

Zawartość jądrowego DNA w komórkach gęsi domowej *Anser anser*

Katarzyna Andraszek, Elżbieta Smalec

Akademia Podlaska, Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt,
Zakład Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt,
ul. B. Prusa 14, 08-110 Siedlce

Celem pracy było ustalenie wartości C-DNA zawartego w jądrach różnych komórek gęsi domowej *Anser anser f. domesticus*. Analizowano komórki płuc, skóry, trzustki, nerki, śledziony, wątroby, serca, mózgu, krwi, jajnika i jądra. Zawartość jądrowego DNA ustalono stosując densytometryczną analizę obrazu preparatów poddanych reakcji Feulgena. Jako materiał referencyjny wykorzystano erythrocyty *Gallus gallus f. domesticus*. Zawartość DNA oznaczono łącznie w 2201 komórkach. Średnią zawartość C-DNA u *Anser anser f. domesticus* ustalono na poziomie $1,306 \pm 0,327$ pg. Obserwowano duże zróżnicowanie zawartości jądrowego DNA w poszczególnych komórkach.

SŁOWA KLUCZOWE: gęsi *Anser anser* / genom / masa DNA

Badania nad wielkością genomów rozpoczęto ponad pół wieku temu, jeszcze przed odkryciem cząsteczkowej budowy DNA. Genom potraktowany jako całkowita liczba *loci* określany jest względną jednostką – centymorganem (cM) i charakteryzuje jego strukturę. Genom traktowany jako całkowita wielkość DNA zawartego w haploidalnym zestawie chromosomów określany jest liczbą par zasad (pb) i poznawany jest w procesie mapowania fizycznego. Rozmiar tak definiowanego genomu można wyrazić także masą DNA, określaną jako C-DNA (1C) i wyrażaną w pikogramach (pg).

Na wynik pomiarów C-DNA ma wpływ szereg czynników. Określenie wielkości genomu w jednostkach wagowych (pg) przeprowadzane jest z wykorzystaniem reakcji biochemicznych, densytometrii, densytometrycznej analizy obrazu, fluorometrii statycznej, cytometrii przepływowej i innych metod [6, 9, 20, 24]. Zastosowanie w badaniach oceny wielkości genomu mikroskopu konfokalnego wprowadziło dodatkowy czynnik zmienności, jakim jest zanikanie światła fluorescencyjnego w trakcie analizy preparatów [11]. Zarówno metoda oceny, jak i tkanka, w której dokonuje się pomiaru, wpływa na uzyskane wartości określające wielkość genomu [2]. Halle [19] obserwował zróżnicowanie zawartości DNA w różnych typach leukocytów tego samego osobnika. W przypadku komórek z różnych tkanek lub narządów, oszacowana zawartość związa-

na jest z różną wielkością komórek i jądra komórkowego oraz różnym stopniem upakowania chromatyny [20]. Zawartość DNA w komórkach aktywnych mitotycznie może się wahać od 2 do 4 C w zależności od etapu interfazy i stopnia zawansowania replikacji [26]. Ponadto na oszacowaną zawartość C-DNA mogą wpływać inne czynniki, np. czas przechowywania preparatu.

Wielkość genomów różnych organizmów jest zróżnicowana od około 10^{-3} do 10^3 pg [15]. Genom ptaków stanowi około jedną trzecią wielkości genomu człowieka i jest jednym z najmniejszych wśród kręgowców [3, 7, 16]. Średnia wielkość genomu ptaków, charakteryzowana jako ilość C-DNA, wynosi średnio $1,45 \pm 0,01$ pg i waha się od 0,97 pg u bażanta (*Fascianus colchicus*) do 2,16 pg u strusia (*Strutio camelus*) [33].

Baza danych [33] zawiera charakterystykę genomów 4317 organizmów, w tym 2963 pozycje reprezentują kręgowce. Klasę ptaków, na którą składa się ponad 10 tysięcy gatunków, reprezentuje w bazie 206 przedstawicieli. Jedynie 26 danych charakteryzuje osobniki z rodziny *Anatidae*, w tym 3 osobniki reprezentują 3 gatunki gęsi.

