

Vocabulario inglés-español de bioquímica y biología molecular (4.ª entrega)

Verónica Saladrigas*, Gonzalo Claros** y Diego González-Halphen***

AFLP: AFLP.

→ AMPLIFIED FRAGMENT-LENGTH POLYMORPHISM.

AFLP fingerprints: polimorfismo de la longitud de fragmentos amplificados.

→ AMPLIFIED FRAGMENT-LENGTH POLYMORPHISM.

amplicon: amplicón.

Conjunto de moléculas de ADN idénticas que resulta de una reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Es esencialmente un clon molecular. Véase CLONE y PCR.

amplified fragment-length polymorphism: polimorfismo de la longitud de fragmentos amplificados.

Es una variante de la técnica de la huella genética (*DNA fingerprinting*) que se basa en la amplificación selectiva, mediante una reacción en cadena de la polimerasa (PCR), de fragmentos procedentes de la digestión de un ADN genómico con un par de enzimas de restricción. Véase DNA FINGERPRINTING.

Observación: el método original de Pieter Vos y cols. consta de tres etapas: 1) la digestión del ADN con un par de enzimas de restricción (p. ej.: *EcoRI* y *MseI*) y el ligamiento de oligodesoxinucleótidos bicatenarios (adaptadores) a los extremos de los fragmentos producidos; 2) la amplificación selectiva de un conjunto de esos fragmentos mediante un par de cebadores complementarios de los adaptadores y de las secuencias de reconocimiento de las enzimas de restricción (un cebador para los extremos escindidos con *EcoRI* y el segundo cebador para los extremos escindidos con *MseI*; véase el esquema). Los cebadores disponen de tres nucleótidos sobrantes en su extremo 3' (los nucleótidos «selectivos», véase el esquema), que sólo reconocerán (y permitirán amplificar) los fragmentos de restricción que tengan los correspondientes tres nucleótidos complementarios flanqueando el sitio de restricción, reduciendo de forma considerable (1/16 por cada nucleótido selectivo) el número de fragmentos que se amplifican; 3) el análisis de los fragmentos amplificados en un gel de electroforesis. Este método puede generar una huella genética a partir de cualquier muestra de ADN, sin importar su origen ni complejidad, sin conocimiento previo de secuencia alguna y sin los inconvenientes de otros métodos de tipificación que son extremadamente

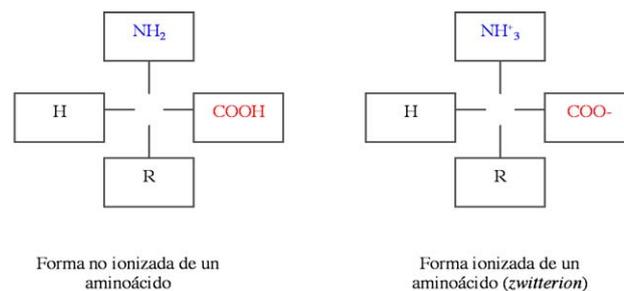
sensibles a las condiciones de reacción, a la calidad del ADN y a las variaciones de temperatura. Permite, además, la amplificación simultánea de un gran número de fragmentos de restricción (generalmente de 50 a 100) en cada análisis realizado.

Los cebadores de AFLP constan de tres partes: una secuencia de base, complementaria del adaptador (en verde); otra, que es complementaria de la secuencia de reconocimiento de la enzima de restricción (en negro), y tres nucleótidos sobrantes («selectivos», en rojo) para la amplificación específica del fragmento de restricción que contenga los respectivos nucleótidos complementarios de los selectivos.

Cebador de sitios *EcoRI* 5'-GACTGCGTACC AATTC NNN-3'
Cebador de sitios *MseI* 5'-GATGAGTCCTGAG TAA NNN-3'

amino acid: aminoácido.

Unidad estructural de una proteína. Es un ácido orgánico compuesto de un grupo amino (-NH₂), un grupo carboxilo (-COOH), un átomo de hidrógeno (-H) y un grupo distintivo o radical (-R) unidos a un átomo de carbono central (denominado «carbono α» por ser adyacente al grupo carboxilo; no marcado en la figura). En un medio acuoso de pH neutro, los aminoácidos individuales existen predominantemente como iones bipolares o dipolos (zwitteriones):



Observación: por aminoácido debe entenderse casi siempre un ácido orgánico que lleva el grupo amino en el carbono 2 (α) de la cadena hidrocarbonada, y menos frecuentemente en el carbono 3 (β). El hecho de que el

* Doctora en Ciencias Biológicas, con especialización en Biología Molecular por la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (Argentina). Traductora y revisora. Novartis Pharma AG, Basilea (Suiza)

** Doctor en Ciencias. Departamento de Biología Molecular y Bioquímica, Universidad de Málaga (España). Dirección para correspondencia: claros@uma.es.

*** Investigador titular B de tiempo completo, Departamento de Genética Molecular, Instituto de Fisiología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México, México D. F. (México).

carbono α esté rodeado de cuatro grupos diferentes le confiere actividad óptica a cada aminoácido, que entonces puede existir en dos formas especulares (isómeros) distintas: la forma levógira (L) y la forma dextrógira (D). Los aminoácidos naturales son todos levógiros. Se conocen en la actualidad 20 radicales (-R) distintos, de naturaleza tanto alifática como aromática, que dan lugar a los 20 aminoácidos naturales conocidos. Estos aminoácidos se representan con un símbolo universal de una o tres letras, a saber: alanina (A, Ala), arginina (R, Arg), asparragina (N, Asn), ácido aspártico (D, Asp), cisteína (C, Cys), glutamina (Q, Gln), ácido glutámico (E, Glu), glicocola o glicina (G, Gly), histidina (H, His), isoleucina (I, Ile), leucina (L, Leu), lisina (K, Lys), metionina (M, Met), fenilalanina (F, Phe), prolina (P, Pro), serina (S, Ser), treonina (T, Thr), triptófano (W, Trp), tirosina (Y, Tyr) y valina (V, Val). La asparragina y la glutamina son los derivados sin carga neta (las formas bipolares iónicas o *zwitteriones*) de los ácidos aspártico y glutámico, respectivamente, cuyos radicales (-R) son de naturaleza ácida a pH biológico. Cuando en una secuenciación no se distingue un compuesto del otro, se utiliza la nomenclatura «B, Asx» para la asparragina o el ácido aspártico, y «Z, Glx» para la glutamina o el ácido glutámico. Existen dos aminoácidos adicionales que se pueden incorporar de manera natural a las proteínas durante su síntesis: la selenocisteína (muy distribuida en la naturaleza y presente en algunas enzimas como la glutatión-peroxidasa y la formato-des-hidrogenasa) y la pirrolisina (presente en las bacterias del género *Methanosarcina*, del dominio *Archaea*). Los aminoácidos 21 y 22 no tienen un codón propio y se insertan en las proteínas en el lugar de ciertos codones de finalización. Véase BUILDING BLOCK.

amino acid residue: residuo de aminoácido.

Aminoácido incorporado a un péptido o a una proteína.

Observación: la reacción de condensación que ocurre entre el grupo carboxilo de un aminoácido y el grupo amino de otro cuando ambos se unen a través de un enlace peptídico suele acompañarse de la pérdida de una molécula de agua (formada a partir del átomo de hidrógeno de uno y el grupo hidroxilo del otro). Debido precisamente a esa pérdida de un átomo de hidrógeno o un grupo hidroxilo se habla entonces de «residuos» de aminoácidos. Dicho esto, cabe destacar que, en la práctica, suele hablarse de los *aminoácidos* (y no de los *residuos de aminoácidos*) de una proteína, excepto cuando se hace referencia a la secuencia de un polipéptido obtenida por la degradación de Edman.

antiport: cotransporte bidireccional.

Traslado de dos solutos de un lado a otro de una membrana biológica de forma simultánea y en direcciones opuestas. Véase COTRANSPORT.

