

Metagenoma de *Zophobas atratus* sometido a dieta exclusiva de poliestireno
Alejandra Gil-Ordóñez¹; Luisa Martínez López²; Edwison Alberto Rojas²; Diana
López-Álvarez²

1. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Cali, Colombia 2. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Colombia
gil.alejandra@correounivalle.edu.co

Resumen

Recientes investigaciones han evidenciado que las larvas de *Zophobas atratus* (Tenebrionidae: Coleoptera) pueden ser un gestor de residuos de poliestireno (PS) viable, cuya capacidad catalítica está vinculada a su microbiota intestinal. Considerando la relevancia socioambiental de la gestión de residuos plásticos, este estudio empleó datos metagenómicos para describir la composición taxonómica y funcional de la comunidad procariota asociada al intestino de *Z. atratus* expuesto al consumo exclusivo de PS durante un mes. La secuenciación del ADN se realizó mediante la plataforma Illumina NovaSeq™ 6000 System. Posterior al control de calidad, se utilizó la plataforma MG-RAST y el programa HUMAnN 3.0 para obtener la composición taxonómica de la comunidad microbiana y el perfil funcional de vías metabólicas y familias de genes. De las 3,541,186 secuencias que pasaron el control calidad en MG-RAST 27,07% se encontraron principalmente asociada con funciones metabólicas, 24,82% a procesamiento de la información genética, y 20,15% a procesos celulares. En cuanto a la asignación taxonómica, 96,92% de las lecturas se atribuyeron al dominio Eukaryota, 78,60% correspondientes a la familia Tenebrionidae. De las lecturas asignadas a bacterias (3,03%), los filos más representativos fueron Proteobacteria, Actinomycetota y Bacillota. Por otra parte, el 99,89% de las secuencias nucleotídicas analizadas en HUMAnN 3.0 no fueron identificadas taxonómicamente; el porcentaje restante correspondió 100% a *Sphingomonas* sp. cepa FARSPH (Proteobacteria). En cuanto a la inferencia funcional se encontraron 1444 familias, de las cuales se clasificaron 557 (38,5%) asociadas a la vía de biosíntesis *de novo* de ribonucleótidos de guanosina en *Sphingomonas* sp. cepa FARSPH. Distintos estudios han reportado el incremento de proteobacterias como *Sphingomonas* en tenebrios sometidos a dieta exclusiva de PS. La capacidad de distintas cepas de este género para biodegradar compuestos de origen xenobiótico y naturaleza recalcitrante como los plásticos, ha sido probada en múltiples contextos. El presente trabajo

constituye un estudio piloto exploratorio sobre la diversidad microbiana taxonómica y funcional detectable por metagenómica asociada al intestino de *Z. atratus*.

Palabras clave: Colombia, microbioma, polímero, procariotas, tenebrio.