

RESUMEN

El Ecuador es un país que posee varias fuentes geotermales, la mayoría provienen de volcanes y han sido utilizadas principalmente para usos terapéuticos debido a sus propiedades fisicoquímicas las cuales han sido extensamente estudiadas, sin embargo existe poca información acerca de la biodiversidad microbiana. El objetivo de este estudio fue identificar bacterias mediante técnicas microbiológicas y moleculares en la fuente geotermal Papallacta localizada en la provincia de Napo en Ecuador. Se tomaron muestras de agua y sedimento en la fuente así como datos de pH y temperatura. Las muestras fueron procesadas, inoculadas y purificadas en medios semiespecíficos. Para su identificación se extrajo ADN, se realizó una amplificación del gen 16S rRNA, posteriormente se realizó la técnica de RFLP, y se realizó la secuenciación. El promedio de la temperatura del agua termal fue 54°C y del pH fue 8,2. Se obtuvieron un total de cuarenta cepas bacterianas, de los cuales nueve son especies diferentes. Predominan *Anoxybacillus amylolyticus* (12), *Aeribacillus pallidus* (7), and *Anoxybacillus gonensis* (7). También se encontró *Bacillus licheniformis* (5), *Geobacillus stearothermophilus* (4), *Thermoactinomyces intermedius* (2), *Tepidimonas taiwanensis* (1), *Bacillus subtilis* (1) y *Anoxybacillus flavithermus* (1). Los microorganismos identificados están relacionados con la biodiversidad de fuentes geotermales de otras partes de mundo.

Palabras clave:

- FUENTE GEOTERMAL,
- MICROBIOLOGÍA
- GEN 16S rRNA
- TERMÓFILO

ABSTRACT

Ecuador is a country with abundant geothermal springs, most of them originate close to volcanoes. The water from these springs is mainly used for therapeutic purposes due to their physicochemical characteristics which have been widely investigated. Nevertheless information about the microbial biodiversity of these water sources is lacking. The objective of this research was to identify the microbial communities in the Papallacta spring located in the Napo province of Ecuador, using microbiological and molecular techniques. Water and sludge samples were collected, and temperature and pH were measured. Water and sludge samples were inoculated on semi-specific media and bacterial isolates were obtained. For the identification of these isolates, DNA extraction, 16S rRNA gen amplification, RFLPs, and sequencing were performed. Average temperature from the water samples was 54°C and average pH was 8,2. Forty isolates belonging to nine different thermophilic species were obtained. Predominant species were *Anoxybacillus amylolyticus* (12), *Aeribacillus pallidus* (7), and *Anoxybacillus gonensis* (7). *Bacillus licheniformis* (5), *Geobacillus stearothermophilus* (4), *Thermoactinomyces intermedius* (2), *Tepidimonas taiwanensis* (1), *Bacillus subtilis* (1), and *Anoxybacillus flavithermus* (1) were also found. These microorganisms have been identified as part of the microbial community of geothermal springs from other parts of the world.

Keywords:

- **HOT SPRING**
- **MICROBIOLOGY**
- **16S rRNA**
- **THERMOPHILIC BACTERIA**