Celem badań było określenie wielkości genomu europejskiej gęsi domowej na podstawie zawartości jądrowego DNA w różnych typach komórek.

Material i metody

Przedmiotem badań były jądra komórkowe wyizolowane z erytrocytów i komórek wybranych narządów gęsi domowej. Skrawki płuca, skóry, trzustki, nerki, śledziony, wątroby, serca, mózgu i jajnika pobrano od jednego osobnika wraz z próbką krwi obwodowej. Dodatkowo od drugiego osobnika pobrano próbkę z jądra. Oceniona liczba diploidalna chromosomów wynosiła u obu osobników $2n=80$. Preparaty z jajnika, jądra, krwi oraz preparat wzorcowy z krwi kurzej wykonano techniką rozmazu. Preparaty z pozostałych tkanek wykonano techniką parafinową [34]. Preparat wzorcowy z krwi kury służył w dalszej analizie jako materiał referencyjny. Analizowane preparaty poddano reakcji Feulgena, którą przeprowadzono sugerując się metodyką wykorzystywaną do oznaczania zawartości jądrowego DNA w tkankach roślinnych [4, 23]. Warunki reakcji przystosowano do analiz densytometrycznych stosowanych do szacowania wielkości genomów zwierząt [14, 20]. Wybrane fragmenty preparatów zapisywano w pamięci komputera, stosując system Multiscan. Do oznaczenia zawartości C-DNA w jądrach komórkowych posłużono się programem pomiarowym Cytofotometr, pracującym w środowisku programu Microscan.

Zapisane obrazy mikroskopowe wybarwionych preparatów histologicznych oraz wygenerowane przez system Microscan obrazy referencyjne stanowiły materiał wyjściowy przeznaczony do pomiarów. Korzystając z programu Cytofotometr zakreślano powierzchnię poszczególnych jąder komórkowych i przenoszono je na neutralne tło obrazu referencyjnego. Masę DNA w pikogramach (pg) przeliczano z masy referencyjnej na podstawie zmian gęstości optycznej, stosując formułę Dolezela i wsp. [10].

Wyniki pomiarów ilości DNA w komórkach przeliczano na wartość 1C. Wygenerowane przez program Cytofotometr wartości C-DNA scharakteryzowano statystycznie.

Łącznie pomiarami objęto 2201 jąder komórkowych, od 195 do 205 z każdego narządu oraz krwi.

Wyniki i dyskusja

Zgodnie z przedstawioną metodyką dokonano analizy zawartości jądrowego DNA w komórkach narządów oraz w erytrocytach gęsi domowej. Wyniki pomiarów oraz podstawowe statystyki przedstawiono w tabeli.

Komórki płuc charakteryzowała średnia zawartość C-DNA równa 1,334 pg. Zmienność zawartości jądrowego DNA określono na poziomie 20%. W obrębie płuc nie stwierdzono komórek o zawartości C-DNA powyżej 2,0 pg. Najliczniejszą grupę stanowiły komórki o zawartości jądrowego DNA od 1,0 do 2,0 pg, w sumie 82,09%.

Średnia zawartość C-DNA w komórkach skóry, w porównaniu komórkami innych narządów, była stosunkowo niska i wynosiła 1,192 pg. Komórki skóry charakteryzował również niski współczynnik zmienności zawartości DNA w jądrze ($CV=16,74\%$), a 81,54% wszystkich komórek charakteryzowało się zawartością jądrowego DNA w przedziale od 1,0 do 1,5 pg.

W komórkach trzustki średnią zawartość C-DNA ustalono na poziomie 1,332 pg, przy współczynniku zmienności wynoszącym 18,19%. W obrębie komórek trzustki 69,27% stanowiły komórki o zawartości jądrowego DNA w granicach od 1,0 do 1,5 pg, pojawiały się też komórki o zawartości C-DNA powyżej 2,0 pg (0,98%).

