

Vinnsla og vörupróun
Processing and Product
Development

Líftækni
Biotechnology



Matvælaöryggi
Food Safety



Lífríki í hverum í Vonarskarði

Sólveig K. Pétursdóttir
Snædís H. Björnsdóttir
Sólveig Ólafsdóttir
Guðmundur Óli Hreggviðsson

Líftækni

Skýrsla Matís 09-09
Mars 2009

ISSN 1670-7192

Titill / Title	Lífriki í hverum í Vonarskarði / Microbial diversity in hot springs in Vonarskarð		
Höfundar / Authors	Sólveig K. Pétursdóttir, Snædís H. Björnsdóttir, Sólveig Ólafsdóttir, Guðmundur Óli Hreggviðsson		
Skýrsla / Report no.	09-09	Útgáfudagur / Date:	Mars 2009
Verknr. / project no.	1016		
Styrktaraðilar / funding:	Orkustofnun vegna Rammaáætlunar		
Ágríp á íslensku:	<p>Sýni voru tekin á jarðhitasvæðinu austan Eggju í Vonarskarði. Alls voru tekin 32 sýni úr mismunandi hverum, lækjum og jarðvegi við mismunandi hitastig og sýrustig. Frumefni voru mæld í nokkrum vatnssýnum. Tegundasamsetning baktería og fornbaktería var ákvörðuð með sameindalíffræðilegum aðferðum. Alls voru greindar 1052 16S rRNA genaáðir baktería sem dreifðust á 23 fylkingar.</p> <p>Rúmlega 50 nýjar bakteríutegundir fundust í sýnunum, þar af 11 sem eru líklega fulltrúar nýrra ættkvísla. Genaraðir úr fornbakteríum voru 155 talsins. Tíu nýjar fornbakteríutegundir fundust, þar af fimm fulltrúar nýrra ættkvísla. Lífriki jarðhitasvæðisins í heild verður því að teljast afar sérstakt.</p> <p>Algengastar voru frumbjarga tegundir af fylkinginu <i>Aquificae</i>. Frumbjarga og ófrumbjarga <i>Proteobacteria</i> tegundir fundust í umtalsverðu magni og var bæði um þekktar og nýjar tegundir að ræða. Dæmigerðar tegundir blágrænna baktería og <i>Chloroflexi</i> fundust í sýnunum. <i>Firmicutes</i>, <i>Bacteroidetes</i> og <i>Chlorobi</i> tegundir fundust einkum í sýnum sem tekin voru við lægri hitastig. Fornbakteríur sem fundust í sýnunum dreifðust á tvo stærstu hópa fornbaktería þ.e. <i>Crenarchaeota</i> og <i>Euryarchaeota</i>. Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería og fornbaktería í sýnunum var oftast á bilinu $Nt/N_{max} = 1,0-3,0$ sem er dæmigert fyrir jaðarvistkerfi. Í nokkrum tilvikum var hann hærri, einkum í sýnum þar sem hitastig var tiltölulega lágt og því lífvænlegra fyrir fleiri tegundir.</p> <p>Sjö bakteríutegundir voru ræktaðar úr sýnunum, þar af ein ný tegund af ættkvísl <i>Sediminibacter</i> af fylkingu <i>Bacteroidetes</i>. Nokkrar <i>Thermus</i> tegundir voru ræktaðar, m.a. <i>T.islandicus</i> sem er einlend á Íslandi. <i>Proteobakteríurnar Thermomonas hydrothermalis</i> og <i>Tepidimonas ignava</i> voru einnig ræktaðar upp úr nokkrum sýnum og hitakæra <i>Firmicutes</i> tegundin <i>Anoxybacillus kualawohkensis</i>.</p>		
Lykilorð á íslensku:	<i>Jarðhitasvæði, tegundasamsetning; 16S rRNA; nýjar tegundir; líffræðilegur fjölbreytileiki</i>		
Summary in English:	<p>Samples were taken from the geothermal area east of Eggja in Vonarskarð. A total of 32 samples were collected from different sites at various temperature and pH values. The concentration of 72 elements were estimated in water samples. Species composition of Bacteria and Archaea was estimated using molecular methods. A total of 1052 16S rRNA gene sequences belonging to 23 bacterial phyla were detected. Roughly 50 novel bacterial species were found of which 11 represent new genera. Ten novel archaeal species were found, five of which represent new genera.</p> <p>Species belonging to the autotrophic phylum of <i>Aquificae</i> dominated many samples. Species of different subphyla of <i>Proteobacteria</i> were also represented in high ratios in the samples, both described and novel species. Common species of <i>Cyanobacteria</i> and <i>Chloroflexi</i> were also detected. Species of the <i>Firmicutes</i>, <i>Bacteroidetes</i> and <i>Chlorobi</i> phyla were common in samples taken at lower temperatures. Archaeal species in the samples belonged to both <i>Crenarchaeota</i> and <i>Euryarchaeota</i>. The calculated biodiversity index for bacteria and archaea in the samples was 1,0-3,0 which is in concordance with values obtained for extreme ecosystems. It was higher in a few samples which were taken at lower temperatures and thus represent habitats acceptable for more diverse organisms.</p> <p>Seven bacterial species were isolated from the samples. One of these represents a novel species of the genus <i>Sediminibacter</i> within the phylum of <i>Bacteroidetes</i>. Several <i>Thermus</i> species were cultivated, i.e. <i>T.islandicus</i> which has so far only been found in Iceland. The <i>Proteobacteria</i> species <i>Thermomonas hydrothermalis</i> and <i>Tepidimonas ignava</i> were also isolated as well as a thermophilic <i>Firmicutes</i> species, <i>Anoxybacillus kualawohkensis</i>.</p>		
English keywords:	<i>Geothermal area; species composition; 16S rRNA; novel species; biodiversity</i>		

EFNISYFIRLIT

1. INNGANGUR	1
2. FRAMKVÆMD	4
2.1 Sýnataka	4
2.2 Mælingar	4
2.3 Ræktanir	4
2.4 Einangrun á DNA	4
2.4.1 Lífmassasýni	4
2.4.2 Jarðvegssýni	5
2.4.3 Sýni af vökva og yfirborðsbrák	5
2.4.4 Ræktaðir stofnar.....	5
2.5 PCR á 16S og 18S rRNA genum	5
2.6 Klónun og raðgreining	6
2.7 Ákvörðun á tegundasamsetningu í sýnum	6
2.8 Skyldleikatré	6
2.9 Líffræðilegur fjölbreytileiki	6
3. NIÐURSTÖÐUR OG UMRÆÐUR	7
3.1 Sýnataka	7
3.2 Niðurstöður úr PCR og erfðagreiningum	11
3.3 Dreifing fornbaktería og baktería á fylkingar – samantekt	49
3.4 Líffræðilegur fjölbreytileiki	51
3.5 Samanburður á milli sýna - skyldleikatré	52
3.5.1 <i>Aquificae</i>	53
3.5.2 <i>Bacteroidetes / Chlorobi</i>	54
3.5.3 <i>Chloroflexi</i>	55
3.5.4 <i>Cyanobacteria</i>	56
3.5.5 <i>Proteobacteria</i>	57
3.5.6 <i>Firmicutes</i>	61
3.5.7 <i>Crenarchaeota</i>	62
3.5.8 <i>Euryarchaeota</i>	63
3.6 Frumefnamælingar	64
4. SAMANTEKT	65
HEIMILDIR	67
Viðauki - frumefnamælingar	76

1. INNGANGUR

Samkvæmt verkefnissamningi milli Orkustofnunar og Matís-Prokaria sem undirritaður var sumarið 2008 er nú unnið að fimmta áfanga verkefnisins um lífríki á hverasvæðum á Íslandi, en verkefnið er hluti af Rammaáætlun um nýtingu á vatnsafla og jarðvarma. Fyrsti áfangi fól í sér greiningu á lífríki hvera á Hengilssvæðinu (Viggó Þór Marteinson o.fl., 2005). Annar áfangi fól í sér greiningu á lífríki hvera á Torfajökulssvæði (Sólveig K. Pétursdóttir o.fl. 2006). Þriðji áfangi fól í sér samskonar greiningu á lífríki hvera á Krísuvíkursvæðinu (Sólveig K. Pétursdóttir o.fl. 2007) og sá fjórði greiningu á lífríki í hverum í Kröflu og Námafjalli (Sólveig K. Pétursdóttir o.fl. 2008). Núverandi áfangi felur í sér sambærilega rannsókn á lífríki hvera á hverasvæðunum í Vonarskarði.

Í lok Rammaáætlunar verða tekin saman öll gögn sem aflað hefur verið í ofangreindum og sambærilegum verkefnum. Í því skyni er verið að búa til gagnagrunn sem mun hýsa allar bakteríu- og fornbakteríutegundir sem fundist hafa á hverasvæðum á Íslandi. Með grunninum verður kleift að bera saman á auðveldan hátt tegundir og tegundasamsetningu á milli einstakra svæða og greina heildarmynd örveruvistkerfa í hverum á Íslandi. Samkvæmt verksamningi er grunnurinn fjármagnaður af Rammaáætlun að hluta, en einnig er leitað annarra fjármögnunarleiða.

Örverulíf háhitasvæðanna er verðmætt hvort sem mælistikan er efnahagsleg eða náttúrufarsleg. Líffræðilegur fjölbreytileiki í hverum á háhitasvæðum endurspeglar almennan fjölbreytileika yfirborðsfyrirbæra, sem eru afsprengi jarðhita og geta orðið fyrir áhrifum af vinnslu hans. Vinnsla á orku á jarðhitasvæði getur haft það í för með sér að ýmis ummerki á svæðinu breytast eða hverfa. Erfitt getur verið að greina breytingar af völdum vinnslu út frá náttúrulegum breytileika, en það hefur hins vegar sýnt sig að tímabundnar breytingar hafa ekki úrslitaáhrif á tilveru örvera. Þær þola tímabundna þornun og þær flytjast innan svæðisins í takt við breytingar svo lengi sem eðlis- og efnaeiginleikar á yfirborði svæðisins breytast ekki umtalsvert. Þróun örveruflórunnar getur þannig verið til vitnis um varanlegar breytingar á svæðinu.

Almennt hefur verið talið að hitastig og sýrustig ráði mestu um það hvaða tegundir geti lifað á hverjum stað. Á síðari árum hefur þó verið bent á að fleiri þættir kunni að ráða talsverðu um tegundasamsetningu í hverum. Rannsókn var gerð á hverum með áþekka eiginleika hvað varðaði sýrustig og hitastig í þjóðgarðinum Yellowstone í Bandaríkjunum og kom í ljós að tegundabreytileiki milli „samskonar“ hvera var

umtalsverður. Þar bentu menn því á nauðsyn þess að mæla aðra jarðefnafræðilega þætti (Blank, C.E. og félagar, 2002). Í reynd má segja að þessi nálgun eigi vaxandi fylgi að fagna víða um heim og má sjá þess merki í nýlegum greinum um tegundasamsetningu og vistfræði hvera, sérstaklega í Yellowstone þjóðgarðinum en einnig víðar. Aukin vitneskja um efni og efnasambönd í nánasta umhverfi hveraörveranna eykur líkur á að hægt verði að einangra og rækta fleiri tegundir á kerfisbundin hátt. Markmiðið er að greina hvaða jarðefnaþættir hafa áhrif á tegundasamsetningu í hverunum og hvaða ferlar eru þar í gangi, lífrænir og ólífrænir. Nokkur samvinna hefur verið með örverufræðingum Matís og jarðefnafræðingum Jarðfræðistofnunar HÍ innan Rammaáætlunar, þar sem vistkerfi hvera á háhitasvæðum Íslands hafa verið rannsökuð. Þess ber að geta að Matís hefur nú yfir að ráða tæki til að mæla frumefni í vatnssýnum og eru vonir bundnar við að innan tíðar megi tengja saman niðurstöður mælinga á frumefnum í vatnshverum og tegundasamsetningu í þeim.

Dreifkjarna örverur eru einu lífverurnar sem geta lifað í heitum hverum. Hámarksvaxtarhitastig heilkjarna örvera er talið vera um 57°C (*Cyanidium caldarium*), en dreifkjarna örvera 113°C. Dreifkjarna örverur flokkast til tveggja ríkja lífheimsins þ.e. til (raun)baktería (*Eubacteria*) og fornbaktería (*Archaea*). Þær síðar nefndu eru almennt séð hita- og sýruþolnari en þær fyrrnefndu. Innan beggja hópa er fjöldi tegunda sem gegna mismunandi hlutverki í vistkerfum hvera. Frumbjarga tegundir leggja grunninn að öðru lífi sem finnst í vistkerfinu. Þessar tegundir eru ýmist ljóstillífandi blágrænar bakteríur sem nýta sólarorku til að binda kolefni úr koldíoxíði eða efnatillífandi bakteríur sem fá orku úr oxun á vetni eða brennisteinsvetni og geta bundið ólífrænt kolefni. Aðrar tegundir vistkerfisins eru ófrumbjarga og þurfa því lífrænt kolefni sem frumbjarga tegundir sjá þeim fyrir.

Notkun sameindalíffræðilegra aðferða við greiningar á tegundasamsetningu mismunandi vistkerfa hefur fleygt fram á síðustu árum. Í dag er hægt að greina tegundasamsetningu í blönduðum sýnum án þess að undangengin ræktun sé skilyrði. Sífelld þróaðri tækjakostur gerir kleift að greina tegundasamsetningu í sýni á tiltölulega skömmum tíma. Í ljós hefur komið að lífheimur örveranna er miklum mun fjölbreyttari en talið var. Urmull af áður óþekktum tegundum hefur komið í ljós, en jafnframt hefur fengist staðfesting á því að einungis hefur tekist að rækta örlítið brot af þeim örverutegundum sem raunverulega finnast í lífheiminum. Þróun nýrra ræktunaraðferða og vaxandi þekking á mismunandi lífsferlum auka þó líkurnar á því að með tímanum takist að einangra og greina fleiri tegundir. Sameindalíffræðilegu aðferðirnar fela í sér raðgreiningu á tegundagreinandi geni -16S rRNA. Á síðustu árum hafa menn raðgreint genið bæði úr ræktuðum örverum og blönduðum lífmassa. Vísindamenn víða um heim hafa með tímanum myndað gríðarlega stóran gagnagrunn sem hýsir 16S rRNA genaraðir víðsvegar að. Þessi grunnur "Genbank" hefur

nýst sérlega vel til viðmiðunar þegar greina á bakteríu til tegundar, eða tegundasamsetningu baktería í sýni.

Í þessari rannsókn voru sýni tekin víða af jarðhitasvæðinu austan Eggju í Vonarskarði. Tegundasamsetning baktería og fornbaktería var ákvörðuð í sýnunum með sameindalíffræðilegum aðferðum. Stofnar sem fengust með ræktunum voru tegundagreindir. Samanburður var gerður á tegundasamsetningu og hlutföllum einstakra tegunda á milli sýna og greint frá áður óþekktum tegundum. Líkur voru leiddar að vistfræðilegu hlutverki helstu tegunda eða hópa.

2. FRAMKVÆMD

2.1 Sýnataka

Sýni voru tekin úr hverum í Vonarskarði, 27. ágúst 2008. Reynt var að fara sem víðast um jarðhitasvæðið austan Eggju og taka fjölbreytt sýni af vökva, leir, jarðvegi, yfirborðs-ummyndunum og lífmassa. Myndir voru teknar af sýnatökustöðunum og staðsetning (GPS) ákvörðuð. Hitastig og sýrustig voru mæld á staðnum. Sýnin voru tekin í dauðhreinsuð ílát og komið fyrir í kæli eins fljótt og unnt var. Vinna hófst við sýnin daginn eftir að sýnatökuferð lauk. Nokkur sýni voru tekin í frumefnamælingar.

2.2 Mælingar

Mælingar voru endurteknar á sýrustigi á rannsóknastofunni. Leiðni var mæld í vökvasýnum á rannsóknastofu Matís. Frumefnamælingar á 72 frumefnum voru framkvæmdar á þremur vökvasýnum sem tekin voru. Kranavatn frá Matís var haft til samanburðar. Sýnin voru skönnuð í ICP-MS greini með aðferð sem er hálfmagnbundin (semi- quantitative). Aðferðin gefur fyrsta mat á frumefnasamsetningu í óþekktu sýni. Hvert sýni var mælt þrisvar og niðurstöðurnar gefnar sem meðaltal þriggja mælinga. Niðurstöðum verður þó að taka með fyrirvara um skekkju allt að +/- 25%.

2.3 Ræktanir

Ræktunartilraunir voru gerðar á 8 sýnum og var ræktað við 50, 60, 65 og 70°C á tvenns konar ætum, þ.e. R2A og 166. Kóloníur sem uxu upp á skálum voru hirtar og hreinsaðar með áframhaldandi strikun á sama æti og ræktun við sama hitastig. U.þ.b. 50 stofnar voru hirtir og tegundagreindir með hlutaraðgreiningu á 16S rRNA geni þeirra.

2.4 Einangrun á DNA

2.4.1 Lífmassasýni

Lífmassinn var maukaður með því að hrista og hræra sýni. Því næst voru teknir u.þ.b. 2 mL af lífmassa og leystir upp í sama rúmmáli af TE buffer. DNA var einangrað úr sýninu með MasterPure DNA Purification Kit frá Epicentre Biotechnologies (skv. leiðb. frá framl.).

2.4.2 Jarðvegssýni

Jarðvegssýni (ca 100mL) voru skoluð í 200mL af 0,9% NaCl lausn, hrist duglega nokkrum sinnum og látin standa yfir nótt. Þá var floti hellt ofan af botnfalli, það spunnið (1000 rpm 10 mín), flot hirt og spunnið aftur við 8000 rpm í 20 mín. Botnfallið, - bakteríurnar, voru þá hirtar og leystar upp í sama rúmmáli af TE buffer. DNA var einangrað með sömu aðferð og áður (sjá í 2.3.1).

