



DNA *Barcoding*: identificación rápida y precisa de artrópodos de interés agropecuario

Lic. MSc. Mario Giambiasi¹
Dra. N. Gabriela Piñeyro²
Ing. Agr. MSc. Evelin Pechi³
BSc. MSc. PhD. Ximena Cibils⁴

¹Biotecnología
²Sistema Forestal
³Sistema Vegetal Intensivo
⁴Sistema Agrícola Ganadero

El DNA Barcoding permite identificar de forma rápida y precisa plagas y especies benéficas, promoviendo la gestión sostenible de cultivos y la preservación de insectos nativos.

Introducción

Los artrópodos constituyen más del 75 % de la biodiversidad mundial y se estima que solo el 10 % de sus especies han sido descritas hasta la fecha. En el ámbito agrícola, desempeñan un papel crucial al incluir tanto insectos benéficos como perjudiciales para los cultivos. Los polinizadores y controladores biológicos mejoran la producción y disminuyen la dependencia

de agroquímicos. Sin embargo, insectos como los pulgones, moscas blancas, cochinillas, trips y orugas, causan daños directos e indirectos a las plantas, lo que genera pérdidas económicas. Para garantizar la sostenibilidad en la producción agrícola, es esencial gestionar eficazmente ambos grupos de insectos.

La correcta identificación de especies es clave para tomar decisiones en el manejo plagas.



Figura 1 - Taxónomos de la Universidad de Guelph, Canadá, trabajando en una de las mayores colecciones de insectos del mundo. Este centro es reconocido como el núcleo del proyecto *Barcode of Life*, impulsor de la tecnología de *DNA barcoding* para la identificación de especies mediante análisis genético.

Tradicionalmente, se ha basado en el análisis morfológico, que emplea características físicas como la estructura de las alas (número, tipo de alas, morfología y venación alar), las antenas (forma y longitud), la genitalia y aparato bucal, entre otras, para determinar las especies. Si bien este método es efectivo, presenta limitantes como la disponibilidad de taxónomos expertos (Figura 1). Además, es difícil identificar estados inmaduros, especies con alta similitud morfológica, variaciones morfológicas locales y ejemplares dañados.

DNA Barcoding: ventajas y desventajas

El "Código de barras de ADN" (*DNA Barcoding*) es una herramienta altamente efectiva que complementa la identificación taxonómica clásica. Este método se basa en la secuenciación de una región específica y estandarizada del ADN del artrópodo que se desea identificar. A continuación, las secuencias obtenidas se comparan con las almacenadas en bases de datos internacionales, como el Barcode of Life Data System (BOLD) y GenBank. Estas bases de datos contienen millones de secuencias de referencia de especies previamente identificadas, lo que permite identificar con precisión la especie cuando el ADN del artrópodo coincide con una de las secuencias registradas.

La identificación de artrópodos mediante *DNA Barcoding* ofrece numerosas ventajas. Un solo técnico puede analizar muestras de cualquier artrópodo de manera objetiva en cuestión de horas o días y a un costo relativamente bajo.

Este método es altamente preciso y permite la identificación de especies sin importar el estado de desarrollo, las variaciones fenotípicas o el estado físico de la muestra. Además, gracias a que las bases de datos son de acceso público, las muestras pueden compararse con secuencias de referencia de todo el mundo en poco tiempo y sin costos. La disponibilidad de estas secuencias, de diferentes países, permite realizar análisis filogenéticos y filogeográficos.

Sin embargo, el *DNA Barcoding* también presenta algunas desventajas. Su efectividad depende de que las bases de datos globales contengan las secuencias de referencia necesarias para las especies que se desea analizar. En ausencia de estas secuencias, el análisis de ADN resulta insuficiente para identificar con precisión. Asimismo, la identificación basada en ADN a menudo requiere datos complementarios, como características morfológicas o ecológicas, para proporcionar un contexto completo de la especie en su entorno. Esta combinación es esencial para lograr una comprensión precisa y exhaustiva de las especies identificadas.

