



Biodiversidad de hongos en los municipios de Añasco y Mayagüez, Puerto Rico mediante DNA Barcoding



Camila I. Del Toro Belvis, Naomi A. Dávila Garvey, Yasiri A. Ortiz Armán, Venus T. Vargas Lamboy
Centro Residencial de Oportunidades Educativas de Mayagüez (CROEM)

Resumen

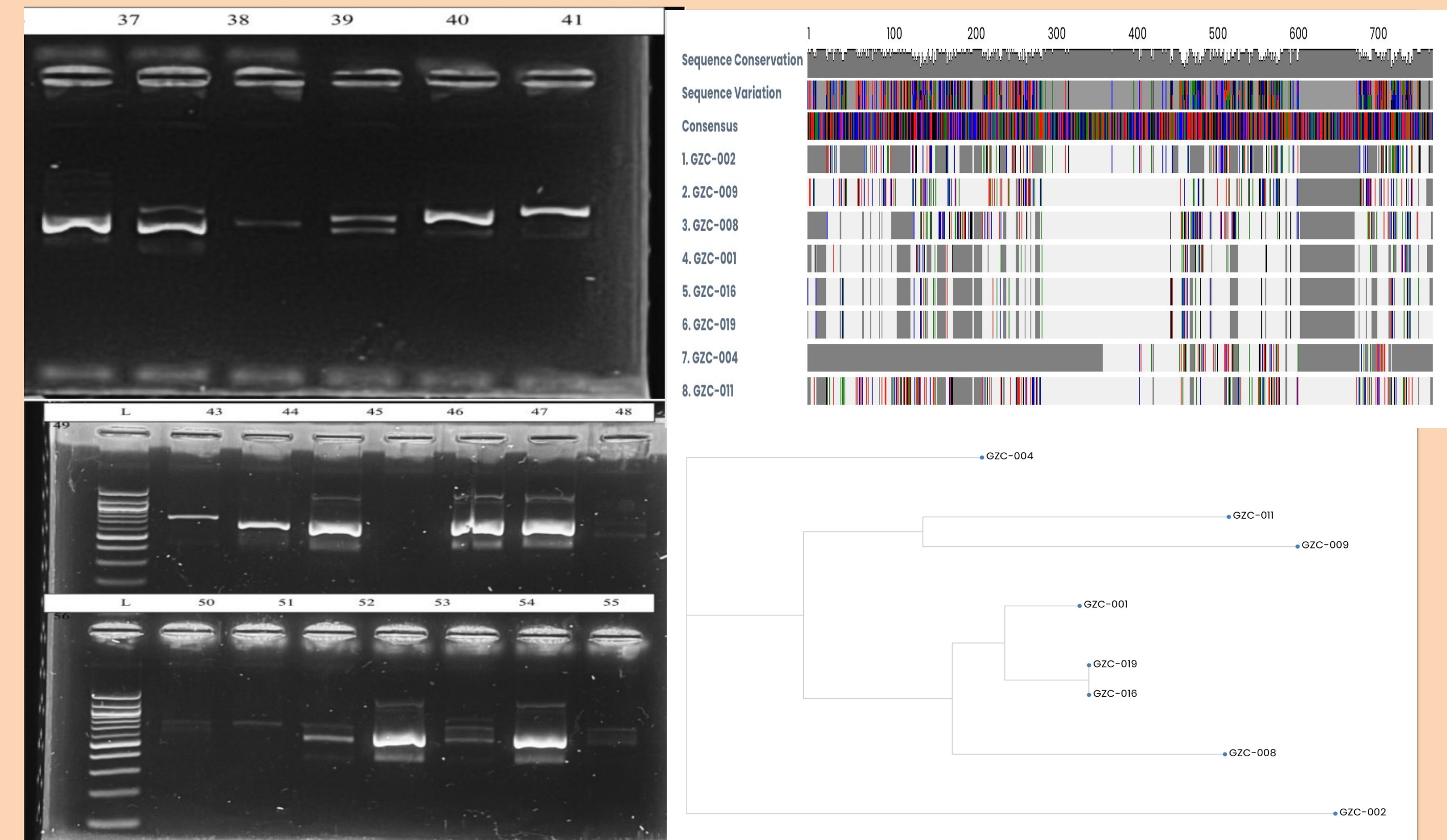
Los hongos son organismos del reino Fungi que se alimentan de materia orgánica en descomposición y se reproducen por medio de esporas. Desempeñan un papel fundamental en los ecosistemas, ya que contribuyen al reciclaje de nutrientes y al mantenimiento del equilibrio ambiental. Generalmente se desarrollan en ambientes húmedos, como suelos ricos en materia orgánica, troncos en descomposición y áreas boscosas. Las regiones de Mayagüez y Añasco presentan condiciones climáticas ideales para su crecimiento debido a su temperatura cálida y elevada humedad. Sin embargo, la biodiversidad fúngica de estas zonas no ha sido ampliamente documentada. Por esta razón, esta investigación tiene como objetivo identificar y caracterizar los hongos presentes en el municipio de Añasco y Mayagüez utilizando la técnica de DNA Barcoding, con el fin de ampliar el conocimiento sobre su diversidad e identificar posibles especies poco conocidas o no documentadas.