2.4.3 Sýni af vökva og yfirborðsbrák

Sýni af vökva og yfirborðsbrák voru spunnin beint við 8000 rpm. Botnfallið var hirt og það síðan leyst upp í sama rúmmáli af TE buffer og DNA einangrað eins og áður.

2.4.4 Ræktaðir stofnar

DNA var einangrað úr ræktuðum stofnum með Dynal™ aðferð.

2.5 PCR á 16S og 18S rRNA genum

Algengast er að nota 16S rRNA gen baktería til tegundaákvörðunar og var það gert hér. DNA úr sýnunum (2.4.1, 2.4.2 og 2.4.3) var notað sem mót. DNA sem var einangrað úr ræktuðum stofnum (2.4.4) var einnig notað sem mót. Ennfremur var ákveðið að reyna að magna upp 18S rDNA heilkjörnunga úr sýnum sem komu úr lágu hitastigi.

Þynningarröð var gerð af hverju sýni (óþynnt, 10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3}) og voru allar þynningar prófaðar við kjarnsýrumögnun (PCR) á 16S eða 18S rRNA geninu. Mögnun var reynd með sérvirkum 16S endavísium fyrir Bakteríur (Bacteria) (F9 og R1544 eða R805) og Fornbakteríur (Archaea) (UA715F og UA1406R) og 310bF and 1790R fyrir 18S rRNA gen heilkjörnunga. PCR hvarfið (4 μ l 10x polymerasa buffer; 1,0 μ l dNTP (10 μ M), 0,7 μ l Teg polymerasi (0,5U), 1,0 μ l af hvorum vísi (20 μ M) og 27,7 μ l sterilt H₂O og 2,0 μ l af sýni úr hverri þynningu) var gert í tvíriti, þar sem PCR mögnunin fór fram við tvö mismunandi pörunarhitastig vísis og DNA móts, þ.e. við 42°C og 52°C. Hitaferillinn í PCR var 94°C í 4 min, (94°C í 50 sek, 42/52°C í 50 sek., 72°C í 2min) x 35 hringir; og 72°C í 7min, kælt (4°C) í lokin. Afurðirnar voru síðan rafdrengnar á 1% agarosa geli með ethidium bromíð og DNA bönd af réttri stærð (~1500bp) klippt úr gelinu. Ef engin afurð fékkst úr sýninu, var reynt að endurtaka með því að nota "stiguls PCR" þar sem pörunarhitastig vísis og móts var breytilegt á bilinu milli 42 og 56°C.

2.6 Klónun og raðgreining

DNA var hreinsað úr gelbútunum með GFX aðferð skv. leiðbeiningum frá framleiðanda (Amersham Biosciences). Klónun var gerð inn í Topo plasmíð og ferjað í Top10 frumur skv. leiðbeiningum frá framleiðanda (Invitrogen). Ræktað var á skálum með LB æti með ampicillini og reynt að fá ca 50 - 100 klóna alls (raunbakteríur og fornbakteríur) úr hverju sýni. Aðeins 12 klónar voru hirtir úr klónun á 18S afurðum. Klónar voru ræktaðir í vökvaæti. Gengið var úr skugga um að 16S rRNA genið væri á plasmíðinu með PCR hvarfi þar sem M13 F og R vísar sem parast beggja vegna innskots á plasmíðinu voru notaðir. PCR afurðin var því næst hreinsuð með Exo/Sap skv. leiðbeiningum frá framleiðanda (USB) og raðgreiningarhvarf framkvæmt með Big Dye hvarflausn. Því næst voru raðirnar greindar í Applied Biosystems 3730 raðgreini. Raðirnar voru svo yfirfarnar og flokkaðar við 98% innbyrðis samsvörun í Sequencher forritinu, en ef tvær raðir sýna $\geq 98\%$ samsvörun er almennt talið að þær séu sömu tegundar.

2.7 Ákvörðun á tegundasamsetningu í sýnum

Flokkar eins raða ($\geq 98\%$ skyldleiki) og stakar raðir voru bornar saman við þekktar raðir í NCBI Genbank með BLAST forriti á veraldarvefnum. Þannig fengust nánustu ættingjar hversrar raðar (tegundar) og jafnframt skyldleikaprósenta óþekktu tegundarinnar við nánasta þekkta ættingja. Á þennan hátt fékkst yfirlit um tegundasamsetningu í hverju sýni.

2.8 Skyldleikatré

Ættartré yfir 16S rDNA raðir úr helstu fylkingum raunbaktería sem fundust í sýnunum voru gerð. Röðunum var samraðað í Bioedit og Clustal tölvuforritunum og skyldleiki hversra tveggja raða metinn (Neighbour Joining) og túlkaður í svokölluðu ættartré þar sem nánir ættingjar mynda nálægar greinar. Viðmiðunarraðir voru fengnar úr Genbank. Á þennan hátt fékkst yfirlitsmynd af því að hvaða marki sýnin voru lík eða ólík innbyrðis m.t.t. tegundasamsetningar og einnig gleggri mynd af því hvort áður óþekktar tegundir eða hópar væru til staðar í sýnunum.

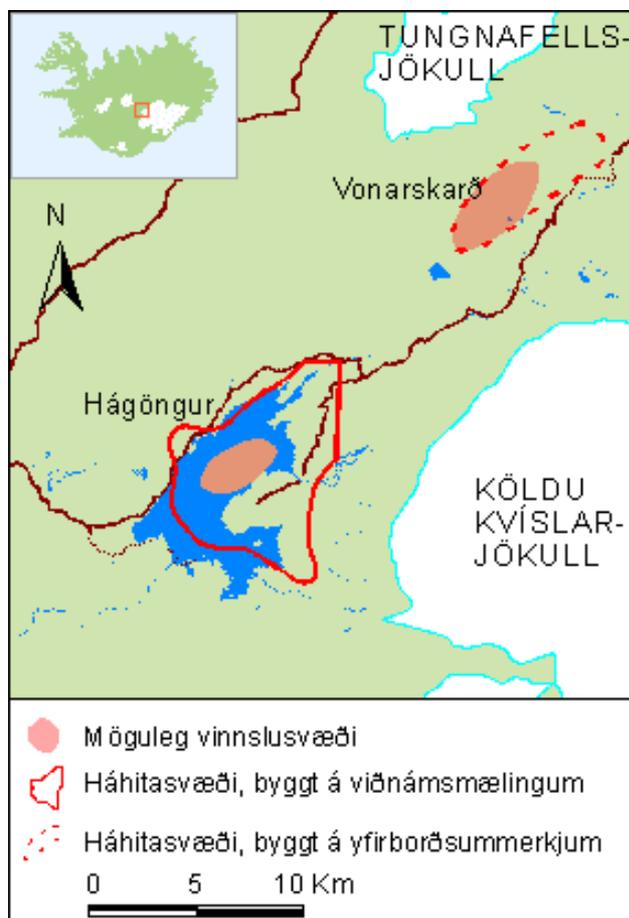
2.9 Líffræðilegur fjölbreytileiki

Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería og fornbaktería var metinn í sýnunum með aðferð Curtis og félaga (2002). Jafnframt var metið var hvort fjöldi klóna úr hverju sýni væri nægilegur til að enduspegla raunverulegan tegundafjölbreytileika og hlutföll í sýnunum.

3. NIÐURSTÖÐUR OG UMRÆÐUR

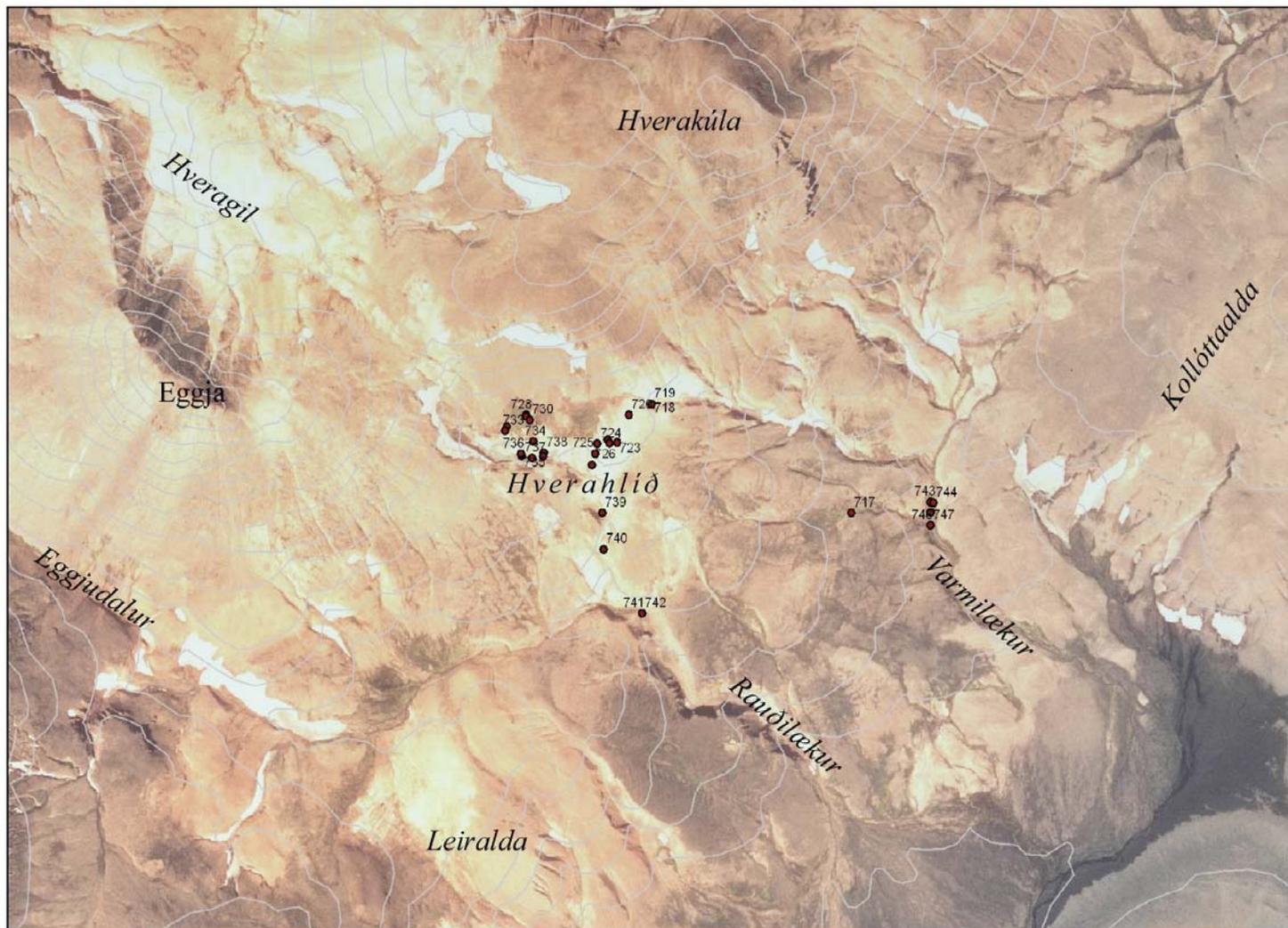
3.1 Sýnataka

Vonarskarðseldstöðin er á milli Tungnafellsjökuls og Köldukvíslarjökuls (mynd 1). Hún er yfir 10 km í þvermál. Háhitasvæði er í öskjunni vestan-verðri, mest á svæðinu frá Skrauta og norður undir Laugakúlu. Mestur er hitinn austan undir Eggju og er þar á litlu svæði hægt að sjá allar helstu gerðir yfirborðsfyrirbrigða sem fylgja háhitasvæðum. Háhitinn nær vestur og norður fyrir Eggju og suður undir Skrauta. Alls er svæðið um 7 km². Afrennslisvatn, heitt og volgt, er töluvert auk ölkeldna (Haukur Jóhannesson, www.isor.is).



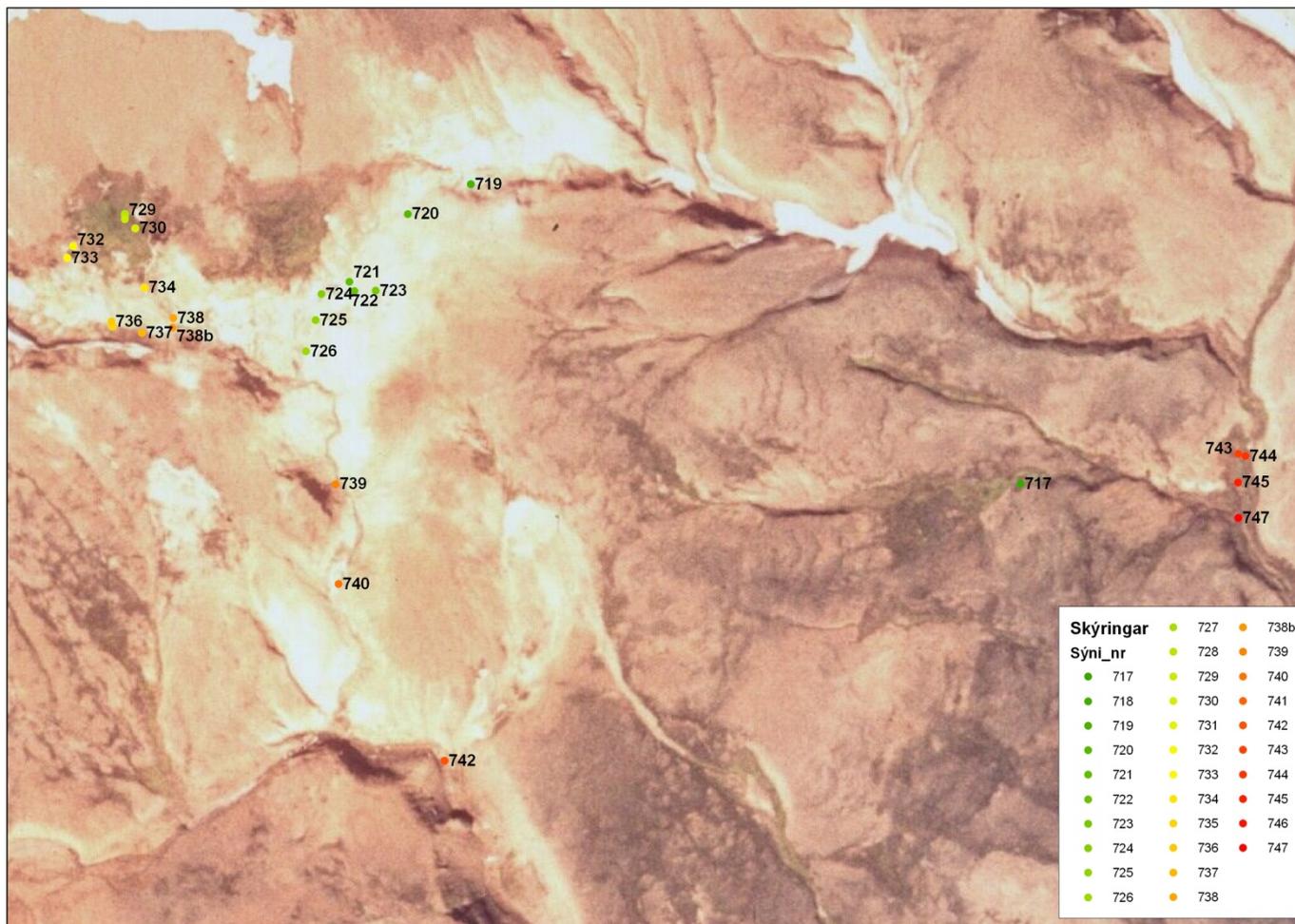
Mynd 1. Kortið hér til hliðar sýnir m.a. Vonarskarðseldstöðina sem er á milli Tungnafellsjökuls og Köldukvíslarjökuls (www.isor.is).

Á myndum 2a og 2b sjást sýnatökustaðir á hverasvæðinu austur undir Eggju í Vonarskarði á mismunandi skala. Farið var um svæðið með staðkunnugum jarðfræðingi, Hauki Jóhannessyni. Svæðið er afar fjölbreytt og litskrúðugt og var reynt að taka sýni af sem flestum hveragerðum. Sýni voru tekin úr brennisteinsþúfum, leirhverum og gufuaugum ofarlega í Hverahlíð og gengið niður með Rauðalæk og sýni tekin úr læknum og úr hverum við lækinn eða afrennslis þeirra.



Einnig voru tekin nokkur sýni úr og við Varmalæk. Sýni voru tekin af vökva, jarðvegi, jarðvegsútfellingum og lífmassa. Alls voru tekin 32 sýni á svæðinu. Í töflu 1 má sjá yfirlit um sýnatökustaði og sýni sem tekin voru í Vonarskarði 27. ágúst 2008.

Mynd 2a. Sýnatökustaðir í Vonarskarði (kort ISOR). Skáletruð örnefni eru frá Hauki Jóhannessyni jarðfræðingi



Mynd 2b. Sýnatökustaðir í Vonarskarði (kort ISOR).

