



CÓDIGO DE BARRAS DE LA VIDA EN URUGUAY

Proyectos, desafíos y perspectivas



Relatoría del evento: Cierre del proyecto *“Usinas de Códigos de Barra de la Vida de Uruguay”*

 Miércoles 19 de noviembre

 9:30 a 12:00

 Museo Nacional de Historia Natural ( Miguelete 1825)

El encuentro se abrió con las palabras de **Mauricio Bonifacino** (Facultad de Ciencias, Facultad de Agronomía-Udelar), quien realizó una presentación marco y contextualización general sobre la relevancia de la metodología de Códigos de Barra de la Vida (CBV) en Uruguay. En su intervención destacó la crisis de biodiversidad que enfrenta el país, vinculada a cambios en el uso del suelo, forestación, agricultura extensiva, urbanización costera y la expansión de especies invasoras, que amenazan ecosistemas clave como los pastizales y bosques serranos. Subrayó que los métodos tradicionales de estudio de biodiversidad no logran seguir el ritmo de estos cambios, motivo por el cual las herramientas moleculares cobran un rol central.



Foto 1: Presentación de Mauricio Bonifacino.

Mauricio repasó los fundamentos del **DNA barcoding**, enfatizando la importancia de construir bibliotecas de referencia respaldadas por vouchers depositados en colecciones científicas. Hizo un recorrido histórico del barcoding en Uruguay, desde el primer contacto nacional con el Consorcio Internacional en 2014, el curso de formación de 2015 en Canadá, el curso replicado en Uruguay en 2018 y la conformación de un grupo interinstitucional estable que derivó posteriormente en el proyecto Usinas. También presentó los avances en el desarrollo

de un **portal nacional de barcoding**, actualmente en etapa final, que integrará estadísticas, materiales didácticos, proyectos y acceso a los datos de Uruguay en BOLD, además de conectar con otros repositorios nacionales.

A continuación, **Mariana Cosse** (IIBCE-MEC) presentó la estructura, alcance y resultados del proyecto *Usinas de Códigos de Barra de la Vida*, primer proyecto financiado del grupo. Subrayó la amplia participación interinstitucional, que involucró investigadoras e investigadores del MEC, Ministerio de Ambiente, MGAP–Dinara, Udelar (Facultades de Ciencias, Agronomía y CENUR), INIA y LATU, además de numerosos estudiantes y personal técnico. Mariana explicó que el proyecto surgió de un proceso iniciado con el curso financiado en 2018.



Foto 2: Presentación de Mariana Cosse.

Describió la lógica del proyecto, que integró objetivos aplicados —como el uso de barcoding para analizar dieta de ganado en pastizales y para caracterizar parasitoides nativos de importancia agrícola— junto con líneas paralelas impulsadas por integrantes del grupo (hongos, plantas mielíferas, insectos palo). Presentó los principales resultados: formación de

recursos humanos (dos doctorados en curso, colaboraciones con maestrías, tesis de grado y tecnicaturas), la generación de secuencias y conjuntos de datos depositados en SiB-Uy y BOLD, participación en congresos, publicaciones científicas y el desarrollo de nuevas colaboraciones con actores privados.

Mariana Cosse cerró destacando la “escala uruguaya” como una oportunidad estratégica: un país pequeño, con instituciones conectadas y ecosistemas diversos que permiten ensayar modelos nacionales de integración de datos moleculares, colecciones y herramientas de gestión de biodiversidad.

Posteriormente, **Víctor Pacheco** (Facultad de Ciencias, Facultad de Agronomía-Udelar) presentó **El componente de parasitoides**, desarrollado junto con equipos de Facultad de Agronomía, la taxonomía de referencia de Daniel Aquino (Museo de La Plata) y técnicos del proyecto. Explicó la relevancia de los parasitoides como agentes de control biológico, la escasez de conocimiento taxonómico en Uruguay y la dificultad de trabajar con grupos tan pequeños y poco estudiados. Relató el proceso de colecta (incluyendo trampas Malaise y recolección a partir de hospederos), las dificultades de la extracción de ADN sin destruir los vouchers y los obstáculos para la determinación taxonómica, ya que muchos grupos son “dark taxa” sin claves actualizadas. Pese a ello se lograron 132 secuencias de buena calidad, que constituyen una base inicial para futuras investigaciones.



