

ImageJ: demostración de su eficacia en la cuantificación de proteínas

Delgado M.B.^{1,2*}, Mansilla S.L.^{1,2}, Cainzos R.P.⁴, Pereyra N.⁶, Rossner M.V.², Angel S.^{1,3}

¹-Consejo Nacional Investigación Científica y Técnica. (CONICET), Resistencia, Chaco, Argentina.

²-Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Colonia Benítez, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Colonia Benítez, Chaco, Argentina.

³-Laboratorio de Parasitología Molecular, INTECH-CONICET, Universidad Nacional de San Martín (UNSAM). San Martín, Buenos Aires, Argentina.

⁴-Cátedra de Patología Médica, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Argentina.

⁵- Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Casilda, Santa Fe, Argentina.

[*delgado.mariabelen@inta.gob.ar](mailto:delgado.mariabelen@inta.gob.ar)

Resumen:

El proteinograma evalúa la concentración y composición de las proteínas en el suero sanguíneo. Consiste en separar las proteínas en albúmina y globulinas α_1 , α_2 , β y γ . Las proteínas se separan, generando un patrón característico. Al analizar es posible identificar alteraciones en las diferentes fracciones, la interpretación del proteinograma requiere un análisis de las bandas obtenidas. En este contexto, el análisis de imágenes desempeña un papel fundamental con el uso de software especializados que permiten cuantificar la densidad de las bandas proteicas y generar informes precisos, facilitando el diagnóstico. Con el propósito de estandarizar el uso del software *ImageJ* al compararlo con un sistema comercial el *Quick Scan Touch* para cuantificar las fracciones proteicas, se evaluó el perfil proteico de 42 sueros caninos de clínicas veterinarias. Se realizó la electroforesis en gel de agarosa y se cuantificaron las bandas proteicas. Para la cuantificación, con el *QuickScan Touch*, se digitalizó el gel en el scanner y el software calculó automáticamente el porcentaje relativo y el valor absoluto de cada banda. Para la medición con el *ImageJ*, se obtuvieron las imágenes del gel con la cámara de 48 megapíxeles de un celular modelo SM-A127M y se descargaron en formato JPEG. Los datos se exportaron a Excel y para obtener los valores en g/dL de cada banda, se contó con un valor de proteínas totales para calcular cada fracción. Con el software estadístico Navure, se compararon los resultados, no se hallaron diferencias en la concentración de albúmina y gammaglobulinas, sin embargo, se detectaron diferencias significativas en los niveles de las fracciones alfa-1 y alfa-2 globulinas, siendo los valores reportados por QuickScan Touch ligeramente superiores. Aunque la diferencia en la fracción beta no alcanzó significancia la tendencia sugirió que *ImageJ* indica valores ligeramente más altos. *ImageJ*, demostró ser una herramienta flexible para realizar análisis de gran complejidad, es una plataforma ideal para el desarrollo de herramientas de análisis personalizadas y específicas en la clínica veterinaria.

Palabras clave: software libre, procesamiento de imágenes, densitometría.

Eje: CLÍNICAS