Observación: en los libros de texto se traduce con frecuencia por «antiporte», pero en esos casos casi siempre se especifica que es un cotransporte bidireccional.

antiporter: antiportador.

Transportador de dos solutos en direcciones opuestas. Véase PORTER.

aptamer: aptómero.

Ácido nucleico sintético de unos 70-80 nucleótidos capaz de reconocer y unirse a una gran variedad de moléculas.

Observación: Los aptómeros fueron descubiertos en 1990, y desde entonces han cobrado una gran importancia en el ámbito de las técnicas diagnósticas por su capacidad de plegarse y de reconocer y unirse a dianas muy variadas (desde proteínas hasta iones metálicos, pasando por colorantes orgánicos, aminoácidos y péptidos, cofactores, aminoglucósidos, antibióticos y otros fármacos, análogos de base, nucleótidos, etc.). Se unen con una afinidad y especificidad semejantes a las que presentan los anticuerpos hacia sus antígenos; de hecho, pueden discriminar ligandos sobre la base de diferencias estructurales tan pequeñas como la presencia o la ausencia de un grupo metilo o hidroxilo, e incluso los enantiómeros de una misma sustancia. Son resistentes a endonucleasas o exonucleasas si se fabrican con nucleótidos modificados o se recubren sus extremos con ligandos específicos, y a ciclos consecutivos de desnaturalizaciones y renaturalizaciones por acción del calor u otros factores, característica poco frecuente en las proteínas, salvo las de los organismos termófilos. Se pueden marcar con cromóforos específicos (como la biotina o la fluoresceína). Hoy día es posible reemplazar los conjugados anticuerpo-enzima utilizados en el diagnóstico por conjugados aptómero-enzima, aunque todavía se desconoce la naturaleza de la interacción que tiene lugar entre estas moléculas y sus ligandos.

AP-PCR: AP-PCR.

→ ARBITRARILY PRIMED PCR.

arbitrarily primed PCR: PCR con cebado aleatorio.

Método sencillo y reproducible que permite obtener huellas de genomas complejos (*fingerprints*) utilizando cebadores de secuencia no especificada (sintetizados al azar) y la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Comprende dos ciclos de amplificación del ADN en condiciones poco rigurosas (*low stringency*) y luego una reacción en cadena de la polimerasa en condiciones de mayor rigurosidad (*higher stringency*).

Observación: en este caso específico, *arbitrary* no significa «arbitrario» (irracional, injusto, caprichoso, subjetivo), sino «aleatorio» o «azaroso» (en su acepción de *based on a chance*) y se refiere a la elección de los cebadores. De allí que, en la práctica, este método (AP-PCR) se confunda con otro prácticamente idéntico, el del ADN polimórfico amplificado al azar (RAPD). Véase DNA FINGERPRINTING y RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA.

balanced translocation: translocación recíproca.

→ TRANSLOCATION.

bioethics: bioética.

Estudio sistemático de los aspectos éticos (incluidas la percepción, las decisiones, la conducta y las políticas morales) de las ciencias biológicas en sentido amplio y

de la asistencia sanitaria, utilizando una variedad de métodos éticos en un marco interdisciplinar.

Observación: de las numerosas definiciones de «bioética» que figuran en fuentes acreditadas, hemos escogido la que consta en la *Encyclopaedia of Bioethics* (dirigida por Warren T. Reich; 3.^a edición, 1995), que reza textualmente así: «The systematic study of the moral dimensions (including moral vision, decisions, conduct and policies) of the life sciences and health care, employing a variety of ethical methodologies in an interdisciplinary setting».

biotechnology: biotecnología.

Utilización de organismos vivos (usualmente microorganismos) o de algunos de sus constituyentes (generalmente enzimas) con fines industriales; ello incluye desde las tradicionales técnicas de fermentación industrial hasta, en los últimos tiempos, la utilización de plantas y animales transgénicos para producir proteínas recombinadas con fines alimentarios o terapéuticos.

building block: unidad estructural, monómero.

→ MONOMER MOLECULE.

cDNA: ADNc.

→ COMPLEMENTARY DNA.

cDNA library: genoteca de ADNc.

Colección de fragmentos de ADN complementario (ADNc) clonados en un vector, que en conjunto representan los genes que se transcriben en un organismo o tejido en un determinado momento. En los organismos eucariontes, la genoteca de ADNc sólo contiene secuencias exónicas dado que se construye a partir del ARNm celular (los intrones, las secuencias reguladoras y el ADN intergénico no están presentes en la molécula de ARNm madura). En cambio, en los organismos procariontes los genes carecen de intrones y se pueden clonar directamente a partir del ADN genómico (ADNg); en este último caso la genoteca de ADNc es equiparable a la genoteca de ADNg, salvo en lo que concierne a las regiones reguladoras. Véanse EXON, GENOMIC LIBRARY e INTRON.

Observación: el significado de «library» es «biblioteca» en español, voz de origen griego formada a partir de *biblio-* (βιβλος, libro) y *-teca* (θήκη, caja). En este caso los hipotéticos libros de la colección (*-teca*) son genes o porciones génicas; la traducción correcta de *cDNA library* no es, pues, «biblioteca de ADNc», ni mucho menos «librería de ADNc», como se lee muchas veces en los libros de texto, sino «genoteca de ADNc».

clone: clon.

1. Conjunto de células o de organismos genéticamente idénticos, originados a partir de una única célula u organismo por reproducción asexual, por división artificial de estados embrionarios iniciales o por transferencia artificial de núcleos.

2. Conjunto de réplicas de un fragmento de ADN recombinado obtenido por técnicas de ingeniería genética. Véanse CLONING, GENETIC ENGINEERING y PCR.

Observación: son ejemplos de clones naturales las bacterias de una misma colonia, los gemelos humanos y los esquejes o estacas de un solo pie en las plantas. El ejemplo más conocido de un clon de laboratorio es la oveja Dolly, que se obtuvo por trasplante del núcleo de una célula de glándula mamaria de una oveja adulta a un óvulo al que se le había extirpado previamente el núcleo. Dolly nació de ese óvulo implantado en una madre de alquiler (*surrogate mother*).

clone, to: clonar.

Producir clones. Véanse CLONE y CLONING.

cloned DNA: ADN clonado.

Fragmento de ADN unido a un ADN heterólogo (el vector) que se ha multiplicado («replicado») en un organismo hospedador (el hospedero). Véanse CLONE y CLONING.

cloning: clonación.

1. Producción de moléculas, células u organismos clónicos (idénticos entre sí). En la naturaleza se producen clones naturales por procedimientos de reproducción asexual o agámica tales como la fisión, la mitosis, el injerto o la partenogénesis, entre otros.

2. En biología molecular, por «clonación de ADN» se entiende el aislamiento y la multiplicación de fragmentos de ADN específicos, lo cual se realiza en varias etapas. En primer lugar, el ADN de interés se purifica y digiere con enzimas de restricción, y los fragmentos de ADN obtenidos se insertan luego en vectores apropiados. Cada uno de estos fragmentos así recombinado (fragmento + vector) se introduce en células de bacterias o de levaduras que se reproducen por fisión o mitosis, de suerte que a medida que lo hacen se multiplica asimismo la secuencia recombinada que cada una alberga. Por otro lado, una célula puede contener múltiples copias del vector recombinado. A continuación, es relativamente fácil separar las células bacterianas o de levadura diluyéndolas y dejándolas crecer en placas de agarosa para que formen la colonia correspondiente. Cada colonia representa el conjunto de descendientes de una misma célula y contiene, por consiguiente, una población homogénea de moléculas de ADN recombinado (el «clon»).

Observación: en los libros de texto figuran asimismo las variantes «clonado», «clonamiento» y «clonaje». Hay quienes desaconsejan el uso de esta última por tacharla de galicismo derivado del *clonage* francés (de hecho, la terminación *-aje* es característica de muchas palabras que nos vienen del francés, como aterrizaje, coraje, cortometraje, demarraje, etc.). De todas las variantes (clonación, clonado, clonamiento y clonaje) sólo la primera está registrada en el Diccionario académico. Dése preferencia, pues, a la voz «clonación».

complementary DNA: ADN complementario.

