

8. ANEXOS

Tablas de datos para la realización de los gráficos que se presentan en el Trabajo Fin de Grado:

Tabla 1 Anexo. Secuencias de los cebadores utilizados en la RT-qPCR.

GENES	Nº ORIGEN	SECUENCIA	TAMAÑO AMPLICÓN
GAPDH	NM_001163856/Caballo	F: GGCAAGTTCCATGGCACAGT	128 pb
		R: CACAACATATTGAGCACCAGCAT	
β-2M	NM_001082502	F: TCGTCCTGCTCGGGCTACT	102 pb
		R: ATTCTCTGCTGGGTGACGTGA	
IL-6	EU438770	F: AACAGCAAGGAGGTACTGGCA	95 pb
		R: CAGGTCTCCTGATTGAACCCA	
COX-2	AB041771	F: GTTTGCATTTTTGCCCAGC	103 pb
		R: ACTTAAATCCACCCCGTGACC	

(F=Forward y R=Reverse). Se incluyen los dos genes housekeeping usados: GAPDH y β -2M.

Tabla 2 Anexo. Cálculo de DT en los 3 animales a las 12h de la adición de las CK.

Animal	Control	CK	Animal	Control	CK	Animal	Control	CK
057			059			060		
CT	10	10	CT	10	10	CT	10	10
Ni	50000	50000	Ni	50000	50000	Ni	50000	50000
Nf	402000	403500	Nf	214500	156000	Nf	247500	91500
DT	4'080	4'073	DT	5'486	6'647	DT	5'086	10'301

Tabla 3 Anexo. Parámetros estadísticos calculados a partir de la Tabla 2 Anexo.

DT	Control	CK	t deStudent	Control	CK
MEAN	4'884	7'007		4'080	4'073
SD	0'725	2'583	0'316	5'486	6'647
SEM	0'418	1'827		5'086	10'301

(MEAN: media, SD: desviación típica y SEM: error estándar).

Tabla 4 Anexo. Cálculo de DT en los 3 animales a las 72h de la adición de las CK.

Animal	Control	CK	Animal	Control	CK	Animal	Control	CK
057			059			060		
CT	8	8	CT	8	8	CT	8	8
Ni	50000	50000	Ni	50000	50000	Ni	50000	50000
Nf	366000	31500	Nf	300000	30000	Nf	181500	48000
DT	3'394	-83'749	DT	3'707	-55'435	DT	4'831	24'563

Tabla 5 Anexo. Parámetros estadísticos calculados a partir de la Tabla 4 Anexo.

DT	Control	CK	t deStudent	Control	CK
MEAN	3'977	-69'593		3'394	-83'749
SD	0'756	56'567	0'263*	3'707	-55'435
SEM	0'437	39'999		4'831	24'563

(MEAN: media, SD: desviación típica y SEM: error estándar). *Si se elimina el valor que más se desvía de rango (24'563), el valor de p obtenido del test t de Student para muestras pareadas da un valor de 0'006.

Tabla 6 Anexo. Parámetros estadísticos calculados a partir del conteo de las células sanas y dañadas con el microscopio de fluorescencia para valorar el daño del DNA nuclear por el efecto de las citoquinas tras 12 y 72h.

TIEMPO	12h				72h			
	CONTROL		CK		CONTROL		CK	
ANIMAL/ PARÁMETROS	Sanas	Dañadas	Sanas	Dañadas	Sanas	Dañadas	Sanas	Dañadas
57	90'5	16	107	13'5	118	12	118	9
59	123'5	11'5	106'5	8	108'5	17	99	11
60	119'5	6	95	9'5	96	10	100'5	14'5
MEDIA	111'16	11	102'83	10'33	107'5	13	105'83	11'5
% dañadas	9'01		9'13		10'79		9'81	
SD	18'01	5'01	6'79	2'84	11'03	3'61	10'56	2'78
SEM	10'39	2'89	3'92	1'64	6'37	2'08	6'09	1'61
t deStudent	0'49		0'82		0'85		0'59	

Tabla 7 Anexo. Parámetros estadísticos calculados a partir de los resultados obtenidos con la RT-qPCR para el gen IL-6.

MUESTRAS/ PARÁMETROS	12h			72h		
	CONTROL	POSITIVAS	VARIACIÓN	CONTROL	POSITIVAS	VARIACIÓN
57	0'001583	0'84076	531'085	0'00267	2'21582	828'728
59	0'002685	1'22453	456'021	0'00345	0'99382	287'506
60	0'005351	15'5291	2902,05	0'00373	2'30527	616'565
MEDIA	0'003206	5'86482		0'00328	1'83831	
SD	0'001937	0'27136		0'00055	0'73271	
SEM	0'001118	0'19188		0'00031	0'42303	
t deStudent	0'00552			0'01227		
Promedio	0'00321	1'03264	493'553	0'00328	1'83831	722'646

(La variación representa el número de veces que la expresión del gen ha sido multiplicada con respecto al control)

Tabla 8 Anexo. Parámetros estadísticos calculados a partir de los resultados obtenidos con RT-qPCR para el gen COX-2.

ANIMAL/ PARÁMETROS	12h			72h		
	CONTROL	POSITIVAS	VARIACIÓN	CONTROL	POSITIVAS	VARIACIÓN
57	0'41902	1'08604	2'59187	0'49851	0'96261	1'9098
59	0'14817	1'93273	13'04325	0'18421	2'41502	13'1095
60	0'18733	15'7713	84'18924	0'12033	2'53291	21'0488
MEDIA	0'25151	6'26337		0'26768	1'97018	
SD	0'14638	0'59869		0'20243	0'87457	
SEM	0'08451	0'42334		0'11687	0'50493	
t deStudent	0'03272			0'03036		
Promedio	0'25151	1'50938	7'81756	0'26768	1'97018	12'0297

(La variación representa el número de veces que la expresión del gen ha sido multiplicada con respecto al control)