Implementación del DNA Barcoding en la identificación de artrópodos en INIA

La implementación de la tecnología de *DNA Barcoding* en INIA surgió en la estación experimental de Salto Grande, como respuesta a la necesidad de identificar artrópodos y no contar con taxónomos especializados. Luego de que se ajustó la herramienta, se comenzó a colaborar con entomólogos de distintas estaciones experimentales que enfrentaban desafíos similares. También se fortalecieron las colaboraciones con otras instituciones como IIBCE, Udelar y LATU. Esta red de cooperación permitió ampliar el alcance del *DNA Barcoding* y fortalecer su aplicación en la identificación de diferentes especies de artrópodos.

DNA Barcoding en cultivos extensivos y forrajeros

Los cultivos extensivos y forrajeros son un pilar importante de la producción agrícola uruguaya, desempeñando un papel clave en materia de exportaciones.

En base a *DNA Barcoding* un solo técnico puede analizar muestras de cualquier artrópodo de manera objetiva en forma muy ágil y a un costo relativamente bajo.

Además, contribuyen al sector ganadero y lechero, ya que proveen alimento y sostén para la producción animal.

La presencia de plagas en estos cultivos es un problema constante en Uruguay, y en los últimos años se han detectado nuevas especies exóticas que incrementan el riesgo para estos sistemas agrícolas. En este contexto, el *DNA Barcoding* ha contribuido significativamente a mejorar la identificación de estos insectos, facilitando una respuesta rápida y eficaz ante la aparición de nuevas especies que afectan los cultivos.

En INIA se analizan insectos plaga conocidos y se identifican nuevas especies que, aunque aún no tienen gran impacto, podrían convertirse en amenazas significativas. Este enfoque preventivo, junto con una

identificación precisa y rápida, facilita el diseño de estrategias de manejo más eficaces y adaptadas a cada situación. A continuación, se presentan diversos géneros de insectos que afectan distintos cultivos y que son objeto de análisis en INIA (Cuadro 1).

A modo de ejemplo, la chicharrita del maíz (*Dalbulus maidis*) y el pulgón amarillo del sorgo (*Melanaphis sorghi*) (Figura 2) han surgido como plagas emergentes del cultivo de maíz y sorgo en la agricultura uruguaya en los últimos años. Además de causar daño directo al cultivo, son vectores de enfermedades que pueden disminuir significativamente el rendimiento de la producción. Ambas plagas fueron identificadas rápidamente en INIA, lo que permitió desarrollar estrategias de control y manejo para proteger los cultivos (Cibils-Stewart *et al.* 2024c) (Cuitiño *et al.* 2022).

Cuadro 1 - Colectas asociadas a cultivos extensivos y forrajeros: géneros de artrópodos analizados en INIA.

Género	Nombre común	Cultivo	Referencia
<i>Epicauta</i>	Bicho moro	Alfalfa	
<i>Astylus</i>	Siete de oro	Alfalfa	Cibils-Stewart <i>et al.</i> 2023c
<i>Acyrtosiphon</i>	Pulgones verdes y azules	Alfalfa	
<i>Aphis</i>	Pulgón negro	Alfalfa	
<i>Therioaphis</i>	Pulgón manchado	Alfalfa	
<i>Piezodorus</i>	Chinche verde	Alfalfa	
<i>Phytomyza</i>	Mosca barrenadora de tallo	Canola	Cibils-Stewart <i>et al.</i> 2024a
<i>Brevicoryne</i>	Pulgón ceniciento	Colza	
<i>Myzus</i>	Pulgón verde	Colza	
<i>Armadillidium</i>	Bicho bolita	Colza/Varios	Cibils-Stewart <i>et al.</i> 2023b
<i>Plutella</i>	Plutella	Colza	
<i>Dalbulus</i>	Chicharrita del maíz	Maíz	Cibils-Stewart <i>et al.</i> 2024c
<i>Helicoverpa</i>	Lagarta bolillera	Maíz	
<i>Rhopalosiphum</i>	Pulgón de los cereales	Raigrás	
<i>Spodoptera</i>	Lagarta cogollera	Raigrás/Varios	
<i>Melanagromyza</i>	Mosca barrenadora de tallo	Soja	Cibils-Stewart <i>et al.</i> 2024b
<i>Anticarsia</i>	Lagarta de las leguminosas	Soja	
<i>Rachiplusia</i>	Lagarta medidora	Soja	Cibils-Stewart <i>et al.</i> 2023a
<i>Caliothrips</i>	Trip de la soja	Soja	
<i>Tetranychus</i>	Arañuela de la soja	Soja	
<i>Melanaphis</i>	Pulgón amarillo	Sorgo/Caña de azúcar	Cuitiño <i>et al.</i> 2022
<i>Sitobion</i>	Pulgón de la espiga	Trigo	
<i>Peridroma</i>	Lagarta militar	Trigo	