ADN monocatenario transcrito a partir de una hebra de ARNm por medio de la retrotranscriptasa. En el laboratorio, el ARN de la doble hélice híbrida de ARN-ADN se destruye posteriormente con NaOH o con una ribo-

nucleasa para poder sintetizar luego la segunda hebra de ADN con alguna ADN-polimerasa (por lo general, es el fragmento *Klenow* de la ADN-polimerasa I de *E. coli*).

contigs: cóntigos, contigs

Conjunto de clones que representan una región continua del genoma. Tienen idénticas secuencias de nucleótidos en alguno de sus extremos y, por eso, se pueden superponer.

Observación: según John Sulston, *contig* es una palabra inventada por Rodger Staden para designar a las regiones genómicas cubiertas por clones solapados. Su traducción por «secuencia contigua» o por «clones contiguos» no transmite la noción de superposición implícita en este neologismo.

copy DNA: ADN complementario.

→ COMPLEMENTARY DNA.

cotransport: cotransporte.

Traslado simultáneo de dos solutos de un lado a otro de una membrana biológica, bien en la misma dirección (cotransporte unidireccional o simporte) o bien en direcciones contrarias (cotransporte bidireccional o antiporte). Véanse ANTIPORT Y SYMPORT.

Observación: con frecuencia se utiliza como sinónimo de «cotransporte unidireccional» (simporte), pues, a menos que se especifique otra cosa, se sobreentiende que el transporte simultáneo de dos solutos ocurre en la misma dirección.

countertransport: cotransporte bidireccional.

→ ANTIPORT.

DNA cloning: clonación de ADN.

→ CLONING.

Observación: con frecuencia se utiliza como sinónimo de «ingeniería genética». Véase genetic engineering.

DNA fingerprinting: huella genética.

Tipificación genética de un individuo sobre la base de variaciones presentes en su secuencia de ADN. En la práctica es la pauta de distribución de fragmentos de restricción del ADN en una placa autorradiográfica que, a modo de un código de barras, es propia de cada individuo.

Observación: en el ámbito de la medicina legal se conoce más comúnmente con el nombre de *DNA profiling*, aunque no sean exactamente lo mismo, pues la última es una huella genética de segunda generación. Debemos este invento a Alec J. Jeffreys y cols., que fueron los primeros en concebirla como prueba de identificación parental o individual en 1985 (*individual-specific 'fingerprints' of human DNA*). Se basa en el hecho de que en el genoma humano existen regiones de gran variabilidad que difieren en cada persona (salvo entre gemelos). Cada una de esas regiones (en color anaranjado, figura a), también conocidas como «minisatélites de ADN», consiste en un número variable de repeticiones de nucleótidos en tándem (*VNTRs, variable number of tandem repeats*). Cada repetición tiene a su vez una secuencia básica en común (*core sequence*) con otras

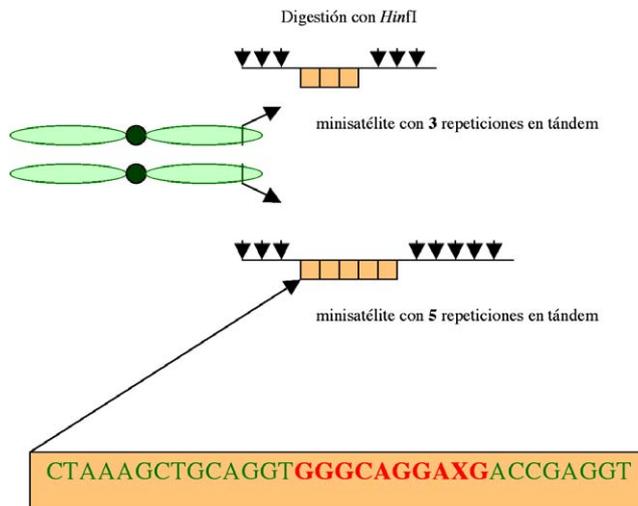


Figura 1. En verde claro se indican dos cromosomas homólogos con minisatélites (VNTR) en sus extremos. El locus correspondiente a la región del minisatélite (banda cromosómica ampliada arriba en color anaranjado) es heterocigoto con respecto a la longitud de la región (un alelo dispone de tres y el otro de cinco repeticiones en tándem). La digestión con *HinfI* (flechas negras) escinde y separa los minisatélites del resto de la molécula.

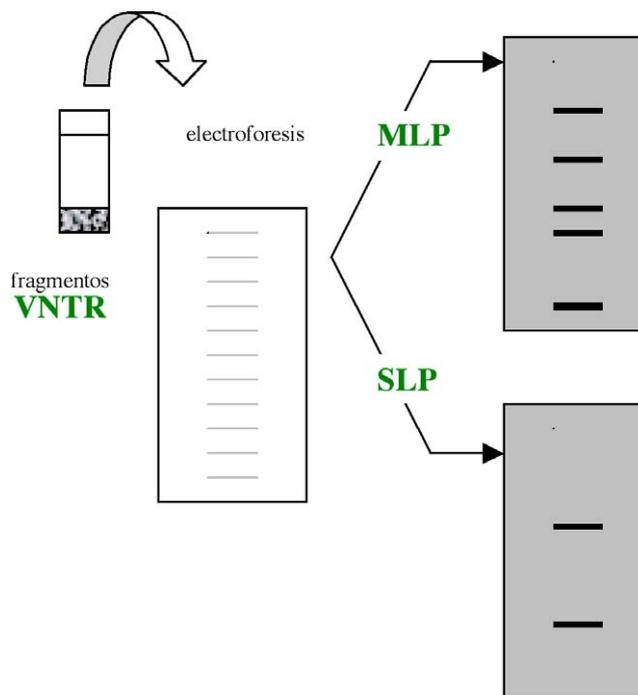


Figura 2. Las VNTR (los minisatélites en este caso) procedentes de muchos locus se separan por electroforesis y se transfieren a una membrana de nilón o nitrocelulosa. La hibridación posterior con una sonda que reconoce una secuencia en común de estas VNTR (sonda «multilocus» o MLP) revela una pauta de distribución de fragmentos de ADN semejante a un «código de barras». Si en cambio se utiliza una sonda que reconoce la secuencia específica de un locus dado (sonda «unilocus» o SLP), sólo se observan dos bandas correspondientes al minisatélite específico, una del alelo materno y la otra del paterno.

VNTR polimórficas, además de secuencias que le son específicas (véase la figura 1). Después de purificar el ADN y cortarlo con enzimas de restricción que dejan intactos los minisatélites, los fragmentos polimórficos obtenidos se separan por electroforesis (figura b) y se hibridan con una sonda radiactiva complementaria, ya sea de las regiones comunes (*multi-locus probe*, MLP) o bien de las regiones específicas de las VNTR (*single-locus probe*, SLP). Las autorradiografías resultantes revelan, en el primer caso, una serie de bandas en escalera (cada una correspondiente a una región hipervariable o a un minisatélite en particular), y en el último caso, sólo dos bandas, una que corresponde al alelo paterno y otra al alelo materno del minisatélite específico. En castellano, la técnica de Jeffreys se conoce con diversos nombres, a saber: huella digital, impronta de ADN, huella genómica, identificación dactilar, huella dactilar del ADN e impronta genética, por citar los más usuales. Véanse DNA PROFILING, MINISATELLITE y RESTRICTION MAP.

DNA profiling: perfil de ADN.

Método para identificar individuos por las características únicas de su ADN. Es, en esencia, una huella genética de segunda generación, que incorpora una reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se utiliza mucho en las pruebas de paternidad o para determinar la posible implicación en un crimen de un sujeto sospechoso. Véase DNA FINGERPRINTING.

