicatenario (dsRNA), 459-461, 459f, 460f, 472
 bibliotecas, 774
 catalizadores, 453, 473, 478VE-480VE. *Véase también* Ribozimas
 implicaciones evolutivas, 457-458
 complejo de silenciamiento inducido por. *Véase* RISC, complejo proteínico (complejo de silenciamiento inducido por RNA)
 complementariedad, 432f
 edición de, 536
 empalme. *Véase* Splicing
 enzimas. *Véase* Ribozimas
 estructura, 75-77, 75f, 76f, 432, 432f
 evolución, 457-458
 exportación desde el núcleo, 491
 helicasas, 442, 456
 híbridos DNA-RNA
 durante la transcripción, 433, 434f
 e intrones, 449-450, 450f, 451f
 iniciadores de
 duplicación del DNA, 548, 548f, 550, 551, 551f, 552f
 eliminación, 554, 554f, 560
 eucariotas, 559, 560
 “problema de duplicación del extremo” y, 504, 504f
 interferencia (RNAi), 459-461, 459f, 460f, 461, 462PHf, 499f, 774
 aplicaciones clínicas, 461PH-462PH
 determinación de funciones de genes mediante, 774f
 uso en investigación, 333
 interferencia pequeños (siRNA). *Véase* Pequeños, RNA de interferencia (siRNA)
 mensajeros (mRNA). *Véase* Mensajeros RNA (mRNA)
 moléculas precursoras, 440. *Véase también* Primarias, transcripciones
 no codificador, 463-464
 pequeño, 459-461, 499, 499f
 nucleolares pequeños (snoRNA), 442, 443f
 pareamiento de bases complementarias, 432
 plegamiento, 432
 polaridad, 75f
 polimerasas, 432, 433, 437c
 arqueas, 435np
 cómo funcionan, 432-433, 434f
 duplicación de DNA, 550, 563
 estudios sobre, 433, 435f
 eucariotas, 436-437
 factores de transcripción, 445np
 motores moleculares, 433
 movimiento a lo largo del DNA, 434f
 operón bacteriano y, 510, 510f
 procariontes, 435-436, 435f
 relación con la plantilla de DNA, 432-433, 434f
 polimerasas de DNA dependientes de. *Véase* Inversa, transcriptasa
 procesamiento
 eucariotas, 437
 coordinación con la transcripción, 457f
 regulación, 514, 515f, 531-532
 purificación, 754
 ribonucleoproteínas nucleolares pequeñas (snoRNP), 442, 443f
 sentido y antisentido, 459, 464
 silenciamiento, 459-461
 síntesis. *Véase* Transcripción
 sintéticos, 458
 tipo de azúcar, 395np
 transposición de elementos genéticos, 413, 413f
 ultracentrifugación, 754-755
 virus tumorales. *Véase* Retrovirus (virus tumorales de RNA)
- RNA I, polimerasa de, 437c, 439-440, 439f
 RNA II, polimerasa de (RNAPII), 437f, 437c, 445, 445f, 446-447
 cambios conformacionales durante la transcripción, 446f
 complejo preinicio, ensamblaje, 446f
 coordinación de la transcripción y el procesamiento, 457f
 dominio carboxilo terminal (CTD), 446, 446f, 457, 457f
 elongación de polipéptidos nacientes, 447
 fosforilación, 446-447, 446f
 promotores, 445, 445f
 transcripción, 445-447
- RNA III, polimerasa de, 437c
 promotores, 442-443, 442np
 transcripción
 de rRNA de 5S, 442-443
 de tRNA, 443
- RNA IV, polimerasa de, 437c
- RNA nucleares heterogéneos (hnRNA), 444-445, 444f, 447-450, 448f
 empalme y, 454
 “RNA, mundo de proteína”, 458
- RNA-RNA, dúplex, en procesamiento pre-rRNA, 442, 443f
- RNP. *Véase* Ribonucleoproteínas (RNP)
- Rodopsina
 estructura tridimensional, 616f
 mutaciones del gen de, 623PH-624PH
 percepción sensorial, 632
- Rotacional (rotatoria), catálisis, en sintetasa de ATP, 203-206, 204f
- Rotatorios, motores moleculares, 205
- Rous, virus del sarcoma de (RSV), 687VE
 oncogenes y, 688VE-689VE
- rRNA. *Véase* Ribosómicos, RNA (rRNA)
- Rsk-2 que fosforila CREB, 651
- Rubisco, 230
 fijación de dióxido de carbono, 230, 231f
 fotorrespiración, 232-233, 233f
 proteína de ensamblaje de, 79VE
- RuBP, carboxilasa de. *Véase* Rubisco
- RuBP. *Véase* Ribulosa, 1,5-difosfato de (RuBP)
- “Rueda de noria”, movimiento, de filamentos de actina, 362, 362f
- Rugosas, fracciones microsómicas, para estudiar organelos membranosos, 280-281, 280f
- Rugoso, retículo endoplásmico (RER), 282, 282f, 283f
 células eucariotas, 8f, 10f
 cisternas, 283, 283f
 envoltura nuclear y, 486f, 487
 estructura, 283f
 funciones, 284-293
 glucosilación, 290-292
 procesamiento de nuevas proteínas, 287
 procesamiento de proteínas en la luz del, 287
 retículo endoplásmico liso y, 283
 síntesis de proteínas secretoras, 285f
 sitio de entrada en biosíntesis, 284, 287, 300f
- S**
 ΔS . *Véase* Entropía, cambio (ΔS)
 S (síntesis de DNA), fase, en ciclo celular, 571-572, 571f. *Véase también* DNA, duplicación
 S, valores (unidades Svedberg), 440np
 S1, fragmento de miosina, 364, 364f
 cómo funciona, 371-372, 372f, 374f
 decoración de actina, 361

- S4, hélice transmembrana (sensor de voltaje S4), 154, 154f
canales de potasio con fuga y, 165
- Sabor
amargo, receptores (T2R), 633-634
dulce, receptores de, 634
y GPCR, 633-634
- Sacáridos, 42-47
- Sacarosa, 44, 45f
síntesis en plantas, 230, 231f
- Salino, puente, 35
- Saltatoria, conducción, 167, 167f
- "Saltarines", genes, 411-413, 412f, 413f
- Sanger-Coulson, secuenciación de, 766-767
- Sanguínea
coagulación
aterosclerosis, 316
fármacos preventivos, 251
integrinas y, 249, 251, 251f
glucosa (glucemia), 629-632
- Sanguíneas, células progenitoras, 697f
- Sar1, proteína de cubierta, 299-300, 300f
- Sarcomas
protooncogenes y, 679c
transmisión, 686VE
- Sarcómeras, 369
acoplamiento de excitación y contracción, 373-374
bandas, zonas y líneas, 368f, 369, 369f
cambios durante la contracción, 369-370, 370f
ciclo contráctil de actinmiosina, 372f
estructura, 368f, 369f, 371f
maquinaria contráctil, 369f
