

ESTANDARIZACION DE REVERSE TRANSCRIPTION POLYMERASE CHAIN REACTION, PARA EL ESTUDIO DE EXPRESIÓN GÉNICA DEL FACTOR DE NECROSIS TUMORAL ALFA Y ADIPONECTINA EN TEJIDO ADIPOSO DE RATONES CON SÍNDROME METABÓLICO- LIKE

**MARÍA EUGENIA CORNEJO ARAYA
JESICA LAZO RETAMAL
LICENCIADO EN TECNOLOGÍA MÉDICA**

RESUMEN

Introducción: En el síndrome metabólico (SM) coexisten varios factores de riesgo, cuya presencia constituye un riesgo potencial y progresivo para el desarrollo de patologías cardiovasculares. En estas alteraciones, el factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α) y la adiponectina juegan un rol importante. Estudiar la expresión de estas moléculas, a través de la expresión de sus genes (mRNA), se ha convertido en una buena estrategia de investigación.

Objetivo general: Estandarizar la metodología *Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction* (RT-PCR), para medir la expresión génica de TNF- α y adiponectina en tejido adiposo de ratón con y sin *SM-like*.

Material y método: La muestra utilizada (n:14) correspondió a tejido adiposo blanco (TAB) proveniente de ratones CF-1 machos. Las muestras fueron extraídas de ratones alimentados con una dieta normal (ratones sin *SM-like*, n:7) y ratones alimentados con una dieta hipergrasa (con *SM-like*, n:7), en un experimento previo. Se empleó RT-PCR como método de estudio de la expresión génica de TNF- α y adiponectina en tejido adiposo de los ratones anteriormente mencionados.

Resultados: Se logró extraer exitosamente RNA a partir de TAB de ratón, así como una satisfactoria detección y resolución de las bandas para TNF- α y adiponectina, incluyendo la detección del gen de expresión constante GAPDH.

Conclusiones: La RT-PCR es una herramienta útil para el estudio de la expresión génica de citoquinas, como TNF- α y adiponectina a partir de TAB de ratón.