Figura 2 - Izquierda: *Dalbulus maidis*, chicharrita del maíz. Derecha: Ejemplares de *Melanaphis sorghi* en cultivo se sorgo.

DNA Barcoding en cítricos y horticultura

El sector cítrico es el principal rubro dentro de la hortifruticultura y su propósito es producir fruta de calidad destinada principalmente a la exportación, para el consumo en fresco.

Por otro lado, la horticultura se enfoca en garantizar el suministro de alimentos frescos y saludables para la población uruguaya. En ambos sectores es fundamental minimizar la presencia de residuos en los alimentos.

En citricultura y horticultura se trabaja en la identificación y caracterización de artrópodos plagas, pero también se está haciendo una fuerte apuesta a encontrar especies nativas de insectos benéficos.

En este sentido, se debe resolver el manejo sanitario de los cultivos apostando a la sustitución total o parcial de los insecticidas químicos por métodos biológicos y otros amigables con el ambiente, en concordancia con la calidad, inocuidad y rentabilidad de la producción.

En estos rubros, se está trabajando en la identificación y caracterización de artrópodos plagas, pero también se está haciendo una fuerte apuesta a encontrar especies nativas de insectos benéficos, tanto depredadores como parasitoides. A partir de la determinación de especies, se abordarán aspectos biológicos para evaluar su potencial como agentes de control biológico y desarrollar estrategias de conservación. Este esfuerzo es fundamental para profundizar en el conocimiento sobre la entomofauna nativa y su contribución al control de plagas. En el Cuadro 2 se enumeran diversas familias de artrópodos benéficos de las cuales se han realizado colectas de ejemplares.

Cuadro 2 - Principales familias de artrópodos benéficos en cítricos y horticultura analizadas.

Familia	Nombre común	Habito	Cultivo
Coccinellidae	Mariquita	Depredador	Citrus/Pimiento
Dolichopodidae	Mosca metalizada	Depredador	Citrus/Pimiento/Tomate
Muscidae	Mosca predadora	Depredador	Citrus/Pimiento/Tomate
Syrphidae	Mosca de las flores	Depredador	Pimiento/Tomate
Tachinidae	Mosca parasitoide	Parasitoide	Pimiento
Chrysopidae	Crisopa	Depredador	Citrus/Pimiento/Berenjena
Phlaeothripidae	Trips cazador	Depredador	Pimiento
Braconidae	Avispa	Parasitoide	Pimiento
Encyrtidae	Avispa	Parasitoide	Citrus
Eulophidae	Avispa	Parasitoide	Citrus
Thomisidae	Araña	Depredador	Citrus
Araneidae	Araña	Depredador	Citrus
Salticidae	Araña	Depredador	Citrus



Figura 3 - Arriba: *Coenosia attenuata* con su presa, una “mosca blanca”, importante plaga en pimiento. Abajo: *Tamarixia radiata* parasitoide de ninfas de *Diaphorina citri*.

Dos casos destacados son *Coenosia attenuata*, conocida como la mosca tigre (Figura 3), que es un depredador de plagas significativas en cultivos hortícolas y también se ha encontrado en cítricos (Giambiasi *et al.* 2020). Por otro lado, *Tamarixia radiata* es un parasitoide que ataca al vector de la enfermedad HLB (Huanglongbing) en los cítricos, que contribuye a mitigar esta grave amenaza para la producción citrícola. INIA ha llevado a cabo un análisis de ambas especies y continúa trabajando en estrategias para optimizar su manejo (Buenahora *et al.* 2023).