- Sarcoplásmico, retículo (SR), 284
fibras musculares, 373-374, 373f
- Satélite, DNA, 404, 506, 506f
localización, 407-408, 407f
- Satélite, células, 18PH
- Saturación de ácidos grasos de membrana, estado
fluidez de membrana y, 137
implicaciones para la salud, 126
temperatura y, 137, 137np
- Saturados, ácidos grasos, 47, 48f
- SC. *Véase* Sinaptonémico, complejo (SC)
- SCF, complejos, 576, 590, 590f
- Schwann, células de, 164f
- SDS-PAGE. *Véase* Sodio, electroforesis en gel de poliacrilamida-dodecil-sulfato de (SDS-PAGE)
- Secado de punto crítico, 740-741
- Secciones/cortes para microscopía electrónica, 736, 737f
óptica, 730
- Secretasa γ , 66PH, 67PHf
- Secretoras, proteínas
estudio mediante mutantes, 281, 282f
exocitosis, 306, 306f
secuencia señal (péptido señal), 285, 286f
síntesis en los ribosomas, 286-287, 286f
función de las membranas microsómicas, 281
sitios de síntesis, 277, 278f, 284
transporte, 278f
desde la red de Golgi *trans*, 304
vía desde la síntesis hasta la descarga
células acinares pancreáticas, 277, 278f
células del epitelio glandular, 284, 285f
- Secretores, gránulos (vacuolas), 275, 276f, 300f
en exocitosis, 306, 306f
formación y almacenamiento, 304
y dinámica de proteínas secretoras, 278f
- Secretora, vía. *Véase* Biosintética (secretora), vía
- Secretoras
células
polaridad, 284, 285f
y direccionamiento de proteínas, 304
sitios de síntesis de proteínas, 284
vesículas. *Véase* Secretores, gránulos (vacuolas)
- Secuenciación. *Véase también* Mapeo aminoácidos, 765-767
clasificación taxonómica, 27VE-28VE
diversidad de los procariotas, 14-15
DNA, 765-767
genoma humano, 415
borrador y versión terminada, 415
genoma vírico, recreación de un virus, 23
genomas, 415-421
insulina, 55
relaciones evolutivas, 26VE-28VE, 27VEf, 27VEc, 404
RNA ribosómico, y árboles filogenéticos, 27VEf, 28VE
- Secuencias, análisis. *Véase* Secuenciación
- Secundaria
proteínas de estructura, 55-57, 57f
plegamiento proteínico, 64, 64f
respuesta de anticuerpos (inmunorreactión secundaria), 704, 704f, 708-709
- Secundario, transporte activo, 162f, 163
en plantas, 163
- Secundarios
espermatoцитos, 601f, 605
oocitos, 601f, 605, 609VE
- Securina, 594
- Sedimentación. *Véanse también* Centrifugación; Ultracentrifugación
ácidos nucleicos, 756f
velocidad, 755
- Segmentaria, duplicación, 410np
- Segregación, ley, 390
base física, 391
- Seguidora, cadena, en duplicación del DNA, 549f, 550, 5512, 551f, 552f, 553f, 554
- Segundos mensajeros. *Véase también* cAMP
activación, 618
derivado de fosfatidilinositol, 625-627
generación, 627f
señalización celular, 617-618, 617f, 620-634
- Selección evolutiva, 416, 416np
- Selectinas, 255-256, 256f, 263f
anticuerpos contra, 259PH
inflamación, 259PH, 259PHf
inhibidores, 259PH
- Selectiva
expresión génica, 514-538
precipitación, 746
- Selectivos, filtros, en canales iónicos, 152f, 153, 154
- Selenocisteína, 475np
- Semiconservativa, duplicación, 543-546, 543f
- Semidiscontinua, duplicación, 548-550, 549f
- Semipermeable, membrana, 149
- Señal
hipótesis, para síntesis de proteínas, 285, 286f
peptidasa, procesamiento de proteínas, 287
péptidos. *Véase* Señal, secuencias secuencias
clasificación de proteínas, 276, 302
direccionamiento de proteínas, 276, 304, 318
presecuencia, 318, 319f
proteínas nucleares, 488-489
"exportación del ER", 299
recuperación de KDEL, 302, 302f
recuperación de proteínas, 302, 302f
señales
de internación, en receptores de membrana, 323VE
de reconocimiento, 276, 302, 318
síntesis de proteínas, 285, 286-287, 286f
eliminación en proteína nueva, 286f, 287
- Señales
amplificación de, cAMP en, 631
partícula de reconocimiento de (SRP), síntesis de proteínas secretoras, 286, 286f, 287
receptor de partícula de reconocimiento (SRP), 286, 286f, 287
señal de recuperación, 302
transducción, 617. *Véase también* Celular, señalización
maquinaria acoplada a membrana para, 620f
receptores acoplados a proteína G, 620-624
terminación, 622-623
a través de membranas, 122, 122f
vía(s)
activación de linfocitos, 717-718
catalizadores, 618, 618f
comunicación cruzada en, 649, 650-651
óxido nítrico y cGMP en, 652f
transductores, y activadores de transcripción (STAT), 718
transmisión
"adentro hacia afuera", 249
adhesiones focales, 252
"afuera hacia adentro", 250
caderinas, 262
cateninas, 261f
integrinas y, 250, 252, 253f
a través de membranas, y moléculas de adhesión celular, 262-263
- Señalización
enzimas, vía de señalización corriente abajo, activación, 638
inicio de la fase S del ciclo celular, 572
proteínas de
activación de RTK, 635
diversidad, 637f
dominio SH2, sitios de unión para, 642-644
vías de señalización corriente abajo
activación, 637-638
vías, 618
activación, 618
activadas por IRS, 643f
complejidad, 649

- Señalización, vías (*cont.*)
 comunicación cruzada entre dos, 651f
 convergentes, 649, 650
 divergentes, 649, 650
 plantas, 645
 puntos de revisión en el ciclo celular, 578f
 resumen, 617f
 "Señalización", receptores, en vía endocítica, 314, 315, 315f
 Senescencia, 505, 668
 Sensorial, percepción, receptores acoplados a proteína G, 632-634
 Separación de la carga
 dipolos, 37
 fotosistemas, 223, 227
 por transposición de electrones, 198
 Separados, genes, mosaico o interrumpidos, 447-450
 implicaciones evolutivas, 457-458
 intrones y exones, 448
 Ser humano, trastornos. *Véase* Enfermedades