TAFLA 1. Yfirlit um sýni og sýnatökustaði í Vonarskarði

Sýni	Gerð hvers	Gerð sýnis	T°C	pH	GPS N	GPS V	MYS
717	Uppspretta - þörungahver	Lífmassi	23,5	5,7	N64 41.439	W17 53.110	1000 m
718	Soðpanna	Vökvasýni	92,8°C	1,9	N64 41.569	W17 53.649	1056 m
719	Afrennsli af 718	Yfirborðsbrák	52,8	2,7	N64 41.569	W17 53.649	1056 m
720	Brennisteinsþúfa	Jarðvegur	89,2°C	4,0	N64 41.557	W17 53.712	1065 m
721	Vatnsmikill leirhver	Yfirborðsbrák	72-79°C	2,2	N64 41.529	W17 53.771	1067 m
722	Leirhver í myndun	Leir	92°C	3,2	N64 41.525	W17 53.766	1064 m
723	Vatnsríkur leirhver	Vökvasýni	65-72°C	2,8	N64 41.525	W17 53.745	1069 m
724	Lækur	Rauðar útfellingar	51,4	3,3	N64 41.524	W17 53.799	1060 m
725	Lækur	Grænn lífmassi	16,3	2,5	N64 41.513	W17 53.805	1056 m
726F	Svartur lækur	Vökvasýni	81,5°C	8,0	N64 41.500	W17 53.815	1058 m
727	Hvítur hver	Hvítur lífmassi	43,4°C	3,7	N64 41.558	W17 53.992	1074 m
728	Hvítur hver	Hvítur lífmassi	52,8°C	4,3	N64 41.559	W17 53.992	1074 m
729F	Hvítur hver	Grænn og hvítur lífmassi	44,5°C	4,6	N64 41.557	W17 53.992	1074 m
730	Lækur	Hvítur lífmassi	49,8°C	4,9	N64 41.553	W17 53.982	1072 m
731	Lækur	Gráir þræðir	41,7°C	3,4	N64 41.546	W17 54.044	1075 m
732	Lækjardý	Appelsínugulur og grænn lífmassi	35,7°C	3,2	N64 41.546	W17 54.044	1075 m
733	Lækjardý	Dökkfjólublár massi	16°C	2,9	N64 41.541	W17 54.050	1049 m
734	Lækur	Grænn þörungamassi	40,3°C	5,8	N64 41.528	W17 53.974	1065 m
735	Tær lækur	Ljósbrúnn lífmassi	41°C	3,4	N64 41.512	W17 54.006	1053 m
736	Lækur	Malarsýni	64,5°C	4,7	N64 41.514	W17 54.007	1056 m
737F	Svartur / tær lækur	Malar- og vatnssýni	45,1	3,8	N64 41.509	W17 53.977	1059 m
738	Lækur	Appelsínugulur, hvítur og grænn lífmassi	33,3°C	3,7	N64 41.515	W17 53.946	1062 m
738bF	Lækur	Rauður og grænn lífmassi	42°C	3,7	N64 41.511	W17 53.947	1059 m
739	Brennisteinsþúfa	Yfirborðshrúður	95°C	4,0	N64 41.444	W17 53.788	1044 m
740	Við læk	Appelsínugulur massi	22°C	6,0	N64 41.402	W17 53.787	1034 m
741	Við læk	Hvítur massi við lækjarbakka	59°C	5,9	N64 41.327	W17 53.685	1008 m
742	Við læk	Grænn massi við lækjarbakka	46°C	6,9	N64 41.327	W17 53.685	1008 m
743	Lækur	Appelsínugulur massi	62,5	7,0	N64 41.450	W17 52.894	977 m
744	Lækur	Gulbrúnar lífmassaflyksur	36,6	7,3	N64 41.449	W17 52.887	977 m
745	Lækur	Grænn lífmassi	52,5	7,3	N64 41.438	W17 52.895	974 m
746	Lækur	Gulgrænn gróður	54°C	7,3	N64 41.423	W17 52.895	976 m
747	Lækur	Grænn massi með gulum útfellingum	39°C	7,3	N64 41.423	W17 52.895	976 m

F = frumefnamæling

3.2 Niðurstöður úr PCR og erfðagreiningum

Í töflu 2 sést yfirlit um árangur DNA einangrunar og PCR mögnunar á bakteríum (*Eubacteria*) og fornbakteríum (*Archaea*) úr 32 sýnum sem tekin voru í Vonarskarði. Mögnun á tegundagreinandi genum (16SrRNA) baktería tókst í 24 sýnum. Mögnun á sama geni fornbaktería tókst í 16 sýnum.

Ræktunartilraunir voru gerðar á átta sýnum af 32 (tafla 2). Tegundagreiningar voru gerðar á stofnum sem fengust út úr ræktunum, en gerð er grein fyrir þeim í umfjöllun um sýnin.

Í töflu 2 sést einnig árangur af mögnun á 18S rRNA geni heilkjörnunga, sem reynd var á 16 sýnum sem komu úr lághita (<50°C). Mögnun skilaði árangri í 10 sýnum af 16. Gerð er grein fyrir heilkjarna tegundum sem fundust í umfjöllun um sýnin.

TAFLA 2. Yfirlit um árangur DNA einangrunar og mögnunar á tegundagreinandi genum dreifkjörnunga (16S) og heilkjörnunga (18S) úr sýnum og ræktuðum stofnum.

Sýni	T°C	pH	Bakt.	Fornb.	Heilkj	Stofnar	Sýni	T°C	pH	Bakt.	Fornb.	Heilkj	Stofnar
717	23,5	5,7			+		733	16	2,9	+		+	
718	92,8	1,9		+			734	40,3	5,8	+	+	+	
719	52,8	2,7					735	41	3,4	+			
720	89,2	4,0					736	64,5	4,7	+			+
721	72-79	2,2					737	45,1	3,8	+			+
722	92	3,2					738	33,3	3,7	+		+	
723	65-72	2,8	+	+			738b	42	3,7	+		+	
724	51,4	3,3					739	95	4		+		
725	16,3	2,5	+	+	+		740	22	6	+	+	+	
726	81,5	8	+	+		+	741	59	5,9	+	+		+
727	43,4	3,7	+				742	46	6,9	+	+	+	
728	52,8	4,3	+				743	62,5	7	+	+		+
729	44,5	4,6	+		+		744	36,6	7,3	+	+		
730	49,8	4,9	+	+		+	745	52,5	7,3	+	+		+
731	41,7	3,4	+	+			746	54	7,3	+	+		+
732	35,7	3,2	+				747	39	7,3	+	+	+	

Taflan sýnir árangur mögnunar á 16S rRNA genum baktería og fornbaktería og ennfremur mögnun á 18S rRNA genum heilkjörnunga sem var eingöngu reynd á lághitasýnum.

Hér á eftir er umfjöllun um niðurstöður úr hverju sýni fyrir sig. Töflur 3-28 sýna niðurstöður úr greiningum á tegundasamsetningu örvera í hverju sýni ásamt mynd af sýnatökustað. Greiningin byggist á hlutaraðgreiningu á 16S rRNA geninu, flokkun raða í tegundir miðað við 98% skyldleikamörk og

samanburði á þeim við þekktar tegundir í Genbank, sem gefur nánasta ættingja tegundarinnar sem fannst í sýninu, ræktaðan eða óræktaðan. Genbanknúmer er gefið aftan við nánasta ættingja, en út frá því má finna ýmsar upplýsingar í Genbank. Skyldleikaprósenta gefur til kynna skyldleika tegundarinnar sem fannst í sýninu við nánasta ættingjann í Genbank. Nýjar tegundir eru auðkenndar með skærgrænum lit í þeim dálki. Dálkur merktur „uppruni“ gefur til kynna fundarstað nánasta ættingja. Töflur í grænum litaskala sýna bakteríur, en gráar töflur fornbakteríur. „Unc.“ merkir uncultured eða óræktað, þ.e. tegund sem hefur einungis fundist með erfðagreiningu, en hefur ekki verið ræktað.

Sýni 717 var lífmassasýni tekið af þörungagróðri við lágt hitastig (mynd 3). Hvorki tókst að magna upp 16S rRNA gen baktería né fornbaktería í þessu sýni. Hins vegar fékkst mögnun á 18S rRNA geni heilkjörnungs og reyndist það vera úr DNA úr krabbadýri.



Mynd 3. Sýni 717 var tekið úr lítilli uppsprettu þar sem skærgrænn þörungagróður var áberandi. Hitastig mældist 23,5°C og pH 5,7.

Sýni 718 var vökvásýni úr svokallaðri soðpönnu (mynd 4). Hitastig hversins var tiltölulega hátt eða 93°C en pH afar lágt, eða pH 1,2. Nokkur mögnun fékkst á tegundagreinandi genum fornbaktería og baktería upp úr þessu sýni (tafla 3a og 3b).

Tveir hópar fornbaktería fundust í sýni 718 (tafla 3a). Annar þeirra er afar fjarskyldur (93%) nánasta ættingja innan *Euryarchaeota* og því ný tegund. Hinn hópurinn flokkast til hita- og sýrukærra fornbaktería af ættkvísl *Stygioglobus* innan *Crenarchaeota*, en tegundin fannst í Yellowstone (Korf et al 2006). Ekki var hægt að greina ríkjandi tegund í þessu sýni.



Mynd 4. Sýni 718 var tekið úr soðpönnu þar sem hitastig var 93°C og pH 1,2.

Skilgreining á lífsskilyrðum hita- og sýrukærra fornbaktería miðast við að tegundir innan þessa hóps geti vaxið við sýrustig á bilinu 0.0-4.0 og hitastig á bilinu 55-95 °C, en mælingar á hitastigi og sýrustigi á sýnatökustað 718 eru einmitt innan þessara marka.

TAFLA 3a: Fornbakteríur í sýni 718

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a718-3-3	Uncult euryarchaeote (AY690265)	Fjallalækur	93%	<i>Euryarchaeota</i>	Baseman et al. 2005
a718-6-8	Uncultured <i>Stygiolobus</i> (DQ834074)	Yellowstone	100%	<i>Crenarchaeota</i>	Korf et al. 2006

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Nokkrar bakteríutegundir fundust einnig í sýninu (tafla 3b). Þar virtist frumbjarga *Hydrogenobaculum* tegund (99%) vera ríkjandi en þessi tegund fannst í Yellowstone (Ferrera et al. 2007). *Hydrogenobaculum* ættkvíslin einkennist af súlfíð- og vetnisefnaskiptum. Í sýninu fundust einnig nokkrar aðrar tegundir sem fundust áður í jarðvegi á Indlandi og í jarðvatni í Sviss. Skyldleikaprósenta þessara tegunda var að jafnaði há og því ekki um óþekktar nýjar tegundir að ræða.

TAFLA 3b: Bakteríur í sýni 718

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a718-4-6	<i>Hydrogenobaculum</i> sp. (AM259505)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Ferrera et al. 2007
a718-7-1	Uncultured <i>Geobacter</i> sp. (EU809721)	Jarðvegur, Indland	96%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Shivaji et al. 2008
a718-8-1	Uncultured bacterium (EU037322)	Krómmengaður jarðv. Indl.	97%	α - <i>Proteobacteria</i>	Desai et al. 2008
a718-9-1	Uncultured bacterium (AM991275)	jarðvatn, Sviss	97%	<i>Verrucomicrobia</i>	Briee et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sýni 719 var úr afrennsli úr 718 og var tekið af yfirborðsbrák sem virtist lífvænleg (mynd 5). Engin mögnun fékkst þó úr þessu sýni hvorki með bakteríu- né fornbakteríuvísam. Hefur brákin að öllum líkindum verið ólífærn.



Mynd 5. Sýni 719 tekið af yfirborðsbrák. Hitastigið var 52,8 og pH 2,7.

Sýni 720 var tekið af yfirborðsummyndun úr brennisteinspúfu (mynd 6). Úr þessu sýni fékkst engin mögnun, hvorki með fornbakteríu – né bakteríuvísam.



Mynd 6. Sýni 720 var tekið úr jarðvegi úr brennisteinspúfu. Hitastigið var 89,2 og pH 4.

Sýni 721 var tekið af yfirborðsbrák í vatnsríkum leirhver (mynd 7). Hitastigið mældist á bilinu 72-79°C og pH 2,2. Úr þessu sýni fékkst engin mögnun, hvorki með fornbakteríu- né bakteríuvísam.



Mynd 7. Sýnatökustaður 721 var vatnsríkur leirhver. Sýnið var tekið af yfirborðsbrák. Hitastig var 72-79°C og pH 2,2.

Sýni 722 var tekið af svörtum leir úr hver sem var í myndun (mynd 8). Úr þessu sýni fékkst engin mögnun, hvorki með fornbakteríu- né bakteríuvísum. Ítrekaðar tilraunir voru gerðar til að magna upp 16S rRNA gen fornbaktería og baktería í sýnum 719-722 en án árangurs.



Mynd 8. Leirhver í myndun. Sýni 722 var tekið úr þessum hver þar sem hitastig mældist 92°C og pH 3,2.

Sýni 723 var vökvasýni úr stórum vatnsmiklum leirhver (mynd 9). Þetta sýni var afar fábreytt hvað tegundafjölda varðar, en í því fundust þó bæði fornbakteríur og bakteríur (töflur 4a og 4b). Fornbakteríur í sýninu flokkast til *Crenarchaeota* tegundar sem fannst með sömu aðferðum og hér var beitt í súrum eldfjallajarðvegi í Mount Hood í Ástralíu (Henneberger et al. 2008). Bakteríutegund sem fannst í miklu magni í þessu sýni er *Hydrogenobaculum* tegund sem fannst í Yellowstone (Korf et al. 2007), en bakteríur af *Hydrogenobaculum* ættkvísl eru afar algengar í hverum. Þær flokkast til *Aquificae* fylkingarinnar sem er mjög neðarlega og því gömul í lífsins tré. Sem fyrr segir geta þær nýtt sér vetni og H₂S til orkuöflunar og ólfrænt kolefni (CO₂).



Mynd 9. Sýni 723 var tekið úr vatnsríkum leirhver þar sem hitastig mældist 65-72°C og pH 2,8.

TAFLA 4a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 723

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a723-1-38	Uncultured archaeon (EU419158)	Mount Hood	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Henneberger et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

TAFLA 4b: Tegundasamsetning baktería í sýni 723

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a723-2-1	<i>Hydrogenobaculum</i> sp. (AJ320225)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Eder & Huber 2002
723-1-48	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (EF156602)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sýni 724 var tekið af rauðum útfellingum ofarlega í Rauðalæk (mynd 10). Hitastig mældist 51,4 og pH 3,3.



Ekki tókst að magna upp úr þessu sýni, hvorki með bakteríu- né fornbakteríuvísun. Líklegt er því að útfellingarnar séu af ólífrænum toga, e.t.v. járnsambönd.

Mynd 10. Sýni 724 - rauðar útfellingar í læk við 51,4°C og pH 3,3.

Sýni 725 var tekið af grænum lífmassa nokkru neðar í Rauðalæk (mynd 11). Hitastigið hér var talsvert lægra en í sýni 724, eða 16°C og pH afar lágt eða 2,5.



Mynd 11. Sýni 725 var tekið af grænum lífmassa í leirkenndum læk. Blágrænar bakteríur fundust í þessu sýni. Hitastig var 16,3°C og pH 2,5.

Úr sýni 725 fengust bæði fornbakteríur og bakteríur. Fornbakteríurnar greinast til þriggja tegunda, sem allar hafa fundist áður og flokkast allar til yfirfylkingar *Crenarchaeota* (tafla 5a). Tvær þessara tegunda hafa fundist í Yellowstone og ein þeirra í eldfjallajarðvegi við Mount Hood í Ástralíu. Sú síðastnefnda virðist ríkjandi í þessu sýni. Engin þessara tegunda hefur verið ræktuð.

TAFLA 5a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 725

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a725-4-2	Uncultured <i>Thermocladium</i> (EF156489)	Yellowstone	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Korf et al. 2006
a725-5-10	Uncultured archaeon (EU419158)	Mount Hood eldfjallajarðv.	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Henneberger et al. 2008
a725-10-1	Uncultured <i>Stygiolobus</i> (DQ834074)	Yellowstone	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Korf et al. 2006

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Bakteríur í sýni 725 (tafla 5b) flokkast flestar til fylkingar *Proteobacteria* og umtalsverður hluti til *Actinobacteria*. Úr sýninu greindist einnig blágræn baktería (*Cyanobacteria*), - að öllum líkindum sú tegund sem var áberandi á sýnatökustað (mynd 11). Sama tegund fannst í súlfatafoxandi, súru umhverfi í Þýskalandi, en hefur heldur ekki verið ræktuð. Engin ein tegund baktería var ríkjandi í sýni 725, en *Acidiphilium* tegundir áttu þó vinninginn. Afoxun á járni (FeIII) er vel þekkt innan ættkvíslarinnar.

Flestar tegundirnar sem fundust sýndu háa skyldleikaprósentu við nánasta ættingja og hafa því fundist áður. Þó er líklegt að ein *Actinobacteria* tegund (a725-15-1) og ein *Planctomycetes* tegund (a725-14-1) séu nýjar tegundir, en skyldleikaprósenta þeirra var 95% og 94% (tafla 5b).

TAFLA 5b: Tegundasamsetning baktería í sýni 725

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a725-3-4	<i>Acidiphilium</i> sp. (AY766000)	Súr, járnríkur lækur, Wales	99%	α -Proteobacteria	Hallberg et al. 2006
a725-6-2	<i>Acidisphaera</i> sp. (AF376024)	Súrt vatn, Noregur	98%	α -Proteobacteria	Johnson et al. 2001
a725-7-5	<i>Acidiphilium rubrum</i> (ACD16SRNAI)		99%	α -Proteobacteria	Kishimoto et al. 1995
725-11-1	Uncultured bacterium (EF446234)	Rio Tinto Spánn	99%	α -Proteobacteria	García-Moyano et al. 2007
a725-16-1	Uncult. <i>Acidithiobacillus</i> (FJ268711)	Koparsúlfat grjót	99%	γ -Proteobacteria	Chen et al. 2008
a725-19-1	Uncultured bacterium (DQ906085)	Rizosphere	97%	α -Proteobacteria	Miretel et al. 2007
a725-8-2	Uncultured bacterium (AF523914)	Mýri	98%	Actinobacteria	Broffitt et al. 2002
a725-9-3	<i>Actinobacterium</i> WJ25 (AY495954)	Mýri	98%	Actinobacteria	Hallberg & Johnson 2005
a725-15-1	Bacterium Ellin334 (AF498716)	Jarðvegur	95%	Actinobacteria	Sait et al. 2002
a725-17-1	Uncultured bacterium (DQ660858)	Súr náma	98%	Actinobacteria	Dai and Liu 2007
a725-14-1	Uncultured bacterium (AY917360)	Eldfjallasvæði, Hawaii	94%	Planctomycetes	Gomez-Alvarez 2007
a725-2-5	Uncultured bacterium (DQ906078)	Rhizosphere	99%	Planctomycetes	Mirete et al. 2007
a725-12-1	Uncultured bacterium (DQ660867)	Súr náma	98%	Cyanobacteria?	Dai and Liu 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Tilraunir með mögnun á 18S rRNA geni heilkjörnunga úr DNA úr sýni 725 gaf nokkrar raðgreiningar sem reyndust vera úr sveppum og mosum.

Sýni 726 var vökvásýni sem var tekið úr sérkennilegum svörtum læk (mynd 12) þar sem hitastigið var 81,5°C.



Mynd 12. Sýni 726 var tekið úr þessum svarta læk. Hitastigið mældist 82°C og pH 8.0. Sýni var einnig tekið í frumefnamælingu.

Sýrustigið reyndist mjög hátt í þessu sýni miðað við önnur sýni sem tekin voru á svæðinu, eða pH 8,0. Þetta fyrirbæri er ekki algengt en finnst þó, m.a. í læk við Seltún í Krísuvík. Bæði fornbakteríur og bakteríur fundust í þessu sýni (töflur 6a og 6b).

Fornbakteríurnar sem fundust í sýninu voru ekki margar (tafla 6a). Þær flokkuðust annars vegar til tveggja tegunda háhitakærra *Crenarchaeota* tegunda sem báðar hafa fundist áður og hins vegar til óþekkrar tegundar *Euryarchaeota*.

TAFLA 6a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 726

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a726-4-2	<i>Thermoproteus tenax</i> (TTERRDA)	Hver	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Leinfelder et al. 1985
a726-5-1	<i>Thermocladium modestius</i> (AB005296)	Hver	98%	<i>Crenarchaeota</i>	Itoh et al. 1998
a726-8-1	Uncultured archaeon (EF682419)	Lassen Volcanic Park	95%	<i>Euryarchaeota</i>	Wilson et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sé litið á bakteríurnar í sýni 726 kemur í ljós að ríkjandi tegund í sýninu var frumbjarga tegund af fylkingu *Aquificae*, þ.e. *Sulfurihydrogenibium kristjanssonii* (tafla 6b). Þessari tegund var lýst 2008 (Flores o.fl.). Hún vex á bilinu 40-73°C og við sýrustig pH 5,3-7,8 og getur nýtt sér vetni, brennistein og brennisteinssambönd. Hún getur nýtt sér ólífræna kolefnisgjafa s.s. CO₂ og einnig succinat (Flores et al. 2008). Vera má að hitasveiflur séu í læknum, þannig að hitastig að jafnaði sé ekki svo hátt sem raun ber vitni í þessu sýni (81°C). Sýrustigið mældist hins vegar nær þeim gildum sem Flores of félagar fundu, eða pH 8,0. Aðrar bakteríutegundir í þessu sýni flokkuðust til mismunandi undirfylkinga *Proteobacteria* sem eru þekktar í hverum. Ný tegund skyldust *Thermoanaerobacteria aotearoense* (94%) fannst í þessu sýni.

TAFLA 6b: Tegundasamsetning baktería í sýni 726

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a726-3-38	<i>Sulfurihydrog. kristjanssonii</i> (AM778960)	Hver Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a726-7-1	<i>Thiomonas</i> sp. (AB308270)	Hver Japan	99%	β - <i>Proteobacteria</i>	Asano et al. 2007
a726-1-1	<i>Desulfobacterium</i> sp. (DQ146482)	Bioreactor	98%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Balk et al. 2008
a726-2-1	<i>Thiofaba tepidiphila</i> (AB304258)	Hver Japan	98%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Mori & Suzuki 2008
a726-6-1	<i>Thermoanaerob. aotearoense</i> (X93359)	Hver Nýja Sjáland	94%	<i>Firmicutes</i>	Liu et al. 2006

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Ræktunartilraunir sem gerðar voru upp úr þessum hver (sýni 726) gáfu hitakæru tegundina *Thermus islandicus*, sem var fyrst einangruð á Torfajökulssvæðinu. Þetta er einlend *Thermus* tegund og er grein þar sem honum er lýst nú í prentun í vísindaritinu IJSEM (Bjornsdottir o.fl. 2009). Önnur *Thermus* tegund *T.scotoductus* ræktaðist einnig upp úr þessu sýni, en sú tegund er nokkuð algeng í hverum víða um heim.

Sýni 726 þótti einkar forvitnilegt þar sem fyrirbærið er sjaldgæft og var því valið til frumefnamælinga (sjá viðauka).



Sýni 727 var tekið af áberandi hnausþykkum hvítum lífmassa í afrennsli hvers (mynd 13). Hitastigið á sýnatökustað var 43,4°C og pH 3,7.

Mynd 13. Sýnatökustaður 727. Sýnið var tekið af þykkum hvítum lífmassa. Hitastig var 43,4 og pH 3,7.

Mögnun gaf nokkrar bakteríurtegundir (tafla 7). Sú sem virðist ríkjandi í þessum hvíta massa er *Sulfurihydrogenibium kristjanssoni*, eða sama tegund og var ríkjandi í sýni 726 úr svörtum læk. Í sýninu fannst einnig ný tegund af *Chloroflexi* (a727-3-1) og tegund a727-3-1 sem heyrir undir “Candidate Division TG1” sem er hópur sem ekki hefur verið flokkaður til fylkingar enn.

TAFLA 7: Tegundasamsetning baktería í sýni 727

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a727-1-6	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a727-2-1	Uncultured bacterium (EU542525)	Jarðvegur Taiwan	93%	<i>Chloroflexi</i>	Ho & Liu 2008
a727-3-1	Uncultured bacterium (AY861728)	Yellowstone	96%	Cand Div TG1	Spear et al. 2005

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sýni 728 var tekið af hvítum lífmassa eins og sýni 727 og á svipuðum slóðum (mynd 14). Hitastigið var þó ívið hærra eða 53°C og pH hærra eða 4,3.



Mynd 14. Sýni var tekið úr hvítum lífmassa í þessum hver þar sem hitastig var 53°C og pH 4,3.

Engar fornbakteríur fengust úr sýni 728, en hins vegar fundust nokkrar tegundir þekktra hverabaktería (tafla 8). Í þessu sýni er sama tegund ríkjandi og í sýni 726 og 727, eða *S.kristjanssonii*. Í sýninu fundust tvær tegundir mismikið skyldar *Thiovirga sulfuroxidans* sem er miðlungshitakær og frumbjarga γ -*proteobacteria* sem getur oxað brennistein, H₂S og Þíósúlfat. *Thiomonas* tegund fannst þarna einnig, en tegundir af þeirri ættkvísl nýta sér einkum brennisteinssambönd og finnast víða í hverum, sérstaklega í súlfíðríkum hverum. Segja má að lífshættir flestra tegunda sem fundust í þessu sýni snúist um brennisteinsefnaskipti. Ein tegund sem fannst í sýninu er skyldust tegund innan Candidate division TG1 sem fannst í Yellowstone (Spear o.fl. 2005) og flokkast ekki til fylkingar. Þessi sama tegund fannst einnig í sýni 727 skammt frá.

TAFLA 8: Tegundasamsetning baktería í sýni 728

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a728-4-41	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a728-1-1	<i>Thiovirga sulfuroxydans</i> (AB118236)	Úrgangsvatn	98%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Ito et al. 2004
a728-2-1	<i>Thiovirga sulfuroxydans</i> (AB118236)	Úrgangsvatn	92%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Ito et al. 2004
a728-3-2	<i>Thiomonas</i> sp. (AB308270)	Hver Japan	98%	β - <i>Proteobacteria</i>	Asano et al. 2007
a728-6-1	Uncultured spirochete (AM981295)	Mengað vatn, Þýskaland	98%	<i>Spirochaetes</i>	Cichocka et al. 2008
a728-5-1	Uncultured bacterium (AY861728)	Yellowstone	95%	Cand div TG1	Spear et al. 2005

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sýni 729 var tekið á svipuðum slóðum og hin tvö fyrri en nú af grænum lífmassa sem fléttaðist ofan á og innan um þann hvíta (mynd 15). Raðgreiningar með heilkjarna vísun gáfu tvær tegundir heilkjarna svipudýra.



Mynd 15. Sýni 729 var af grænum lífmassa með hvítu ívafi. Hitastig á sýnatökustað var 44,5°C og pH 4,6.

Fornbakteríuvísar gáfu enga mögnun úr sýni 729. Hinsvegar fengust fjölbreyttar raðir úr mögnun með bakteríuvísun (tafla 9).

TAFLA 9: Tegundasmsetning baktería í sýni 729

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
729-15-3	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
729-17-1	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver Ísland	96%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
729-4-1	Uncultured bacterium (EU801015)	Sjór USA	89%	<i>Proteobacteria</i>	Shaw et al. 2008
729-5-1	Sulfate-reducing bacterium (AJ012602)	Hrísgrjónaakrar	85%	<i>Proteobacteria</i>	Wind et al. 1999
729-9-3	Uncultured bacterium (AY861897)	Yellowstone	99%	β - <i>Proteobacteria</i>	Spear et al. 2005
729-22-1	Uncultured bacterium (AB113187)	Central Indian Ridge	90%	<i>Proteobacteria</i>	Takai et al. 2005
729-16-4	Uncultured bacterium (DQ834040)	Yellowstone	98%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
729-23-1	<i>Thermomonas hydrothermalis</i> (AF542054)	Hver, Portúgal	97%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Alves et al. 2003
729-12-2	<i>Thiofaba tepidiphila</i> (AB304258)	Hver, Japan	99%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Mori & Suzuki 2008
729-8-3	Uncultured bacterium (EF029847)	Ræktunartankur, Kína	99%	<i>Bacteroidetes</i>	Liang et al. 2006
729-11-2	Uncultured bacterium (EF020121)	Jarðvegur	95%	<i>Bacteroidetes</i>	Lesaulnier et al. 2008
729-14-4	Unidentified Cytophagales (AF027008)	Yellowstone	99%	<i>Bacteroidetes</i>	Hugenholtz et al. 1998
729-19-1	<i>Sediminibacterium</i> sp. (FM179320)	Kælivatn, Ungverjaland	91%	<i>Bacteroidetes</i>	Bohus et al. 2008
729-1-1	<i>Heliobacterium modesticaldum</i> (CP000930)	Jarðvegur, Ísland	98%	<i>Firmicutes</i>	Sattley et al. 2008
729-2-1	Uncultured <i>Firmicutes</i> (EU753621)	Ferskvatn, Spánn	99%	<i>Firmicutes</i>	Santos et al. 2008
729-6-1	<i>Caloramator viterbiensis</i> (AF181848)	Hver, Ítalía	94%	<i>Firmicutes</i>	Seyfried et al. 2002
729-3-1	<i>Mastigocladus laminosus</i> (DQ431003)	Hver, Grænland	97%	<i>Cyanobacteria</i>	Roeselers et al. 2007
729-10-5	Uncultured bacterium (AM159496)	Hrísgrjónaplöntur	92%	<i>Chloroflexi</i>	Lu et al. 2006
729-20-1	Uncultured bacterium (DQ354733)	Kalahari, S-Afríka	88%	<i>Chloroflexi</i>	Gihring et al. 2006
729-21-1	Uncultured bacterium (AY340841)	Fluidized-bed reactor	99%	<i>Chlorobi</i>	Kaksonen et al. 2004
729-13-3	Uncultured <i>Meiothermus</i> (AY699383)	Hver, Ísland	94%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Hobel et al. 2005
729-7-2	Spirochaetes bacterium (AY695841)	Gullnáma	98%	<i>Spirochaetes</i>	Bonin 2004
729-18-1	Bacterium enrichment (EU082059)	Lake Pavin, Frakkland	99%	<i>Spirochaetes</i>	Lehours et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Umhverfisaðstæður á sýnatökustað 729 voru mildar sem gerir fleiri tegundum kleift að komast af. Ekki er að sjá að ein tegund sé ríkjandi í sýninu, en einna helst að γ -*Proteobacteria* eða *Chloroflexi* tegundir hafi yfirhöndina. Frumbjarga *S. kristjanssonii* fannst í þessu sýni eins og í hinum fyrri tveimur (728 og 729), en þó ekki í áberandi hlutfalli. Ein röð af *Mastigocladus laminosus* (*Cyanobacteria*) sem er afar algeng í hverum, fannst í sýninu. Að öllum líkindum er hún þó meginuppistaðan í grænum hluta lífmassans.

Þó nokkrar nýjar tegundir fundust í sýni 729 sem marka má af lágrí skyldleikaprósentu við nánasta ættingja í töflu 9. Þetta á við um þrjár tegundir *Proteobacteria* þ.e. 729-4-1 (89%), 729-5-1 (85%) og 729-22-1 (90%). Ennfremur tvær tegundir innan *Bacteroidetes* þ.e. 729-11-2 (95%) og 729-19-1 (91%). Fjarskyld tegund innan *Chloroflexi* 729-10-5 (92%) vakti þó mesta athygli, þar sem umtalsverður fjöldi klóna (5) flokkaðist til hennar. Önnur *Chloroflexi* tegund, 729-20-1 er einnig mjög fjarskyld og sýnir aðeins 88% skyldleika. Tegund 729-13-3 (94%) er áður óþekkt *Meiothermus* tegund og 729-6-1 (94%) áður óþekkt *Firmicutes* tegund.

Frumefnamæling var gerð á vökvásýni úr þessum hver (sjá töflu í viðauka)



Sýnatökustaður 730 var svipaður hinum fyrri hér að framan og einkenndist einkum af þykkum hvítum lífmassa (mynd 16).

Mynd 16. Sýni 730 var tekið af hvítum þykkum lífmassa í þessum læk. Hitastigið var 50°C og pH 4,9.

Úr þessu sýni fengust bæði fornbakteríu- og bakteríuraðir (töflur 10a og 10b). Fornbakteríur sem fundust í sýnunum flokkuðust til tveggja tegunda *Euryarchaeota* og teljast báðar nýjar tegundir. Önnur tegundin er 95% skyld nánasta ættingja sem fannst í Yellowstone (Wilson o.fl. 2008). Hin tegundin er afar fjarskyld öllu því sem þekkt er. Skyldleikaprósentan ótrúlega lág eða aðeins 78%. Tvær raðir af þessari tegund fundust í sýninu, sem getur þýtt að raunverulegur fjöldi er umtalsverður, þótt ekki sé hægt að fullyrða um það. Þess má geta að nánasti ættingi, þótt fjarskyldur sé, tilheyrir hópi metanmyndandi fornbaktería, *Methanocaldococcus* tegund. Hvort tegund a730-4-2 myndar metan er þó ómögulegt að segja til um.

TAFLA 10a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 730

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a730-3-4	Uncultured prokaryote (EF682419)	Súr hver, USA	95%	<i>Euryarchaeota</i>	Wilson et al. 2008
a730-4-2	Uncult. <i>Methanocaldococcus</i> (AJ969473)	Djúpsjávarhver	78%	<i>Euryarchaeota</i>	Cambon-Bonavita et al. 2006

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Dreifing bakteríutegunda í sýni 730 sýnir mjög afgerandi að ríkjandi tegund er *S. kristjanssoni* eins og í nokkrum hinum fyrri sýnum. Hún kemur sterklega fram í mögnun með báðum vísagerðum þ.e. fornbakteríu- og bakteríuvísun. Þetta er frumbjarga baktería sem fyrr segir. Líklegt er að þessi tegund myndi hinn hvíta sýnilega massa í sýninu. Tvær tegundir sem eiga *S.kristjanssonii* fyrir nánasta ættingja sýndu tiltölulega lága skyldleikaprósentu, þ.e. 94% (730-4-1) og 93% (730-10-1). Þetta eru líklega tvær nýjar tegundir. Áberandi tegund í sýninu er *Thiofaba tepidiphila* innan undirfylkingar γ -*Proteobacteria* en þessi tegund fannst í Japan og var fyrst lýst á síðasta ári (Mori o.fl. 2008). Þessi tegund oxar brennistein

og notar þíósúlfat, brennistein, súlfíð og tetraþíonat sem elektrónugjafa og notar aðeins CO₂ sem kolefnisgjafa. Kjörhitastig *T. tepidiphila* skv. Mori og félögum er 45°C og kjörsýrustig pH 6,5.

TAFLA 10b: Tegundasamsetning baktería í sýni 730

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a730-2-37	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
730-2-28	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
730-4-1	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	94%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
730-10-1	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	93%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a730-1-1	<i>Thiofaba tepidiphila</i> (AB304258)	Hver, Japan	99%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Mori & Suzuki 2008
730-1-9	<i>Thiofaba tepidiphila</i> (AB304258)	Hver, Japan	99%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Mori & Suzuki 2008
730-5-1	<i>Thiofaba tepidiphila</i> (AB304258)	Hver, Japan	98%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Mori & Suzuki
730-8-1	Uncultured bacterium clone (EF205540)	Hverasvæði, Tíbet	91%	<i>Proteobacteria</i>	Lau & Pointing 2008
730-3-5	Uncultured bacterium (EU050694)	Olíusvæði, Kína	89%	<i>Chloroflexi</i>	She & Zhang 2007
730-6-1	Uncultured bacterium (AY340841)	Fluidized-bed reactor	99%	<i>Chlorobi</i>	Kaksonen et.al 2004
730-7-1	Bacterium enrichment clone (EU082059)	Lake Pavin, Frakkland	100%	<i>Spirochaetes</i>	Lehours et al. 2007
730-9-1	Filamentous bacterium (AB428365)	Hver, Japan	100%	Unclassified	Mori et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Aðrar tegundir í sýni 730 eru oftast í lágu hlutfalli, nema *Chloroflexi* tegundin 730-3-5, sem finnst í fimm eintökum og bendir lág skyldleikaprósenta til þess að ný tegund sé þarna á ferðinni. *Proteobacteria* 730-8-1 er einnig ný tegund og e.t.v. ný ættkvísl (91% skyldleiki).

Ræktanir úr sýni 730 gáfu einkum *γ-Proteobacteriuna Thermomonas hydrothermalis*, sem er miðlungshitakær (T_{opt} 50°C), ófrumbjarga, loftháð tegund sem var einangruð úr hver í Portúgal (Alves o.fl. 2003).