DNA Barcoding en el sistema forestal

Desde la Ley Forestal (N° 15.939 de 1987) la superficie forestal en Uruguay ha crecido sostenidamente, contando en 2021 con más de un millón de hectáreas plantadas con especies de interés comercial como *Pinus spp.* (13 %) y *Eucalyptus spp.* (77 %). La expansión del área forestal, junto a otros factores como el cambio climático y el aumento del comercio mundial, han favorecido la introducción de insectos exóticos al

país, provocando un incremento exponencial en los problemas por plagas (Martínez, 2020).

Los escarabajos de ambrosía (Curculionidae: Scolytinae y Platypodinae) (Figura 4), se consideran como unas de las principales plagas del sector forestal. Esos insectos se relacionan con hongos, de forma simbiótica y en algunos casos, esa relación se traduce en la inoculación de patógenos al árbol, causando su muerte. La amenaza a la producción forestal por parte de los escarabajos de ambrosía va en aumento junto con las nuevas introducciones a nivel mundial (Hulcr *et al.* 2021). Ese concepto se ve reflejado en el gran volumen de publicaciones científicas que se están realizando en temas taxonómicos de los grupos Scolytinae y Platypodinae.

En el marco de uno de los componentes del nuevo proyecto de Sanidad Forestal: ProFor, se está trabajando en el monitoreo, fenología, microflora asociada y manejo de escarabajos de ambrosía de la subfamilia Scolytinae. Se realizará la identificación de las especies por medio de caracteres morfológicos y por medio de *DNA Barcoding*.

Las secuencias obtenidas permitirán la confirmación por taxonomía molecular y realizar estudios de filogenia, además de la contribución de información en bancos de datos genéticos.



Figura 4 - Vista lateral de escarabajos de ambrosía. A) *Xyleborus ferrugineus* y B) *Xyleborinus saxesenii* (Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae).

Consideraciones finales

El *DNA Barcoding* se ha consolidado como una herramienta esencial para la identificación precisa de artrópodos de interés agropecuario, ofreciendo a INIA la capacidad de detectar de forma rápida, precisa y objetiva tanto plagas como especies benéficas. Esta tecnología, basada en el análisis de secuencias de ADN, supera las limitantes de los métodos tradicionales al permitir la identificación de especies en cualquier etapa de desarrollo, sexo o condiciones ambientales.

La principal limitante de esta herramienta radica en la escasez de secuencias de referencia para especies nativas de Sudamérica, poco conocidas y estudiadas. Esta situación resalta la necesidad de generar secuencias de referencia para estas especies, para lo que se requiere trabajar junto a taxónomos expertos de los distintos grupos de artrópodos.

El establecimiento de una base de datos centralizada, que integre secuencias de ejemplares de diferentes cultivos, será un avance muy importante para la identificación y el manejo de especies de interés agropecuario. Proporcionará acceso a información genética específica de las especies presentes en el país que, frecuentemente, no se encuentran en bases de datos internacionales. Además, la integración de información genética puede generar hallazgos novedosos (Figura 5). Esto incluye la identificación de especies que afectan a múltiples sistemas de producción y el análisis de patrones de dispersión y comportamiento de plagas, aspectos que podrían pasar desapercibidos en estudios aislados.

El avance del *DNA Barcoding* no solo potenciará la investigación, sino que también permitirá a laboratorios privados ofrecer servicios accesibles a todos los productores.

Cabe destacar que esta tecnología fue certificada recientemente (noviembre de 2024) en el Proceso CERTEC.Agro, con la participación de evaluadores externos al Instituto.

Referencias bibliográficas

BUENAHORA, J.; PECHI, E.; ASUTIN, V.; GALVÁN, V.; RODRÍGUEZ, A. Control biológico de *Diaphorina citri* en Uruguay. Hortifruticultura. Revista INIA Uruguay, marzo 2023, no.72, p.64-70.