 SER. *Véase* Liso, retículo endoplásmico (SER)
 Seres humanos
 evolución, 417-418, 502PH, 503PHf
 orígenes
 haplotipos y, 421PH
 variación genética y, 404
 similitud genética, 418
 variaciones genéticas, 418
 Serotonina
 estimulación de la formación de cAMP, 625f
 recaptación, 170
 Seudogenes, 411, 411f
 Seudohipoparatiroidismo, 623PHc
 Sexual, reproducción, y número cromosómico, 599-600
 Sexuales, cromosomas. *Véase también* X, cromosomas
 heterocromatina, 496-497
 número anormal, 607PH
 proteína SRY, 522
 SH2, dominio, proteínas de señalización con, sitios de unión, 642-644
 SH2, dominios, 636-638
 interacciones proteína-proteína de, 635f
 SH3, dominio, 61-62, 62f, 63f
 Shaker, canal iónico, 154f
 Shine-Dalgarno, secuencia de, y codón de inicio, 470
 Sic1, inhibidor, 575
 Sida (síndrome de inmunodeficiencia humana). *Véase también* Humana, virus de inmunodeficiencia (VIH)
 alelos MHC presentes, 711
 células T colaboradoras, 703, 710-711
 GPCR defectuosos, 624PH
 resistencia a fármacos, 107PH
 tratamiento de interferencia de RNA, 461PH
 σ , factores, transcripción en procariotas, 435-436, 435f
 factores de transcripción de polimerasa de RNA II y, 445f
 Sildenafil, 653
 Silenciadores. *Véase* Represores, eucariotas (silenciadores)
 Silenciamiento de genes. *Véase* Transcripción, represión
 Silvestre, tipo, 392
 Simbióticas, bacterias. *Véase* Endosimbiontes
 Simios y ser humano, cromosomas, 502PH, 503PHf
 Simple, difusión, 148-156. *Véase también* Difusión
 Simporte, 163
 Sin sentido
 decaimiento mediado por secuencias (NMD), 475-476
 mutaciones, 475
 Sinapsis, 168-170, 168f, 602
 disfunción, y enfermedades del sistema nervioso, 170
 efectos de fármacos, 170
 formación, y *splicing* alternativo, 532
 Sináptica
 hendidura, 168, 168f, 169, 169f
 plasticidad, 170
 transmisión, 168-170
 edición de RNA, 536
 secuencia de sucesos, 169, 169f
 Sinápticas, vesículas, 168, 168f
 en neurotransmisión, 169, 169f
 y proteínas de acoplamiento SNARE, 305
 Sináptico, botón. *Véase* Terminal, botón
 Sinaptonémico, complejo (SC), 602f, 603-604, 603f
 SINE (elementos dispersos cortos), 408
 secuencias repetidas *Alu*, 414
 Singulete, oxígeno ($^1O^*$), 220
 Sinónimos, cambios de nucleótidos, 465-466
 mutaciones por, 487
 Sir2, enzima (regulador de información silente 2), 35PH
 siRNA. *Véase* Pequeños, RNA de interferencia (siRNA)
 Sistemas
 cerrados y abiertos, 93
 energía interna (*E*), 86-87
 cambios de energía (ΔE), 86-87, 87f
 entropía y, 88f
 Sistémico, lupus eritematoso (SLE), 719PH
 autoinmunidad y, 719PH
 proteínas Sm y, 456
 Sitos inversos, 350PH
 SNARE, proteínas, 305-306, 305f, 306f
 SNF. *Véase* SWI/SNF, complejo
 S-nitrosilación, 653
 snoRNP. *Véase* Pequeños, ribonucleoproteínas nucleolares (snoRNP)
 SNP. *Véase* Un solo nucleótido, polimorfismos (SNP)
 snRNA. *Véase* Pequeños, RNA nucleares (snRNA)
 snRNP. *Véase* Pequeñas, ribonucleoproteínas nucleares (snRNP)
 Sobreenrollamiento de DNA. *Véase* DNA, superenrollado (con superenrollamiento positivo)
 Sodio
 canales iónicos, controlados por voltaje
 potencial de acción, 165, 166f
 receptor de acetilcolina, 173VE, 174VE, 174VEf
 transmisión sináptica, 169, 169f
 electroforesis en gel de poliacrilamida-dodecilsulfato de (SDS-PAGE), 770
 para estudiar las proteínas de membrana, 133, 133f, 144
 iones, cotransporte intestinal con glucosa, 162-163, 162f
 potencial de equilibrio de (E_{Na}), 165
 Sodio y glucosa, cotransportador de. *Véase* Na^+ /glucosa, cotransportador
 Sodio y potasio, bomba. *Véase* Na^+/K^+ , ATPasa de (bomba de sodio-potasio)
 Solutos, 38
 difusión a través de las membranas y zonas de oclusión, 265
 movimiento a través de membranas, 121-122, 122f, 147-163
 difusión, 148-156
 energética, 147-148
 ósmosis y, 149, 149f
 polaridad, 148
 Somática, hipermutación, 708
 Somáticas, mutaciones, GPCR defectuosos en, 624PH
 Sombra, proyección de, 738-739
 procedimiento, 738f
Splicing, 452-457, 478VE
 alternativo, 458, 531-532, 531f, 532f
 diferencias entre organismos, 416
 elementos genéticos transponibles, 414np
 autos*splicing* de intrones, 453, 454, 454f, 456f, 478VE-479VE, 478VEf
 coordinación con transcripción y poliadenilación, 457f
 factores de *splicing*, 532, 532f
 y puntos, 508, 508f
 implicaciones evolutivas, 457-458
 intermediarios formados, 455f, 457, 457f
 mecanismo, 453-457, 455f
 moléculas requeridas, 454-456
 precisión, 453
 pre-mRNA
 exportación desde el núcleo y, 491
 puntos, 508, 508f
 proteínas, 536
 señales, 453, 453f, 453np
 sitios, 453, 453f, 455f
 en pre-mRNA, 453, 453f, 455f
 SPT. *Véase* Individual, partícula, seguimiento
 SR. *Véase* Sarcoplásmico, retículo (SR)
 Src, cinasa de proteína. *Véase también* Proteína, cinasas de e integrinas, 252, 253f
 src, dominios de homología. *Véanse* SH3, dominio; SH2, dominios
 src, gen, en virus tumorales, 688VE
 src, oncogén, 670
 SRC, oncogén, 680
 SRP. *Véase* Señales, partícula de reconocimiento de (SRP)
 SSB. *Véase* Monocatenario, DNA, proteínas de unión a
 START, punto de transición, del ciclo celular, 574, 575f
 STAT, factores de transcripción, 637f, 638
Streptococcus pneumoniae. *Véase* *Pneumococcus* Subcelular
 fraccionamiento, 279-280, 280f, 744-746, 745f
 localización, 576-577, 576f
 Subenrollado, DNA (con superenrollamiento negativo), 400
 transcripción, 434f
 Submitocondriales, partículas, y formación de ATP, 202, 202f

