



Explorando la Biodiversidad de Ramey Central Park: Identificación de Plantas y Artrópodos por Código de Barras Genético

Isabel Perea Keller, Enrique Pérez Zierenberg y Gabriel J. Vázquez Badillo
Academia de la Inmaculada Concepción, Mayagüez, PR



Resumen

Ramey Central Park, en Aguadilla, Puerto Rico, es un ecosistema restaurado que ofrece una oportunidad única para el estudio de la biodiversidad local. El objetivo de esta investigación fue documentar la diversidad de plantas y artrópodos presentes en el área mediante técnicas de código de barras genético. Se instalaron trampas de caída para la captura de artrópodos terrestres y se recolectaron muestras foliares de plantas representativas. Posteriormente, las muestras fueron sometidas a extracción de ADN, amplificación por PCR y secuenciación genética para su identificación mediante comparación con bases de datos de referencia. Se identificaron diversas especies de artrópodos y plantas. Algunas muestras no pudieron ser identificadas hasta nivel de especie, resaltando la importancia de continuar fortaleciendo las bases de datos genéticas disponibles. Este estudio demuestra el valor del código de barras genético como herramienta para la investigación, conservación y monitoreo de la biodiversidad en Puerto Rico.

Introducción

- Los artrópodos constituyen el grupo más diverso del reino animal y desempeñan funciones ecológicas, como la polinización, la descomposición de materia orgánica, el control biológico y el mantenimiento de la salud de los ecosistemas.
- Las plantas proveen alimento, refugio y soporte a numerosas especies, además de contribuir a la estabilidad y funcionamiento de las comunidades biológicas.
- El código de barras genético es una herramienta molecular que permite identificar especies de manera rápida y precisa mediante el análisis de secuencias específicas de ADN.

Materiales y Métodos



Fig. 1. Vista topográfica de Ramey Central Park, Aguadilla, Puerto Rico.



Fig. 2. Trampa de caída instalada para la captura de artrópodos terrestres.



Fig. 3. Parte de las 20 muestras foliares recolectadas manualmente para análisis de código de barras genético.



Fig. 4. Los 25 artrópodos capturados mediante trampas de caída instaladas en Ramey Central Park.

