

Término 1: Complejo eIF4F (Factor de Iniciación Eucariota 4F)

Definición: Complejo multiproteico citoplasmático central (integrado por eIF4E, eIF4A y eIF4G) que actúa como el "peaje" de la traducción dependiente de caperuza. Su función es reconocer el extremo 5' del mRNA maduro y reclutar a la subunidad ribosomal menor; su hiperactivación es un sello distintivo de la proliferación celular descontrolada en el cáncer.

Término 2: Proteínas de Unión a eIF4E (4E-BPs)

Definición: Represores traduccionales específicos que actúan como "candados moleculares". Al unirse físicamente al factor eIF4E, impiden el ensamblaje del complejo activo eIF4F, apagando selectivamente la síntesis de proteínas de crecimiento. Su inactivación mediante hiperfosforilación es mediada por señales proliferativas oncogénicas.

Término 3: Complejo Multiproteico mTORC1

Definición: Complejo enzimático quinasa que funciona como el "sensor de lujo y energía" de la célula. Monitorea la presencia de aminoácidos, ATP y factores de crecimiento en el citoplasma; si las condiciones son óptimas, fosforila a las 4E-BPs y a la quinasa S6K1 para encender masivamente la maquinaria traduccional celular.

Término 4: Fosforilación de eIF2-alfa (eIF2 α)

Definición: Mecanismo de apagado traduccional de emergencia celular. Ante situaciones de estrés severo (como infecciones virales, inanición de aminoácidos o acumulación de proteínas mal plegadas), quinasas específicas fosforilan esta subunidad, atrapando al factor en un estado inactivo que congela la iniciación de la traducción global para ahorrar energía celular.

Término 5: Sitios IRES (Internal Ribosome Entry Sites)

Definición: Secuencias de ARN reguladoras en cis que permiten al ribosoma saltarse el "peaje" tradicional del extremo 5' y de la caperuza. Permiten iniciar la traducción de manera interna y directa en condiciones de estrés extremo o apoptosis, un mecanismo altamente explotado por virus (como el de la Hepatitis C) para secuestrar la fábrica celular.

Término 6: Elementos Cis en Regiones UTR (Regiones No Traducidas)

Definición: Secuencias flanqueantes del mRNA (5' UTR y 3' UTR) que no se convierten en aminoácidos, sino que actúan como "códigos postales y de control". Son los sitios

diana donde se unen proteínas reguladoras (como las proteínas sensoras de hierro) o microARNs para acelerar, retrasar o destruir el transcrito.

Término 7: Chaperonas Moleculares (ej. Hsp70 / Hsp90)

Definición: Complejos proteicos especializados en el "origami celular". Su función es asistir activamente en el plegamiento tridimensional correcto de los polipéptidos recién traducidos y evitar interacciones hidrofóbicas aberrantes; su disfunción es la causa directa de la acumulación de agregados tóxicos en enfermedades como el Alzheimer.

Término 8: Ubiquitina Ligasa E3

Definición: Enzima postraducciona que actúa como el "juez de control de calidad". Posee la capacidad de reconocer de forma ultraspecífica el motivo estructural (destrón) de una proteína dañada, vieja o que debe ser eliminada, transfiriéndole covalentemente una etiqueta de poliubiquitina para sentenciarla a muerte.

Término 9: Proteasoma 26S

Definición: Megacomplejo proteico multicatalítico en forma de barril que funciona como la "tritadora molecular" de la célula. Utiliza energía en forma de ATP para reconocer los sustratos marcados por la Ubiquitina Ligasa E3, desplegar las proteínas desnaturalizadas y romper sus enlaces peptídicos, reciclando los aminoácidos resultantes.

Término 10: Modificación Covalente Reversible (Fosforilación)

Definición: El interruptor binario más rápido de la fisiología celular. Consiste en la adición de un grupo fosfato (por quinasas) o su remoción (por fosfatasas) en los residuos de serina, treonina o tirosina de una proteína; la enorme carga negativa del fosfato altera instantáneamente la conformación espacial de la proteína, encendiendo o apagando su función biológica de inmediato.