

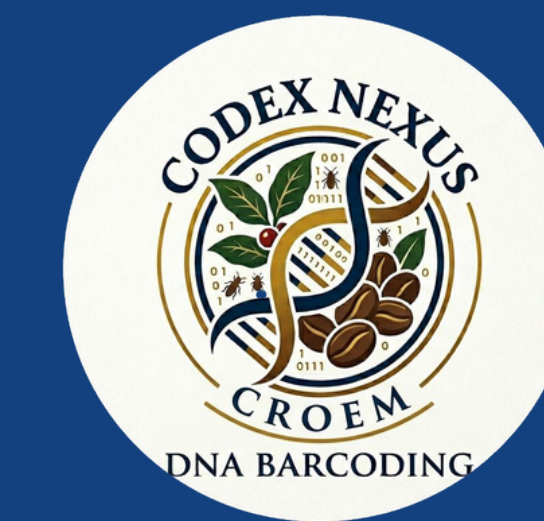


Identificación de plagas del café en Puerto Rico mediante códigos de barra de ADN



Amanda Z. Vera Cancel, Christian A. Sievens Ortiz, Fernando A. Prieto Pérez, Lorea Olivares Cruz, Prof. Brenda Cabrera

CROEM, Mayagüez, PR



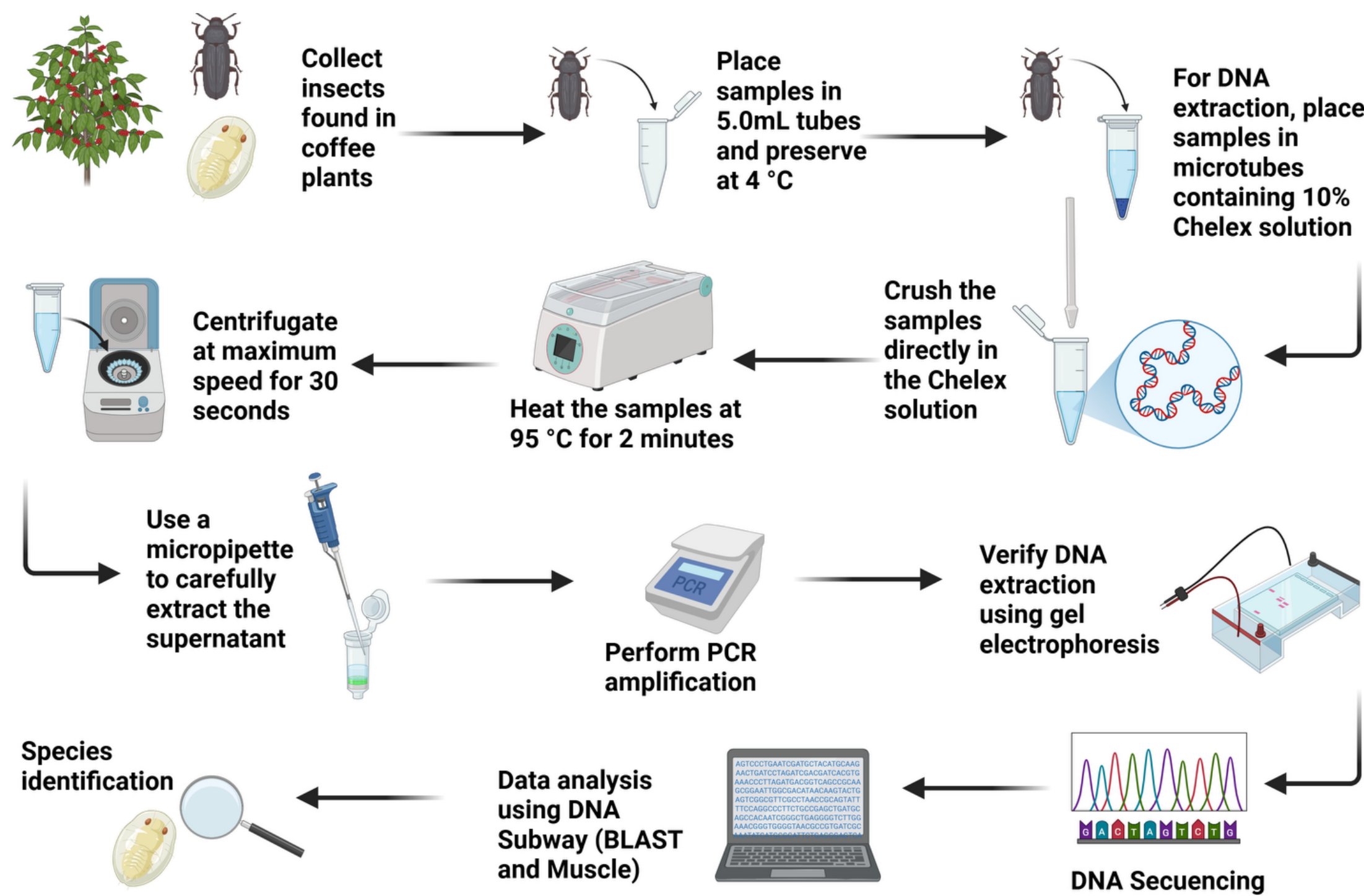
Resumen

El café es uno de los cultivos agrícolas de mayor relevancia económica, social y cultural en Puerto Rico. Sin embargo, su productividad está amenazada por múltiples plagas que deterioran la calidad del grano y afectan la estabilidad de la industria. Un desafío fundamental en su manejo radica en identificar correctamente estos organismos, ya que sus características morfológicas suelen ser muy similares entre especies, especialmente en etapas larvales, lo que dificulta diferenciarlos a simple vista. Esta falta de precisión puede retrasar la implementación de estrategias de control efectivas e incrementar las pérdidas agrícolas. El DNA Barcoding surge como una herramienta esencial para confirmar con precisión la identidad de las plagas presentes en los cafetales. A través del análisis molecular, se detectaron especies de cuatro haciendas en Puerto Rico. DNA Barcoding se usó para identificar con precisión las plagas que afectan los cultivos de café en Puerto Rico, contribuyendo así a mejorar el manejo integrado, prevenir pérdidas y fortalecer una de las principales actividades económicas de la Isla.

Introducción

El propósito principal del proyecto es identificar plagas de insectos que afectan la especie *Coffea arabica*. Utilizando la herramientas de bioinformática DNALC, que incluye todas las herramientas necesarias para visualizar y editar secuencias de códigos de barras, alinear secuencias y construir árboles filogenéticos (DNA, LC. 2020). El café es la segunda mercancía más valiosa del mundo e impulsa de manera significativa la economía de Puerto Rico (Oliveira et al., 2023). Su reproducción enfrenta numerosos desafíos, como el ataque de insectos, plagas y enfermedades. El estudio de los organismos de afectan la producción del cultivo es importante para el progreso de la industria del café. Además, Puerto Rico tiene una larga historia en la producción de café, la cual lo ha caracterizado mundialmente y se ha convertido en parte de su identidad cultural. Las