Średnia zawartość C-DNA w nerce wynosiła 1,335 pg. Współczynnik zmienności tej cechy oszacowano na poziomie 19,70%. Najliczniejszą grupę (64,14%) stanowiły komórki o zawartości jądrowego DNA od 1,0 do 1,5 pg. W obrębie nerki stwierdzono także liczne komórki (26,77%) charakteryzujące się zawartością C-DNA powyżej 1,5 pg.

Zawartość jądrowego DNA w komórkach śledziony była zróżnicowana ($CV=24,5\%$). Występowały komórki, w których zawartość C-DNA była mniejsza niż 1,0 pg (22,33% analizowanych komórek), ale również takie, gdzie zawartość wynosiła powyżej 2,0 pg (2,92%); przy średniej zawartości 1,255 pg.

Komórki wątroby, wśród wszystkich analizowanych tkanek, charakteryzowały się najwyższą średnią zawartością jądrowego DNA równą 1,715 pg i najniższym współczynnikiem zmienności tej cechy – 15,07%. W komórkach wątroby stwierdzono największy udział komórek o zawartości C-DNA od 1,5 do 2,0 pg i powyżej 2,0 pg, odpowiednio 66,17% i 13,44%.

Komórki serca charakteryzowały się najniższą zawartością jądrowego DNA, równą 1,014 pg. W obrębie serca stwierdzono także komórki o minimalnej zawartości C-DNA na poziomie 0,471 pg. Komórki o zawartości jądrowego DNA poniżej 1,0 pg stanowiły 47,45%, natomiast komórki o zawartości C-DNA powyżej 1,5 pg – 1,53% wszystkich analizowanych komórek serca.

Średnia zawartość jądrowego DNA w jądrach komórek mózgu wynosiła 1,468 pg. Zmienność zawartości jądrowego DNA ustalono na poziomie 19,74%. W obrębie mózgu, komórki o zawartości C-DNA do 1,0 pg występowały nielicznie i stanowiły 1,48% wszystkich komórek. Najliczniejszą grupą były komórki zawierające C-DNA w grani-

Tabela – Table
Zawartość C-DNA w komórkach wybranych organów i tkanek gęsi domowej
The C-DNA content in different cell types of domestic goose

Wyszczególnienie Specification	Komórki – Cell types of										
	pluc lung	skóry skin	trzustki pancreas	nerki kidney	śledziony spleen	wątroby liver	serca heart	mózgu brain	krwi blood	jajnika ovary	jądra testicle
Liczba komórek Number of cells	201	195	205	198	206	201	196	202	202	198	197
Zawartość C-DNA:											
C-DNA content:											
min.	0,779	0,588	0,819	0,755	0,764	0,870	0,471	0,894	0,811	0,901	0,605
max	1,992	1,895	2,015	1,972	2,158	2,372	1,731	2,226	1,941	2,256	1,935
\bar{x}	1,334	1,192	1,332	1,335	1,255	1,715	1,014	1,468	1,207	1,438	1,065
Sd	0,320	0,200	0,242	0,263	0,308	0,258	0,222	0,290	0,188	0,353	0,272
C-DNA <1,0 pg											
n	36	23	12	18	46	3	93	3	33	18	92
%	17,91	11,79	5,85	9,09	22,33	1,49	47,45	1,48	16,34	9,09	46,70
C-DNA 1,0–1,5 pg											
n	99	159	142	127	122	40	100	121	153	109	90
%	49,25	81,54	69,27	64,14	59,22	19,90	51,02	59,90	75,74	50,05	45,68
C-DNA 1,5–2,0 pg											
n	66	13	49	53	32	133	3	66	16	52	15
%	32,84	6,67	23,90	26,77	15,53	66,17	1,53	32,67	7,92	26,26	6,62
C-DNA >2,0 pg											
n	–	–	2	–	6	25	–	12	–	19	–
%	0	0	0,98	0	2,92	13,44	0	5,95	0	5,60	0

cach od 1,0 do 1,5 pg oraz od 1,5 pg do 2,0 pg, odpowiednio 59,90% i 32,67%. Stwierdzono także 5,95% komórek o C-DNA ponad 2,0 pg.

