

## RESUMEN

Ecuador es un país megadiverso, ubicado en el Cinturón de Fuego del Pacífico. Los flujos magmáticos originan cientos de fuentes geotermales. En el país, hay pocos estudios sobre los microorganismos que habitan en ambientes extremos. Esta investigación se enfocó en el aislamiento e identificación de bacterias, microalgas y hongos termófilos de la fuente geotermal Aguas Hediondas. Se analizó las características fisicoquímicas de la fuente. Se recogieron muestras de agua y sedimentos de 3 diferentes puntos de la fuente. Se midió la temperatura y el pH de cada punto de muestreo. Las muestras fueron inoculadas en medios de cultivo generales para el crecimiento de bacterias, microalgas y hongos. Se obtuvo un total de 40 cultivos puros: 37 de bacterias, 2 de microalgas y 1 de hongos. Para la identificación molecular se extrajo el ADN genómico de cada cepa, se amplificó y secuenció los genes 16S rRNA, 23S rRNA e ITS. Se realizó un análisis de similitud con las secuencias de la base de datos GenBank del NCBI y se construyó tres árboles filogenéticos. Se identificó tres cepas bacterianas: *Bacillus licheniformis*, *Bacillus thermoamylovorans*, *Bacillus sp.*; dos cepas de microalgas: una a nivel de género *Chroococciopsis*, y otra a nivel de familia Clorofita y una cepa fúngica: *Talaromyces thermophilus*. Los microorganismos aislados tienen varias aplicaciones biotecnológicas potenciales, entre ellas: producción de enzimas termoestables, biocombustibles, biopolímeros, fármacos y nanopartículas.

### PALABRAS CLAVE:

- **TERMÓFILOS**
- **SECUENCIACIÓN**
- **GEN 16S rRNA**
- **GEN 23S rRNA**
- **GEN ITS**

## **ABSTRACT**

Ecuador is a megadiverse country, located in the Pacific Ring of Fire. Magmatic flows originate hundreds of thermal springs. In the country, there are few studies about microorganisms which can live in extreme environments. This research focused on the isolation and identification of thermophilic bacteria, microalgae and fungi from the Aguas Hediondas thermal springs. The physicochemical characteristics of the source were analyzed. The temperature and pH of each sampling point were measured. Water and sediment samples were collected from different points in the source. The samples were inoculated in general culture media for the growth of bacteria, microalgae and fungi. A total of 40 pure cultures were obtained: 37 strains of bacteria, 2 of microalgae and 1 fungi. For molecular identification the genomic DNA was extracted from each strain, the 16S rRNA, 23S rRNA and ITS genes were amplified and sequenced. A similarity analysis was performed with the sequences from the NCBI GenBank database and three phylogenetic trees were constructed. Three bacterial strains were identified as: *Bacillus licheniformis*, *Bacillus thermoamylovorans*, *Bacillus sp.*; two strains of microalgae: one at the genus *Chroococcidiopsis sp.*, and another at the Chlorophyta filum and a fungal strain: *Talaromyces thermophilus*. The isolated microorganisms have several potential biotechnological applications: production of thermostable enzymes, biofuels, biopolymers, drugs and nanoparticles.

### **KEY WORDS:**

- **THERMOPHILES**
- **SEQUENCING**
- **16S rRNA GENE**
- **23S rRNA GENE**
- **ITS GENE**