Observación: se diferencia de una huella genética convencional en que no hace falta disponer de una gran cantidad de ADN en buen estado y en que la muestra (usualmente de sangre o saliva, o de la mucosa bucal) es objeto de una reacción en cadena de la polimerasa con cebadores fluorescentes que amplifican determinadas regiones hipervariables del ADN. Estas regiones, que no están circunscritas a los extremos de los cromosomas, como en el caso de los minisatélites, sino que se encuentran dispersas en el genoma, reciben el nombre de *short tandem repeats* (STR) o «microsatélites»; en general, la amplificación de tres o cuatro de estas regiones (locus) suele ser suficiente para obtener resultados concluyentes. Luego, el ADN amplificado se separa por electroforesis en un tubo capilar, y a medida que los fragmentos migran por el capilar un detector lee las marcas fluorescentes con la ayuda de una fuente de luz láser. Las señales digitales del láser son a su vez leídas e interpretadas por un programa informático específico, que elabora un gráfico. En éste, cada región de STR se visualiza como dos picos, correspondientes a los alelos paterno y materno, pero si no hay polimorfismo en esa región de STR (es decir, si los alelos materno y paterno son de igual longitud), sólo se visualiza un pico. Véanse DNA FINGERPRINTING, GENETIC POLYMORPHISM, MICROSATELLITE y SHORT TANDEM REPEATS.

EF-G: EF-G.

Factor de elongación de *E. coli* que promueve el desplazamiento, dependiente de trifosfato de guanosina (GTP), del peptidil-ARNt del sitio A al sitio P del ribo-

soma. En *E. coli* se conoce asimismo con el nombre de *translocase* (translocasa).

Observación: en la clasificación del Comité de Nomenclatura de la Unión Internacional de Bioquímica y Biología Molecular (NC-IUBMB) es una de las enzimas de la clase EC 3.6.1.48 de las hidrolasas. El nombre común de una enzima de esta clase es *protein-synthesizing GTPase* (GTPasa sintetizadora de proteínas), y el nombre sistemático es *GTP phosphohydrolase (mRNA-translation-assisting)* (GTP-fosfohidrolasa [auxiliar de traducción del ARNm]). Véase TRANSLOCATION.

EST: EST.

→ EXPRESSED SEQUENCE TAGS

expressed sequence tags: etiquetas de secuencia expresada.

Pequeños segmentos secuenciados a partir de los extremos de clones de ADN complementario (ADNc). Una EST se obtiene mediante una sola secuenciación automática y parcial de uno de los cientos de clones seleccionados al azar de una genoteca de ADNc. Las EST sirven para descubrir genes desconocidos, mapear un genoma o identificar las regiones codificantes de éste. Véase PHYSICAL MAP.

Observación: en castellano circula asimismo la variante «rótulos de secuencia expresada». En efecto, la palabra *tag* (sust.) tiene el sentido figurado de un pequeño trocito de información que sirve para identificar algo (*a marker made usually of cardboard plastic or metal and used for identification or classification*), acción que denota el verbo correspondiente, que es *to tag* (*to tag human genes*: identificar genes humanos). El primero en utilizar EST con vistas a la secuenciación del genoma humano fue Craig Venter en 1991 (aunque John Sulston atribuye la técnica a Paul Schimmel y colaboradores, quienes la utilizaron por primera vez en 1983 para buscar genes que se expresan en músculos). Por entonces, ya existían unas secuencias de nucleótidos que se estaban convirtiendo en los marcadores convencionales del mapa físico del genoma humano, conocidas con el nombre de STS (*sequence-tagged sites*). Las EST de Venter tenían la ventaja de que representaban una pequeña porción del genoma que se transcribía, editaba y traducía (si procedía), es decir, que se «expresaba» en la célula en un determinado momento y correspondían, por lo tanto, a regiones codificantes. La secuenciación automática y rápida de poco más de seiscientos clones de ADNc seleccionados al azar de una genoteca de ADNc comercial permitió a Venter obtener rápidamente 609 EST del genoma humano que luego se clasificaron en ocho grupos por su semejanza con secuencias registradas en las bases de datos GenBank, PIR o ProSite. En 1995, los investigadores de instituciones públicas y privadas habían aislado más de 170 000 EST, que se utilizaron para identificar más de la mitad de los 60 000 u 80 000 genes que por entonces se estimaba que tenía el genoma humano.

forensic DNA typing: perfil de ADN.

→ DNA PROFILING.

gene bank: genoteca.

Puede ser de ADN_g o de ADN_c. Véanse CDNA LIBRARY y GENOMIC LIBRARY.

gene cloning: clonación génica.

→ CLONING.

Observación: con frecuencia se utiliza como sinónimo de «ingeniería genética». Véase GENETIC ENGINEERING.

gene library: genoteca.

Puede ser de ADN_g o de ADN_c. Véanse CDNA LIBRARY y GENOMIC LIBRARY.

gene manipulation: ingeniería genética.

→ GENETIC ENGINEERING.

genetic engineering: ingeniería genética.

Conjunto de técnicas de manipulación de ácidos nucleicos con fines diversos, que sirven en última instancia para incorporar secuencias de ADN específicas de forma heredable dentro de un organismo. Todas estas técnicas tienen un denominador común, que es la clonación del ADN de interés. Véase CLONING.

Observación: una vez que el ADN ha sido clonado, se pueden multiplicar los clones individuales en cualquier momento y obtener un fragmento de ADN recombinado en cantidad suficiente, a partir de lo cual se abren diversas posibilidades, tanto en el ámbito de la investigación pura (estudio de la estructura y la función de un gen) y aplicada (obtención de plantas o animales transgénicos), como en la esfera médica (diagnóstico y tratamiento de enfermedades). Desde hace unos años, un método conocido como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) permite multiplicar una secuencia de nucleótidos sin necesidad de la clonación clásica, con la ayuda de cebadores específicos.

Puede decirse que la ingeniería genética nació en el año 1973, con el primer experimento de transformación celular y clonación de ADN llevado a cabo por los estadounidenses Stanley Cohen y Herbert Boyer. Estos investigadores habían logrado unir por vez primera un fragmento de ADN a un plásmido que servía de vector, de tal manera que al introducir la molécula construida (el constructo) en una población de bacterias, el fragmento recombinado fue capaz de transmitirse al conjunto de sus descendientes. La ingeniería genética se conoce asimismo con otros nombres, a saber: manipulación génica (*gene manipulation*), modificación génica (*genetic modification*), tecnología de ADN recombinado o recombinante (*recombinant DNA technology*), clonación génica (*gene cloning*), clonación molecular (*molecular cloning*), nueva genética (*new genetics*) y clonación de ADN (*DNA cloning*).

genetic fingerprinting: huella genética.

→ DNA FINGERPRINTING.

genetic map: mapa genético.

Representación gráfica de las distancias relativas que separan los locus de genes no alélicos en un cromosoma. Los mapas genéticos clásicos se construyen a partir de análisis de recombinación meiótica o mitótica, y

sólo permiten localizar genes de fenotipo claramente distinguible (con una función bien aparente). También se conoce como «mapa de ligamiento». La distancia entre dos locus —la «distancia genética»— se mide en centimorgans (cM). Un centimorgan equivale a un 1% de gametos recombinantes.

Observación: en opinión de los entendidos, debería desterrarse el centimorgan como unidad de recombinación, por inducir a error (el prefijo centi- normalmente significa la centésima parte de algo, cuando éste no es el caso), y reemplazarlo definitivamente por el morgan (M).

genetic marker: marcador genético.

1. Cualquier gen de expresión fenotípica fácilmente distinguible que sirva para identificar al individuo o a la célula que lo lleva, o como sonda para marcar un núcleo celular, un cromosoma o un locus. En esta acepción es prácticamente sinónimo de «marcador molecular».

2. Cualquier diferencia fenotípica heredable utilizada en análisis genéticos.

3. Cualquier diferencia entre alelos de un mismo gen que permita detectar episodios de recombinación y facilitar así la identificación de un nuevo genotipo (recombinado) por su peculiar expresión fenotípica.

genetic modification: ingeniería genética.