Foto 3: Presentación de Vitor Pacheco.

Vitor Pacheco también presentó el trabajo sobre insectos **palo (Phasmatodea)** desarrollado en el marco del proyecto PAIE (Costa, M. Panzera, L. Basualdo. Tutores: E. Lorier, Pacheco da Silva, VC) apoyado por recursos del proyecto Usinas. Esta línea permitió avanzar en un grupo casi no estudiado en Uruguay.

Silvina Piastri (estudiante de doctorado del proyecto, ANII, PEDECIBA) presentó su proyecto de doctorado centrado en la importancia de construir una biblioteca local de códigos de barra para gramíneas forrajeras. Su trabajo usa metabarcoding de ADN para estudiar la dieta de ovinos y vacunos en distintos sistemas y experimentos de largo plazo (por ejemplo, unidades experimentales coordinadas por INIA), mostrando cómo una referencia local mejora la resolución de los estudios dietarios sin afectar el bienestar animal. Silvina explicó que contar con secuencias locales permite detectar si los animales seleccionan gramíneas de alto valor forrajero en distintos tratamientos y sistemas, y enfatizó la necesidad de priorizar y curar las secuencias locales para mejorar la interpretación de metabarcoding.



Foto 4: Presentación de Silvina Piastri.

Arley Camargo (CENUR Nordeste, Udelar, Rivera) presentó un proyecto derivado de las actividades del consorcio para la **tipificación molecular del polen en mieles** usando metabarcoding. Describió la construcción de una biblioteca local de plantas melíferas (herborización y secuenciación Sanger de marcadores vegetales) y el procesamiento de muestras de miel (recuperación de polen por centrifugado, extracción de ADN y secuenciación por Ion Torrent). El objetivo es identificar la composición florística de mieles de diferentes ambientes (incluyendo el Monte Nativo de Lunarejo) y avanzar en la tipificación y valorización de mieles uruguayas (monoflorales con potencial comercial), además de investigar posibles contaminantes y características que afectan la exportación. Arley detalló marcadores utilizados, áreas de muestreo y la metodología bioinformática empleada para la identificación.

Alejandro Sequeira lideró un proyecto de carácter más **participativo / ciudadano** centrado en la identificación de hongos silvestres mediante estrategias de barcoding con apoyo del proyecto *Usinas de Códigos de Barra de la Vida*. Su iniciativa respondió a la gran diversidad fúngica poco caracterizada en Uruguay y buscó involucrar actores locales en la recolección y

documentación, contribuyendo así a ampliar la cobertura taxonómica del proyecto y generar datos útiles para la conservación y la ciencia ciudadana.



Foto 5: Presentación de Alejandro Sequeira.

Finalmente, se presentaron también avances sobre la publicación de conjuntos de datos y estrategias de continuidad a futuro, a cargo de **Rosina Seguí** (Ministerio de Ambiente) y otros integrantes del grupo, así como el nuevo proyecto desarrollado junto a Forestal Uruguay, orientado a aplicar métodos de ADN ambiental y barcoding en peces, anfibios e invertebrados en áreas protegidas, presentado por **Wilson Sebastián Serra** (MNHN-MEC).



Foto 6: Presentación de Rosina Seguí.

El evento concluyó con un intercambio colectivo conducido por **Cecilia Da Silva** (CENUR Noreste, Udelar) sobre los próximos pasos para revitalizar la dinámica interinstitucional del grupo, fortalecer la curatoría de los materiales generados (incluidos los obtenidos por los estudiantes que viajaron a Canadá) y buscar nuevos fondos para sostener y expandir el trabajo.



Foto 7: Presentación de Cecilia Da Silva.