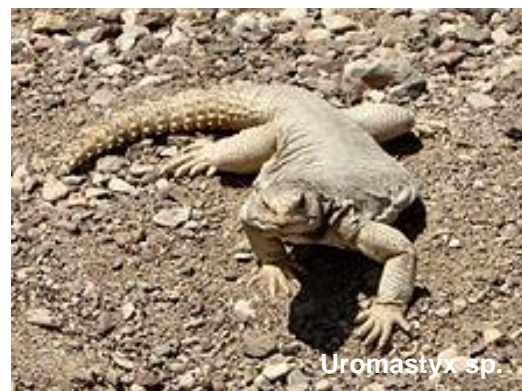


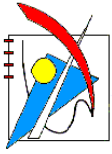
Identificación genética de ciliados parásitos de reptiles



AUTORA: Alicia Merino Martínez

DIRECTORA: Rosa Leva López

FECHA DE REALIZACIÓN: 2015/16 – 2016/17



IES PRADO DE SANTO DOMINGO.

Avda. Pablo Iglesias 3 28922 Alcorcón (Madrid) Telf.: 91 643 91 00 / 81 87 Fax 91 643 23 63

www.pradosantodomingo.es

Identificación genética de ciliados parásitos de reptiles

RESUMEN

Hasta el momento, se han descrito una serie de ciliados del género *Nyctotherus* (protozoo parásito de reptiles) mediante dos criterios, morfología y especie de hospedador. Para determinar si estos dos métodos (principalmente, la especie de hospedador) son válidos o no, en este trabajo se ha llevado a cabo el análisis genético de varios aislados de *Nyctotherus* pertenecientes a siete especies de hospedadores diferentes. Se han analizado los genes ribosomales (18S-ARNr y la región ITS2), observando las diferencias y similitudes entre dichos aislados (a través de los cambios de bases compensatorias -CBCs-). También se ha realizado el análisis filogenético (del gen 18S-ARNr) para determinar las relaciones evolutivas entre las secuencias. Como resultado, se han identificado cuatro especies distintas en siete hospedadores diferentes, lo que cuestiona la validez de la especie de hospedador como criterio taxonómico.

PALABRAS CLAVE: 18S-ARNr – ITS2 – Análisis filogenético – Análisis genético

ABSTRACT

Until now, a group of ciliates belonging to the genus *Nyctotherus* (a protozoan parasite of reptiles) have been described on the basis of their morphology and host species. To determine if these criteria (mainly, the host species) are valid or not, this project has carried out the genetic analysis of several isolates of *Nyctotherus* from seven different host species. The project has analyzed the ribosomal genes (18S-rRNA and the ITS2 region), noting the differences and similarities between these isolated ciliates (through compensatory base changes -CBCs-). Additionally, the project has done a phylogenetic analysis (with the 18S-rRNA gene) to determine the evolutionary relationships between sequences. As a result, four distinct species from seven different hosts have been identified putting into question the validity of the host species as a taxonomic criterion.

KEY WORDS: 18S-rRNA – ITS2 – Phylogenetic Analysis – Genetic Analysis