→ GENETIC ENGINEERING.

genetic polymorphism: polimorfismo alélico.

Existencia de múltiples alelos para un mismo locus en la población de individuos. Algunas de las diferencias entre las variantes alélicas pueden detectarse comparando los mapas de restricción de distintos individuos, con independencia de que los cambios de secuencia puedan alterar o no el fenotipo. Véanse PHENOTYPE y RESTRICTION MAP.

genEthics: genoética.

→ GENETHICS.

genethics: genoética.

Estudio de las cuestiones éticas, sociales o ambientales relacionadas con la utilización de las técnicas de la ingeniería genética, la biotecnología y otras ramas científicas conexas.

genomic library: genoteca de ADN_g.

Colección de fragmentos de ADN genómico (ADN_g) clonados en un vector, que en conjunto representan el genoma de un organismo. Véase cDNA library y cloning.

Observación: el significado de «library» es «biblioteca» en español, voz de origen griego formada por *biblio-* (βιβλος, libro) y *-teca* (θήκη, caja). En este caso los hipotéticos libros de la colección (*-teca*) son trozos de ADN; la traducción correcta de *genomic library* no es, pues, «biblioteca genómica», ni mucho menos «librería genómica», como se lee muchas veces en los libros de texto, sino «genoteca de ADN_g».

genomics: genómica.

Ciencia que aborda el estudio de la estructura, el funcionamiento y los cambios evolutivos de los genomas

de los organismos vivos valiéndose de herramientas diversas, como la bioinformática y las micromatrices (microarreglos u microordenamientos) de ADN («chips» de ADN o «biochips»). Según el objetivo perseguido, puede dividirse en genómica estructural (*structural genomics*), genómica funcional (*functional genomics*) y genómica evolutiva (*evolutionary genomics*). La genómica estructural permite construir mapas de ARN transcritos, así como mapas físicos y genéticos para cada especie; la genómica funcional posibilita el análisis simultáneo de un gran número de genes en respuesta a un determinado estímulo. A diferencia de la ingeniería genética clásica, que se limita al análisis y a la caracterización de genes concretos de los organismos, en la genómica moderna se consideran los genomas de los individuos como un sistema dinámico. De esta manera es posible analizar cómo el genoma cambia con el tiempo, interactúa e influye en las rutas metabólicas y la fisiología de un organismo.

genotype: genotipo.

1. Constitución genética de un organismo. Comprende toda la información genética codificada en el ADN cromosómico y extracromosómico.
2. Constitución genética con respecto a los alelos de uno o varios locus en estudio. Si se estudian los genes responsables de determinados caracteres, el resto del genotipo se denomina *residual genotype* o *background genotype*.

library: genoteca.

Puede ser de ADNg o de ADNc. Véanse cDNA LIBRARY y GENOMIC LIBRARY.

linkage map: mapa de ligamiento.

→ GENETIC MAP.

molecular cloning: clonación molecular.

→ CLONING.

Observación: con frecuencia se utiliza como sinónimo de «ingeniería genética». Véase GENETIC ENGINEERING.

monomer molecule: monómero.

Molécula que es objeto de una polimerización y proporciona las unidades constitucionales de la estructura básica de una macromolécula (p.ej.: los aminoácidos constituyen los monómeros o las unidades estructurales repetidas de las proteínas, que son polímeros naturales).

mutual translocation: translocación recíproca.

→ TRANSLOCATION.

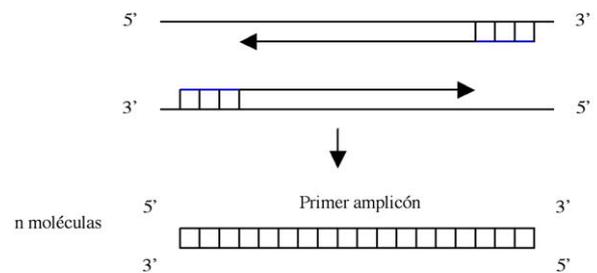
nested PCR: PCR interna, PCR anidada.

Técnica que comporta dos reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) sucesivas, con dos pares de cebadores distintos, de tal modo que los cebadores utilizados en la segunda PCR (*internal* o *nested PCR*) flanqueen una región genómica amplificada en la primera reacción en cadena (*external PCR*), como ilustra la figura. El método de la PCR interna se utiliza sobre todo cuando se tienen pequeñas cantidades del ADN de interés o cuando se quieren evitar las amplificaciones inespecíficas que a veces se observan con la PCR clásica, dado

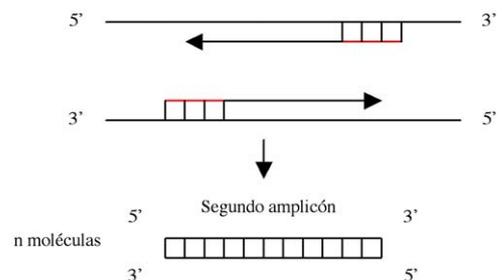
que en cada etapa se realiza un número menor de ciclos (las PCR de muchos ciclos conllevan a menudo errores de lectura y de síntesis, debido, entre otras cosas, a la falta de fidelidad de la polimerasa Taq). Además, si el producto de la primera PCR es el resultado de una amplificación inespecífica, el segundo par de cebadores internos no reconocerá la secuencia complementaria, y por consiguiente no habrá amplificación. Véase AMPLICON.

Observación: aunque el método en sí comprende dos reacciones en cadena de la polimerasa consecutivas, lleva el nombre de la segunda PCR (la *internal PCR* o *nested PCR*) por ser esta segunda reacción la que aporta el amplicón de interés. En castellano es más frecuente la denominación «PCR anidada», donde el adjetivo «anidado» se utiliza en sentido figurado como sinónimo de «interno», en referencia a los cebadores que se hibridan con regiones internas del primer amplicón.

Primera PCR con un par de cebadores externos (en azul)



Segunda PCR con un par de cebadores internos (en rojo)



new genetics: ingeniería genética.

→ GENETIC ENGINEERING.

nonreciprocal translocation: transposición.

→ TRANSLOCATION.

passenger DNA: ADN clonado.

→ CLONED DNA.

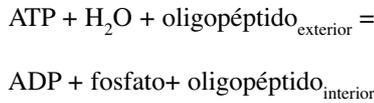
PCR: PCR.

→ POLYMERASE CHAIN REACTION.

permease: permeasa.

Proteína o grupo de proteínas que facilita el traslado de un soluto (biomoléculas, iones o proteínas) de un lado a otro de una membrana biológica mediante un mecanismo de transporte activo (con gasto de energía).

Observación: pertenecen a la clase 2 (transferasas) o 3 (hidrolasas) de la clasificación de la IUBMB. La oligopéptido-permeasa, por ejemplo, cataliza la siguiente reacción:



El nombre común de esta última enzima es *oligo-peptide-transporting ATPase* (ATPasa transportadora de oligopéptidos) y pertenece a la subcategoría EC 3.6.3.23 de la IUBMB.

phenotype: fenotipo.

1. Conjunto de características funcionales y estructurales de un individuo que resultan de la interacción de su genotipo con el medio ambiente. Véase GENOTYPE.
2. Características codificadas por los alelos de uno o varios locus en estudio.

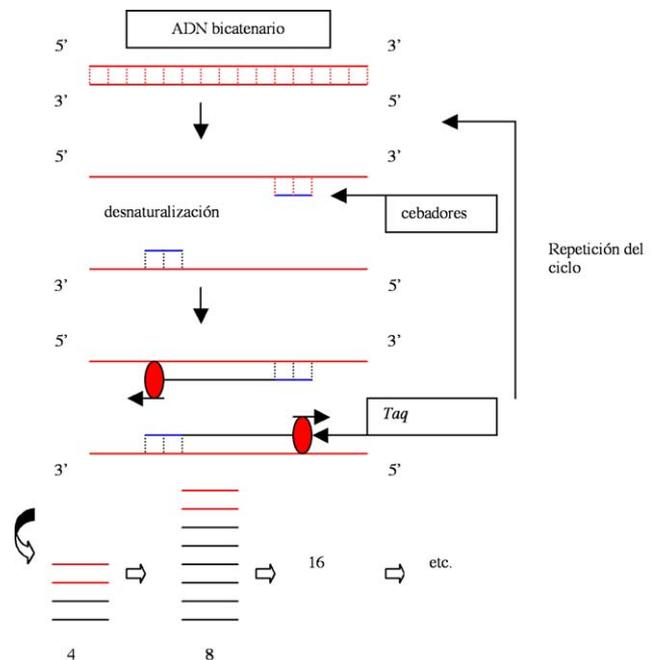
physical map: mapa físico.

