

ÍNDICE

1. RESUMEN.....	5
2. INTRODUCCIÓN.....	7
3. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA.....	9
3.1 Identificación y clasificación de tipos neuronales.....	9
3.2 Marcadores moleculares de subpoblaciones neuronales.....	13
3.2.1 Cerebelina 2 (Cbln2).....	13
3.2.2 Familia de proteínas con similitud de secuencia número 19 miembro a 1(Fam19a1).....	14
3.2.3 Heparanasa (Hpse).....	15
3.2.4 Familia de receptores acoplados a proteínas G heterotriméricas relacionados al protooncogén Mas, miembro D (Mrgprd).....	16
3.2.5 Neurotrimina (Ntm).....	17
3.2.6 Proteína de la glándula submandibular regulada por andrógenos tipo 2 (Smr2).....	18

3.2.7 Canal iónico de potencial del receptor transitorio para cationes, subfamilia A, miembro 1 (Trpa1).....	19
4. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS.....	20
4.1 Hipótesis.....	20
4.2 Objetivo general.....	20
4.3 Objetivos específicos.....	20
5. MATERIALES Y MÉTODOS.....	22
5.1 Preparación de reactivos.....	22
5.2 Diseño y síntesis de oligonucleótidos para la amplificación mediante PCR en tiempo real.....	22
5.3 Obtención de médula espinal y ganglio de la raíz dorsal a partir de ratones BALB/c.....	24
5.4 Purificación de RNA total a partir de muestras de médula espinal y ganglio de la raíz dorsal.....	26
5.5 Estimación de la concentración de RNA total.....	27
5.6 Síntesis de DNA complementario a partir de RNA total.....	28
5.7 Amplificación mediante PCR en tiempo real.....	29
5.8 Amplificación mediante PCR convencional.....	30
5.9 Análisis por electroforesis en gel de agarosa de los fragmentos obtenidos en la PCR.....	34

6. RESULTADOS.....	36
6.1 Análisis del RNA total purificado desde muestras de tejido nervioso de médula espinal, ganglio espinal y ganglio submandibular desde ratones BALB/c adultos.....	36
6.2 Análisis relativo de la expresión mediante RT-qPCR de los genes candidatos a marcadores de subpoblaciones neuronales <i>Cbln2</i> , <i>Fam19a1</i> , <i>Hpse</i> , <i>Mrgprd</i> , <i>Ntm</i> , <i>Smr2</i> y <i>Trpa1</i> , desde las muestras de cDNA generadas a partir del RNA total desde médula espinal, ganglios espinales y ganglio submandibular de ratón.....	40
6.3 Análisis de los partidores utilizados para la RT-qPCR de los genes <i>Hpse</i> y <i>Mrgprd</i> por medio de la curva de disociación.....	46
6.4 Análisis de la expresión mediante PCR de los genes <i>Hpse</i> , <i>Gapdh</i> y <i>Mrgprd</i> , desde las muestras de cDNA generadas a partir del RNA total desde médula espinal, ganglios espinales y ganglio submandibular de ratón.....	52
7. DISCUSIÓN.....	58
8. CONCLUSIÓN.....	64
9. BIBLIOGRAFÍA.....	66

ÍNDICE DE FIGURAS Y TABLAS

Figura 1.....	37
Figura 2.....	38
Figura 3.....	43
Figura 4.....	45
Figura 5.....	49
Figura 6.....	50
Figura 7.....	54
Figura 8.....	56