- Succinato, deshidrogenasa de, 195f
estructura y función, 196
- Suero, 71, 664
privación de, células cancerosas y, 664f
- Suicidio de células, 3. *Véase también*
Apoptosis
- Sulfhidrilo, grupo, 41c
- Sulfuro, iones, en centros de hierro y azufre,
192, 193f
- Superenrollado, DNA, 434f
duplicación del DNA, 547, 547f
formación de cromosomas mitóticos,
582
- Superenrollamiento positivo de DNA. *Véase*
DNA, superenrollado (con
superenrollamiento positivo)
- Superfamilias de proteínas, 74-75
- Superficial, área, de una célula, 20-21
- Superóxido
dismutasa de (SOD), 34PH
radical, 34PH
- Suprarrenoleucodistrofia (SLD), 210PH
- Supresoras, citocinas, para enfermedad auto-
inmunitaria, 720PH
- Surco de separación en citocinesis, 596f
sitio en que se forma, 597f
- Suspendidas, células, 572. *Véase también*
Celular, ciclo, puntos de revisión
daño del DNA y, 577-578, 578f
- Sustrato
adhesión celular a, 239f, 240f, 246f, 247,
252-254, 252f
y adhesiones focales, 253f
fosforilación al nivel del, 110f, 111f, 112,
113
y fosforilación oxidativa, 189
localización celular, 378, 378f, 381, 381f
tratamiento de reducción del, trastornos
del almacenamiento lisosómico,
310PH
- Sustratos de enzimas, 94
cómo actúan en ellos las enzimas, 97-100,
98f
complejo con enzimas, 85f, 97, 97f
velocidad de reacción, 103f
- SUV39H1, enzima, 499f, 528f
- Svedberg, unidades (valores S), 440np
- SWI/SNF, complejo, 527, 527f, 528f
- T**
- T, antígeno (antígeno T grande), del virus
SV40, 558, 559f
- T, linfocitos. *Véanse también* Citotóxicos,
linfocitos T (CTL);
Colaboradores, linfocitos T
(células T_H)
activación, 693f-694f, 701-703, 710
de señales de superficie celular, 716-
717, 716f
apoptosis, 654
complejo mayor de histocompatibilidad
y, 711-713
complejos de receptor antigénico ligado
a membrana, 709
distinción de lo propio y lo ajeno, 715-
716
estructuras receptoras de antígeno en,
709f
inmunidad celular, 697
inmunorreacción, 698f
interacción con células presentadoras
de antígeno, 722VE
mecanismo de acción, 701-703
presentación de antígeno a, 711-713,
711f
recién formados, destino, 715f
regulador, 703
tratamiento
cáncer, 684
enfermedades autoinmunitarias,
720PH
- T, linfocitos, receptores (TCR)
antígeno ligado a membrana, 709
complejo MHC-péptido y, 724VEf
distinción entre lo propio y lo ajeno,
715
enfermedad autoinmunitaria, 718PH
regiones determinantes de comple-
mentariedad y propiedades,
723VE-724VE
señalización celular, 619
transposiciones de DNA, 706-709
- T1, plásmidos bacterianos, 771
- Tabaco, virus del mosaico del (TMV), 21,
21f
autoensamblaje, 77
- Tabaquismo y cáncer pulmonar, 666
- TAF. *Véase* TBP, factores relacionados con
(TAF)
- Talina, unión a integrina, 250, 250f, 253f
- Tándem, repeticiones de DNA en, 404
cómo se producen, 410, 410f
espaciadores no transcritos y, 440
genes de rRNA, 439
uso en la identificación de personas,
405f
- Taq, polimerasa, 763
secuenciación de DNA, 766-767
- Tardíos, endosomas, 315, 315f
- TATA
caja (secuencia), 445, 445f, 446f, 522-523,
522f, 527f, 528f
proteína de unión a (TBP), 445-446, 445f,
445np
- τ (tau), proteína relacionada con microtúbulo-
s, 335
- Taxol, efectos en microtúbulos, 345
- Taxonomía, clasificación
método de secuenciación, 27VE-28VE
procariotas, 13
- Tay-Sachs, enfermedad de, 310PH
- TBP, factores relacionados con (TAF), 445f,
525f, 526, 527f
- TBP. *Véase* TATA, proteína de unión a
(TBP)
- TCA, ciclo, 108f, 109, 185-187, 185f, 186f
ecuación neta, 186
sustratos, 185f
potenciales redox, 191
transferencia de electrones en, 185f, 191
vías catabólicas y, 186f
- TCR. *Véase* T, linfocitos, receptores (TCR)
- T-DNA, transformación, 771
- tDNA. *Véase* Transferencia de DNA (tDNA)
- Tejidos, 239
blandos, cánceres, incidencia, 663f
cultivo. *Véase* Celulares, cultivos
formación
función de caderinas, 258
función del reconocimiento entre célu-
las, 255, 255f
organización, 240f
- Telofase (mitótica), 571f, 580f, 594-595,
594f
- Telofase I (meiótica), 506, 600f
- Telofase II (meiótica), 600f, 606
- Telomerasa
cáncer y, 505-506
cómo funciona, 504f, 505
- Telómeros, 503-506, 503f
animales clonados, 513np
encogimiento (acortar), 505
envejecimiento y, 505
funciones, 505
leptoteno meiótico, 603, 603f
secuencias conservadas, 503-504
- Temperatura
absoluta (K), 88, 90
fluidez de membrana y, 136-137, 137f, 138
no permisiva (restrictiva) y permisiva, 546
saturación de ácidos grasos y, 137, 137np
transición, de bicapa lipídica, 136-137,
137f
- Temperatura, mutantes sensibles a la (ts),
279f, 546, 574
estudios de transporte de proteínas,
279, 279f
- Tendones, colágenos en, 244
- Teratoma a partir de células madre embrio-
narias, 19PH
- Terciaria, estructura, de proteínas, 57-58,
57f, 58f
- Terminación
lectura del codón de, 536
síntesis de proteínas, 475
- Terminación (detención), codones, 465,
475np
mutaciones y, 475-476
prematura, 475-476, 491f
- Terminal
botón, de un axón, 164, 164f, 168, 168f
transmisión sináptica, 169, 169f
placa motora. *Véase* Neuromusculares,
uniones
- Terminal (gamética), meiosis, 600f, 601
- Termodinámica
cinética y, 94, 194-195
leyes, 86-88
reacciones
metabólicas, 90-91
químicas, 89-90
- Termodinamicamente
desfavorables, procesos, 89
favorables, sucesos, 87
- Termófilas, 13
- Testosterona, 49f
- Tétanos
inmunización, 700-701
toxina, 700-701
- Tétradas. *Véase* Bivalentes (tétradas)
- Tetranucleótido, teoría, 422VE