Asignación de un lugar específico en el genoma a determinadas secuencias conocidas de nucleótidos, de modo que sirvan de puntos de referencia (marcas) para la futura secuenciación genómica. Estas secuencias no deben estar demasiado separadas ni demasiado esparcidas, y deben conservar una distancia entre sí que pueda conocerse con razonable precisión. En la actualidad existen varios métodos para construir mapas físicos de los genomas, a saber, *clone mapping*, *radiation hybrid mapping*, *fluorescent in situ hybridisation (FISH)*, *long-range restriction mapping*, *sequence-tagged site (STS) mapping* y *expressed sequence tags (EST) mapping*.

polymerase chain reaction: reacción en cadena de la polimerasa.

Método para sintetizar grandes cantidades de un segmento específico de ADN a partir cantidades inferiores a 1 µg del ADN de muestra (y en teoría a partir de una sola molécula de ADN). La PCR multiplica («amplifica») exponencialmente una secuencia específica de ADN bicatenario. Comprende varios ciclos divididos en tres etapas (desnaturalización, hibridación y extensión del cebador) que se resumen de la siguiente manera: primero se *desnaturaliza* el ADN por calor (aprox. a 90 °C), y luego se deja bajar la temperatura de modo que los extremos 3' de las hebras ahora separadas se puedan aparear con oligodesoxinucleótidos perfectamente complementarios, cuya longitud sea suficiente (20-30 nucleótidos) para *formar híbridos* estables con la molécula que sirve de plantilla. Estos oligodesoxinucleótidos funcionan como cebadores (*primers*), de modo que una polimerasa resistente a la desnaturalización por calor, la polimerasa Taq —llamada así por la bacteria termófila *Thermus aquaticus*, de la que se había aislado—, extiende los extremos 3' de ambos oligonucleótidos utilizando las hebras del ADN bicatenario como plantilla, proceso que se conoce como «*extensión del*

cebador» (*primer extension*). Una última desnaturalización pone fin a un ciclo y da comienzo al siguiente. Al cabo del primer ciclo se obtienen dos moléculas bicatenarias del ácido nucleico original. El ciclo anterior se repite muchas veces (el número óptimo es de 20 a 50 veces en una PCR típica), sin añadir más enzima y usando las moléculas obtenidas en el ciclo anterior como plantilla. De esta forma se produce un aumento exponencial del número de copias de la secuencia específica igual a 2ⁿ, donde n es el número de ciclos. Varios factores son críticos para la PCR: la concentración de nucleótidos, la especificidad y la longitud de los cebadores (entre 18 y 30 bases) y la concentración del ión magnesio. Por sus características intrínsecas, el método es extremadamente sensible a la presencia de moléculas de ADN contaminante, que puede dar lugar a amplificaciones inespecíficas (aparición de «falsos positivos»).



Observación: la PCR es una de las técnicas más utilizadas de la ingeniería genética en la actualidad. Produce un resultado similar al de la clonación del ADN, dado que multiplica («amplifica») de forma selectiva un fragmento de ácido desoxirribonucleico. Debemos este invento a Kary Mullis, quien, como él mismo relata en su autobiografía, tuvo la genial idea cuando conducía de regreso a casa con un amigo en abril de 1983, época en que buscaba una modificación del procedimiento de secuenciación de Sanger-Coulson («didesoxi» o enzimático). Mullis dio a conocer la PCR en una reunión científica en 1984, y en 1993 recibió el Premio Nobel de Química por este descubrimiento.

porter: transportador.

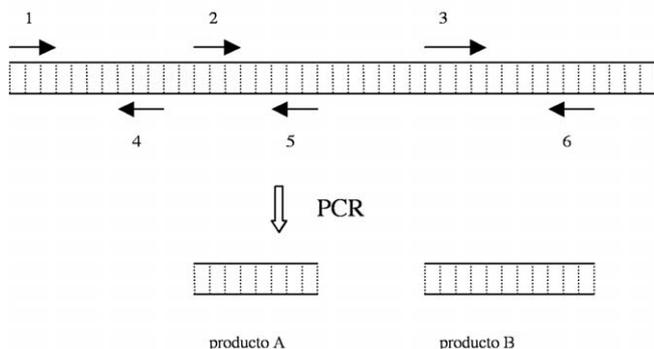
Proteína o grupo de proteínas de membrana que facilita el traslado de un soluto de un lado a otro de una membrana biológica, con o sin gasto de energía. Se di-

ferencia en tres tipos básicos, según el número de solutos transportados y su dirección de traslado: si transporta dos solutos distintos de forma simultánea (o secuencial) y en direcciones opuestas, se llama «antiportador» (*antiporter*); cuando transporta dos solutos distintos de forma simultánea (o secuencial) y en la misma dirección, se denomina «simportador» (*symporter*), y si solamente transporta un sustrato a la vez, recibe el nombre de «uniportador» (*uniporter*).

Observación: en algunos diccionarios especializados de lengua inglesa (el Singleton, entre otros), *porter* figura como sinónimo no sólo de *transporter*, sino también de *permease*, aunque generalmente este último término se reserva casi siempre para los sistemas de transporte activo (con gasto de energía). Véase PERMEASE.

random amplified polymorphic DNA: ADN polimórfico amplificado al azar.

Es una variante de la técnica de la PCR, prácticamente idéntica a la PCR con cebado aleatorio (AP-PCR), en la que se utilizan múltiples copias de un único cebador en condiciones poco rigurosas (*low stringency*). El cebador inespecífico (flechas en la figura) se une a muchos sitios del genoma (1 a 6 en la figura), y los fragmentos obtenidos (A y B en la figura) son el resultado de la amplificación de regiones cercanas del ADN plantilla flanqueadas por dos copias del cebador, orientadas en la dirección correcta (2 y 5 para A; 3 y 6 para B, en la figura). Esta técnica puede presentar problemas de reproducibilidad. Véase ARBITRARILY PRIMED PCR.



random amplification of polymorphic DNA: amplificación aleatoria de ADN polimórfico.

→ RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA.

RAPD-PCR: RAPD-PCR.

→ RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA.

reciprocal translocation: translocación recíproca.

→ TRANSLOCATION.

recombinant DNA technology: ingeniería genética.

→ GENETIC ENGINEERING.

restriction endonuclease: endonucleasa de restricción.

→ RESTRICTION ENZYME.

restriction enzyme: enzima de restricción.

Desoxirribonucleasa bacteriana que reconoce una secuencia específica de nucleótidos y luego hidroliza los

enlaces fosfodiéster de la molécula de ADN que contiene la secuencia. La escisión del ADN puede ocurrir dentro o fuera de la secuencia de reconocimiento.

Observación: la primera enzima de restricción se purificó en 1970, lo que constituyó uno de los hitos del desarrollo de la ingeniería genética, la biología molecular y la biotecnología. Su nombre deriva de la función biológica que desempeñan estas enzimas en las bacterias, que es la de «restringir» la multiplicación de ADN invasores, como el ADN de los bacteriófagos. Se clasifican en tres clases. Las enzimas de las clases I y III son complejos enzimáticos grandes, que presentan actividades de restricción y metilación. Cortan el ADN al azar, en algunas ocasiones muy lejos de la secuencia de reconocimiento. Las enzimas de la segunda clase (EC 3.1.21.4) pueden hidrolizar los enlaces fosfodiéster del ADN dentro de la misma secuencia de reconocimiento, lo que las vuelve indispensables para la manipulación del ADN. Véase ENDONUCLEASE.

restriction fragment: fragmento de restricción.