Jądra erytrocytów krwi obwodowej charakteryzowały się średnią zawartością C-DNA wynoszącą 1,207 pg i najniższy ze wszystkich tkanek współczynnik zmienności tej cechy – 15,54%. Najliczniejszą grupę (75,74%) stanowiły komórki o zawartości jądrowego DNA od 1,0 do 1,5 pg.

Komórki jajnika charakteryzowały się zawartością jądrowego DNA równą 1,438 pg. W obrębie jajnika stwierdzono komórki o największej zawartości C-DNA – na poziomie 2,256 pg. Komórki o zawartości jądrowego DNA w granicach od 1,0 do 1,5 pg stanowiły 50,05%. Stwierdzono także obecność komórek o zawartości C-DNA powyżej 2,0 pg – 5,60% wszystkich komórek jajnika. W komórkach jajnika obserwowano również dużą zmienność zawartości C-DNA (CV=24,57%).

Średnia zawartość jądrowego DNA w komórkach jądra była niska i wynosiła 1,065 pg. Cechę tę charakteryzowała największa zmienność w porównaniu z innymi tkankami. Współczynnik zmienności zawartości C-DNA w komórkach jądra ustalono na poziomie 25,53%. W obrębie jądra przeważały komórki o zawartości jądrowego DNA do 1,0 pg i w granicach od 1,0 do 1,5 pg, odpowiednio 46,7% i 45,7%.

Łączna analiza wyników jądrowego DNA pozwoliła na ustalenie średniej zawartości C-DNA w komórkach europejskiej gęsi domowej na poziomie $1,306 \pm 0,327$ pg. Wśród 2201 ocenianych komórek, poniżej 1,0 pg zawartości C-DNA rejestrowano w 17,13% komórek, między 1,0 a 1,5 pg w 57,34% komórek, o zawartości 1,5 do 2,0 w 22,63% oraz powyżej 2,0 pg w 2,90% analizowanych komórek.

Jak podaje Gregory [33], do charakterystyki genomu za optymalną uznaje się liczebność 5 osobników. Mimo takiej rekomendacji, zawartość C-DNA opisywana w piśmiennictwie jest najczęściej charakteryzowana u pojedynczego osobnika [18, 27, 32]. Z klasy *Aves* rzędu *Anseriformes*, gatunek *Anas platyrhynchos* reprezentują przedstawione odrębnie wyniki z pomiarów C-DNA sześciu osobników, zaś *Cairina moschata* – pięć ptaków.

Liczebność próby uzależniona jest też od organizmu. U organizmów wielokomórkowych liczba pomiarów w różnych komórkach powinna wynosić od 50 do 500, natomiast u organizmów prostych, jak np. *Daphnia*, liczba osobników podlegających ocenie wynosi od 20 do 160 [22]. Gregory [17] sugeruje, aby w analizie statystycznej odrzucić wartości skrajne, których wartość wynika być może z mało porównywalnych cech preparatu. W pracy przedstawiono wszystkie wyniki, prezentując je w czterech klasach zmienności: poniżej 1,0 pg, w przedziale od 1,0 do 1,5 pg, między 1,5 a 2,0 pg oraz powyżej 2,0 pg. Najliczniej (ponad 57%) reprezentowana była grupa komórek o zawartości C-DNA między 1,0 a 1,5 pg.