- Tetrosas, 42
- TFIID, factor de transcripción, 445, 445f,
445np, 446, 526, 527f
- TFIIH, factor de transcripción
actividades enzimáticas, 446
reparación de DNA, 563, 563f
- TGN. *Véase* trans, red de Golgi (TGN)
- Tilacoidales, membranas, 217, 217f
cianobacterias y, 14f
localización de enzimas, 122f
reacciones fotodependientes, 227f
- Tilacoides, 217
dominio de transferencia, captación de
proteína del cloroplasto, 320-
321, 320f
estromáticos (láminas del estroma), 217f
de los granos, 217f
- Timidina, dímeros, 567

- Timina (T), 76, 395, 396f. *Véase también*
Nucleótidos
estructura, 76f
pareamiento de bases, 397f-398f
uracilo y, como base en el DNA, 564
- Timo, 694f, 697, 698f, 714, 715-716, 718PH
antígenos independientes, 698f, 699
selección de linfocitos B por, 698f, 699
linfocitos T en, 715
- Timosinas y polimerización de actina, 376
- Tiorredoxina en control de enzimas de cloroplastos, 231-232, 232f
- Tirosincinasas, proteínas. *Véase también*
Proteínas, cinasas
activación, 717
leucemia mielógena crónica (CML),
73, 74f
- Tiroideo, carcinoma, protooncogenes y, 679c
- Tiroideos
adenomas, 623PHc
GPCR defectuosos, 624PH
tumores, 623PHc
GPCR defectuosos en, 624PH
- Tiroides, hormona estimulante del (TSH),
631c
receptor, y defectos en proteínas G,
624PH
- Tiroiditis, autoinmunidad y, 719PH
- Tirosina, cinasas de, inhibidores
2-fenilaminopirimidina, 73, 74f
pruebas de detección, 73, 74f
- Tirosinfosfatasa 1B en señalización del
receptor de insulina, 645
- Tirosinfosforilación, sitios, en receptores de
insulina, 642
- Titina, 371, 371f
- Tolerancia inmunitaria (hacia "lo propio"),
699-700
- Toll*, gen, 698-699
- Toll, receptores tipo (TLR), 698, 699
- Tonoplasto de vacuola vegetal, 310
- Topoisomerasas, 400-402, 401f
duplicación del DNA, 547
de eucariotas, 559f
- Tos ferina, 624
toxina, 624
- Toxinas
aneuploidia y, 607PH
bacterianas, 700
inmunorreacción a, 698f
de Coley, 683
enzimas que destoxifican, 284
tetánica, 700-701
tos ferina, 624
- Toxoide, 700
- TP53, gen, mutaciones, 675-677
- Tracción, fuerzas de
adhesiones focales, 252, 253f
locomoción celular, 381, 381f
- Traducción, 431-432, 431f, 470-478, 477f.
Véase también Proteínas, síntesis
eucariotas y procariotas, 477, 477f
inhibición
por microRNA, 463
por interferencia de RNA, 460f
inicio, 470-472
eucariotas, 471-472
procariotas, 470-471
resumen, 467
terminación, 475
- Traduccional
activación, de RNA mensajeros (mRNA),
534, 534f
- corrimiento del marco de lectura, 536
nivel, control de la expresión génica a, 514,
515f, 532-537
salto, 536
- Tráfico. *Véanse* Membrana, tráfico; Proteínas,
transporte; Vesicular, transporte
- trans*, red de Golgi (TGN), 294f, 295, 300f,
303f, 713-714
clasificación de proteínas, 302-304
vía endocítica y, 315f
- trans* y *cis*, dobles enlaces, 47
- Transcripción, 431, 431f, 434f, 477f. *Véase
también* Génica, expresión
acetilación de histonas y, 498, 498f, 499f
basal, maquinaria, 526
burbuja de, 434f
coactivadores, 525f, 526-528, 527f
tipos, 526
complejo de preinicio. *Véase* Preinicio,
complejos
control de la expresión génica a nivel de,
514, 515-531, 515f, 524f
sitios de DNA implicados, 522-525
coordinación con el procesamiento de
pre-mRNA, 457f
elongación de la cadena de RNA, 433,
434f
estudios, 433
eucariotas, 436-437
inicio, 445, 445f, 446f, 464
imagen de los genes durante, 439f
modificaciones postraduccionales
bases de tRNA, 447
pre-rRNA, 440, 443f
funciones, 440
motif del factor de, 519-522
polimerasa de RNA, 433, 434f
procariotas, 435-436
complejo de elongación, 436
eucariotas y, 437
inicio, 435f, 436, 436f
secuencias reguladoras, 436f
terminación, 436
regulación por microRNA, 463. *Véase tam-
bién* Transcripción, control de la
expresión génica a nivel de
represión
desacetilación de histonas, 498, 499f,
528, 528f
eucariotas, 528-531, 528f, 528np
huella génica, 530-531
metilación de DNA y, 529, 530
metilación de histonas, 498f
procariotas, 510-512, 511f
silenciamiento postraduccional
(PTGS), 459
resumen, 432-437
sitio de inicio. *Véase* Inicio, sitio de (punto
de inicio)
unidad de, 437
no ribosómica, 451f
rRNA, 440, 440f
vía de reparación de DNA acoplada a,
563, 563f
vigilancia con micromatrices de DNA,
516f-517f, 517
- Transcripción, factores. *Véanse también*
DNA, proteínas de unión a;
Generales, factores de trans-
cripción; Genes, proteínas
reguladoras; Específicos,
factores de transcripción (de
secuencia)
- activación de vías de señalización
corriente abajo, 637-638
clases funcionales, 518
diméricos, 519
dominios, 519
de activación, 519
enfermedad de Huntington y, 406PH
estructura, 518-522
eucariotas, 437
evolución en el ser humano y, 417-418
interacción con coactivadores, 526, 527f
interacción con DNA, 518-519, 519f
cómo hacen contacto, 526
estudios, 523-524, 523f
interacción mutua, 518, 518f, 526
oncogenes que codifican, 680
polimerasa de RNA II, 445, 445f
polimerasas de RNA, 445np
proteína de unión a secuencia TATA
(TBP), 445np
regulación de expresión génica, 518
represores (silenciadores), 528, 528f
unión a DNA, 519-522, 520f, 521f,
522-523
y dominios de activación, 748-749,
749f
unión de polimerasa de RNA a promo-
tor, 433
- Transcripcional, complejo de elongación, 436
- Transcripcionales
activadores, 518, 525-528, 525f
sucesos que inducen, 526, 527f
represores, 518
correpresores, 511f
- Transcrito. *Véase* Primarias, transcripciones