Cada uno de los oligonucleótidos o polinucleótidos resultantes de la fragmentación del ADN por la actividad endonucleasa de una enzima de restricción. Véase RESTRICTION ENZYME.

restriction fragment length polymorphism: polimorfismo de la longitud de fragmentos de restricción.

Diferencia que se observa entre los mapas de restricción de dos individuos debida a la longitud distinta de algunos fragmentos de restricción. Puede utilizarse como marcador genético. Véase RESTRICTION MAP.

Observación: en un glosario de la Sociedad Española de Bioquímica Clínica y Patología Molecular (SEQB) figura asimismo como «fragmento de restricción de longitud polimórfica».

restriction map: mapa de restricción.

1. Pauta de distribución de fragmentos de ADN en una membrana de nilón o nitrocelulosa. Los fragmentos del ADN digerido con alguna de las enzimas de restricción de la clase II se separan por electroforesis en un gel de agarosa o de poliacrilamida y luego se transfieren a una membrana de nilón o nitrocelulosa donde se hibridan con sondas específicas, ya sean radiactivas o fluorescentes. A cada molécula de ADN le corresponde un único y característico mapa de restricción.

2. Representación gráfica de la distancia relativa entre los sitios de restricción de un cromosoma. La distancia entre esos sitios se mide en pares de bases (pb), en kilobases (1 kb equivale a 1×10^3 bp) o en megabases (1 Mb equivale a 1×10^6 bp). Es un ejemplo de mapa físico. Véase PHYSICAL MAP y RESTRICTION SITE.

restriction site: sitio de restricción.

Lugar de hidrólisis de un enlace fosfodiéster de una molécula de ADN por una enzima de restricción. Véase RESTRICTION ENZYME.

reverse transcriptase PCR: PCR con transcripción inversa.

Reacción en cadena de la polimerasa sobre un ADNc obtenido por transcripción inversa a partir de un ARNm.

RFLP: RFLP.

→ RESTRICTION FRAGMENT LENGTH POLYMORPHISM.

RT-PCR: RT-PCR.

→ REVERSE TRANSCRIPTASE PCR.

Sec61: Sec61.

Complejo constituido por tres clases de polipéptidos transmembranarios (Sec61 α , Sec61 β y Sec61 γ) que forman el canal del traslocón propiamente dicho. Cuando la secuencia señal ingresa en el traslocón, el ribosoma se une firmemente a Sec61, de modo que el poro no queda expuesto al citoplasma. Véase TRANSLOCÓN.

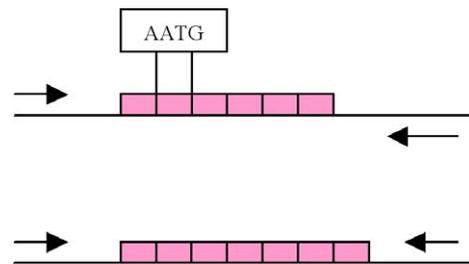
sequence-tagged sites: sitios de secuencia identificada.

Segmentos de ADN breves, de unos 200 o 500 bp, compuestos de una secuencia nucleotídica única, es decir, de una secuencia que no se repite en todo el genoma.

Observación: desde el año 1987 la PCR se convirtió en la herramienta indispensable de todo laboratorio de biología molecular. Esto llevó a Maynard Olson y cols., del National Research Council (NRC) Committee on the Mapping and Sequencing of the Human Genome, a sugerir dos años más tarde, en un artículo publicado en la revista *Science*, un lenguaje común para construir mapas físicos a partir de los fragmentos de ADN clonado, obtenidos por los métodos diversos que a la sazón se utilizaban para construir mapas físicos de los genomas (contigs, fragmentos con sitios de restricción inusuales, sondas para detectar polimorfismos en el ADN o secuencias que hibridaban in situ con bandas citogenéticas de los cromosomas). El lenguaje común eran los STS. La idea era hallar dentro de un fragmento de ADN clonado una secuencia de nucleótidos que lo caracterizara y que no estuviera repetida en el genoma. La construcción de un mapa físico se limitaba entonces a determinar el orden y espaciamiento de los segmentos de ADN identificados de forma unívoca por esa secuencia. Con este método era virtualmente posible reconstruir el STS en cualquier momento mediante una reacción en cadena de la polimerasa (PCR) sobre el ADN correspondiente, con la ayuda de cebadores específicos de un veintenar de nucleótidos de largo, sin necesidad de disponer del clon original. Lo anterior resolvía el problema de la conservación de genotecas voluminosas y del envejecimiento de los clones (*clone obsolescence*) y facilitaba la armonización de los datos de laboratorios que trabajaban con genotecas diversas. Asimismo, era posible someter cualquier muestra de ADN a una PCR con los mismos cebadores específicos para ver si disponía de dicha secuencia única y utilizarla luego como marcador para construir su mapa físico. Los sitios de secuencia identificada o STS se habían transformado en los marcadores convencionales del mapa físico del genoma humano en el momento en que se descubrieron las EST (*expressed sequence tags*). En castellano circulan asimismo las variantes «sitios de secuencia rotulada» y «sitios de secuencia etiquetada». Véase EXPRESSED SEQUENCE TAGS.

short tandem repeats: repeticiones cortas en tándem.

Secuencias de nucleótidos de dos a cinco pares de bases de longitud y de función desconocida (AATG en la figura, identificadas como pequeños rectángulos de color violeta), dispuestas en tándem, generalmente presentes en regiones no codificantes del genoma. Reciben asimismo el nombre de «microsatélites». Como el número de repeticiones varía entre individuos, las regiones que las contienen (rectángulos violetas de mayor tamaño en la figura) también son variables, y por eso mismo se llaman «polimórficas»; en cambio, las regiones flanqueantes son constantes. Los cebadores de la PCR (flechas) se unen a estas últimas regiones. Véase DNA PROFILING.

**signal recognition particle:** partícula de reconocimiento de la señal.

Complejo ribonucleoproteico (SRP) del traslocón, que reconoce la secuencia señal de una proteína de exportación en vías de síntesis y se une a un receptor ubicado en la membrana del retículo endoplásmico (receptor de SRP), arrastrando al ribosoma hacia la membrana del retículo. Consta de seis proteínas (11 S) y de una pequeña molécula de ARN (7 S), indispensable para el ensamblado del complejo. Véanse SIGNAL SEQUENCE y TRANSLOCÓN.

SRP: SRP.

→ SIGNAL RECOGNITION PARTICLE.

STR: STR.

→ SHORT TANDEM REPEATS.

STS: STS.

→ SEQUENCE-TAGGED SITES.

symport: cotransporte unidireccional.

Traslado de dos solutos de un lado a otro de una membrana biológica de forma simultánea y en la misma dirección. Véase COTRANSPORTE.

Observación: en los libros de texto se traduce con frecuencia por «simporte», pero en esos casos casi siempre se especifica que es un cotransporte unidireccional.

symporter: simportador.

Transportador de dos solutos en idéntica dirección. Véase PORTER.

TRAM: TRAM.

→ TRANSLOCATING CHAIN-ASSOCIATED MEMBRANE PROTEIN.

translocase: translocasa, transportador.

Tiene dos significados posibles:

translocase: translocasa. Véase EF-G.**transporter:** transportador. Véase PORTER.

translocating chain-associated membrane protein: proteína de membrana asociada al polipéptido de exportación. Proteína transmembranaria del traslocón, que reconoce la secuencia señal de la proteína en vías de exportación después del SRP y estimula el traslado de la proteína al interior del retículo endoplásmico. Véanse SIGNAL RECOGNITION PARTICLE (SRP), SIGNAL SEQUENCE y TRANSLOCON.

translocation: translocación, traslación, traslado.