Resultados

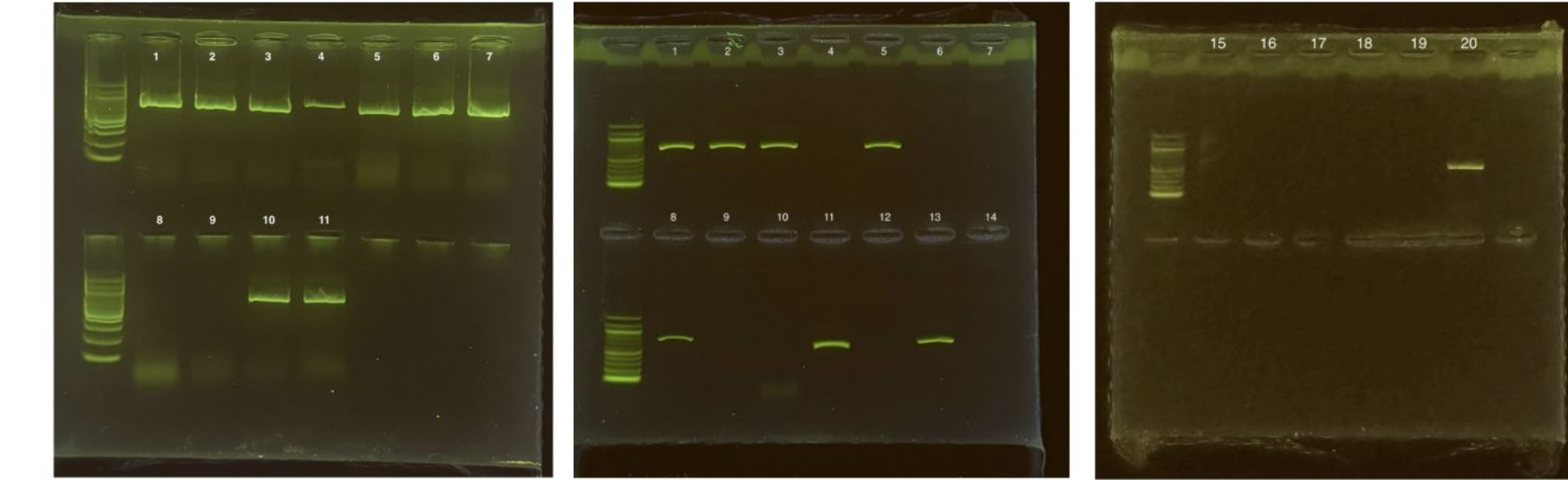
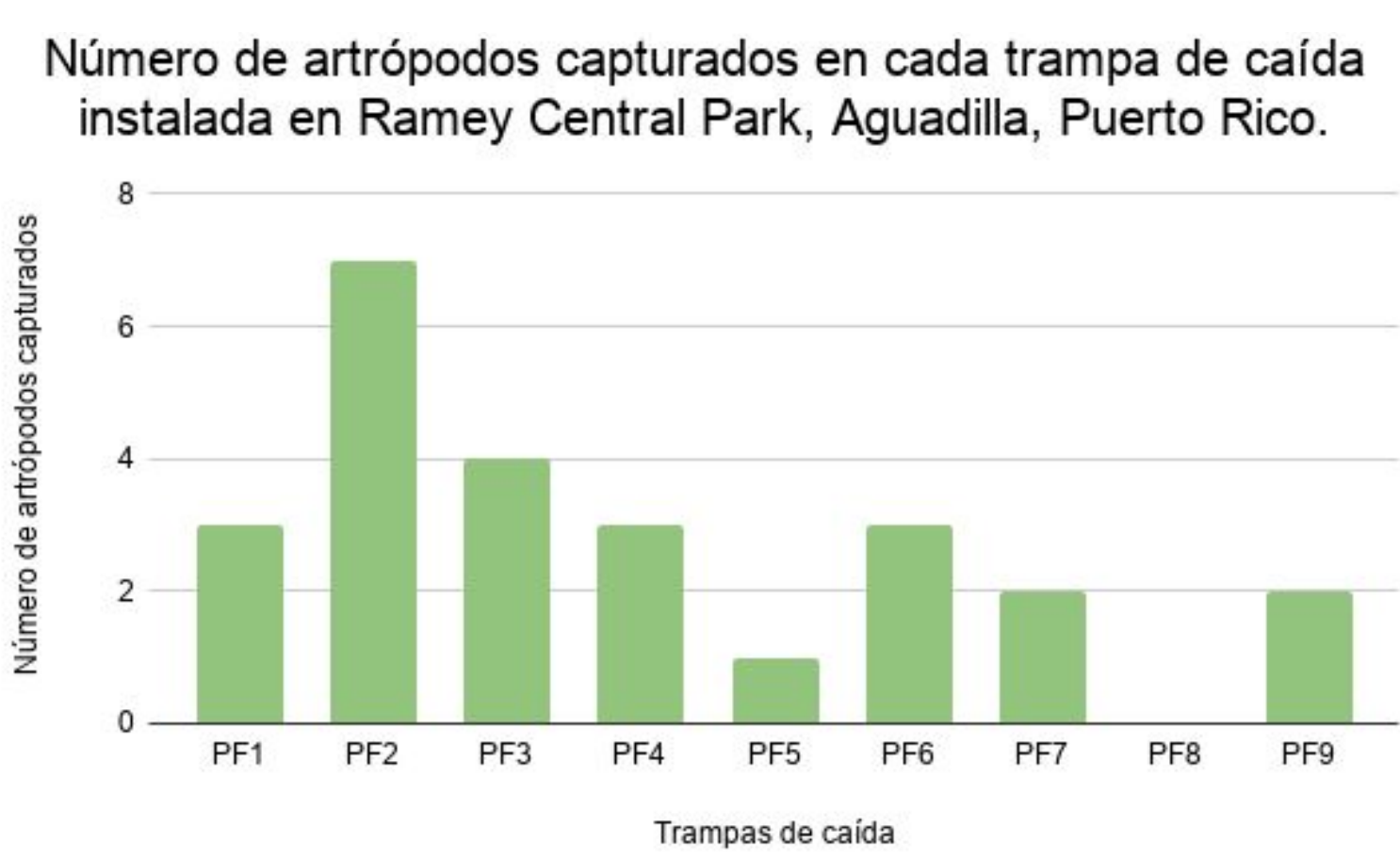


Fig. 5. Electroforesis en gel de agarosa al 1.5% que muestra los productos de amplificación del gen rbcL obtenidos a partir de muestras de plantas.

