



## Códigos de barra genéticos en macroinvertebrados bentónicos en el Canal Beagle: hacia el desarrollo de una técnica de monitoreo ambiental

- **Chiberry, L. D.<sup>(1)</sup>; Sánchez, J.<sup>(1)</sup>; Poljak, S.<sup>(1,2)</sup>; Núñez, V.<sup>(3)</sup> y Rodríguez, M. S.<sup>(2)</sup>**

(1) Laboratorio de Ecología Molecular, Centro Austral de Investigaciones Científicas (CADIC-CONICET), Ushuaia, Argentina.

(2) Instituto de Ciencias Polares, Ambiente y Recursos Naturales, Universidad Nacional de Tierra el Fuego, Antártida e Islas del Atlántico Sur (ICPA-UNTDF), Ushuaia, Argentina.

(3) División Zoología Invertebrados, Museo de Ciencias Naturales, La Plata, Argentina.

La comunidad bentónica marina del Canal Beagle ha sido ampliamente estudiada desde aspectos ecológicos y morfológicos; este trabajo aporta un tercer aspecto: el abordaje genético. El primer objetivo es registrar la biodiversidad de la fauna bentónica de macroinvertebrados del Canal Beagle a través de códigos de barra genéticos (o *barcode*) incorporando esta información a las bases de datos genéticos mundiales. A partir de ello, el segundo objetivo es garantizar la correcta aplicación de las técnicas de *metabarcoding* como herramienta de monitoreo ambiental de las comunidades locales, basada en muestras no invasivas (ADN ambiental). En esta primera etapa se recolectaron muestras de organismos bentónicos del Canal Beagle en puntos situados en el intermareal rocoso y submareal a unos 5-10 m de profundidad. Se amplificó el gen de la enzima Citocromo Oxidasa I (COI) en un total de 109 individuos pertenecientes a los siguientes grupos taxonómicos: Arthropoda (Crustacea), Mollusca (Gastropoda, Bivalvia, y Polyplacophora), Echinodermata, Nemertea, Annelida y Cnidaria. Las secuencias obtenidas se contrastaron con las bases de datos genéticos GenBank y BOLD Systems. Los resultados obtenidos se clasificaron en tres grupos dependiendo del porcentaje de identidad encontrada: A (99–100 %); B (95–99 %) y C (por debajo del 95 % y no *match*). Dentro del grupo A encontramos variabilidad intra-específica/intragenérica y en los grupos B y C las secuencias no pueden ser asignadas con certeza a los registros de las bases de datos (i.e. especie conocida con ausencia del registro genético en las bases de datos o una nueva especie). Este trabajo forma parte de una de las primeras iniciativas que contribuyen al aporte de secuencias de ADN de la diversidad de macroinvertebrados marinos bentónicos del Canal Beagle a las bases de datos, paso primordial para poder aplicar posteriormente técnicas de ADN ambiental, pudiendo realizar monitoreos periódicos y estudios de impacto ambiental.

Correo electrónico: [chiberrylu@gmail.com](mailto:chiberrylu@gmail.com)