- Transdiferenciación de células madre, 19PH
- Transducción, 769
de energía, 86-87, 86f, 122
función de la membrana, 122, 122f
percepción sensorial, 632
señales, a través de membranas, 122, 122f
- Transfección, 333, 769-770
- Transferencia (manchado) de mRNA, 757
- Transferencia (manchado) de proteína, 770
- Transferencia de DNA (tDNA), 443
- Transferencia de RNA (tRNA), 443-444,
467-470. *Véase también* RNA
bases
invariantes, 467f, 468
modificadas, 467, 467f, 468
cómo funcionan, 467
complementariedad, 467, 467f, 468
elongación de polipéptidos nacientes, 472,
473-475, 474f
estructura, 467-470, 467f, 468f
fijación a aminoácidos, 469-470
sitio de ligadura, 467f
fijación a ribosomas, 472, 473f
genes, repeticiones de DNA, y espacia-
dores no transcritos, 440, 443,
443f
inicio de la síntesis de proteínas, 471, 471f
interacción con mRNA, 468-469, 469f
plegamiento, 468
qué hacen, 468
- Transformación
de bacterias, 423VE-424VE, 423VEf
principio de, 423VE-424VE
- Transformantes, genes. *Véase* Oncogenes
- Transgenes, 459f, 770
- Transgénicas, plantas
formación, 771f
transferencia de DNA a, 771-772

- Transgénicos
animales, transferencia de DNA a, 770-772
ratones, 770f
- Transición
anafase-G₁, 590, 590f
estado, 96
estructura, en plegamiento de proteínas, 64f
temperatura, de bicapa lipídica, 136-137, 137f
- Transición (compromiso), puntos de, ciclo celular, 574, 574np, 575f, 577f
START, 574, 575f
- Tránsito, péptido en, captación de proteína en el cloroplasto, 320
- Translesional, síntesis, 567
- Translocones
membranas de cloroplastos (complejos Tic y Toc), 320, 320f
retículo endoplásmico rugoso, 286-287, 286f
estructura, 286, 287
orientación de proteínas de membrana, 288, 288f
- Transmembrana
complejos, en membrana tilacoidal, 227f
proteínas; *Véanse también* Integrales, proteínas de membrana (proteínas integrales); Membrana, proteínas
integración en membranas, 287-288, 288f
orientación en membranas, 288, 288f, 289f
pasos múltiples, 288
receptores de carga, en vesículas de transporte, 300f, 301f
señalización, 616-665
y moléculas de adhesión celular, 262-263
- Transmembrana, proteínas, de pasos múltiples, 145f, 288
- Transmembranosos, canales
acuaporinas, 150, 151f
retículo endoplásmico rugoso (translocón), 286-287, 286f, 288, 288f
transposición de protones, 200, 201f
- Transmisión
microscopía electrónica de (TEM), 734-736
preparación del espécimen, 736-740
microscopio electrónico de, 3
- Transponibles, elementos genéticos, 412-414, 412f
enfermedad y, 413
evolución adaptativa, 414
inserción en el gen, 413
isoformas proteínicas y, 414np
significativos y "basura", 464
- Transportador del complejo de poro nuclear, 489f
- Transporte. *Véanse también* Activo, transporte; Membrana, tráfico; Vesicular, transporte
activo secundario, 162f, 163
en plantas, 163
anterógrado, 336
axónico, 336-338, 337f
función de los microtúbulos, 336, 337f
citoesqueleto y, 329f, 330, 330f
intraflagelar (IFT), 353-354, 354f
a lo largo de
microtúbulos, 330f
función de proteínas motoras, 338-342
sentido del transporte, 336, 341f
vía biosintética/secretora, 276f, 300f
proteínas motoras y, 341f
vía endocítica, 276f
organelos
a lo largo de microtúbulos, 330f, 337f
mediado por
cinesina, 340, 340f, 341-342, 341f
dineína, 340-342, 341f
miosina V y, 365f
pasivo, 147f
portadores. *Véanse también* Cubiertas, vesículas; Transporte, vesículas; Vesicular, transporte
entre retículo endoplásmico y aparato de Golgi, 297
VTC (portadores vesiculotubulares; portadores membranosos), 293, 293f, 304
proteínas. *Véase* Proteínas, transporte en membrana plasmática, 122f
receptores, en transporte nuclear, 489-490, 490f, 491, 491f
relacionado con microfilamentos, 360
retrogrado, 336, 337f
a través de
envoltura nuclear, 488-491, 488f
membranas, 121-122, 122f, 147-163
Transporte, vesículas, 275, 276f, 293. *Véanse también* Cubiertas, vesículas; Secretores, gránulos (vacuolas); transporte, portadores; Vesicular, transporte
acoplamiento en el blanco, 304-305, 305f
aparato de Golgi, 297, 297f, 298
capas de proteína, 298, 300
sentido del movimiento, 297-298, 297f
dinámica de proteínas secretoras, 278f
direccionamiento, 304-306
fijación al blanco, 304, 305f
formación, 299-300, 300f, 301f
función de los microtúbulos, 336
fusión con el blanco, 276f, 282f, 300f, 305-306, 306f
especificidad, 304, 306
movimiento hacia el blanco, 304
receptores de carga transmembrana, 300f, 301f
transporte axónico, 337f
Transposasa, 412, 412f
Transposición de elementos genéticos, 412-414, 412f
mecanismos en eucariotas, 413, 413f
Transposición (importación de proteínas), complejos
captación de proteínas en cloroplasto (complejos Tic y Toc), 320, 320f
mitocondriales (complejos TIM y TOM), 318-319, 319f
Transposiciones
cromosomas, 501PH-502PH, 502PHf y evolución humana, 502PH, 503PHf
polipéptidos nacientes, durante la elongación, 473-474, 474f, 475
Transposones, 412-413, 412f
estructura, 412, 413f
supresión por interferencia de RNA, 459-460
Transversos (T), túbulos, de fibras musculares, 373, 373f
Trasplantes
células madre, para enfermedad autoinmunitaria, 720PH
rechazo inmunitario, 710, 715
terapia de reemplazo celular, 18PH-20PH
Triacilglicerol (triglicéridos, grasas neutras), 47, 48f
TRiC, chaperonina, 68, 69f
Tricarboxílico, ácido, ciclo. *Véase* TCA, ciclo
Triglicéridos (triacilglicerol, grasas neutras), 47, 48f