Introducción

Los hongos pertenecen al reino Fungi y son organismos eucariotas con paredes celulares de quitina. Actúan como descomponedores mediante digestión externa y se reproducen por esporas, tanto sexual como asexualmente. Crecen principalmente en ambientes húmedos y ricos en materia orgánica. En Puerto Rico, pueblos como Mayagüez y Añasco presentan condiciones ideales para el crecimiento y reproducción de hongos debido a sus características climáticas y ambientales. Esta investigación busca identificar la biodiversidad de hongos presentes en estas regiones mediante la recolección de muestras, observación microscópica y el uso de la técnica de DNA barcoding. Este método permitirá obtener e identificar el ADN específico de los hongos seleccionados utilizando electroforesis, ampliando así el conocimiento sobre las especies presentes en estas áreas. Además, se utilizaron aplicaciones de identificación fotográfica para apoyar el análisis y clasificación inicial de los hongos recolectados.

Materiales y Métodos

Se recolectaron 20 muestras de hongos distribuidas entre el sector El Salto en Añasco y el Cerro Las Mesas en Mayagüez. En cada punto de muestreo se documentaron las coordenadas, la temperatura ambiental y se tomó evidencia fotográfica de los hongos antes de ser transportados en bolsas de papel bajo refrigeración para preservar la integridad celular. El proceso de Sílica DNA Isolation comenzó con la trituración del tejido fúngico en lysis solution, seguido de una incubación a 65°C para romper las paredes y membranas celulares y una centrifugación para separar los restos sólidos del sobrenadante. Posteriormente, se añadió sílica resin y se incubó a 57°C, permitiendo que el ADN se uniera a las partículas de sílica. Se realizaron múltiples lavados con wash buffer y agitación en vortex para eliminar contaminantes como proteínas y polisacaridos. Tras la elución final con TE buffer y su almacenamiento a 20°C, se procedió a la replicación mediante la PCR utilizando primers específicos para amplificar las regiones del genoma fúngico. Para confirmar que la amplificación fue exitosa, se procedió a realizar una electroforesis de gel de agarosa para confirmar la presencia y calidad del material genético extraído. Una vez verificadas, las muestras fueron secuenciadas y analizadas mediante la plataforma DNA Subway, donde se utilizaron herramientas de bioinformática para determinar la identidad taxonómica de cada hongo comparándolos con registros del BLAST en DNA Subway.



Resultados y discusión

Los resultados de este proyecto de código de barras de ADN fueron bastante interesantes porque mostraron diferentes resultados en la amplificación de las secuencias genéticas. En nuestras 8 muestras se observaron bandas de ADN claras y fáciles de identificar, lo que ayudó a reconocer géneros como *Trametes*, *Phyiscia*, *Pleurotus*, *Lentinus*, *Chlorophyllum* y *Neonothopanus*. Esto significa que el ADN extraído de esas muestras tenía buena calidad y podía usarse para más análisis genéticos. En Mayagüez se encontraron dos hongos del género *Trametes*, mientras que en Añasco solo se encontró uno. Además, *Trametes* fue el género que apareció con más frecuencia en todas las muestras, lo que podría significar que es muy común en esa región. Esto posiblemente se relaciona con las condiciones ambientales o ecológicas del área. Por otro lado, las demás 11 muestras tuvieron bandas débiles o no mostraron producto de amplificación. Esto demuestra que la calidad del ADN no fue igual en todas las muestras. Las posibles razones pueden ser la calidad del tejido utilizado, problemas durante la extracción del ADN, errores humanos durante el procedimiento o que las condiciones de la PCR no estuvieran completamente optimizadas. Aun así, la mayoría de los resultados fueron positivos y útiles para identificar y estudiar las especies encontradas. Además, nuestra hipótesis fue aceptada, ya que sí se encontró una gran diversidad de especies en las muestras analizadas. En general, este proyecto demuestra la importancia de estudiar la biodiversidad presente en la naturaleza y especialmente en los hongos.

Agradecimientos:

Agradecemos a la profesora Venus Vargas por brindarnos la oportunidad de realizar este trabajo y por su constante apoyo en la investigación. Asimismo, agradecemos a la profesora Yadira Ortiz Castellano por facilitarnos las herramientas, el acceso al laboratorio y su guía técnica durante el proceso.

Referencias:

