

Titill / Title	Fjölbreytileiki örvera á Íslandsmiðum / Microbial diversity in the Icelandic fishing grounds		
Höfundar / Authors	Eyjólfur Reynisson, Sveinn Haukur Magnússon, Árni Rafn Rúnarsson, Kristinn Guðmundsson, Erla Björk Örnólfsdóttir, Viggó Þór Marteinson		
Skýrsla / Report no.	47-11	Útgáfudagur / Date:	Desember 2011
Verknr. / project no.	6019 - 1987	Skýrsla lokuð til 01.01.2014	
Styrktaraðilar / funding:	Verkefnasjóður sjávarútvegsins		
Ágríp á íslensku:	<p>Fjölbreytileiki örvera í hafinu umhverfis Ísland er að mestu óþekktur en litlar sem engar rannsóknir hafa farið fram til þessa. Í þessari rannsókn var sjósýnum umhverfis landið safnað til greiningar á þéttni örvera með örverugreini (flow cytometry) og á fjölbreytileika þeirra með sameindalíffræðilegum aðferðum. Alls var 504 sjósýnum safnað; 483 sýnum úr vorralli Hafrannsóknarstofnunnar, 16 sýnum úr Breiðfirði og 5 sýnum var safnað norður af Vestfjörðum með sérútbúnum sýnatökubúnaði fyrir botnvörpu. Úr vorrallinu voru valin sýni rannsökuð frekar þau komu af Selvogsbanka, Siglunesi og Langanesi ásamt sitt hvoru sýninu vestan af Látrabjargi og af Hornbanka. Örveruþéttni var mest út af Selvogsbanka þar sem heildartalning var rétt um 1.6 milljón frumur/mL af sjó. Reiknað meðaltal allra sýna var hinsvegar 0.68 milljón frumur/mL. Tegundasamsetning örveruflórunnar var ákvörðuð með mögnun og raðgreiningu á 16S geni baktería. Alls voru 528 raðir raðgreindar sem sýndu 174 ólíkar 16S bakteríuraðir í sýnunum og reyndust 52% þeirra tilheyra áður óþekktum bakteríutegundum. Fjölbreytileiki örveruflórunnar var almennt mikill að undanskildu sýni úr hali togara. Átta fylkingar baktería greindust í sýnunum í mismiklum mæli. <i>Cyanobacteria</i> og <i>Cyanobacteria</i>-líkar raðir voru ríkjandi í öllum sýnum fyrir utan sýni 353-0m á Selvogsbanka þar sem hlutfall þeirra var einungis 4%. Þar voru Alpha og Gamma-proteobacteria ríkjandi. Af öðrum fylkingum greindust <i>Flavobacteria</i> reglulega ásamt öðrum hópum í minna hlutfalli.</p> <p>Munur á örverusamsetningu sjósýna var metinn með höfuðþáttgreiningu á fingrafari örverusamfélaga sem var fengin með t-RFLP tækni. Heilt yfir var meginmunur á sýnum úr hverri sýnalotu þ.e. úr vorralli, Breiðafirði og hali togara. Breytileikinn innan sýna úr vorrallinu hélst í hendur við sýnatökustað þar sem sýni af Selvogsbankanum sýndu meiri innbyrðis líkindi samanborið við sýnin norðan af Siglufirði og vestan af Íslandi sem voru ólíkari innbyrðis. Úr gögnum fingrafara örverusamfélaga í mismunandi sýnum mátti sjá fylgni á milli ákveðinna breyta í fingrafari samfélagana með umhverfisþáttum sem mældir voru við sýnaöflunina. Hitastig hafði þar mest að segja en einnig flúrljómun og selta. Skimað var fyrir <i>Vibrio</i>. <i>Paramaemolyticus</i> í sjósýnum úr hlýjum sjó sunnan af landinu þar sem yfirborðshit sjávar var milli 8-10°C. Enginn <i>V. parahaemolyticus</i> greindist í þessum sýnum.</p> <p>Niðurstöður þessara verkefnis má líta á sem mikilvægan grunn til frekari rannsókna á örverum á Íslandsmiðum. Áframhaldandi rannsóknir á þessu sviði geta haft mikla þýðingu til lengri tíma litið til að meta áhrif fyrirsjáanlegra umhverfisbreytinga vegna hlýnunar jarðar á lífríki sjávar og nytjastofna á Íslandsmiðum.</p>		

<i>Lykilorð á íslensku:</i>	<i>Sjávarörverur, fjölbreytileiki, Norður Atlantshaf, hlýnun sjávar</i>
<i>Summary in English:</i>	<p>The diversity of microorganisms in the ocean around Iceland is largely unknown and little or no research has been conducted to date. In this study, seawater samples around the country were gathered for analysis concentration and diversity of microorganisms using flow-cytometry and molecular methods. A total of 504 samples were collected. All samples were analysed with regards to microbial counts while samples from selected areas were investigated further, from Selvogsbanki, Siglunes and Langanes.</p> <p>Microbial concentrations were highest at Selvogsbanki, where the total counts were around 1.6 million cells/ml. Arithmetic mean of all samples was 0.68 million cells/ml. Species composition of microbial flora was determined by amplification and sequencing of the 16S bacterial gene. A total of 528 16S sequences were sequenced, and showed 174 different bacterial sequences. 52% of the sequences belonged to previously unknown bacterial species. Eight divisions of bacteria were detected in the samples. Cyanobacteria and cyanobacteria-like sequences were predominant in all samples except sample 353-0m in Selvogsbanki where the ratio was only 4% and alpha and gamma-proteobacteria were predominant. Of other ranks identified, Flavobacterium were regularly detected along with other less frequent groups.</p> <p>The difference in microbial composition in the sea samples was assessed by principal component analysis of the microbial community fingerprint obtained by t-RFLP technique. Variability within the samples was dependent upon sampling point, samples from Selvogsabanki showed more correlation with other samples from that area - than with samples from Siglunes or the west coast of Iceland that showed more intrinsic diversity. The community fingerprint and changes in the fingerprint shows correlation to changes in environmental factors measured at sampling. Temperature was the most important environmental factor, along with fluorescence and salinity. Samples from the warmer waters off the south coast were screened for <i>Vibrio parahaemolyticus</i>, but none was detected.</p> <p>The results of this project can be seen as an important basis for further studies of microorganisms in Icelandic waters. Continued research in this area can be of great importance for the evaluation environmental change and the effects of global warming on the marine environment and exploitable marine species in Icelandic waters.</p>
<i>English keywords:</i>	<i>Microorganisms, N. Atlantic ocean, diversity, global warming</i>