Wielkość genomu jest cechą gatunkową. W bazie danych [33] scharakteryzowano między innymi reprezentantów trzech gatunków gęsi: *Anser rossii* (wartość C-DNA=1,08 pg) [27], *Cereopsis naovahollandie* (wartość C-DNA=1,42 pg) [28] oraz jednego osobnika o nieznanym pochodzeniu o średniej zawartości C-DNA=1,08 pg (u którego wartości C-DNA w 11 typach komórek wahały się od 0,06 do 5,70 pg) [16]. We wspomnianej bazie danych [33], przy charakterystycznej dla gatunku wartości

C-DNA podawany jest również typ komórek, w których przeprowadzono analizę. Większość badań prowadzona jest w komórkach erytrocytów, ale wiele z 633 pozycji piśmiennictwa wykorzystywanego w bazie danych podaje wyniki pomiarów w czterdziestu innych typach komórek. W prezentowanych badaniach stwierdzono wysoki stopień zróżnicowania zawartości jądrowego DNA w analizowanych komórkach, wynoszący ponad 25%. O ile w erytrocytach 75% badanych komórek stanowiły komórki o zawartości od 1,0 do 1,5 pg, to w komórkach wątroby jedynie 19,90% badanych komórek charakteryzowała zawartość C-DNA w tym przedziale. Hardie i wsp. [20] przyznają, że komórki wątroby nie są najlepszym źródłem informacji, ze względu na ich potencjalną ploidalność. Mimo to liczni autorzy (24 pozycje piśmiennictwa) wykorzystywali komórki wątroby w ocenie ptasiego genomu [33].

Wybór metody oceny zawartości C-DNA w komórkach również wpływa na uzyskiwane wartości. U ptaków 38,18% prezentowanych analiz prowadzono metodą densytometrii z wykorzystaniem reakcji Feulgena, a 47,64% – w cytometrze przepływowym [33]. Technika densytometrii preparatów barwionych odczynnikiem Feulgena, z zastosowaniem komputerowej analizy obrazu, jest obecnie uznawana za obciążoną najmniejszym błędem i wykorzystywana również w diagnostyce medycznej [5, 12].

Badania nad określeniem wielkości genomu w jednostkach fizycznych (pg) rozpoczęto jeszcze przed odkryciem cząsteczkowej budowy DNA. Mimo że tzw. paradoks wartości C po poznaniu genomu człowieka został rozwiązany, oszacowanie wielkości C-DNA nastęrcza wiele kłopotów [17, 31]. Punktem odniesienia zawartości C-DNA, niezależnie od wybranej techniki pomiarowej, jest wzorzec o znanej zawartości DNA. Wybór tkanki referencyjnej, jak podają Hardie i wsp. [20], może stanowić dodatkowe źródło zmienności. W niniejszej pracy jako wzorzec do pomiarów C-DNA gęsi wykorzystano erytrocyty kury. Jednak w przypadku porównywania ze wzorcem innych tkanek, wartość oszacowania może się zmieniać. Przeprowadzone przez Vinogradova i wsp. [30] odniesienie komórek wątroby myszy do erytrocytów kurzych wskazywało na 0,22 pg różnicy wartości C-DNA, niż gdy odnoszono komórki wątroby myszy do komórek wątroby kury. Równocześnie jednak wielkość genomu *Drosophila melanogaster*, oceniona na podstawie porównań z erytrocytami kury [25], pozostaje w całkowitej zgodzie z danymi uzyskanymi po zsekwencjonowaniu genomu tego organizmu [1]. W prezentowanych badaniach wartość C-DNA w komórkach erytrocytów krwi gęsi, porównywana z erytrocytami krwi kury, wynosiła $1,207 \pm 0,188$ pg.

Należy zaznaczyć, że wielkość jądra komórkowego jest ściśle związana z wielkością komórki [16]. Komórki z różnych narządów charakteryzuje różna wielkość. Nie stwierdzono natomiast, by wiek czy stan fizjologiczny osobnika były związane z zawartością C-DNA w poszczególnych komórkach. U ptaków stwierdzono jednak ujemną korelację między tempem metabolizmu a wielkością genomu [16, 29]. Natomiast w czasie barwienia metodą Feulgena różny jest stopień hydrolizy DNA w różnej wielkości jądrach komórkowych i związanym z tym stanem zaawansowania replikacji DNA [8, 21]. W świetle przeprowadzonych rozważań uzyskane wyniki wymagają ostrożnego traktowania i dalszej analizy. Jak przyznają Gregory [18] i Greilhuber [13], duża część wariacji związana jest z błędem eksperymentalnym (metoda oceny, tkanka, wielkość

komórki/jądra, stan zaawansowania replikacji, kondensacja chromatyny, tkanka referencyjna).

