

Resumen

La microbiota, juega un papel importante dentro de los mecanismos de respuestas inmunológicas innatas en el pez, además de ser promotores del metabolismo de los nutrientes y estimulantes de la proliferación epitelial. Así, la microbiota normal del intestino en peces es benéfico y contribuye a los procesos nutricionales de los organismos, evitando la colonización por patógenos. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue caracterizar el microbioma intestinal de *Andinoacara rivulatus* (Vieja azul) y *Cichlasoma festae* (Vieja Roja) originarios de la Cuenca alta del río Guayas como punto de partida para la comprensión de la misma en estas especies con potencial acuícola. En primer lugar, se identificó a las especies de estudio mediante comparación morfológica y comparación de secuencias del gen *cytB*. Se obtuvo la diversidad y composición de la microbiota, a partir de secuenciación de las zonas V3-V5 del gen 16s rRNA en muestras intestinales, las mismas que fueron analizadas por el software QIIME 2. Se logró corroborar la identidad esperada de las especies con una similitud de secuencias mayor al 99,91% para *Cichlasoma festae* y mayor al 99,63% para *Andinoacara rivulatus*. Se determinó una diversidad de los microbiomas, los cuales fueron similares entre las dos especies, (Cf y Ar = 87 Unidades taxonómicas operativas (OTU's), Shannon Cf= 4,18 y Shannon Ar = 4,39, $p > 0.05$). Además, se evidenció una similitud de 45 OTU's entre las dos especies, mientras que 45 y 19 OTU's fueron exclusivos para *A. rivulatus* y *C. festae* respectivamente. Por otro lado, la composición del microbioma es similar entre las dos especies en todos los niveles taxonómicos, en donde se pudo caracterizar la presencia de Proteobacterias (*Plesiomonas Shigelloides* y *Aeromonas*), Bacteroidetes (Bacteroidales) y Firmicutes (*Clostridium* y *Peptostreptococcaceae*). La especie bacteriana *Cetobacterium somerae* (única representante de las Fusobacterias) fue evidentemente más abundantes para *A. rivulatus*, mientras que los Bacteroidetes lo fueron en *C. festae*.

Palabras clave: *Andinoacara rivulatus*, *Cichlasoma festae*, microbioma, identificación taxonómica.

Abstract

The microbiota plays an important role within the mechanisms of innate immune responses in fish, in addition to being promoters of the metabolism of nutrients and stimulants of epithelial proliferation. Thus, the normal gut microbiota in fish is beneficial and contributes to the nutritional processes of organisms, preventing colonization by pathogens. Therefore, the objective of this study was to characterize the intestinal microbiome of *Andinoacara rivulatus* (Vieja azul) and *Cichlasoma festae* (Vieja Roja) originating in the upper basin of the Guayas River as a starting point for understanding it in these species with aquaculture potential. First, the study species were identified by morphological comparison and comparison of cytB gene sequences. The diversity and composition of the microbiota was obtained from the sequencing of the V3-V5 zones of the 16s rRNA gene in intestinal samples, which were analyzed by QIIME 2 software. It was possible to corroborate the expected identity of the species with a sequence similarity greater than 99.91% for *Cichlasoma festae* and greater than 99.63% for *Andinoacara rivulatus*. A diversity of microbiomes was determined, which were similar between the two species, (Cf and Ar = 87 Operative taxonomic units (OTU s), Shannon Cf= 4.18 and Shannon Ar = 4.39, $p > 0.05$). In addition, there was a similarity of 45 OTU s between the two species, while 45 and 19 OTU s were exclusive for *A. rivulatus* and *C. festae* respectively. On the other hand, the composition of the microbiome is similar between the two species at all taxonomic levels, where the presence of Proteobacteria (*Plesiomonas Shigelloides* and *Aeromonas*), Bacteroidetes (Bacteroidals) and Firmicutes could be characterized (Clostridium and Peptostreptococcaceae). The bacterial species *Cetobacterium somerae* (only representative of the Fusobacterias) was evidently more abundant for *A. rivulatus*, while the Bacteroidetes were more abundant in *C. festae*.

Keywords: *Andinoacara rivulatus*, *Cichlasoma festae*, microbiome, taxonomic identification.