Sýni 731 var tekið af gráhvítum þráðum sem voru vel sýnilegir í læk (mynd 17).



Mynd 17. Sýni 731 var lífmassasýni af gráhvítum þráðum í læk þar sem hitastigið var 41,7°C og pH3,4.

Mögnun með fornbakteríu- og bakteríuvisum upp úr sýni 731 tókst vel (töflur 13a og 13b). Ríkjandi tegund fornbaktería er skyldust óræktaðri tegund innan fylkingar *Euryarchaeota* sem fannst í súrur hver í Bandaríkjunum (tafla 11a). Skyldleikinn er þó aðeins 95% og því tegundin úr hvernum í Vonarskarði væntanlega ný.

TAFLA 11a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 731

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a731-1-1	Uncultured prokaryote (EF682430)	Súr hver, USA	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Wilson et al. 2008
a731-2-20	Uncultured prokaryote (EF682419)	Súr hver, USA	95%	<i>Euryarchaeota</i>	Wilson et al. 2008

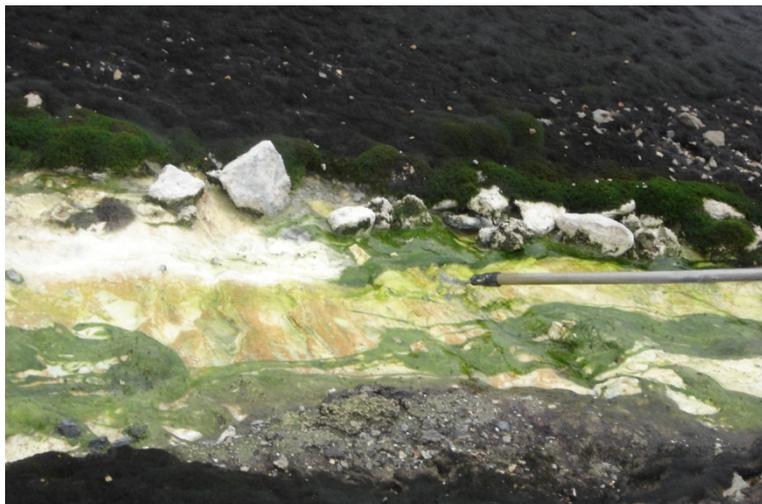
^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Ríkjandi tegund baktería í sýni 731 er greinilega *Hydrogenobaculum* tegund innan fylkingar *Aquificae* (tafla 11b). Tegundir innan þessarar ættkvíslar eru frumbjarga og nýta sér flestar H₂ eða H₂S til orkuöflunar og geta bundið kolefni úr CO₂. Í sýninu fundust einnig þó nokkrar tegundir af undirfylkingum *Proteobacteria* sem er eins og fyrr segir mjög stór og sundurleit fylking. Flestar tegundir í sýni 731 hafa fundist áður. Þó fundust þarna nokkrar nýjar tegundir, þ.e. *δ-Proteobacteria* 731-3-3 sem er aðeins 92% skyld nánasta ættingja og Firmicutes 731-7-1 sem er aðeins 91% skyld nánasta ættingja. *Chlorobi* 731-13-1 er einnig ný tegund. Ein tegund sem sjö raðir fengust af og er því í umtalsverðu magni í þessu sýni sætir tíðindum þar sem skyldleiki við nánasta ættingja í Genbank er aðeins 82%. Ekki reyndist unnt að staðsetja þessa tegund innan flokkunarkerfis baktería.

TAFLA 11b: Tegundasamsetning baktería í sýni 731

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
731-1-17	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (EF156602)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2007
731-6-2	Uncult <i>Hydrogenobaculum</i> (EF156602)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2007
731-2-6	Uncultured bacterium (DQ834045)	Yellowstone	99%	<i>β-Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
731-10-1	Uncultured bacterium (DQ834045)	Yellowstone	97%	<i>β-Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
731-11-1	Uncultured <i>Thiomonas</i> (DQ834046)	Yellowstone	98%	<i>β-Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
731-12-1	<i>Thiobacillus caldus</i> (AB023405)		98%	<i>β-Proteobacteria</i>	Kamimura et al. 1999
731-3-3	Uncultured bacterium (FJ228438)	Bioreactor	92%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Arnett et al. 2008
731-9-1	Uncultured <i>Desulfurella</i> (DQ834025)	Yellowstone	98%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
731-8-1	Uncultured <i>Thiothrix</i> (AJ548919)	Brennisteins-biofilma	97%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Ferrera et al. 2004
731-7-3	Uncultured bacterium (DQ453119)	Súr náma	91%	Firmicutes	Hao et al. 200
731-5-2	Uncultured soil bacterium (EF173346)	Mengaður jarðvegur	98%	<i>Acidobacteria</i>	Low et al. 2007
731-13-1	Uncultured bacterium (DQ336031)	Koparnáma	90%	<i>Chlorobi</i>	Ren et al. 2006
731-4-7	Uncultured bacterium (FJ416386)	Hrís – methan	82%	?	Qiu et al. 2009

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.



Sýni 732 var tekið af litríkum lífmassa í volgu, súru lækjardýi við 36°C og pH 3,2 (mynd 18). Mögnun úr sýninu og raðgreining gaf fjölbreyttar bakteríu- tegundir (tafla 12), en engar forn- bakteríur.

Mynd 18. Litríkur lífmassi í lækjardýi við hitastig 36°C og sýrustig pH 3,2.

TAFLA 12: Tegundasamsetning baktería í sýni 732

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
732-9-2	<i>Hydrogenobaculum</i> sp. (AJ320225)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Eder and Huber 2002
732-2-1	Uncultured <i>Acidisphaera</i> (AM749741)	Jarðvegur, Nýja-Sjáland	92%	<i>α-Proteobacteria</i>	Stott et al. 2008
732-3-1	Uncultured bacterium (AF523875)	Mýri, USA	89%	<i>α-Proteobacteria</i>	Brofft et al. 2007
732-8-5	Uncultured bacterium (EF446234)	Súr á, Spánn	100%	<i>α-Proteobacteria</i>	Garcia-Moyano 2007
732-15-2	Uncultured bacterium (EF446234)	Súr á, Spánn	92%	<i>α-Proteobacteria</i>	Garcia-Moyano 2007
732-17-1	Uncultured bacterium (EF612999)	Súr náma, Kína	95%	<i>α-Proteobacteria</i>	Yin et al. 2008
732-21-1	Uncultured proteobact. (DQ223197)	Vatn, S-Afríka	96%	<i>α-Proteobacteria</i>	Gihring et al. 2006
732-26-1	Uncultured <i>Acidiphilium</i> (EU371539)	Pyrite tankur	100%	<i>α-Proteobacteria</i>	Liu et al. 2008
732-13-2	Uncultured bacterium (EU419128)	Súr jarðvegur, Ástralía	99%	<i>β-Proteobacteria</i>	Henneberger et al. 2008
732-16-2	Uncultured bacterium (EU419128)	Súr jarðvegur, Ástralía	91%	<i>β-Proteobacteria</i>	Henneberger et al. 2008
732-14-3	<i>Thiomonas</i> sp. (DQ145983)	Brennisteinslækur, Taiwan	96%	<i>β-Proteobacteria</i>	Liao et al. 2005
732-19-1	<i>Nitrospira</i> sp (AY635573.1)	Sludge system	94%	<i>β-Proteobactβ</i>	Hornek et al. 2006
732-27-1	<i>Thiomonas</i> sp. (DQ146097)	Hver, Taiwan	90%	<i>β-Proteobactβ</i>	Liao et al. 2005
732-7-3	Uncult. proteobacterium (DQ223208)	Vatn, S-Afríka	99%	<i>β-Proteobact?</i>	Gihrig et al. 2006
732-6-3	Uncultured bacterium (DQ660852)	Súr náma, Kína	97%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Dai & Liu 2007
732-12-3	<i>Thiobacillus caldus</i> (AB023405)		98%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Kamimura et al. 1999
732-4-2	Uncultured bacterium (FJ178115)	Jarðvegur, Kína	90%	<i>Acidobacteria</i>	He et al. 2008
732-5-2	Uncult. <i>Acidobacterium</i> (AF200696)	Jarðvegur	98%	<i>Acidobacteria</i>	Radajewski et al. 2000
732-18-1	Uncultured <i>Acidobacteria</i> (DQ328617)	Súr náma, Kína	97%	<i>Acidobacteria</i>	Hao 2006
732-1-1	Uncultured bacterium (AB254785.1)	Jarðvegur, Japan	90%	<i>Acidobacteria</i>	Yoshida et al. 2006
732-11-2	Uncultured cyanobacterium (FJ228323)	Súr náma, Þýskaland	98%	<i>Cyanobacteria</i>	Meier et al. 2008
732-23-1	Uncultured cyanobacterium (FJ228323)	Súr náma, Þýskaland	97%	<i>Cyanobacteria</i>	Meier et al. 2008
732-10-3	Uncultured bacterium (DQ453119)	Súr náma, Kína	91%	<i>Firmicutes</i>	Hao et al. 2007
732-20-1	Uncultured bacterium (DQ453119)	Súr náma, Kína	93%	<i>Firmicutes</i>	Hao et al. 2007
732-22-1	Uncultured bacterium (EF586051)	Metanólríkur úrgangur	87%	<i>Firmicutes ?</i>	Li et al. 2007
732-24-1	Uncult. forest soil bact. (AY913460)	Skógur, Þýskaland	97%	<i>Firmicutes</i>	Roesch et al. 2005
732-25-1	Uncultured bacterium (AF523875)	Mýri, USA	96%	<i>Firmicutes</i>	Brofft et al. 2002

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með forn-bakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Engin ein bakteríutegund er ríkjandi sýni 732. Hins vegar eru *Proteobacteria* tegundir afar áberandi og þá einkum α -*Proteobacteria*. Þær flokkast flestar til *Acidiphilium* ættkvíslarinnar, sem er sýrukær eins og nafnið bendir til. Tegundir innan β -*Proteobacteria* eru einnig algengar í þessu sýni og allflestar þeirra nýjar miðað við lága skyldleikaprósentu (tafla 12). Innan β -*proteobacteria* finnast fjölmargar tegundir sem geta nýtt sér brennistein og brennisteinsambönd og því líklegt að þessar tegundir búi einnig yfir þeim hæfileikum.

Sýrukærar bakteríur af fylkingu *Acidobacteria* eru nokkrar í sýninu og einnig sjást blágrænar bakteríur (*Cyanobacteria*) sem ekki hafa verið ræktaðar. *Firmicutes* tegundir í sýninu eiga það sameiginlegt að vera fjarskyldar (87-97% skyldleiki) fulltrúum í Genbank innan þessarar fylkingar og teljast því nýjar tegundir eða ættkvíslir.

Sýni 733 var tekið af sérkennilegum dökkfjólubláum lífmassa í lækjardýi (mynd 19). Hitastig þar var fremur lágt, eða 16°C og sýrustig lágt eða pH 2,9. Ríkjandi bakteríufylking í sýni 733 er α -*Proteobacteria*, en rúm 80% af röðum flokkuðust til þessarar fylkingar (tafla 13). Þeir hópar sem innihalda flestar raðir er annars vegar sýrukær tegund 733-1-13 af ættkvísl *Acidiphilum* sem fannst í súrri á á Spáni (García-Moyano o.fl. 2007) og hins vegar 733-2-16 sem er sýrukær *Acetobacteraceae*, en þó aðeins 95% skyld nánasta ættingja sem fannst í jarðvegi túndrunnar í N-Finnlandi. Hér er án efa ný tegund á ferðinni.



Mynd 19. Sýnatökustaður 733. Dökkfjólublár lífmassi við 16°C og pH 2,9. Líklegt er að ný tegund af ættkvísl *Rhodoblastus* gefi þennan sérstaka dökkfjólubláa lit.

TAFLA 13: Tegundasmætning baktería í sýni 733

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyl. d)	Fylking	Heimild
733-1-13	Uncultured bacterium (DQ303265)	Súr á, Spánn	99%	α -Proteobacteria	Garcia-Moyano 2007
733-2-16	Uncultured bacterium (AM945516)	Túndra jarðvegur Finnland	95%	α -Proteobacteria	Mannisto et al. 2008
733-3-4	<i>Rhodoblastus sphagnicola</i> (AM040096)	Mór, Rússland	96%	α -Proteobacteria	Kulichevskaya 2006
733-6-2	<i>Rhodoblastus sphagnicola</i> (AM040096)	Mór, Rússland	90%	α -Proteobacteria	Kulichevskaya 2006
733-5-3	Uncultured bacterium (EF613000)	Súr náma, Kína	95%	α -Proteobacteria	Yin et al. 2008
733-8-1	<i>Rhodoblastus acidophilus</i> (EF473293)	Kórea	98%	α -Proteobacteria	Ahn & Ka 2007
733-9-1	Uncultured bacterium (DQ906062)	Rótarhnýði, Spánn	93%	α -Proteobacteria	Mirete et al. 2007
733-11-1	Uncultured bacterium (DQ906062)	Rótarhnýði, Spánn	95%	α -Proteobacteria	Mirete et al. 2007
733-12-1	Uncultured bacterium (AY917606)	Jarðhitasvæði, Hawaii	96%	α -Proteobacteria	Gomez-Alvarez 2005
733-4-4	Uncultured <i>Desulfurella</i> (DQ834025)	Yellowstone	98%	δ -Proteobacteria	Korf et al. 2006
733-7-1	Uncultured <i>Peptococcaceae</i> (EF042587)	Koparnáma, Spánn	91%	Firmicutes	Rowe et al. 2007
733-10-1	Uncultured bacterium (AJ292578)	Mengaður jarðvegur	98%	Acidobacteria	Nogales et al. 2001

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldeiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Nokkrar tegundir í sýni 733 sýndu *Rhodoblastus* tegundir sem nánasta ættingja. *R. sphagnicola* myndar purpurarauðan vöxt og líður best við léttisúrar aðstæður og lágan styrk súrefnis. Hann fær orku úr sólarljósi og inniheldur bacteriochlorophyll a og karoten litarefni. Hann getur einnig nýtt sér vetni og CO₂. *R. acidophilus* er önnur tegund sömu ættkvíslar sem þolir lægra sýrustig. Vafalítið er það ný tegund af ættkvísl *Rhodoblastus* sem sést svo greinilega í lækjardýnu í Vonarskarði. Frekari staðfesting á þessu bíður betri tíma. Engar fornbakteríur fengust úr þessu sýni.

Greiningar á heilkjörnunga 18S rRNA úr sýni 733 gáfu fjölbreyttar tegundir maura, krabbadýra, þörungum, stramenopiles (skyldir rauðþörungum), grænþörungum og hjóldýra. Enda lágt hitastig og lífsskilyrði heilkjörnunga því þokkaleg.



Sýni 734 var tekið af grænum lífmassa í læk við 40,3°C (mynd 20). Sýrustigið í þessu sýni er ívið hærra en í hinum fyrri eða pH 5,8. Úr sýni 734 fengust bæði bakteríur og fornbakteríur (töflur 14a og 14b).

Mynd 20. Sýni 734 var tekið úr þessum græna lífmassa. Hitastig var 40,3°C og pH 5,8.

Aðeins ein fornbakteríutegund fannst í sýni 734, en innihélt umtalsverðan fjölda, eða 19 raðir (tafla 14a). Nánasti ættingi þessarar tegundar er af fylkingu *Euryarchaeota* en hefur aldrei verið ræktaður. Hann er aðeins 95% skyldur tegundinni úr sýni 734 og telst því ný fornbakteríutegund.