CIBILS-STEWART, X.; STEWART, S.; ÁLVAREZ, A.; GIAMBIASI, M. (2024 a) First record of *Phytomyza rufipes* Meigen, 1830 (Diptera, Agromyzidae) affecting Canola in Uruguay. Check List, 20(5): 1266-1271

CIBILS-STEWART, X.; STEWART, S.; OLIVIERI, V.; GIAMBIASI, M. (2024 b) First record of Soybean Stem Fly *Melanagromyza sojae* (Zehntner, 1901) (Diptera, Agromyzidae) in Uruguay confirmed by DNA barcoding. Notes on Geographic Distribution. Check List. 2024, 20(1): 138-143.

CIBILS-STEWART, X.; BARÁIBAR, N.; MALTESE, N.; MAZZILLI, S.; GIAMBIASI, M.; RODRÍGUEZ, M.; STEWART, S. (2024 c)



Figura 5 - Mosca de la familia Dolichopodidae, un insecto ampliamente presente en diversos cultivos de Uruguay, pero poco conocido. Es una mosca depredadora, que seguramente tenga un rol potencialmente importante en el control biológico. En INIA se han identificado varios ejemplares a nivel de especie, y se están realizando estudios para confirmar las plagas que consume.

Achaparramiento del maíz en Uruguay: análisis del estado actual y estrategias de mitigación. Cultivos. Revista INIA Uruguay, setiembre 2024, no.78, p.23-28. (Revista INIA; 78)

CIBILS-STEWART, X.; GONZÁLEZ, M.; PESSIO, M.; CALISTRO, P.; ROSSI, C.; GIAMBIASI, M.; CHIARAVALLE, W.; ABBATE, S.; BARÁIBAR, N. (2023 a) Crónica del daño de la lagarta medidora (*Rachiplusia nu*) en soja Intacta®. Cultivos. Revista INIA Uruguay, marzo 2023, no.72, p.53-58.

CIBILS-STEWART, X.; GONZÁLEZ, M.; PESSIO, M.; CALISTRO, P.; GIAMBIASI, M. (2023 b) Evaluación de la eficiencia de cebos para el control de "bichos bolita" (bichos de la humedad) en cultivos. Cultivos. Revista INIA Uruguay, junio 2023, no.73, p.36-41.

CIBILS-STEWART, X.; CALISTRO, P.; BARÁIBAR, N.; GIAMBIASI, M.; GIANNITTI, F.; MACHADO, M.; SILVEIRA, C.S.; MENCHACA, A.; CAFFARENA, D.; SARAIVIA, A. (2023 c) Escarabajo siete de oro (*Astylus atromaculatus*): actualización y recomendaciones en vísperas del verano 2024. Producción animal. Revista INIA Uruguay, diciembre 2023, no.75 p.35-39.

CUITIÑO, M.J.; CIBILS-STEWART, X.; BARÁIBAR, N.; HACKEMBRUCH, F.; GIAMBIASI, M. Pulgón amarillo del sorgo (PSA): nueva plaga que atenta la producción de sorgo en Uruguay. Revista INIA Uruguay, diciembre 2022, no.71, p. 84-87.

GIAMBIASI, M.; RODRÍGUEZ, A.; ARRUABARRENA, A.; BUENAHORA, J. First report of *Coenosia attenuata* (Stein, 1903) (Diptera, Muscidae) in Uruguay, confirmed by DNA barcode sequences. Notes on Geographic Distribution. Check List, 2020, 16(3): 749-752.

HULCR, J.; GÓMEZ, D. F.; SKELTON, J.; JOHNSON, A. J.; ADAMS, S.; LI, Y.; SMITH, M. E. Invasion of an inconspicuous ambrosia beetle and fungus may affect wood decay in Southeastern North America. Biological Invasions, 2021, 23: 1339-1347.

MARTÍNEZ, G. Biological control of forest pests in Uruguay. In: Estay, S. (Ed.). Forest Pest and Disease Management in Latin America: modern perspectives in natural forests and exotic plantations, 2020