

Variabilidad genética en *Balantidium*. Implicaciones en el diagnóstico molecular

Alberto Alvarez Molina. Ge Ya Ye Liu.

Facultad de Farmacia, Plaza de Ramón y Cajal s/n, Departamento de Parasitología. (Licenciatura en Farmacia, Universidad Complutense de Madrid)
yeliugoya@gmail.com

Francisco Ponce Gordo

Facultad de Farmacia, Plaza de Ramón y Cajal s/n, Departamento de Parasitología.
pponce@farm.ucm.es

Resumen: *Balantidium coli* es el único protozoo ciliado que parasita al hombre; se ha descrito también en otros mamíferos, aunque se ha cuestionado si es en todos ellos la misma especie o especies distintas. En trabajos recientes basados en el análisis de las regiones ITS (Internal Transcribed Spacers; separan los genes del ARNr de las subunidades 18S, 5.8S y 28S) de células individuales de diferentes aislados de *Balantidium* de mamíferos se ha encontrado un polimorfismo genético consistente en dos tipos básicos de secuencias (A y B) con diferencias tan marcadas como las que pueden encontrarse entre especies diferentes. En la única muestra humana analizada hasta el momento sólo se han encontrado secuencias de tipo A. En nuestro trabajo se realiza un estudio comparativo con otras especies de *Balantidium* de anfibios, para determinar si ambos tipos de secuencias están también presentes en esas especies y su valor como herramienta de identificación genética a nivel de género y de especie; además, analizamos otra muestra humana para identificar el tipo de secuencias presentes en la misma. Los resultados obtenidos sugieren que las secuencias de tipo A permiten diferenciar *Balantidium* de otros géneros, mientras que las de tipo B podrían diferenciar entre especies de *Balantidium*. Al igual que con la otra muestra humana analizada en estudios anteriores, sólo hemos encontrado secuencias de tipo A, por lo que no pueden determinarse todavía mediante criterios genéticos si la especie de *Balantidium* que infecta al hombre es la misma que infecta a otros animales.

Palabras clave: *Balantidium coli*. ITS. Polimorfismo genético. Identificación específica.

Oral

Recibido: 11 marzo 2012.
Aceptado: 13 abril 2012.