condiciones tropicales de Puerto Rico favorecen la biodiversidad de especies de insectos que pueden ser peligrosas para la agricultura (Rani, V. 2025). Plagas cafetaleras como la broca del café, el minador de hojas y patógenos fúngicos infectan el café para alimentarse (Vidya. Madhuri., 2024). Afortunadamente, la gran cantidad de especies que se pueden encontrar afectando los cafetales puertorriqueños ofrece una oportunidad para implementar una nueva forma de análisis por medio de DNA Barcoding. DNA Barcoding es una herramienta innovadora que utiliza extracción de ADN de muestras, amplificación PCR, electroforesis y análisis bioinformático para realizar una documentación cohesiva y efectiva de plagas del café a nivel molecular (Niu et al., 2024). Su implementación es una aportación crucial para un mejor entendimiento sobre la biodiversidad y evolución de plagas cafetaleras.

Metodología



Resultados



Figura 1. Coordenadas GPS: Mayagüez/18.236° N, 66.885°W, Yauco/18.140°N, 66.845° W, Lares/18.300°N 66.970°W, Maricao/18.180°N, 66.992°W

Sample	Closest DNA Match	Mismatches	Interpretation
PYC-001	<i>Petrusa epilepsis</i>	36	Possible undescribed or highly divergent species
PYC-002	<i>Ceraeochrysa cubana</i>	45	Related species; larval morphology suggests <i>Ceraeochrysa claveri</i>
PYC-006	<i>Anasa armigera</i>	4	Possible contamination with PYC-008
PYC-010	Similar to PYC-001	31	Likely closely related to PYC-001
PYC-011	<i>Salicidae</i> sp.	16	Moderate genetic similarity
PYC-013	<i>Melanocharta eunota</i>	30	Divergent but related species
PYC-015	<i>Drosophila lutzii</i>	15	Closely related species
PYC-016	<i>Botriocera</i> sp.	1	Very strong match
PYC-017	<i>Drosophila lutzii</i>	15	Closely related species
PYC-018	<i>Salicidae</i> sp.	5	Strong match
PYC-019	<i>Dolichopodidae</i> sp.	21	Moderate divergence
PYC-020	<i>Psocidae</i> sp.	106	Very high divergence; uncertain identification
PYC-021	<i>Eriophora</i> sp.	14	Moderate similarity
PYC-023	<i>Nylanderia</i> sp. GUY01	38	Divergent match
PYC-024	<i>Eulophinae</i> gen. <i>eulohanssoni</i> sp.	75	Weak molecular match; morphology resembles <i>Bruchomorpha tristis</i>
PYC-025	<i>Eriophora</i> sp.	2	Strong match
PYC-033	<i>Drosophila lutzii</i>	13	Closely related species
PYC-040	<i>Drosophila lutzii</i>	15	Closely related species