Trinucleótidos. *Véase* Tripletes (trinucleótidos) del código genético
repeticiones, 405PH-407PH, 406PHf
Triosa, fosfato de. *Véase* Gliceraldehído 3-fosfato
Triosas, 42
Triples enlaces, 33
Tripletes (trinucleótidos) del código genético, 405PH, 464
hipótesis del bamboleo, 469, 469f
variabilidad, 466, 468-469
Trisomía 21, 606PHf, 607PH
Trisomías, 606PH-607PH
parciales, 503PH
Trisqueliones, 313, 313f
tRNA. *Véase* Transferencia de RNA (tRNA)
Trofoectodermo, 773
Trombo. *Véase* Sanguínea, coagulación
Trombospondina que inhibe la angiogénesis en el cáncer, 685-686
Tropomiosina, 370, 370f
contracción muscular, 374, 374f
Troponina, 370, 370f
contracción muscular, 374, 374f
trp, operón, 511f, 513
"Tubo de ensayo", evolución, 458
Tubulina, flujo de, 589f
Tubulina $\alpha\beta$, heterodímeros de, 334, 334f, 344, 344f
ensamblaje y desensamblaje, 346-347
Tubulina-GDP, dímeros, dinámica de microtúbulos, 347-348, 347f
Tubulina-GTP, dímeros, dinámica de microtúbulos, 347-348, 347f
Tubulinas
 γ , 344-345, 344f
 γ -TuRC (complejos anulares de tubulina γ), 344f, 345
ensamblaje de los microtúbulos, 346-347, 347f
marcado fluorescente, en estudios del citoesqueleto, 331, 331f
microtúbulos mitóticos, 587f, 589f, 591
nucleación de microtúbulos, 344-345, 344f, 346f
Tumoral, factores de necrosis (TNF), 702, 720PH
activación de linfocitos T, 702
apoptosis, 754-755
fuentes y funciones, 702c
interacción con receptores de TNF, 657
Tumorales
células. *Véase también* Cancerosas, células linfocitos T reguladores y, 703
mecanismos de defensa contra, 678-679
proteínas promotoras de cáncer y, 684-685

- Tumorales, células (*cont.*)
 resistentes a agentes quimioterapéuticos, 686
 secuencia de cambios genéticos, 668f
 genes supresores, 672-679
 daño del DNA y, 678f
 efectos de mutaciones en, 671f
 funciones, 670-672c
 pérdida de función, 672-673
 regulación del ciclo celular, 674-675
 síndromes asociados, 672c
 virus, 24, 665, 670, 679, 687VE-690VE
 DNA y RNA, 665-666
 identificación de genes portados por, 688VE
 transmisión vertical, 686VE-687VE
- Tumores. *Véase también* Cáncer; Malignidad
 aneuploidía y, 664
 angiogénesis y crecimiento de, 685f
 benignos, 667-668
 cambios genéticos, 667-668
 genes responsables de la formación, 672
 invasión del tejido normal por, 667f
 malignos, 662
 desarrollo, 666-667
 metilación de DNA, 529
 protooncogenes y, 679c
 secundarios, 260PH, 670
 sólidos, tipos comunes, 667
- Tumorigénesis, 666-667
 etapas, 668
 vías de señalización, 681f
- Tunelización, nanotubos de, 268, 268f
- Turgencia, presión de, 149-150, 150f
 cometido de las vacuolas, 310
- U
- Ubiquinona (UQ, coenzima Q), 191-192, 192f, 194
 cómo transfieren electrones, 195f
- Ubiquitina, 538. *Véase también* Proteasomas
 degradación de proteína y, 537f, 538
 endocitosis y, 314
- Ubisemiquinona, 192, 192f
- Ultracentrifugación. *Véase también*
 Centrifugación; Sedimentación
 separación de ácidos nucleicos por, 754-756
- Ultravioleta, radiación, 665-666, 676. *Véase también* Radiación
 daño del DNA por, 562, 562f, 566PH-567PH, 567
 y ciclo celular, 578
 transformación de células cancerosas, 665
- Umbral del potencial de acción, 165, 166f
- “Un gen-muchos polipéptidos”, concepto, 431, 458, 532
- Un gen-un rasgo, concepto, 430
- “Un gen-una enzima”, hipótesis, 431
- Un solo nucleótido, polimorfismos (SNP), 418
 haplotipos y, 421PH, 421PHf
 vinculados con enfermedad, 420PH-421PH
- Unidades motoras, 373
- Unión, complejos de, 260, 261f
- Uniones entre células, 260-262, 261f. *Véase también* Zonas de oclusión
 tipos, 260
- Uniones estrechas (zonas de oclusión), 261f, 264-266, 264f
 composición molecular, 265f
- UQ. *Véase* Ubiquinona (UQ, coenzima Q)
- Uracilo, 76
 como base del DNA, 563, 564f
 por qué la timina es mejor, 564
 estructura, 76f
- Uridina, conversión a pseudouridina, 440, 442, 443f
- Usher 1B, síndrome de, 368
- UTR. *Véase* Mensajeros RNA (mRNA),
 regiones no traducidas (no codificadoras)
- V
- V, bombas iónicas tipo, 159
- V, gen, 707
 codificación de cadenas ligeras de anticuerpo, 707f
- V(D)J, recombinasa, 707-708
- “Vacas locas, enfermedad de las”, 65PH
- Vacía, amplificación, 729, 729f
- Vacunación, 700-701
- Vacunas para enfermedad de Alzheimer, 67PH-68PH
- Vacuolares, proteínas, síntesis en ribosomas, 286-287
- Vacuolas, 276f. *Véase también* Secretores,
 gránulos (vacuolas)
 células vegetales, 8f, 310, 311f
 van der Waals, fuerzas de, 37, 37f
- Variables, números de repeticiones en tándem (VNTR), uso en la identificación de personas, 405f
- Vasopresina, 631c
- Vasos sanguíneos, inhibición de la formación, tratamiento del cáncer, 685-686
- VEGF, secreción por células cancerosas, 685-686
- Vejiga, cáncer, 663, 689VE-690VE
- Velocidad, sedimentación por, 755
- Verde, proteína fluorescente (GFP)
 estudios
 del citoesqueleto, 330f, 331
 dinámicos, 732-733, 732f
 transporte de proteínas, 277-279, 279f
- Vertebrados
 evolución a partir de los invertebrados, 409
 gametogénesis y meiosis, 601f
- Vesicantes, enfermedades, 254, 262, 360
- Vesicular
 estomatitis, proteína del gen del virus de. *Véase* VSVG (gen del virus de la estomatitis vesicular)
 modelo de transporte, 296-297, 297f
 transporte, 275, 275np, 276f, 298-307, 300f. *Véase también* Transporte, vesículas
 acoplamiento
 en el blanco, 304-305, 305f
 y fusión de la vesícula, 304-306, 306f
