

## CALIDAD DEL ADN OBTENIDO DE MUESTRAS DE SISTEMA NERVIOSO CENTRAL: MÉTODOS DE DETERMINACIÓN Y VARIABLES PREANALÍTICAS.

Pastor AB1, Borrego D2, González V, Saiz L, Hitt E, Rodal I1, Rábano A1.

### INTRODUCCIÓN

Hay un interés creciente en realizar estudios de secuenciación genómica (p. ej., del exoma) en diferentes regiones del sistema nervioso central para la investigación de las enfermedades neurodegenerativas. En el curso de una colaboración del Banco de Tejidos CIEN (BT-CIEN) con el Laboratorio de Investigación en ELA del Hospital U. 12 de Octubre, se realizó la extracción de ADN en una serie de cerebros con diagnóstico de esclerosis lateral amiotrófica (ELA). Se analizan los resultados obtenidos mediante dos métodos de determinación de la pureza/concentración del ADN, así como su relación con el intervalo post mortem (IPM) de las donaciones y el tiempo de almacenamiento (Ta) de las muestras. 699

### OBJETIVOS

Comparar los resultados obtenidos mediante dos métodos para determinar la calidad del ADN en muestras procedentes de dos regiones del SNC, y analizar su posible relación con las variables preanalíticas, IPM y Ta. 212

### MATERIALES Y MÉTODOS

A partir de 166 muestras de tejido congelado (107 de médula espinal y 59 de córtex cerebeloso) se extrae ADN genómico mediante NucleoSpin® Tissue, y se realizan medidas de espectrofotometría UV-Visible (BT-CIEN) y de fluorimetría (H. U. 12 de Octubre). 254

### RESULTADOS Y CONCLUSIONES

En el conjunto de la serie, el ratio A260/280 fue de  $1,82 \pm 0,26$ , y la concentración mediante nanodrop  $100,58 \pm 103,7$  ng/ $\mu$ l y mediante fluorimetría  $40,51 \pm 21,45$  ng/ $\mu$ l. IPM:  $5,9 \pm 2,1$  horas; Ta:  $1402 \pm 940$  días. Se observó correlación entre las concentraciones obtenidas con ambos métodos (CC= 0,668,  $p < 0,01$ ). No se observaron diferencias significativas entre las regiones en cuanto al ratio, pero se obtuvieron mayores concentraciones en córtex cerebeloso ( $p < 0,01$ ). No se observó asociación de ninguna de las medidas con el IPM, pero las muestras medulares con Ta bajos mostraron mayores concentraciones de ADN mediante fluorimetría que las muestras más antiguas ( $p < 0,05$ ). Así, pues, la región cerebral puede ser un factor importante para la calidad del ADN, y para su evolución con el tiempo de almacenamiento. 785