Figura 2. Secuencias de ADN (BLAST) Alta probabilidad de secuencias nuevas en la base de datos

Sample	Closest DNA Match	Mismatches	Interpretation
PYC-028	<i>Hypothenemus hampei</i>	0	Exact match
PYC-029	<i>Hypothenemus hampei</i>	0	Exact match
PYC-031	<i>Eriophora</i> sp.	0	Exact match
PYC-034	<i>Hypothenemus hampei</i>	0	Exact match
PYC-036	<i>Hypothenemus hampei</i>	0	Exact match
PYC-037	<i>Solenopsis saevissima</i> / <i>Wasmannia auropunctata</i>	0	Exact match to multiple close
PYC-038	<i>Hypothenemus hampei</i>	0	Exact match
PYC-039	<i>Hypothenemus hampei</i>	0	Exact match

Figura 3. Secuencias de ADN (BLAST - 0 mismatches)

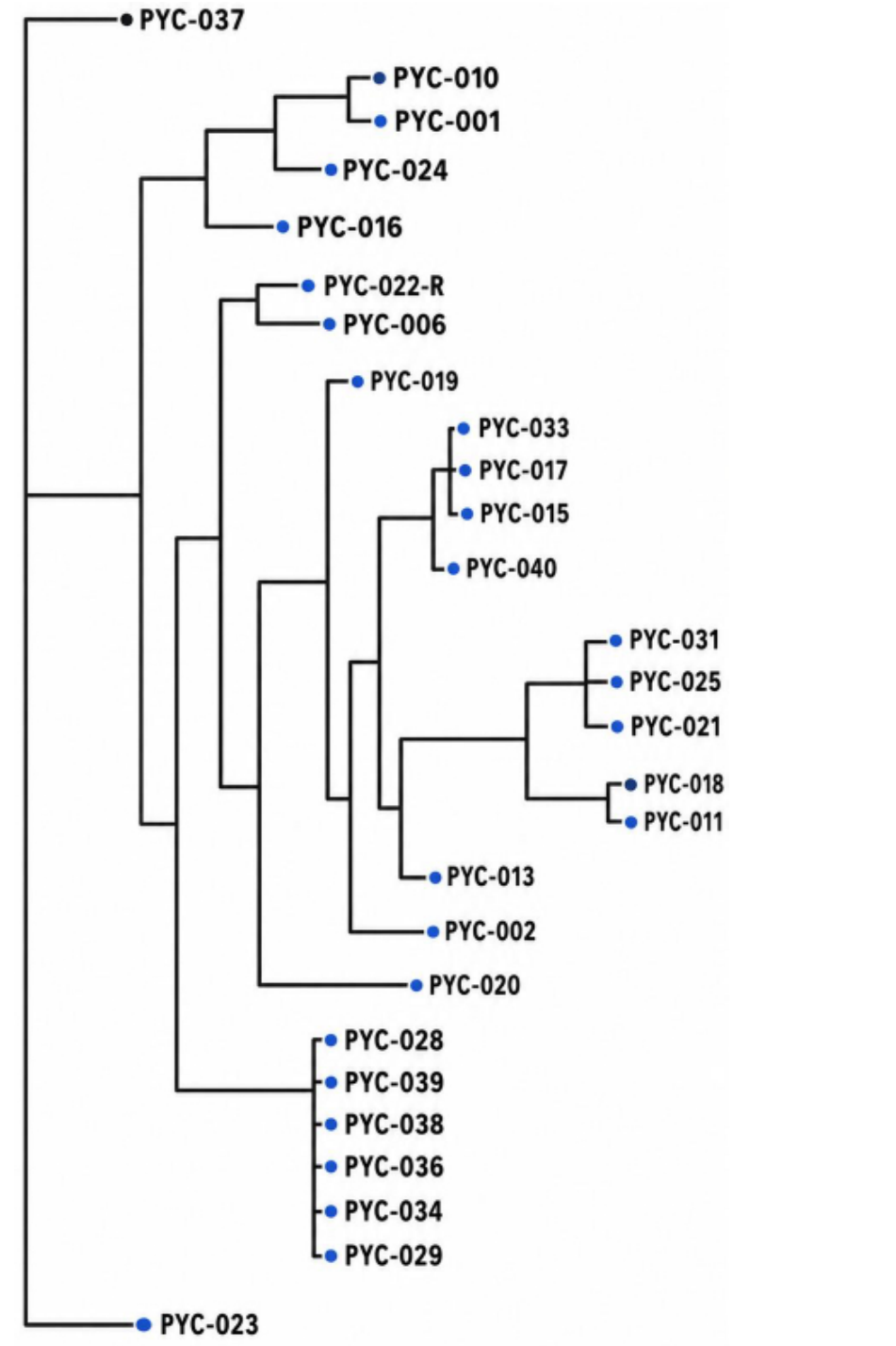


Figura 4. Árbol Filogenético (Maximum Likelihood) Outgroup: PYC-023



Figura 5. PYC-001

Figura 6. Petrusa epilepsis

Figura 7. PYC-010

DNA Barcoding Match Quality Distribution (26 Samples)

