

DETERMINACIÓN DE LA POBLACIÓN MICROBIANA MEDIANTE ANÁLISIS METAGENÓMICO EN FRASS DE MOSCA SOLDADO NEGRO ALIMENTADA CON DIFERENTES DIETAS

Alejandra Torres Lara¹; Dr. Juan Fernando García Trejo¹. Dr. Bruno Gómez Gil²; Dra. Ana Angélica Feregrino Pérez¹; Miguel Betancourt Lozano²; Dr. Ramón Gerardo Guevara Gonzalez¹. Universidad Autónoma de Querétaro¹; Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD, Mazatlán)². UAQ. Facultad de Ingeniería, Campus Amazcala, Laboratorio de Biosistemas. Qro., El Marqués; 76265. Alelara994@gmail.com

Palabras clave: mosca soldado negro; metagenómica; microbioma

Introducción. En los últimos años el uso de la mosca soldado negra *Hermetia illucens* ha tomado relevancia, debido a las múltiples ventajas generadas a partir de su uso como tratamiento de residuos orgánicos el cual es llevado a cabo por los estadios larvales de la mosca soldado negra (LMSN). Durante el tratamiento de los residuos se obtienen dos productos: una biomasa larval rica en proteínas y lípidos y el residuo generado por el metabolismo de las larvas, llamado comúnmente frass, que muestra un gran potencial para ser empleado como fertilizante para múltiples fines. (1). Existe la necesidad por determinar la composición microbiana del frass, para poder establecer estrategias que permitan obtener un abono inocuo y con alto contenido de microorganismos benéficos que promuevan el crecimiento vegetal. Para ello, esta propuesta de investigación pretende identificar la composición del microbioma presente en el frass por medio de la secuenciación masiva de genes, contrastando la estructura de los consorcios microbianos generados por la influencia de dos dietas que difieren en su contenido nutricional.

Metodología. Se someterán cuatro generaciones de LMSN a las dietas tratamiento para favorecer que el microbioma heredado verticalmente se mantenga constante (2).

Tabla 1. Identificación de los grupos dependiendo del tratamiento.

Dieta	Gainesville	Mango	Tilapia
Molida	G	M1	T1
Entera	-	M2	T2

Se evaluará el performance de crecimiento de las larvas. Se realizarán pruebas bromatológicas al residuo final de la F4. Análisis metagenómico: en la F4 se colectarán larvas en prepupa recortando el último segmento de cada larva para recuperar el frass contenido. El análisis de la composición y estructura microbiana se realizará con estimadores de la biodiversidad. Para la determinación del impacto de la

dieta sobre la composición microbiológica del frass se empleará la matriz de disimilitud de Bray-Curtis para determinar las correlaciones entre las propiedades y la composición fisicoquímica de cada dieta empleada (3).

Resultados. Se muestra la curva de crecimiento de las líneas parentales sometidas al tratamiento de dietas.

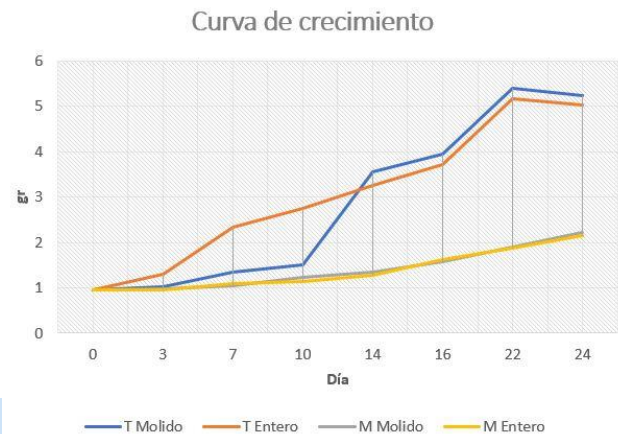


Fig. 1. Curva de crecimiento de la línea parental. Día 0 corresponde a larvas 7 DOL (day of living) en el inicio del tratamiento. El día 24 se retiraron las larvas del sustrato de alimentación debido a el inicio del estadio de prepupa.

Conclusiones. Se espera que, conforme se desarrollen las siguientes generaciones el microbioma heredado verticalmente promueva la asimilación de las dietas.

Agradecimiento. Al apoyo de la Beca CONACYT.

Bibliografía.

- Lalander, C., Diener, S., Zurbrügg, C., & Vinnerås, B. (2019). *Journal of Cleaner Production*, Vol. (208): 211-219.
- Hassan, B., Siddiqui, J., Xu, Y. (2020). *Frontiers in Microbiology*. Vol (11).
- Gold, F. Von Allmen, C. Zurbrügg, J. Zhang, A. Mathys. (2020). *Front. Microbiol.*, Vol. (11): 582867.