TAFLA 14a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 734

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a734-3-19	Uncultured euryarchaeote (DQ676247)	Svif, tjörn	95%	<i>Euryarchaeota</i>	Briee et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

TAFLA 14b: Tegundasamsetning baktería í sýni 734

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a734-13-1	<i>Sulfurihydrog. kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	98%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a734-1-4	Uncultured bacterium (EU104119)	activated sludge	98%	<i>α-Proteobacteria</i>	Brown and Turner 2008
a734-7-3	Uncultured bacterium (AY957924)	Drykkjarvatn	97%	<i>α-Proteobacteria</i>	Williams et al. 2008
a734-16-1	Uncult. <i>Rhodomicrobium</i> (EF648045)	activated sludge	100%	<i>α-Proteobacteria</i>	Wang et al. 2007
a734-9-1	Uncultured bacterium (FM955662)	Vatn, Indland	99%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Bhattacharya 2009
a734-14-1	<i>Desulfobacterium</i> (DQ146482)		98%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Balk et al. 2008
734-6-1	Uncultured bacterium (EF693542)	Jarðvegur, USA	96%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Cardenas et al. 2008
734-12-3	Uncultured bacterium (AB030591)	Grunnvatn	97%	<i>ε-Proteobacteria</i>	Watanabe et al. 2000
734-9-20	Uncultured <i>Chlorobaculum</i> (DQ383307)	Photobioreactor	99%	<i>Chlorobi</i>	Kappler & Hurse 2007
734-16-1	Uncult. <i>Chlorobaculum</i> (DQ383314)	Photobioreactor	93%	<i>Chlorobi</i>	Kappler & Hurse 2007
734-7-1	Uncult. <i>Chlorobaculum</i> (DQ383314)	Photobioreactor	92%	<i>Chlorobi</i>	Kappler & Hurse 2007
734-21-1	<i>Chlorobaculum</i> sp. (AY394785)	Hver	95%	<i>Chlorobi</i>	Bedard et al. 2005
734-18-1	Uncultured bacterium (AY340841)	Fluidized-bed reactor	93%	<i>Chlorobi</i>	Kaksonen et al. 2004
734-1-1	Uncultured bacterium (AY340841)	Fluidized-bed reactor	99%	<i>Chlorobi</i>	Kaksonen et al. 2004
734-4-1	Uncultured bacterium (FJ228449)	Bioreactor	89%	<i>Chlorobi</i>	Arnett et al. 2008
a734-8-2	<i>Mastigocladus laminosus</i> (DQ431003)	Hver, Grænland	99%	<i>Cyanobacteria</i>	Roeselers et al. 2007
a734-15-1	<i>Mastigocladus laminosus</i> (DQ431003)	Hver, Grænland	99%	<i>Cyanobacteria</i>	Roeselers et al. 2007
734-10-2	<i>Nostoc</i> sp. (BA000019)		95%	<i>Cyanobacteria</i>	Kaneko et al. 2001
a734-15-1	<i>Gloeotrichia echinulata</i> (AM230705)	Baltneska hafið Finnland	98%	<i>Cyanobacteria</i>	Sihvonen et al. 2007
a734-6-3	Uncultured <i>Geothrix</i> . (DQ069181)	Náma	98%	<i>Acidobacteria</i>	Mislowack et al. 2005
734-5-1	Uncultured bacterium (FJ207014)	Yellowstone	98%	<i>Acidobacteria</i>	Boomer et al. 2008
a734-18-1	Uncultured bacterium (EU133749)	jarðvegur, USA	87%	<i>Bacteroidetes</i>	Elshahed et al. 2008a
734-11-3	Uncultured bacterium (EF029847)	UASB reactor	99%	<i>Bacteroidetes</i>	Liang et al. 2006
734-17-1	Uncultured bacterium (DQ404914)	Mengaður jarðvegur	98%	<i>Bacteroidetes</i>	Ambulencia et al. 2006
734-20-1	Uncultured bacterium (EF053084)	UASB reactor	99%	<i>Bacteroidetes</i>	Liang et al. 2006
a734-4-3	Uncult <i>Chloroflexi</i> (EF522332)	Sandsteinn, USA	91%	<i>Chloroflexi</i>	Walker & Pace 2007
734-14-2	Uncultured bacterium (AM159496)	Rice rizosphere	91%	<i>Chloroflexi</i>	Lu et al. 2006

734-3-1	Uncultured <i>Meiothermus</i> (AY699383)	Hver, Ísland	94%	<i>Deinoc/Thermus</i>	Hobel et al. 2005
734-8-1	Uncultured <i>Meiothermus</i> (AY699383)	Hver, Ísland	99%	<i>Deinoc/Thermus</i>	Hobel et al. 2005
734-13-2	Uncultured <i>Meiothermus</i> (AY699383)	Hver, Ísland	99%	<i>Deinoc/Thermus</i>	Hobel et al. 2005
a734-2-2	Uncultured bacterium (DQ125755)	úrannríkur jarðvegur	95%	<i>Firmicutes</i>	Brodie et al. 2006
a734-5-2	<i>Heliobact. modesticaldum</i> (CP000930)		99%	<i>Firmicutes</i>	Sattley et al. 2008
734-19-1	Uncultured <i>Firmicutes</i> (EF665908)	Skógur, USA	92%	<i>Firmicutes</i>	Jangid et al. 2007
a734-11-1	Uncultured bacterium (EF522844)	Anammox reactor	88%	<i>Planctomycetes</i>	Park et al. 2007
a734-17-1	Uncultured bacterium (FJ459891)	Gullnáma, S-Afríka	99%	<i>Spirochaetes</i>	Pradhan 2008
734-2-1	<i>Spirochaeta</i> sp. HT (EF583633)	Ólúsvæði	98%	<i>Spirochaetes</i>	Niu et al. 2007
a734-10-1	Uncultured bacterium (AY214187)	Mengað grunnvatn	96%	Candidate div OP10	Alfreider & Vogt 2003

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Þó nokkrar bakteríutegundir fundust í sýninu (tafla 14b) m.a. blágrænar bakteríur eins og við var að búast. Þetta voru einkum *Mastigocladus laminosus* sem er afar algengur í hverum víða um land og fannst nýverið í hver á Grænlandi (Roeselers o.fl. 2007), ný *Nostoc* tegund og *Gloeotrichia echinulata*.

Ríkjandi bakteríutegund í sýni 734 er af fylkingu *Chlorobi* (tafla 14b), en nánasti ættingi er óræktuð *Chlorobaculum* tegund sem fannst í örveruþekju í súlfíðhreinsunartanki. Tegundir af *Chlorobaculum* ættkvísl nýta sér einkum brennistein og brennisteinssambönd. Þó nokkrar nýjar *Chlorobi* tegundir fundust í sýninu (tafla 14b). Sýrukærar *Acidobakteríur* fundust í þessu sýni og einnig ein ný *Bacteroidetes* tegund, en þær eru almennt algengar í jarðvegssýnum, m.a. í heitum jarðvegi á hverasvæðum.

Meiothermus tegundir fundust einnig, m.a. ein ný tegund. Tvær nýjar *Chloroflexi* tegundir fundust í sýninu, ennfremur tvær nýjar *Firmicutes* tegundir og ein ný *Planctomycetes* tegund. Athygli vekur að ein tegund innan Candidate division OP10 fannst í sýninu, en þetta er hópur sem erfitt hefur reynst að staðsetja í lífsins tré og fannst fyrst í Obsidian Pool í Yellowstone.

Í sýni 734 fundust einnig svipudýr af tveimur tegundum.



Sýni 735 var tekið af ljósbrúnum lífmassa í tæru hveraafrennsli sem sést á myndinni hér til hliðar (mynd 21).

Mynd 21. Sýni 735 var tekið af ljóbrúnum lífmassa í afrennsli hversins sem sést efst í hægra horni myndarinnar. Hitastigið var þó aðeins 41°C og pH 3,4.

Mögnun upp úr DNA úr þessum lífmassa tókst með bakteríuvísam (tafla 15). Í heild er skyldleikaprósentan í töflunni í flestum tilvikum afar lág, sem bendir eindregið til þess að hér séu nýjar tegundir á ferð. Þetta á m.a. við um ríkjandi tegund í sýninu sem er *δ-Proteobacteria* sem er aðeins 92% skyld nánasta ættingja en hann hefur aldrei verið ræktaður. Svo virðist sem aðstæður í hvernum séu kjöraðstæður fyrir þessa tegund. Önnur tegund (735-7-1) sem er líklega af fylkingu *Proteobacteria* sýnir aðeins 88% skyldleika við nánasta ættingja. *Chlorobi* og *Firmicutes* tegundir í þessu sýni eru afar fjarskyldar öllu því sem hefur fundist áður.

Thiomonas tegund finnst þarna einnig í nokkrum eintökum (735-3-6) en ættkvíslin einkennist einkum af því að meðlimir hennar geta nýtt sér H₂S.

TAFLA 15: Tegundasamsetning baktería í sýni 735

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
735-6-1	Unc <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ834127)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2006
735-2-31	Uncultured bacterium (FJ228438)	Bioreactor	92%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Arnett et al. 2008
735-3-6	Unc <i>Thiomonas</i> (DQ834045)	Yellowstone	99%	<i>β-Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
735-7-1	Uncultured bacterium (EF515236)	Fuel cell	88%	<i>Proteobacteria</i> ?	Dryden et al. 2007
735-8-1	Uncultured bacterium (FJ228438)	Bioreactor	87%	<i>Proteobacteria</i>	Arnett et al. 2008
735-1-4	Uncultured bacterium (DQ336031)	Koparnáma	90%	<i>Chlorobi</i> ?	Ren et al. 2006
735-4-1	Uncultured bacterium (EU044277)	Jarðvegur, USA	90%	<i>Firmicutes</i> ?	Tarlera et al. 2008
735-5-1	Uncultured bacterium (EF042587)	Koparnáma, Spánn	92%	<i>Firmicutes</i>	Rowe et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísam. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sýni 736 var malarsýni tekið úr afrennsli lítils hvers (mynd 22). Tegundasamsetning baktería í þessum hver var tiltölulega einsleit þar sem *Aquificae* fylkingin var allsráðandi (tafla 16). Það eru einkum tegundir af *Hydrogenobaculum* og *Sulfurihydrogenobacter kristjanssonii* sem eru allsráðandi. Báðar eru frumbjarga, *Hydrogenobaculum* nýtir H₂S og H₂ og ólífrænt kolefni úr CO₂, en *Sulfurihydrogenibium*

kristjanssonii er brennisteins- og vetnisoxyandi tegund. Fulltrúar *Proteobacteria* í sýninu, þ.e. *Desulfurella* og *Thiomonas* eru af svipuðum toga hvað efnaskipti varðar, þ.e. nýta sér brennistein og brennisteinssambönd. Tegundir



sem eru að öllum líkindum járn-oxandi finnast þarna einnig (736-1-1 og 736-16-1). Ein tegund af Candidate division OP-5 fannst í sjö eintökum í sýninu, en hún hefur áður fundist hér á landi m.a. í Grænsdal (S. Skírnisdóttir o.fl. 2000).

Mynd 22. Sýni 736 var tekið af mól í afrennsli hversins sem sést til vinstri á myndinni. Hitastigið var 64,5og pH 4,7.

TAFLA 16: Tegundasamsetning baktería í sýni 736

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
736-3-1	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (EF156602)	Yellowstone	95%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2007
736-6-36	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (EF156602)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2007
736-10-1	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (EF156602)	Yellowstone	98%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2007
736-18-2	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ832001)	Yellowstone	93%	<i>Aquificae</i>	Nagy et al. 2006
736-5-1	Sulfurihydro. <i>kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	94%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
736-11-21	Sulfurihydro. <i>kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
736-12-3	Sulfurihydro. <i>kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	96%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
736-14-1	Sulfurihydro. <i>kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	96%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
736-17-1	Sulfurihydro. <i>kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
736-15-1	<i>Thiomonas</i> sp. (FJ014924)	Súrt vatn, Frakkland	96%	β - <i>Proteobacteria</i>	Bryan et al. 2008
736-8-12	Uncultured bacterium (DQ834045) (<i>Thiomonas</i>)	Yellowstone	98%	β - <i>Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
736-1-1	Uncultured bacterium (AB354612)	Járnrikur hver, Japan	94%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Takashima et al. 2007
736-16-1	Uncultured bacterium (AB354612)	Járnrikur hver, Japan	94%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Takashima et al. 2007
736-13-2	Uncultured <i>Desulfurella</i> (DQ834025)	Yellowstone	97%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
736-4-1	Uncultured <i>Desulfurella</i> (DQ834026)	Yellowstone	90%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Korf et al. 2006
736-7-7	Uncultured bacterium SRI 280 (AF255600)	Hver, Ísland	99%	Candidate division OP-5	Skírnisdóttir et al. 2000
736-2-1	Candidate division OP10 (AM749780)	Jarðvegur, Nýja-Sjáland	95%	Candidate Division OP10	Stott et al. 2008
736-9-3	Uncultured bacterium (DQ336031)	Koparnáma	90%	<i>Chlorobi</i> ?	Ren et al. 2006

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skýldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með forn bakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skýldleikaprósentu = ný tegund.

Ræktun upp úr sýni 736 gaf eina tegund em er algeng hverabaktería, þ.e. *Thermus scotoductus*.



Sýni 737 var tekið úr læk þar sem svarti liturinn var horfinn og lækjarvatnið virtist tært (mynd 23). Malarsýni var tekið á þessum stað og jafnframt vatnssýni til frumefnamælinga.

Mynd 23. Malarsýni var tekið úr þessum læk. Hitastigið var 45,1 og pH 3,8.

Tegundasamsetning baktería í þessu sýni sést í töflu 17. Eins og sjá má eru vetnis - og súlfíðoxandi *Hydrogenobaculum* tegundir ríkjandi í sýninu með um 50% greindra klóna. Það vekur athygli þarna að nokkrar tegundirnar greinast aðeins 91-92% skyldar nánasta ættingja í Genbank sem er óræktaður (Nagy o.fl. 2006). Hér er því greinilegu um tegund að ræða sem ekki hefur fundist áður svo vitað sé.

TAFLA 17: Tegundasamsetning baktería í sýni 737

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skýldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
737-2-21	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ834127)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2006
737-12-1	Uncult <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ832001)	Yellowstone	91%	<i>Aquificae</i>	Nagy et al. 2006
737-13-1	Uncult <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ832001)	Yellowstone	92%	<i>Aquificae</i>	Nagy et al. 2006
737-10-1	Uncult <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ832001)	Yellowstone	91%	<i>Aquificae</i>	Nagy et al. 2006
737-3-6	Uncultured bacterium (FJ228438)	Bioreactor	92%	<i>Aquificae</i>	Arnett et al. 2008
737-5-7	<i>Thiomonas</i> sp. (EU625663)	Grændalur, hver Ísland	99%	<i>β-Proteobact.</i>	Vesteinsdóttir o.fl. 2008
737-6-1	<i>Thiobacillus caldus</i> (AB023405)		95%	<i>β-Proteobact</i>	Kamimura et al. 1999
737-1-1	Uncultured <i>Desulfurella</i> (DQ834025)	Yellowstone	91%	<i>δ-Proteobact.</i>	Korf et al. 2006
737-4-3	Uncultured <i>Desulfurella</i> (DQ834025)	Yellowstone	98%	<i>δ-Proteobact</i>	Ackerman et al. 2006
737-14-1	<i>Acidimicrobium</i> sp. (AY140240)	Yellowstone	97%	<i>Actinobacteria</i>	Johnson et al. 2003
737-9-1	Uncultured bacterium (DQ401523)	Úrgangsvatn, Írland	99%	<i>Chlorobi</i>	Enright et al. 2006
737-8-1	Uncultured bacterium (EF197031)	Jarðlög	93%	<i>Firmicutes</i>	Wang et al. 2008
737-11-1	<i>Thermoanaerob. aciditolerans</i> (AY350594)		90%	<i>Firmicutes</i>	Prokofeva et al. 2005
737-7-1	<i>Spirochaetes</i> bacterium (AY695841)	Gullnáma	98%	<i>Spirochaetes</i>	Bonin 2004

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skýldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með forn bakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skýldleikaprósentu = ný tegund.

Tvær *Desulfurella* tegundir fundust einnig í sýni 737, innbyrðis fjarskyldar en með sama nánasta ættingja. Þessar tegundir geta afoxað brennistein. Ein *Thiomonas* tegund fannst í sýninu, en sama tegund, sem er brennisteinsoxandi, fannst í Grændal við Hveragerði og var lýst 2008 (Vésteinsdóttir o.fl. 2008). *Thiobacillus caldus* finnst í sýninu, en *Thiobacillus* ættkvíslin lifir almennt við súrar aðstæður og hefur ensímið járn-oxidasa sem gerir þeim kleift að oxu járn (ferrous iron). Engar fornbakteríur fundust í þessu sýni.

Ræktun upp úr sýni 737 gaf fjóra stofna sem allir voru sömu tegundar af ættkvísl *Sediminibacter* innan fylkingar *Bacteroidetes*, en þær sýndu þó aðeins 95% samsvörun. Þetta er því ný ræktuð tegund sem bíður þess að verða lýst í vísindariti.

Sýni 738 var tekið af blönduðum lífmassa í læk (mynd 24). Ýmis litbrigði voru í þessum massa, m.a. appelsínugulur og grænn þörungamassi undir. Hitastigið var lágt eða 33°C og sýrustig var einnig lágt eða pH 3,7.



Mynd 24. Sýni 738 var tekið af lífmassa í læk þar sem hitastigið mældist 33°C og pH var 3,7.

Mögnun fékkst á 16S rRNA geni baktería upp úr þessu sýni (tafla 18). *Chlorobaculum* tegund er ríkjandi í sýni 738 (tafla 18), en 28 klónar greindust til sömu tegundar af óræktaðri *Chlorobaculum*. Ekki er ólíklegt að þessi tegund geti oxað brennistein, en slíkt þekkist meðal ræktaðra tegunda ættkvíslarinnar.

Hydrogenobaculum tegund af fylkingu *Aquificae* er fyrirferðamikil í sýni 738, með 11 fulltrúa. Þó nokkrar *Proteobacteria* fundust einnig í sýninu, flestar β -*Proteobakteriur*, sem bendir til brennisteinsefnaskipta. Aðrar tegundir í sýninu sem vert er að nefna eru blágrænu bakteríurnar *Gloeotrichia echinulata* og *Nostoc* tegund sem koma áreiðanlega úr grænu mottunni í sýninu. Enn aðrar áhugaverðar tegundir í þessu sýni eru þær sem flokkast ekki inn í hefðbundið flokkunarkerfi baktería, svokallaðar “Candidate divisions” sem eru nokkrar þekktar, m.a. úr Obsidian Pool í Yellowstone. Einnig svokölluð Termite Group (TG1) og TM6 sem finnst aðallega í jarðvegi. Þessar deildir bíða þess að fá fylkingarstöðu. Engar fornbakteriur fundust í sýninu.