Código	Organismo	Número de fosa de gel	Nombre científico
ZWC-01	Artrópodos	1	<i>Gryllus veletis</i>
ZWC-02	Artrópodos	2	<i>Staphylinidae sp.</i>
ZWC-03	Artrópodos	3	<i>Gryllus veletis</i>
ZWC-04	Artrópodos	4	—
ZWC-05	Artrópodos	5	<i>Ligypterus fuscus</i>
ZWC-06	Artrópodos	6	<i>Gryllus veletis</i>
ZWC-07	Artrópodos	7	<i>Gryllus veletis</i>
ZWC-08	Artrópodos	10	<i>Blattaria sp.</i>
ZWC-09	Artrópodos	11	<i>Gryllus veletis</i>
ZWC-10	Plantas	1	<i>Zanthoxylum monophyllum</i>
ZWC-11	Plantas	2	—
ZWC-12	Plantas	3	<i>Casearia sylvestris</i>
ZWC-13	Plantas	5	<i>Dalechampia heteromorpha</i>
ZWC-14	Plantas	8	—
ZWC-15	Plantas	11	<i>Amphilophium lactiflorum</i>
ZWC-16	Plantas	13	<i>Zanthoxylum monophyllum</i>
ZWC-17	Plantas	20	<i>Jasminum fluminense</i>

Tabla 1. Identificación taxonómica de las muestras de artrópodos y plantas analizadas mediante código de barras genético. Se presentan los códigos asignados a cada muestra, el tipo de organismo, la fosa correspondiente en la gel de electroforesis y la identificación obtenida a partir del análisis de secuencias de ADN.

Discusión

Entre los artrópodos identificados se encontraron representantes de diferentes grupos taxonómicos, incluyendo grillos, escarabajos, cucarachas y saltamontes, lo que evidencia la presencia de una comunidad terrestre diversa dentro del área de estudio. En las muestras vegetales se identificaron varias especies, entre ellas *Z. monophyllum*, *C. sylvestris*, *D. heteromorpha*, *A. lactiflorum* y *J. fluminense*. Algunas muestras no pudieron identificarse hasta nivel de especie, posiblemente debido a limitaciones en la calidad del ADN extraído, la amplificación por PCR o la disponibilidad de secuencias de referencia en las bases de datos genéticas. Este resultado nos indica la importancia de continuar ampliando las bibliotecas de secuencias para la biodiversidad del Caribe. En conjunto, los resultados demuestran que el código de barras genético es una herramienta efectiva para complementar los inventarios biológicos tradicionales y generar información valiosa sobre la biodiversidad presente en ecosistemas restaurados.

Referencias

Bell, K. L., Loeffler, V. M., & Brosi, B. J. (2017). An rbcL reference library to aid in the identification of plant species mixtures by DNA metabarcoding. *Applications in plant sciences*, 5(3), apps.1600110. <https://doi.org/10.3732/app.1600110>
Cold Spring Harbor Laboratory, DNA Learning Center. (2024). *Using DNA Barcodes to Identify and Classify Living Things*. www.dnabarcoding101.org.
Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & deVaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings. Biological Sciences*, 270(1512), 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
Rescate Playas Borinquen. (s. f.). *Nuestro trabajo*. <https://www.rescateplayasborinquen.org/nuestro-trabajo>
Ramey Residents PR. (s. f.). *Community news*. <https://www.rameyresidentspr.com/community-news>
Sollai, G., Giglio, A., Giuliani, P. G., Crnjar, R., & Solari, P. (2024). Topic: Arthropod Biodiversity: Ecological and Functional Aspects. *Insects*, 15(10), 766. <https://doi.org/10.3390/insects15100766>
Wang, J., Yan, Z., Zhong, P., Shen, Z., Yang, G. and M., L. (2022). Screening of universal DNA barcodes for identifying grass species of Gramineae. *Frontiers in Plant Science*, 13, <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.998863>
Watanabe, S., Masamura, N., Satoh, S., & Hirao, T. (2024). Investigating the efficiency of DNA barcoding in insect classification: A review study. *Entomology and Applied Science Letters*, 11(3), 15-23. <https://doi.org/10.51847/nrz9ike2r>

Agradecimientos

Queremos agradecer a la Prof.^aYadira Ortiz Castellano y al Arecibo C3 por brindarnos esta oportunidad de desarrollo profesional e investigación. Extendemos nuestro agradecimiento al personal de Cold Spring Harbor Laboratory y a la Dra. Cristina Fernández Marco por el procesamiento y secuenciación de las muestras, así como por su mentoría y apoyo en la capacitación de maestros.