PIŚMIENNICTWO

1. ADAMS M.D., CELNIKER S.E., HOLT R.A., EVANS C.A., GOCAYNE J.D., AMANATIDES P.G., SCHERER S.E., LI P.W., HOSKINS R.A., GALLE R.F., 2000 – The genome sequence of *Drosophila melanogaster*. *Science* 287, 2185-2195.
2. ALLISON D.C., RIDOLPHO P.F., RASCH E.M., RASCH R.W., JOHNSON T.S., 1981 – Increased accuracy of absorption cytophotometric DNA values by control of stain intensity. *The Journal of Histochemistry and Cytochemistry* 29, 1219-1228.
3. BACHMANN K., HARRINGTON B.A., CRAIG J.P., 1972 – Genome size in birds. *Chromosoma* 37, 405-416.
4. BENNETT M.D., LEITCH I.J., 2005 – Genome size evolution in plants. In: Gregory T.R. (ed): The evolution of the genome. Elsevier, San Diego.
5. BERTINO B., KNAPE W.A., PYTLINSKA M., STRAUSS K., HAMMOU J.C., 1994 – A comparative study of DNA content as measured by flow cytometry and image analysis in 1864 specimens. *Analytical Cellular Pathology* 6, 377-394.
6. BÖCKING A., GIROUD F., REITH A., 1995 – Consensus report of the ES-ACP task force on standardization of diagnostic DNA image cytometry. *Analytical Cellular Pathology* 8, 67-74.
7. BURT D.W., 2002 – Origin and evolution of avian microchromosomes. *Cytogenetics and Genome Research* 96, 97-112.
8. CHIECO P., JONKER A., MELCHIORRI C., VANNI G., VAN NOORDEN C.J.F., 1994 – A user's guide for avoiding errors in absorbance image cytometry: a review with original experimental observations. *The Histochemical Journal* 26, 1-19.
9. DEWSE C.D., POTTER C.G., 1975 – Influence of light and mounting medium on the fading of Feulgen stain. *Stain Technology* 50, 301-306.
10. DOLEZEL J., BARTOS J., VOGLMAYR H., GREILHUBER J., 2003 – Nuclear DNA content and genome size of trout and human. *Cytometry* 51A, 127-128.
11. ERLANDSEN S.L., RASCH E.M., 1994 – The DNA content of trophozoites and cysts of *Giardia lamblia* by microdensitometric quantitation of Feulgen staining and examination by laser scanning confocal microscopy. *Journal of Histochemistry and Cytochemistry* 42, 1413-1416.
12. FISCHLER D.F., WONGBUNNATE S., JOHNSTON D.A., KATZ R.L., 1994 – DNA content by image analysis: an accurate discriminator of malignancy in pericardial effusions. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology* 16, 167-173.
13. GREILHUBER J., 1998 – Intraspecific variation in genome size: a critical reassessment. *Annals of Botany* 82, 27-35.
14. GREILHUBER J., TEMSCH E.M., 2001 – Feulgen densitometry: some observations relevant to best practice in quantitative nuclear DNA content determination. *Acta Botanica Croatica* 60, 285-298.
15. GREGORY T.R., 2001 – The bigger the C-value, the larger the cell: genome size and red blood cell size in vertebrates. *Blood Cells, Molecules & Diseases* 27, 830-843.
16. GREGORY T.R., 2002 – A bird's-eye view of the C-value enigma: genome size, cell size, and metabolic rate in the class aves. *International Journal of Organic Evolution* 56, 121-130.
17. GREGORY T.R., 2002 – Genome size and developmental parameters in the homeothermic vertebrates. *Genome* 45, 833-838.

