

Comparación de dos modos de análisis observacional en el ensayo micronúcleos- citoma en eritrocitos de aves

Comparison of two modes of observational analysis in the micronucleus- cytome assay in bird's erythrocytes

A.A.M. Quero ^{1,2}; D.M. Ferré ^{1,2}; A. Zarco ^{2,3}; M.J. Tornello ¹; N.B.M. Gorla ^{1,2}

¹ Laboratorio de Genética, Ambiente y Reproducción, Universidad Juan Agustín Maza, Mendoza, Argentina

² CONICET

³ Instituto Argentino de Investigaciones de Zonas Áridas (IADIZA), Mendoza

Contacto: aamartinquero@gmail.com

Palabras clave: micronúcleos - alteraciones nucleares - eritrocitos - aves

Key Words: micronucleus - nuclear alterations - erythrocytes - birds



Introducción: Las aves son utilizadas como organismos sensibles para responder al efecto de contaminantes ambientales. Los micronúcleos (MN) y otras alteraciones nucleares pueden

ser utilizados para reconocer el impacto de estos contaminantes sobre el material genético. Para identificar estas alteraciones y reportar frecuencias de presentación puede ser utilizado un estudio en eritrocitos de sangre periférica. Se debería contar con una metodología de análisis observacional estandarizada, a fin de reportar datos que pueden ser utilizados como base de referencia o comparación fidedigna. Esto implica establecer un número mínimo de células a analizar, en el cual se pueda detectar la mayor variedad de alteraciones posibles por individuos y calcular la frecuencia de presentación para cada alteración por especie.

Objetivos: Comparar y determinar el número adecuado de eritrocitos maduros a analizar/ individuo en el ensayo de micronúcleos-citoma en sangre periférica en aves.

Metodología: Fueron estudiadas 24 aves de la Reserva de Biosfera de Ñacuñán, Mendoza, capturadas, muestreadas y liberadas. Se realizó un extendido con una gota de sangre obtenida de la uña del dedo medio de la pata. Las especies en estudio fueron *Zoonotrichia capensis hypoleuca* (n=8), *Zoonotrichia capensis australis* (n=8) y *Elaenia albiceps* (n=8). Los frotis fueron secados al aire, fijados, y coloreados con Giemsa. El análisis fue realizado de dos modos diferentes: en 2.000 y 10.000 eritrocitos en cada uno de los extendidos. Las alteraciones nucleares fueron identificadas a partir de criterios preestablecidos por Carrasco (1990), Tolbert et al (1992) y Kursá y Bezrukov (2008). Fue estimada la frecuencia de cada alteración nuclear por especie expresada cada 1.000 eritrocitos maduros (X

± EEM). Para el análisis de 2.000 y 10.000 eritrocitos se estimó la variedad de alteraciones nucleares encontradas por individuo y mediante test t se estimaron diferencias significativas (p<0,05) entre las frecuencias presentadas por alteración nuclear para cada especie entre ambos análisis.

Resultados: En las muestras de sangre de las aves estudiadas pudieron ser identificados 6 tipos de alteraciones nucleares: micronúcleos, brotes nucleares, células binucleadas, puentes nucleoplásmicos, colas nucleares y hendiduras nucleares. Pudo observarse que en el 85% de los casos, el análisis de 10.000 eritrocitos permitió detectar cualitativamente mayor variedad de alteraciones nucleares en un mismo individuo, en comparación con el análisis de 2.000 eritrocitos. Sin embargo, no se detectaron diferencias significativas en la cantidad de alteraciones en términos de frecuencia/ 1000 células.

Discusión: De los autores consultados que reportan datos para MN y otras alteraciones nucleares en eritrocitos de aves, concordamos con la mitad de ellos, los cuales realizan el análisis en 10.000 eritrocitos. Otros autores realizan el análisis en un número inferior a 3.000 eritrocitos y se limitan a reportar la frecuencia de MN, sin describir otras alteraciones nucleares. Nuestros resultados indican que aquellas alteraciones con muy baja frecuencia de presentación podrían no ser detectadas en el análisis de un número inferior a 10.000 células por animal.

Conclusiones: Proponemos estandarizar el análisis de eritrocitos en aves en el ensayo de micronúcleos citoma en 10.000 células por individuo, para poder observar una mayor variedad de alteraciones nucleares y poder obtener una frecuencia por especie cercana al valor real poblacional.