TAFLA 18: Tegundasamsetning baktería í sýni 738

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a738-1-11	Uncult. <i>Hydrogenobaculum</i> (DQ834127)	Yellowstone	99%	<i>Aquificae</i>	Korf et al. 2006
738-2-1	Uncult. beta proteobacterium (AY861897)	Yellowstone	99%	β - <i>Proteobacteria</i>	Spear et al. 2005
a738-4-4	Uncultured bacterium (FM955662)	Vatn, Indland	99%	γ - <i>Proteobacteria</i>	Bhattacharya et al. 2009
a738-8-1	Uncultured Rhodobacterales (EU403774)	Infiltrative surface biozone	97%	α - <i>Proteobacteria</i>	Tomaras et al. 2008
738-1-1	Uncultured bacterium (EU101044)	Brennisteins-biofilma	91%	β - <i>Proteobacteria</i>	Macalady et al. 2008
738-3-1	Uncultured bacterium (EU101044)	Bioreactor	96%	β - <i>Proteobacteria</i>	Macalady et al. 2008
738-8-4	Uncultured bacterium (EU101044)	Brennisteins-biofilma	99%	β - <i>Proteobacteria</i>	Macalady et al. 2008
738-12-1	Uncultured bacterium (EF575104)	Costa Rica	97%	β - <i>Proteobacteria</i>	Rojas-Jimenez et al. 2007
738-13-1	Uncultured bacterium (DQ088733)	Gullnáma	99%	β - <i>Proteobacteria</i>	Lin et al. 2006
738-11-1	<i>Desulfurella multipotens</i> (Y16943)	Kamtjaka	95%	δ - <i>Proteobacteria</i>	Miroshnichenko 1998
738-9-4	Uncult. epsilon proteobact. (AB030591)	Grunnvatn	98%	ϵ - <i>Proteobacteria</i>	Watanabe et al. 2000
a738-5-4	Uncultured <i>Geothrix</i> (DQ069181)	Náma	98%	<i>Acidobacteria</i>	Mislowack et al. 2005
738-5-1	Uncult. <i>Chlorobaculum</i> (DQ383314)	Photobioreactor	91%	<i>Chlorobi</i>	Kappler & Hurse 2007
738-6-1	<i>Chlorobaculum</i> sp. BS3.2m-44 (AY394785)	Heitur lækur	95%	<i>Chlorobi</i>	Bedard et al. 2005
738-7-28	Uncult. <i>Chlorobaculum</i> sp. (DQ383314)	Photobioreactor súlfíðhreinsun	100%	<i>Chlorobi</i>	Kappler & Hurse 2007
738-10-1	Uncult. <i>Chlorobaculum</i> sp. (DQ383314)	Photobioreactor súlfíðhreinsun	90%	<i>Chlorobi</i>	Kappler & Hurse 2007
738-14-1	Uncultured bacterium (AY340841)	Reactor	99%	<i>Chlorobi</i>	Kaksonen et al. 2004
a738-2-7	<i>Gloeotrichia echinulata</i> (AM230705)	Vatn, Finnland	98%	<i>Cyanobacteria</i>	Sihvonen et al. 2007
738-4-1	<i>Nostoc</i> sp. PCC 8112 (AM711537)	Tjörn, USA	98%	<i>Cyanobacteria</i>	Papaefthimiou et al. 2008
a738-9-1	Uncultured bacterium (EF522844)	Anammox reactor	87%	<i>Planctomycetes</i>	Park et al. 2007
a738-3-3	Uncultured Spirochaetales (EU266876)	Olíumenguð jarðlög	98%	<i>Spirochaetes</i>	Winderl et al. 2008
a738-6-1	Uncultured bacterium (AY861728)	Yellowstone	95%	Candidate div TG1	Spear et al. 2005
a738-7-1	Uncultured bacterium (AY043958)	Jarðvegur, Kanada	91%	Candidate div TM6	Axelrood et al. 2002

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Heilkjörnunga greining á DNA úr sýni 738 gaf ýmsa einfrumunga s.s. svipudýr sem hafa einkum fundist í jarðvegi og einnig bifdýr og amöbur.

Sýni 738b var tekið af rauðum og grænum „gróðri“ nokkru neðar í sama læk og 738 (mynd 25).

Frufefnamæling var gerð á þessu sýni (sjá viðauka).



Mynd 25. Sýni 738b var tekið af rauðleitum og grænum lífmassa í læk við 42°C og pH 3,7.

Í þessu sýni tókst mögnun á bakteríum ágætlega (tafla 19). Sé litið á dálkinn yfir skyldleikaprósentu í töflu 19 sést að þær tegundir sem finnast í sýninu eru í flestum tilvikum fjarskyldar öllu því sem þekkt er bæði ræktuðu og óræktuðu og því fjölmargar nýjar tegundir á ferð.

Mögnun með fornbakteríuvísium skilaði ekki árangri.

TAFLA 19: Tegundasamsetning baktería í sýni 738b

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
738b-1-4	Uncultured bacterium (FJ228438)	Bioreactor	92%	<i>δ-Proteobact.</i>	Arnett al. 2008
738b-3-2	Uncultured bacterium (FJ228438)	Bioreactor	86%	<i>δ-Proteobact</i>	Arnett. al 2008
738b-4-4	<i>Thiomonas</i> sp. CB3 (FJ014924)	Súrt vatn, Frakkland	99%	<i>β-Proteobact</i>	Bryan al. 2008
738b-5-2	<i>Thiomonas</i> sp. (EU625663)	Grændalur, hver Ísland	98%	<i>β-Proteobact.</i>	Vesteinsdottir o.fl. 2008
738b-7-1	Uncultured bacterium (DQ834040)	Yellowstone	89%	<i>β-Proteobact.</i>	Korf et al. 2006
738b-10-1	Bacterium ML2-90 (DQ145978)	Sulfur hver Taiwan	90%	<i>β-Proteobact.</i>	Botero et al. 2005
738b-6-1	Uncultured bacterium (FJ229739)	Vatn undir Skaftárjökli	100%	<i>Bacteroidetes</i>	Gaidos et al. 2008
738b-9-1	Uncultured bacterium. (FJ229596)	Vatn undir Skaftárjökli	91%	<i>Bacteroidetes</i>	Gaidos et al. 2008
738b-11-1	<i>Sediminibacterium</i> sp. (FM179318)	Hreint vatn	95%	<i>Bacteroidetes</i>	Bohus et al. 2008
738b-12-1	<i>Sediminibacterium</i> sp. (FM179320)	Hreint vatn	90%	<i>Bacteroidetes</i>	Bohus et al. 2008
738b-2-16	Uncultured bacterium (DQ453119)	Súr náma	92%	<i>Firmicutes</i> ?	Hao et al. 2007
738b-13-1	Uncultured bacterium (DQ453119)	Súr náma	90%	<i>Firmicutes?</i>	Hao et al. 2007
738b-8-1	Uncultured <i>Clostridia</i> (FJ037158)	Jarðvegur, Amazon	90%	<i>Firmicutes</i>	Jesus et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísium. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Ríkjandi tegund í sýni 738b er óræktuð tegund af fylkingu *Firmicutes*, en nánasti ættingi fannst í súrri námu í Kína (Hao o.fl. 2007). Hann telst þó fjarskyldur, þar sem innbyrðis samsvörun genaþaða er einungis 92%. Þess má geta að margar *Firmicutes* tegundir eru loftfælnar, en hvort það á við um þær tegundir sem fundust í sýni 738b er ómögulegt að segja. Fulltrúar *Proteobacteria* í sýni 738b eru allnokkrir og nánustu ættingjar sumra þeirra koma frá Yellowstone. *Bacteroidetes* fylkingin á einnig nokkra fulltrúa í þessu sýni. Þar eru þó einkum tvær tegundir sem vekja athygli en þær eiga sér nánasta ættingja sem komu úr sýni úr vatni undir Skaftárjökli (Gaidos o.fl. 2008). Önnur þeirra 738b-9-1, er þó einungis fjarskyld Skaftárjökulstegundinni. Í sýni 738b fundust tvær tegundir heilkjörnunga, þ.e. ein amöbutegund (*Hartmanella*) og grænþörungur af ættkvísl *Chlorella*.



Sýni 739 var tekið af yfirborðshrúði brennisteinsþúfu (mynd 26). Hitastigið var 95°C og pH 4,0.

Mynd 26. Sýni 739 var tekið af yfirborðshrúði brennisteinsþúfu við 95°C og pH 4,0.

Úr sýni 739 fékkst nokkur mögnun með fornbakteríuvísimum (tafla 20) en ekki bakteríuvísimum. Aðeins ein tegund fornbaktería fannst þó í þessu sýni. Þessi tegund á sér samsvörun í *Crenarchaeota* tegund sem fannst í eldfjallajarðvegi Mount Hood í Ástralíu. Þessi tegund hefur þó aldrei verið ræktuð.

TAFLA 20: Tegundasamsetning baktería í sýni 739

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a739-1-5	Uncultured archaeon (EU419158)	Mount Hood	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Henneberger et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísimum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.



Sýni 740 var tekið af appelsínugulum massa við lækjarbakka (mynd 27). Hitastigið í massanum mældist þó aðeins 22°C, en vakti forvitni engu að síður.

Mynd 27. Sýni 740 var tekið af þessum gulbrúna lífmassa sem sést á myndinni. Hitastigið var 22°C og pH 6,0.

Mögnun fékkst upp úr sýni 740, bæði með fornbakteríuvisum og bakteríuvisum (töflur 21a og 21b). Auk þess fékkst mögnun með heilkjarnavísium (18S) sem báru vitni um frumdýr og þráðorm í sýninu.

Fornbakteríur í sýni 740 áttu einungis tvo fulltrúa sem báðir flokkast til *Euryarchaeota*. Annar þeirra flokkast til methanogena eða metanmyndandi fornbaktería. Nánustu ættingjar eru þó tiltölulega fjarskyldir, eða 95%, þannig að ekki er um sömu tegundir að ræða, en e.t.v. sömu ættkvísl.

TAFLA 21a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 740

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
740-15-1	Uncultured euryarchaeote (DQ676247)	Ferskvatnspollur	95%	<i>Euryarchaeote</i>	Briee et al. 2007
740-16-1	Uncultured euryarchaeote (AB243796)	Methanogenar á hrisakri	95%	<i>Euryarchaeote</i>	Sakai et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Engin ein tegund baktería var ríkjandi í sýni 740, heldur virtist flóran vera nokkuð jafndreifð á nokkrar fylkingar (tafla 21b). Þetta kemur þó ekki á óvart þar sem hitastig var lágt á sýnatökustað og því lífsskilyrði til staðar fyrir fleiri tegundir. Þarna sjást gamlir kunningjar eins og frumbjarga *Aquificae* tegundin *Sulfurihydrogenibium kristjanssonii*, en þessi tegund hefur skaut ítrekað upp kollinum í Vonarskarðssýnum. Nokkrar tegundir *Proteobacteria* finnast þarna einnig sem og *Bacteroidetes* sem er greinilega nokkuð algeng á hverasvæðum einkum þó í jarðvegi við lægri hitastigin. Þarna er einnig ein tegund sem er innan „Candidate division SR1“ undir „OP-11“, sem flokkast ekki á hefðbundinn hátt til fylkingar.

TAFLA 21b: Tegundasamsetning baktería í sýni 740

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a740-5-2	Sulfurihydrogenibium kristjanssoni (AM778960)	Ísland, landhver	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a740-6-2	Uncultured Paracoccus sp. (EU887795)	Plöntusambýli	93%	<i>α-Proteob</i>	Nayak et al. 2008
a740-8-1	Uncultured bacterium (EF515464)	Microbial fuel cell	99%	<i>α-Proteob</i>	Dryden et al. 2007
a740-10-1	Uncultured α-proteobacterium (DQ514117)	Nýþiðinn jarðvegur	97%	<i>α-Proteob</i>	Nemergut et al. 2007
a740-13-1	Uncultured bacterium (AF527600)	Ræktunartankur, örverusamfélag	99%	<i>α-Proteob</i>	McMahon et al. 2002
a740-2-4	Uncultured δ-proteobacterium (EF562566)	Pappírsværksmiðja	97%	<i>δ-Proteobact.</i>	Jin et al. 2007
a740-1-1	Uncultured Geothrix (AJ583203)	Jarðvatn, Síbería	98%	<i>Acidobacteria</i>	Nedelkova et al. 2003
a740-7-2	Bacteroidetes bacterium (EF612322)	Blý- og zinknáma	96%	<i>Bacteroidetes</i>	Mendez et al. 2008
a740-11-1	Uncultured bacterium (AY917546)	Eldfjallajarðvegur Hawai	90%	<i>Bacteroidetes-Flexibacter</i>	Gomez-Alvares et al. 2005
a740-14-1	Uncultured Gemmata sp. (EU283557)	Umhverfislíkan af frumjörð	98%	<i>Planctomycetes</i>	Resendes de Sousa Antonio 2007
aa740-3-2	Uncultured bacterium (AB267062)	Örverusamfélag	97%	<i>Spirochaetes</i>	Narihiro et al. 2006
a740-4-3	Uncultured bacterium (EU546275)	Setlag Lake Washington	98%	<i>Verrucomicrob</i>	Kalyuzhnaya et al. 2008
a740-17-1	Uncultured cand div SR1 (AY193169)	Þræðir í Sulfur river	83%	<i>Cand div SR1 OP-11?</i>	Harris et al. 2004

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Sýni 741 var tekið úr hvítum massa við lækjarbakka (mynd 28). Hitastigið var 59°C og pH 5,9. Í sýninu fundust bæði fornbakteríur (tafla 22a) og bakteríur (tafla 22b). Tvær tegundir fornbaktería fundust sýninu. Önnur þeirra sem flokkast líklega til *Euryarchaeota* er þó afar fjarskyld eða aðeins 79% skyld nánasta ættingja sem fannst í djúpsjárhver í Atlantshafinu (tafla 22a). Hér er áreiðanlega afar merkileg glæný tegund á ferðinni sem er í umtalsverðu hlutfalli í hvernum. Hin tegundin er af fylkingu *Crenarchaeota* og nánasti ættingi hennar hefur fundist í Yellowstone.



Mynd 28. Sýni 741 var tekið af þessum hvíta massa við 59°C og pH 5,9.

Aðeins ein bakteríutegund fannst í þessu sýni, frumbjarga *Aquificae* sem er algengur í Vonarskarði þ.e. *Sulfurihydrogenibium kristjanssoni* (tafla 22b).

TAFLA 22a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 741

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a741-2-4	Uncultured Methanocaldococcus (AJ969473)	Djúpsjávarhver Atlantshaf	79%	<i>Euryarchaeota</i>	Cambon-Bonavita et al. 2005
a741-3-1	Uncultured crenarchaeote (AY861922)	Hver, Yellowstone	97%	<i>Chrenarchaeota</i>	Spear et al. 2005

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

TAFLA 22b: Tegundasamsetning baktería í sýni 741

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a741-1-24	Sulfurihydrogenibium kristjanssoni (AM778960)	Hver Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Ræktanir úr sýni 741 gáfu nokkra stofna af *Thermus scotoductus*, sem er mjög algengur í hverum víða um heim og einnig *Tepidimonas ignava* (AF177943) sem er ófrumbjarga, loftháð β -*Proteobacteria* sem getur oxað þiosulfat yfir í sulfat.



Sýni 742 var tekið úr grænum lífmassa við lækjarbakka sem sést á mynd hér til hliðar (mynd 29). Hita-stig var 46°C og pH 6,9. Mögnun gaf eina tegund fornbaktería og nokkrar tegundir baktería (tölur 23a og 23b).

Mynd 29. Sýni 742 var tekið úr þessum dökkgræna lífmassa. Hitastigið var 46°C og pH 6,9.

TAFLA 23a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 742

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a742-1-1	Uncultured euryarchaeote (DQ676247)	Svif í tjörn	94%	<i>Euryarchaeota</i>	Briee et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Fornbakteríutegundin í sýninu flokkast til *Euryarchaeota* en er aðeins 94% skyld nánasta ættingja. Hér er því um nýja tegund að ræða. Bakteríur í sýninu dreifðust á nokkrar tegundir. Hér er þó frumbjarga *Sulfurihydrogenibium kristjanssoni* ríkjandi tegund eins og oft áður á jarðhitasvæðinu í Vonarskarði. Blágrænar bakteríur (*Cyanobacteria*) ábyrgar fyrir græna litnum á sýninu greinast þarna af tveimur

tegundum sem flokkast til *Nostoc* og *Oscillatoria* ættkvíslanna. Tvær *Chloroflexi* tegundir fundust einnig sýninu, báðar mjög fjarskyldar (92 og 93%) nánustu ættingjum sínum.

TAFLA 23b: Tegundasamsetning baktería í sýni 742

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi ^{d)}	Fylking	Heimild
a742-4-13	Sulfurihydrogenibium kristjanssoni (AM778960)	Ísland, landhver	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a742-2-1	Polyprosthecobacterium yinchuanense (AY961598)	Kína	94%	<i>α-Proteob</i>	Xin et al. 2005
a742-9-3	Nannocystis sp. (AY996823)	Kína	97%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Li et al. 2005
a742-13-1	Uncultured bacterium (AB286342)	Skolpahreinsun	99%	<i>δ-Proteob</i>	Sadaie et al. 2007
a742-8-2	Uncultured Bacteroidetes (EU283405)	Ræktunartankur	95%	<i>Bacteroidetes</i>	Wu et al. 2007
a742-3-1	Uncultured Chloroflexi (EF429491)	Hver Filippseyjar	92%	<i>Chloroflexi</i>	Lacap et al. 2007
a742-6-2	Chloronema giganteum (AF345825)	ferskvatn	93%	<i>Chloroflexi</i>	Gich et al. 2001
a742-10-3	Nostoc sp. (AB275346)	Fléttur	98%	<i>Cyanobacteria</i>	Miura 2006
a742-11-2	Oscillatoria duplisecta (AM398647)	Hver, Ítalía	97%	<i>Cyanobacteria</i>	Moro et al. 2007
a742-12-1	Uncultured bacterium (EF522844)	Hvarfatankur	88%	<i>Planctomycete?</i>	Park et al 2007
a742-5-5	Uncult. bacterium (EU381859)		90%	<i>Verrucomicrobia</i>	Ohene-Adjei et al. 2008
a742-7-2	Unc. candidate div. SR1 bacterium (EF123563)	kóralrif	87%	<i>Cand Div SR1</i>	Sekar et al. 2006

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skægrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Heilkjörnungar sem fundust með 18S rRNA raðgreiningu flokkuðust til tveggja tegunda svipudýra, þráðormategundar (*Stenostomum leucops*) og óræktaðra tegunda (stramenopila).

Sýni 743 var tekið af appelsínugulum massa í læk (mynd 30). Tegundasamsetning fornbaktería og baktería í þessu sýni er sýnd í töflum 24a og 24b.



Mynd 30. Sýni 743 var tekið úr þessum appelsínugula lífmassa. Hitastig var 62,5 og pH 7,0.

Fornbakteríur sem greindust í sýni 743, flokkuðust til þriggja tegunda. Ein þeirra er aðeins 88% skyld nánasta ættingja sínum sem fannst í sjávarseti í Alaska. Hinar tvær fundust í sýnum á hverasvæðum í Yellowstone í Bandaríkjunum og Rotorua á Nýja Sjálandi.