 cinesinas y, 340, 341-342, 341f, 366f
 clasificación y direccionamiento de proteínas, 302-304, 303f
 dentro del aparato de Golgi, 296-297, 297f, 298
 modelo de transporte vesicular, 296-297, 297f
 sentido del movimiento, 297-298, 297f
 dineínas y, 341-342, 341f
- estudios dinámicos, 323VE-324VE, 324VEf
 fijación al blanco, 304, 305f
 a lo largo de
 microfilamentos, 366, 366f
 microtúbulos, 337f, 340, 341f, 366f
 miosinas y, 365f, 366, 366f, 368
 motores moleculares, 366, 366f
 movimiento hacia el blanco, 304
 patrones de tráfico, 276
 red de Golgi *trans* a sitios blanco, 276f, 299, 303, 303f, 304-306
 regreso al retículo endoplásmico, 297f, 299, 300-302, 300f
 retículo endoplásmico al aparato de Golgi, 276f, 293, 293f, 299-300, 300f, 302f
 retrógrado, 297f, 299, 300-302, 300f
 sentido del movimiento, 341f
 a través del aparato de Golgi, 276f
 vacuna, 700
- Vesículas, 275np. *Véase también* Sinápticas, vesículas
 acoplamiento con el blanco, 304-305, 305f
 células
 animales, 8f
 vegetales, 8f
 direccionamiento, 304-306
 estudio a través del fraccionamiento celular, 279-280, 280f
 estudios dinámicos, 323VE-324VE, 324VEf
 fijación al blanco, 304, 305f
 formación, 276f, 281f, 282f, 289, 289f, 300f
 cubiertas proteínicas, 281, 281f, 298, 300
 estudio a través de mutantes, 281, 282f
 flexión de la membrana, 300, 301f
 fosfolípidos de membrana, 289
 fusión con el blanco, 276f, 282f, 305-306, 306f
 especificidad, 304, 306
 membranosas, 279, 280f, 304
 motores moleculares de, 366, 366f
 movimiento hacia el blanco, 304
 secretoras, 276f
 sinápticas, 169, 169f
 transporte. *Véase* Cubiertas, vesículas; Secretores, gránulos (vacuolas); Transporte, vesículas; Vesicular, transporte
 Vesiculotubulares, portadores (VTC; portadores membranosos), 293, 293f, 300f, 304
 transporte mediado por dineína, 341f
- Vías respiratorias, cilios de, 349, 350PH
- Vida media ($t_{1/2}$), 742
- Videomicroscopia, 733
- VIH. *Véase* Humana, virus de inmunodeficiencia (VIH)
- Vino, propiedades antioxidantes, 35PH
- Víricas, infecciones, 21-24
 tratamiento de interferencia de RNA, 461PH-462PH
- Víricos, péptidos, presentación al linfocito T, 693f
- Virión, 21-22
- Viroides, 24
- Viruela, inmunización, 700
- Virus, 21-24. *Véase también* Bacteriófagos; Humana, virus de inmunodeficiencia (VIH)

- cáncer y, 665, 670, 679, 687VE-690VE
 cómo infectan, 23, 23f, 24f
 cómo se multiplican, 23
 complejidad del genoma, 403, 403f
 control de la proliferación, 758
 diversidad, 22f
 especificidad, 22-23
 cambios, 23
 estructura, 22, 22f
 filtrables, 686VE
 gama de hospedadores, 22
 efectos de los cambios, 23
 hospedadores, 21
 inmunorreacciones
 adquiridas, 695f, 696
 innatas a, 696-697, 697f
 interacción con moléculas MHC, 713-714, 713f, 714f
 interacciones con linfocitos T, 701, 713-714, 714f
 material genético, 22f
 multiplicación, bloqueo mediante interferencia de RNA, 459-460
 oncogenes y, 679-680
 propiedades básicas, 21-22
 provirus, 687VE
 resistencia a, e interferón, 695f, 696, 718
 riesgo de cáncer y, 665-666
 ¿son seres vivos?, 22
 supresión de la expresión de MHC clase I, 714
 transmisión vertical, 687VE
 tumores y, 24
 uso para terapia génica, 24, 161PH, 769-770
 usos benéficos, 24
 Virus del herpes, 665-666
 Viscosidad y fluidez, 136np
 Visibilidad, 729-730
 Visualización, técnicas, de células vivas, 331
 Vitaminas antioxidantes, 35PH
- Vivas, células, visualización, 330-333
 VNTR. *Véase* Variables, números de repeticiones en tándem (VNTR)
- Voltaje
 canales iónicos controlados por, 152. *Véase también tipos específicos, p. ej., Calcio, canales iónicos*
 cómo se abren y cierran, 153, 153f, 154-156, 155f
 potencial de acción, 165, 166f
 transmisión sináptica, 169, 169f
 carga y potencial, 164, 164f
 dominio de detección de (sensor de voltaje)
 canal iónico de potasio, 154, 154f
 gradiente electroquímico de protones y, 198
 a través de membranas, 164-165
 cómo se mide, 164, 164f
 medición, 151
 potencial de acción, 166, 166f
 Volts, conversión a calorías, 222f
 von Hippel-Lindau, síndrome de, 672c
 VSVG (gen del virus de la estomatitis vesicular), proteína
 estudios de transporte
 en aparato de Golgi, 297f, 298
 de proteínas, 278-279, 279f
- VTC. *Véanse* Vesiculotubulares, portadores (VTC; portadores membranosos)
- W**
 WASP. *Véase* Wiskott-Aldrich, proteína del síndrome de (WASP)
- Watson y Crick
 modelo de DNA de, 388f, 397-399, 397f-398f
 pares de bases de, 397-399, 397f-398f
 propuesta de, duplicación del DNA, 399, 543, 543f
- Wee1, cinasa, 575, 576f
 Wilms, tumor de, 672c
 Wiskott-Aldrich, proteína del síndrome de (WASP), locomoción celular, 379, 380
- X**
 X frágil, cromosoma, síndrome, 406PH-407PH, 406PHf
- X, cromosomas
 desactivación, 496-498, 497np
 acetilación de histonas, 498-499, 499f
 heterocromatina, 496-497, 497f, 498
 epigenética, 506
 mosaicismo, 497
 reactivación, 497
- Xerodermia pigmentosa (XP), 566PH, 566PHf, 567
- XPA, XPB, proteínas/genes, etc.
 reparación
 defectos del corte de nucleótidos, 566PH, 567
 roturas de nucleótidos, 563, 563f
- Y**
 Y, cromosoma
 masculinidad, 607PH
 protección SRY, 522
- Yema de huevo, proteínas, captación por oocitos, 321VE
- Z**
 Z, esquema de flujo de electrones, 222f, 223
 Zellweger, síndrome de, 210PH
 Zona de adhesión, 260, 261f. *Véase también* Adherentes, uniones
 Zonas de oclusión, 266-268, 266f
 placas, 266f, 267