18. GREGORY T.R., NICOL J.A., TAMM H., KULLMAN B., KULLMAN K., LEITCH I.J., MURRAY B.G., KAPRAUN D.F., GREILHUBER J., BENNETT M.D., 2007 – Eukaryotic genome size databases. *Nucleic Acids Research* 35, (Database issue).
19. HALE A.J., 1963 – The leucocyte as a possible exception to the theory of deoxyribonucleic acid constancy. *The Journal of Pathology and Bacteriology* 85, 311-326.
20. HARDIE D.C., GREGORY T.R., HEBERT P.D.N., 2002 – From pixels to picograms: a beginners' guide to genome quantification by Feulgen image analysis densitometry. *The Journal of Histochemistry and Cytochemistry* 50, 735-749.
21. KINDERMANN D., HILGERS C.H., 1994 – Glare-correction in DNA image cytometry. *Analytical Cellular Pathology* 6, 165-180.
22. KORPELAINEN H., KETOLA M., HIETALA J., 1997 – Somatic polyploidy examined by flow cytometry in *Daphnia*. *Journal of Plankton Research* 19, 2031-2040.
23. OLSZEWSKA M.J., 1999 – Podstawy cytogenetyki roślin. Wyd. Naukowe PWN, Warszawa.
24. PRENNA G., LEIVA S., MAZZINI G., 1974 – Quantitation of DNA by cytofluorometry of the conventional Feulgen reaction. *The Histochemical Journal* 6, 467-489.
25. RASCH E.M., BARR H.J., RASCH R.W., 1971 – The DNA content of sperm of *Drosophila melanogaster*. *Chromosoma* 33, 1-18.
26. SCHULTE E.K.W., WITTEKIND D.H., 1990 – Standardization of the Feulgen reaction: the influence of chromatin condensation on the kinetics of acid hydrolysis. *Analytical Cellular Pathology* 2, 149-157.
27. TIERSCH T.R., WACHTEL S.S., 1991 – On the evolution of genome size of birds. *The Journal of Heredity* 82, 363-368.
28. VENTURINI G., D'AMBROGI R., CAPANNA E., 1986 – Size and structure of the bird genome. I. DNA content of 48 species of Neognathae. *Comparative Biochemistry and Physiology* 85B, 61-65.
29. VINOGRADOV A.E., 1997 – Nucleotypic effect in homeotherms: body-mass independent metabolic rate of passerine birds is related to genome size. *Evolution* 51, 220-225.
30. VINOGRADOV A.E., 1998 – Genome size and GC-percent in vertebrates as determined by flow cytometry: the triangular relationship. *Cytometry* 31, 100-109.
31. VINOGRADOV A.E., 2004 – Evolution of genome size: multilevel selection, mutation bias or dynamical chaos? *Current Opinion in Genetics & Development* 14, 620-626.
32. WAGENMANN M., EPPLER J., BACHMANN K., ENGEL W., SCHMIDKE J., 1981 – DNA sequence organisation in relation to genome size in birds. *Experientia* 37, 1274-1276.
33. www.genomesize.com
34. ZAWISTOWSKI S., 1986 – Technika histologiczna: histologia oraz podstawy histopatologii. PZWL, Warszawa.

Katarzyna Andraszek, Elżbieta Smalec

The content of nuclear DNA in cells of domestic goose *Anser anser*

Summary

The work aimed at determining C-DNA content in different types of cells of domestic goose *Anser anser*. Cells from: lung, skin, pancreas, kidney, spleen, liver, heart, brain, blood, ovary and testicle were examined. The content of nuclear DNA was estimated by Foulgen image densito-

metry analysis. Chicken red blood cells were used as a reference material. An average C-DNA content of 2201 goose cells amounted 1.306 ± 0.327 pg. High variability of nuclear DNA content was observed in examined cells.