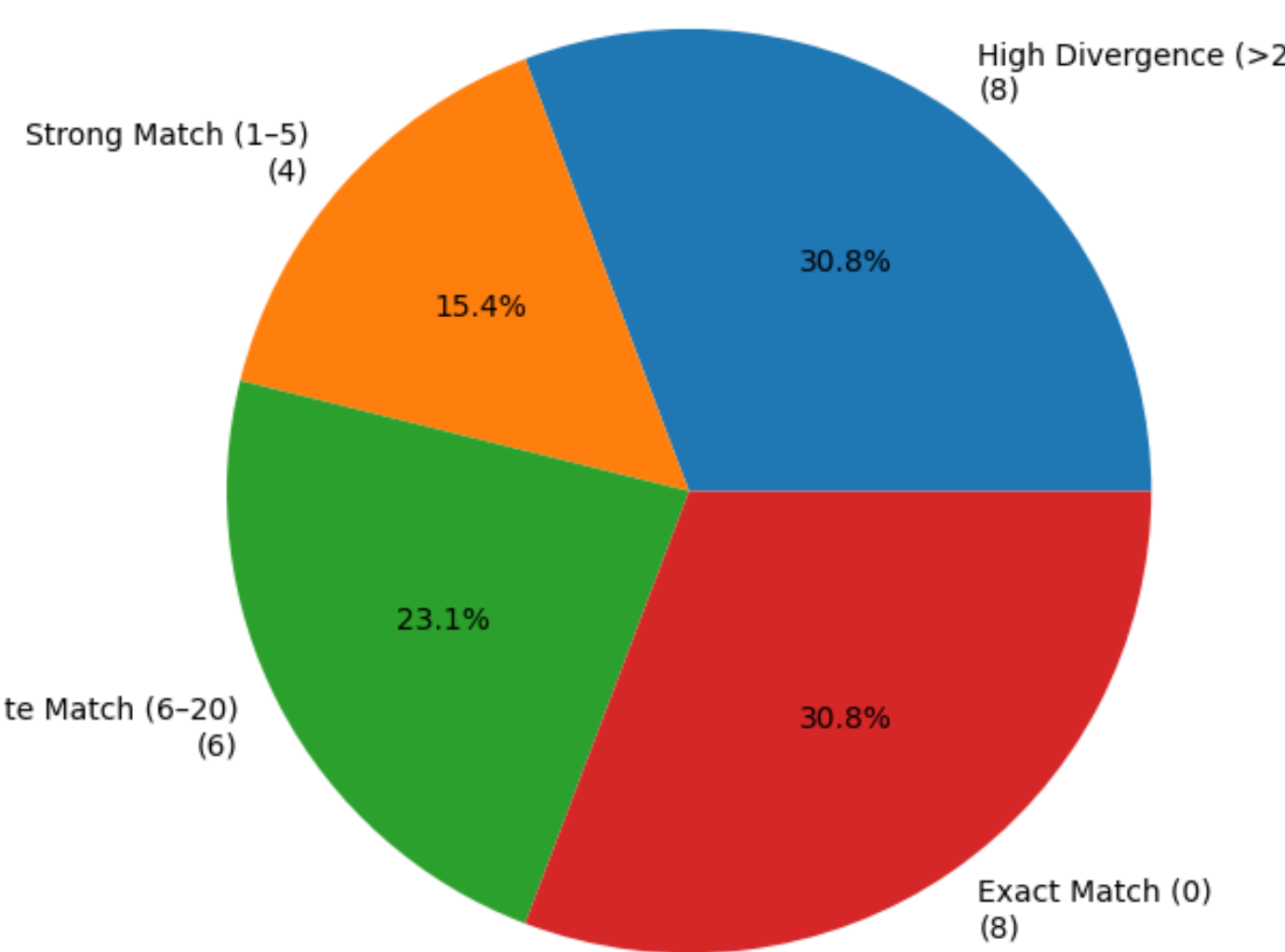


Figura 8. Distribución de calidad de coincidencia de las muestras



Figura 9. Alineamientos de secuencias

Discusión

DNA barcoding confirmó la presencia de múltiples insectos asociados al café y permitió la identificación molecular efectiva de varias muestras. Las seis muestras que se identificaron como *Hypothenemus hampei* durante la recolección tuvieron 0 desajustes con las secuencias de la especie en las bases de datos de BLAST. De acuerdo a la Figura 3, 4, 9, todas las muestras de *Hypothenemus hampei* recolectadas comparten la misma secuencia de ADN. Se encontró una presencia de *Eriophora* sp. en cafeterías puertorriqueñas. BLAST identificó PYC-021, PYC-025 y PYC-021 como una misma especie. En la Figura 9, sus nucleótidos están en patrones que llevan a concluir que son la misma especie. Además, otro descubrimiento significativo fue la identificación de una especie muy parecida a *Petrusa epilepsis* en apariencia en su etapa de adultez. Aunque los análisis moleculares sugieren una estrecha afinidad con esta especie, se recomienda realizar una evaluación taxonómica complementaria, integrando características morfológicas y evidencia adicional, para confirmar su identidad específica. En la tabla de Figura 9, PYC-001 y PYC-010 eran casi idénticas en su secuencia. PYC-033, PYC-017, PYC-15, PYC-040 comparten una secuencia de ADN, y todas tienen un número de desajuste de 13 a 15 con *Drosophila lutzii*. PYC-020 y PYC-024 tienen alta probabilidad de ser nuevas secuencias que no están en las bases de datos porque el número de desajustes es significativo. Estas se pueden añadir a las bases de datos para mejor precisión en el futuro al identificar. En general, los resultados demuestran que las haciendas cafetaleras contienen una comunidad diversa de insectos y que el DNA barcoding es una herramienta útil para su identificación molecular. Nuestros resultados contribuyen al fortalecimiento de las bibliotecas genómicas de biodiversidad, lo que puede facilitar futuros procesos de identificación, monitoreo y manejo integrado de plagas en ecosistemas agrícolas.