Suele traducirse de distintas maneras según el contexto de uso:

1. *Biol. mol.* Traslación (del ribosoma): movimiento de avance de tres nucleótidos en la cadena de ARNm que realiza el ribosoma durante la síntesis de proteínas; su finalidad es expulsar el ARNt libre del sitio P —sitio del peptidil-ARNt— para permitir el ingreso del peptidil-ARNt recién formado. Con este movimiento, el sitio A del ribosoma —sitio del aminoacil-ARNt— queda también libre y listo para recibir el aminoacil-ARNt correspondiente al próximo codón.

2. *Biol. mol.* Traslado (de solutos, de proteínas): movimiento general de una molécula de un lugar a otro de la célula, como puede ser el de un soluto o el de una proteína a través de una membrana celular.

3. *Gen.* Translocación: mutación por la cual un segmento cromosómico cambia de sitio dentro del mismo cromosoma (ubicándose en el mismo brazo o en otro brazo) o se traslada a otro cromosoma (homólogo o no homólogo). En este último caso, el traslado puede ir acompañado o no de un intercambio recíproco de segmentos entre cromosomas. La translocación no recíproca (movimiento de un segmento cromosómico hacia un lugar distinto dentro del mismo o de otro cromosoma, sin intercambio de segmentos) recibe el nombre preferente de «transposición». Véase TRANSPOSITION.

translocon: traslocón.

Canal de la membrana del retículo endoplásmico que sirve para trasladar una proteína del interior al exterior celular. Está formado por cinco proteínas o complejos proteicos: el complejo de reconocimiento de la señal (SRP), el receptor de dicho complejo (receptor del SRP), el complejo proteico Sec61, la proteína de membrana asociada al polipéptido de exportación (TRAM) y el complejo pentaproteico con actividad peptidasa que escinde el péptido señal.

translocator: transportador.

→ PORTER.

transmembrane translocation: traslado de un lado a otro de la membrana.

transporter: transportador.

→ PORTER.

uniporter: uniportador.

Transportador de un único soluto.

→ PORTER.

variable number of tandem repeats: número variable de repeticiones en tándem.

→ VARIABLE NUMBER OF TANDEM REPEAT LOCI.

variable number of tandem repeat loci: locus con un número variable de repeticiones en tándem.

Regiones del ADN que contienen una secuencia breve de nucleótidos que se repite en tándem muchas veces. En la población pueden existir varios alelos por locus, y cada alelo puede tener distinta longitud debido a la variación del número de repeticiones. Se abrevia «VNTR». Para algunos autores son únicamente los minisatélites, pero otros las clasifican en minisatélites y microsatélites (es decir que, para estos últimos, las repeticiones cortas en tándem o microsatélites son un tipo de VNTR).

→ DNA FINGERPRINTING, DNA PROFILING.

VNTR: VNTR.

→ VARIABLE NUMBER OF TANDEM REPEATS.

Agradecimientos Los autores agradecen a Fernando Navarro, Laura Munoa y José Luis Munoa los comentarios y sugerencias recibidos en relación con el contenido de esta cuarta entrega del «Vocabulario de bioquímica y biología molecular».

Bibliografía

1. Adams MD, Kelley JM, Gocayne JD, Dubnick M, Polymeropoulos MH, Xiao H, Merrill CR, Wu A, Olde B, Moreno RF, Kerlavage AR, McCombie WR, Venter JC. Complementary DNA sequencing: Expressed sequence tags and Human Genome Project. *Science* 252: 1651-1656; 1991.
2. Baiget M, Gallano P, Tizzano E. Técnicas de Biología Molecular. Sociedad Española de Bioquímica Clínica y Patología Molecular (SEQC); 1995.
3. Baldi P, Hatfield GW. DNA Microarrays and Gene Expression: from Experiments to Data Analysis and Modeling. Cambridge: Cambridge University Press; 2002.
4. Biotech Life Science Dictionary <<http://biotech.icmb.utexas.edu/search/dict-search.phtml>> [consulta: 26.8.2003].
5. DNA profiling. School of Biological Sciences. The University of Auckland, Nueva Zelanda. <<http://www.sbs.auckland.ac.nz/info/schools/biotechnology/dnaprofilng.pdf>> [consulta: 26.8.2003].
6. Encyclopedia Britannica Online. Guide to the Nobel Prizes. <http://www.britannica.com/nobel/micro/722_8.html> [consulta: 4.11.2003].
7. IUPAC Compendium of Chemical Terminology (2.^a ed.) (1997), <<http://www.chemsoc.org/chembytes/goldbook/M04019.PDF>> [consulta: 4.11.2003].
8. Izquierdo Rojo M. Ingeniería genética y transferencia génica. Madrid: Pirámide; 1999.
9. Jayasena SD. Aptamers: an emerging class of molecules that rival antibodies in diagnostics. *Clin Chem* 45:1628-1650; 1999.
10. Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature* 314: 67-73; 1985.
11. Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. *Nature* 316: 76-79; 1985.
12. King RC, Standsfield WD. A Dictionary of Genetics (6.^a ed.). Nueva York: Oxford University Press; 2002.
13. Lacadena JR. Genética y Bioética, <<http://www.cnice.mecd.es/tematicas/genetica/index.html>> [consulta: 26.8.2003].

14. Lacadena JR. Genética General. Conceptos fundamentales. Madrid: Síntesis; 1999.
15. Lacadena JR. Orígenes de la bioética: Van Rensseelaer Potter, in memoriam, http://www.cnice.mecd.es/tematicas/genetica/2001_10/indice.html [consulta:26.8.2003].
16. Lewin B. Genes VII. Nueva York: Oxford University Press; 2000.
17. Mullis K. Dancing Naked in the Mind Field. Nueva York: Vintage Books; 2000.
18. Navarro, F. Diccionario crítico de dudas inglés-español de medicina. Madrid: Interamericana-McGraw Hill; 2000.
19. Nicholl DST. An Introduction to Genetic Engineering (2.ª ed.). Cambridge: Cambridge University Press; 2002.
20. Oliver SG, Ward JM. A Dictionary of Genetic Engineering. Cambridge: Cambridge University Press; 1985.
21. Olson M, Hood L, Cantor C, Botstein D. A common language for physical mapping of the human genome. Science 245:1434-1435; 1989.
22. Oxford Dictionary of Biochemistry and Molecular Biology, revised edition. Oxford: Oxford University Press; 2000.
23. Reich WT. Encyclopaedia of Bioethics (3.ª ed.). Nueva York: Simon & Schuster Macmillan; 1995.
24. Rieger R, Michaelis A, Green MM. Glossary of Genetics and Cytogenetics, Classical and Molecular (4.ª ed). Nueva York: Springer-Verlag; 1976.
25. Ryser S, Weber M. Genetic Engineering. What's happening at Roche? Basilea: Roche; 1992.
26. Singleton P, Sainsbury D. Dictionary of Microbiology and Molecular Biology (3.ª ed.). Chichester: John Wiley & Sons; 2001.
27. Sir Alec Jeffreys on DNA Profiling and Minisatellites, http://www.sciencewatch.com/interviews/sir_alec_jeffreys.htm [consulta: 8.8.2003].
28. Srinivasan G, James CM, Krzycki JA. Pyrrolysine encoded by UAG in Archaea: charging of a UAG-decoding specialized tRNA. Science 296: 1459-1462; 2002.
29. Stryer L. Bioquímica (4.ª ed.). Barcelona: Reverté; 1995.
30. Sulston J, Ferry G. El hilo común de la humanidad. Una historia sobre la ciencia, la política, la ética y el genoma humano. Madrid: Siglo XXI; 2003.
31. Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, van de Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M, Zabeau M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Res 23: 4407-4414; 1995.
32. Welsh J, McClelland M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Res 18:7213-8; 1990.
33. What is GenEthics? Biotechnology, GenEthics, <http://www.biology.iupui.edu/biocourses/Biol540/8genethicsnotes2k.html> [consulta: 2.9.2003].