Referencias

DNA Barcoding 101 Website - CSHL DNA Learning Center. (2020). CshLedu. <https://dnalc.cshl.edu/websites/dnabarcoding101.html>

Oliveira, P. V., dos Santos, A. R., Olive, E. L., Britto, K. B., de Almeida, F. A. N., Pacheco da Silva, V. C., Machado, C. B., Fornazier, M. J., Ventura, J. A., Culi, M. P., & Paneto, G. G. (2023). Molecular Species Delineation Using COI Barcodes of Mealybugs (Hemiptera: Pseudococcidae) from Coffee Plants in Espírito Santo, Brazil. Diversity, 15(2), 305. <https://doi.org/10.3390/d15020305>

Rani, V., Chauhan, C., & Sengar, R. S. (2025). DNA Barcoding Markers: A Comprehensive Review and Taxonomic Classification Across Species. Computational Biology and Chemistry, 108872. <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2025.108872>

S. R. J., Vidya Madhuri E, Reddy, G. R., Akhil, V. S., Ramya N, & Sagar D. (2024). DNA Barcoding: Accelerating Insect Species Discovery and Biodiversity Documentation. Journal of Advances in Biology & Biotechnology, 27(7), 709–720. <https://doi.org/10.9734/jabb/2024/v27i71030>

Niu, M., Liu, Y., Xue, L., Cai, B., Zhao, Q., & Wei, J. (2024). Improving DNA barcoding library of armored scale insects (Hemiptera: Diaspididae) in China. PLoS ONE, 19(5), e0301499–e0301499. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0301499>

Agradecimientos

Expresamos nuestro agradecimiento a Prof. Brenda Cabrera por su mentoría, orientación científica y apoyo constante durante esta investigación. Agradecemos también a Yadira Ortiz Castellano por su asistencia experimental y apoyo en el laboratorio, y a Cristina Fernández Marcos, PhD por su colaboración y contribuciones al desarrollo del proyecto. Asimismo, reconocemos el apoyo institucional de CROEM y de las entidades colaboradoras que hicieron posible esta investigación.