TAFLA 24a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 743

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a743-9-1	Uncultured archaeon (DQ522931)	Sjávarset Alaska	88%	<i>Euryarchaeota</i>	Kendall et al. 2007
a743-10-1	Candidatus Nitrosocaldus yellowstonii (EU239960)	Hver Yellowstone	98%	<i>Chrenarchaeota</i>	de la Torre et al. 2008
a743-15-1	Uncultured archaeon (AF402988)	Rotorua Nýja Sjáland	96%	<i>Euryarchaeota</i>	Sunna et al. 2003

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Ríkandi baktería í sýni 743 var óræktuð tegund af fylkingu *γ-Proteobacteria*. Nánari skoðun á nánum ættingjum leiddi í ljós hitakæra metan-oxandi bakteríutebund sem fannst í hver í Ungverjalandi (GenBank nr. U89299) og er skyldleikinn 98%. Þessari tegund hefur þó enn ekki verið lýst í viðurkenndu tímariti.

Í sýninu fundust einnig frumbjarga *Aquificae* tegundir, sem hafa fundist áður, en ein þeirra vekur athygli þar sem skyldleikaprósenta við nánasta ættingja er afar lág, eða 87%. Hér er því greinilega ný tegund og ný ættkvísl, að öllum líkindum innan fylkingar *Aquificae* á ferðinni.

TAFLA 24a: Tegundasamsetning baktería í sýni 743

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a743-1-1	Uncultured bacterium (EU815086)	Hver, Tíbet	87%	<i>Aquificae</i>	Chen et al. 2008
a743-4-2	Sulfurihydrogenibium kristjanssoni (AM778960)	Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a743-14-1	Hydrogenobacter sp. (AY007593)	Hver Ísland	98%	<i>Aquificae</i>	Skírnisdóttir et al. 2001
a743-19-1	Unidentified delta proteobacterium (AF026993)	Hver Yellowstone	98%	<i>δ-Proteobacteria</i>	Hugenholtz et al. 1998
a743-2-24	Uncultured bacterium (AM039544)	Hver Austurríki	99%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Weidler et al. 2007
a743-16-1	Uncultured bacterium (AM039544)	Hver Austurisku alparnir	93%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Weidler et al. 2007
a743-8-1	Uncultured bacterium (EF192879)	Sediment Chile	92%	<i>Acidobacteria</i>	Dorador et al. 2007
a743-11-1	Acidobacteriaceae bacterium (AM749787)	Hverjarðvegur Nýja Sjáland	90%	<i>Acidobacteria</i>	Stott et al. 2008
a743-12-1	Uncultured bacterium (AF407680)	Ástralía 75°C	97%	<i>Bacteroidetes?</i>	Spanavello et al.
a743-3-3	Chloroflexus aurantiacus (CP000909)	Hverir víða um heim	99%	<i>Chloroflexi</i>	
a743-7-1	Chlorogloeopsis sp. (DQ431000)	Grænland	98%	<i>Cyanobacteria</i>	Roselers et al. 2007
a743-13-1	Uncultured bacterium (EU037354)	Mengaður jarðvegur Indland	96%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Desai et al. 2007
a743-17-1	Uncultured bacterium (EF378788)	Glenwood hver USA	97%	<i>Firmicutes</i>	Spear et al. 2007
a743-5-3	Fervidobacterium sp. (EU851047)	Hver Rússland	98%	<i>Thermotogae</i>	Kublanov et al. 2007
a743-18-1	Uncultured bacterium (EU815144)	Hver Tíbet	97%	<i>Verrucomicrobia</i>	Chen et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Einkennistegundir í vatnshverum með hlutlaust sýrustig sjást einnig í sýni 743, þ.e. blágræna bakterían *Chlorogloeopsis* sem finnst víða hér á landi og hefur einnig fundist á Grænlandi (Roselers o.fl. 2007) og *Chloroflexi* tegundin *Chloroflexus aurantiacus*. Þessar tvær tegundir eru oft vel sýnilegar þar sem þær mynda appelsínugular og grænar örveruþekjur í afrennsli vatnshvera við 55-65°C.

Nokkrir stofnar voru ræktaðir upp úr sýni 743. Raðgreining á 16S rRNA leiddi í ljós að þeir voru allir sömu tegundar, þ.e. *T.scotoductus* sem er mjög algeng hverabaktería.



Sýni 744 var af gulbrúnum lífmassa í læk (mynd 31). Mögnun gaf fornbakteríur og bakteríur (töflur 25a og b). Nánustu ættingjar flokkuðust til *Euryarchaeota* úr setlögum. Þriðja tegundin var sömu tegundar (98%) og óræktuð *Crenarchaeota* úr gullnámu.

Mynd 31. Sýni 744 var tekið af gulbrúnum lífmassa í læk. Hitastigið var 36,6°C og pH 7,3.

TAFLA 25a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 744

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a744-1-8	Uncultured euryarchaeote (DQ676247)	Setlag,- loftfirrt. Frakkland	95%	<i>Euryarchaeota</i>	Briee et al. 2007
a744-6-2	Unc. euryarchaeote (AY822004)	Setlag, ferskvatn, Frakkl.	94%	<i>Euryarchaeota</i>	Slapeta et al. 2005
a744-3-2	Uncultured crenarchaeote (AB113625)	Gullnáma	98%	<i>Crenarchaeota</i>	Nunoura et al. 2005

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísunum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Tegundasamsetning baktería í sýni 744 var mun fjölbreyttari en fornbaktería. *Chloroflexi* tegund af ættkvísl *Oscillochloris* er algengust, en aðrar tegundir dreifast nokkuð jafnt á fylkingar *Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Deinococcus Thermus*, *Firmicutes* og *Planctomycetes*, en fulltrúar þessara fylkinga eru finnast oft á hverasvæðum.

TAFLA 25b: Tegundasamsetning baktería í sýni 744

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a744-4-2	Uncultured soil bacterium (EU589298)	Jarðvegur Kína	99%	<i>α-Proteobact.</i>	Zhang et al. 2008
a744-5-2	Sandaracinobacter sibiricus (Y10678)	Neðansjávarhver	97%	<i>α-Proteobact.</i>	Yurkov et al. 1999
a744-9-1	Uncultured bacterium (AB286463)	Skolprheinsun USA	94%	<i>α-Proteobact.</i>	Sadaie et al. 2007
a744-10-1	Uncultured bacterium (DQ413077)	Ræktunartankur	95%	<i>α-Proteobact.</i>	Jeon et al. 2006
a744-17-1	Alpha proteobacterium (AJ505839)	Biofilma, pappírsvinnsla	100%	<i>α-Proteobact.</i>	Kolari et al. 2003
a744-13-1	Uncultured a-proteobact (AY694552)	Jarðvegur	96%	<i>α-Proteobact.</i>	Val-Moraes et al. 2004
a744-24-1	Uncultured bacterium (EU803906)	Bakteríusamfélög í vötnum	96%	<i>α-Proteobact.</i>	Shaw et al. 2008
a744-26-1	Rhodovulum inexpectatum (AF465833)	Sjávarhver	96%	<i>α-Proteobact.</i>	Albuquerque et al. 2002
a744-11-1	Uncultured bacterium (AM039544)	Hver Austurríki	99%	<i>γ-Proteobacteria</i>	Weidler et al. 2007
a744-8-1	Uncultured bacterium (EU809334)	Drykkjarvatn USA	96%	<i>γ-Proteo- eða Cyanobacteria</i>	Noguera et al. 2008
a744-20-1	Uncultured bacterium (EF393015)	Setlög Ohio áin	97%	<i>Acidobacteria</i>	D'Angelo et al. 2007
a744-2-2	Uncultured Chloroflexi (EF429491)	Hver Filippseyjar	93%	<i>Chloroflexi</i>	Lacap et al. 2007
a744-7-11	Oscillochloris sp. (AF146831)		90%	<i>Chloroflexi</i>	Keppen et al. 2000
a744-15-1	Chloronema giganteum (AF345825)	Ferskvatn	90%	<i>Chloroflexi</i>	Gich et al. 2001
a744-14-1	uncultured bacterium (AJ009486)	Örverurækt	99%	<i>(Clostridium) Firmicutes</i>	von Wintzingerode et al. 1999
a744-19-1	Microcoleus sp. (EF654029)		95%	<i>Cyanobacteria</i>	Siegesmund et al. 2008
a744-16-1	Meiothermus sp. (AJ864717)	Pappírsvinnsla Finnland	97%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Ekmanet al. 2007
a744-22-1	Meiothermus cerbereus (Y13595)	Hverir	99%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Chung et al. 1997
a744-12-1	Uncultured bacterium (EF522844)	Ræktunartankur	87%	<i>Planctomycete?</i>	Park et al. 2007
a744-25-1	Uncultured planctomycete (AM902605)	Hver Austurríki	97%	<i>Planctomycetes</i>	Weidler et al. 2007
a744-18-1	Uncultured bacterium (AF422676)	Verksmiðjuúrgangur trichloroethene	93%	<i>Cand div OP-11</i>	Lowe et al. 2002
a744-21-1	Uncultured bacterium (DQ234104)	Danshui áin Taiwan	89%	<i>Cand Div OP-11</i>	Liao et al. 2007
a744-23-1	Uncultured bacterium (EU134997)	Jarðvegur	96%	<i>Cand Div OP-10</i>	Elsahed et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skægrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.



Sýni 745 var tekið af græna

lífmassanum sem sést á myndinni hér til hliðar (mynd32). Hitastigið var 52,5 og pH 7,3.

Mynd 32. Sýni 745 var tekið af þessum græna þykka lífmassa í læk neðarlega í Vonarskarði. Hitastigið var 52,5 og pH 7,3. Í ljós kom að blágræn baktería af *Fischerella* ættkvísl sem er algeng í hverum var ríkjandi í þessu sýni.

Bæði fornbakteríur og bakteríur fengust úr **sýni 745** (töflur 26a og 26b). Fornbakteríutegundir voru *Candidatus Nitrososphaera gargensis* sem er hitakær tegund sem fannst nýlega í svonefndum Gargahver í Rússlandi. Hin tegundin virðist ný af nálinni þar sem hún er aðeins 90% skyld nánasta ættingja.

TAFLA 26a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 745

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a745-7-4	<i>Candidatus Nitrososphaera gargensis</i> (EU281332)	Hver Rússland	98%	<i>Crenarchaeota</i>	Hatzenpichler et al. 2008
a745-11-1	Uncultured archaeon (AF142788)	Saltvatn Antarctica	90%	<i>Euryarchaeota</i>	Bowman et al. 2000

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Ríkjandi bakteríutegund (71%) í sýni 745 (tafla 26b) er *Fischerella* tegund af fylkingu blágrænna baktería (*Cyanobacteria*), en þessi tegund fannst í hver á Costa Rica (Morales o.fl. 2007). Aðrar tegundir dreifast á nokkrar fylkingar, einkum *Bacteroidetes*, *Chloroflexi* og *Deinococcus-Thermus*. Tvær tegundir sem fundust í þessu sýni eru fjarskyldar nánasta ættingja í Genbank sem bendir til að nýjar tegundir / ættkvíslir séu hér á ferð. Þetta er tegund a745-12-1 af fylkingu *Bacteroidetes* sem er aðeins 92% skyld nánasta ættingja og tegund a745-8-2 af fylkingu *Chloroflexi*.

TAFLA 26b: Tegundasamsetning baktería í sýni 745

Sýni-fj ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a745-3-1	<i>Sulfurihydrogenibium kristjanssoni</i> (AM778960)	Hver, Ísland	99%	<i>Aquificae</i>	Flores et al. 2008
a745-2-1	Uncultured bacterium (AF407680)	Ástralía 75°C	98%	<i>Bacteroidetes</i>	Spanevello & Patel 2001
a745-4-1	Uncultured bacterium (EU815166)	Hver, Tíbet	96%	<i>Bacteroidetes</i>	Chen et al.
a745-12-1	Uncultured bacterium (EF203208)	Setlög í stöðuvatni á Grikk.	92%	<i>Bacteroidetes</i>	Kormas et al. 2007
a745-5-1	<i>Chloroflexus aurantiacus</i> (CP000909)	Hverir víða um heim	98%	<i>Chloroflexi</i>	
a745-6-2	Uncultured bacterium clone (AF407718)	Ástralía 52°C	98%	<i>Chloroflexi?</i>	Spanevello & Patel 2001
a745-8-2	Uncultured <i>Chloroflexi</i> (EF429491)	Hver Filippseyjar	92%	<i>Chloroflexi</i>	Lacap et al. 2007
a745-9-30	<i>Fischerella</i> sp. (EF545613)	Hver, Costa Rica	99%	<i>Cyanobacteria</i>	Morales et al. 2007
a745-1-1	Uncultured bacterium (FM955638)	Vatn Indland	97%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Bhattacharya et al. 2008
a745-13-1	Uncultured bacterium (AF407706)	Ástralía 57°C	99%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Spanevello & Patel 2001
a745-10-1	Uncultured planctomycete (AM902593)	Uppspretta, Alpar Austurríki	98%	<i>Planctomycetes</i>	Weidler et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Nokkrar bakteríutegundir ræktuðust upp úr sýni 745. Hér ber fyrst að nefna tegund sem sýndi aðeins 90% skyldleika við nánasta ættingja sem var óræktuð tegund innan svokallaðs CFB hóps, en innan hans eru tegundir sem flokkast til fylkinga *Chloroflexi*, *Flavobacter* og *Bacteroidetes* sem mynda greinaklasa í lífsins tré. Því miður tókst ekki að halda lífinu í þessari tegund en ætla má að hún hafi sérstakar ætisparfir.

Áhugavert er að reyna að fara í þennan hver á ný og freista þess að nýta vatn úr Vonarskarði í ætið, því þar eru e.t.v. nauðsynleg efni fyrir þessa tegund.

Önnur tegund sem fannst var *Porphyrobacter cryptus* sem er hitakær α -*Protoeobacteria* sem var ræktuð upp úr sýni úr hver í Portúgal og lýst árið 2003 (Rainey o.fl.). Þessi tegund inniheldur bacteriochlorophyll a og getur því ljóstillífað. Tegundin *Thermus chlioparus* fannst einnig í sýninu, en hún er algeng í hverum. β -*Proteobacteria* tegund *Caldimonas sp.* Han85 sem fannst í hver í Túnis fannst einnig í þessu sýni í Vonarskarði, en náskyld tegund hefur einnig fundist í Taiwan og Japan.

Sýni 746 var tekið af gulgrænum gróðri í læk við 54°C (mynd 33). Bæði fornbakteríur og bakteríur fengust upp úr þessu sýni (töflur 27a og 27b).



Mynd 33. Sýni 746 var tekið af gulgrænum gróðrinum sem sést á myndinni. Hitastigið var 54°C og pH 7,3.

Í þessu sýni flokkast fornbakteríurnar til tveggja aðalfylkinganna *Euryarchaeota* og *Crenarchaeota*. Þær fyrrnefndu eru þó greinilega fjarskyldar öllu því sem þekkt er með aðeins 88% og 89% skyldleika (tafla 27a). *Crenarchaeota* tegundirnar eru þekktari og á önnur ættingja í Yellowstone, en þó aðeins 94% skyldan og hin (a746-21-1) er sömu tegundar og óræktuð tegund sem fannst í setlögum í Brasilíu.

TAFLA 27a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 746

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a746-5-2	Uncultured euryarchaeote (DQ837285)	Strandhver Spánn	88%	<i>Euryarchaeota</i>	Lopez-Archilla et al. 2007
a746-14-1	Uncultured archaeon (AF142788)	Vatn, Antarktika	89%	<i>Euryarchaeota</i>	Bowman et al. 2000
a746-11-1	Uncultured crenarchaeote (AY862046)	Yellowstone	94%	<i>Crenarchaeota</i>	Spear et al. 2005
a746-21-1	Uncultured crenarchaeote (AY454554)	Setlög Brasilía	98%	<i>Crenarchaeota</i>	Piza et al. 2003

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvísun. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Engin bakteríutegund greindist ríkjandi í sýni 746, heldur dreifast þær nokkuð jafnt. Allmargar flokkuðust þó til fylkinga blágrænna baktería (*Cyanobacteria*) og *Chloroflexi*, en algengt er að þessar tvær fylkingar fari saman í vatnshverum þar sem sýrustig er hlutlaust. Ein tegundin sem flokkast til *Chloroflexi* og inniheldur þrjár raðir er mjög fjarskyld nánasta ættingja, eða aðeins 88% og því ný ættkvísl á ferð. Ein tegund innan *Deinococcus-Thermus* fylkingarinnar er einnig ný af nálinni með aðeins 91% samsvörun við nánasta ættingja, sem er afar lágt í ljósi þess að mikið hefur verið unnið í að rannsaka og rækta tegundir innan fylkingarinnar. Ein *Acidobacteria* er einnig ný tegund, jafnvel ættkvísl.

TAFLA 27b: Tegundasamsetning baktería í sýni 746

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldi. ^{d)}	Fylking	Heimild
a746-6-3	Uncultured bacterium (AY555804)	Bor Khlueng hver Thailand	99%	<i>α-Proteob</i>	Kanokratana
a746-13-1	Uncultured bacterium (AF407700)	Great artesian basin Australia	99%	<i>δ-Proteob</i>	Spanavello et al 2001
a746-19-1	Uncultured bacterium (AM039544)	Hver Austurríki	97%	<i>γ-Proteob.</i>	Weidler et al. 2007
a746-15-1	Environmental (CU466686)	Frakkland	92%	<i>Acidobacteria</i>	
a746-1-5	Uncultured bacterium (AY297975)	Ræktunartankur	97%	<i>Chloroflexi</i>	Chen et al. 2004
a746-3-3	Uncultured bacterium (AJ536892)	Uranium mengaður jarðv.	88%	<i>Chloroflexi</i>	Satchanska et al. 2003
a746-17-1	<i>Chloroflexus aurantiacus</i> (CP000909)	Hverir, m.a. Ísland	100%	<i>Chloroflexi</i>	
a746-8-2	<i>Chlorogloeopsis</i> sp. (DQ431000)	Hver Grænland	99%	<i>Cyanobacteria</i>	Roselers et al. 2007
a746-12-1	<i>Chlorogloeopsis</i> sp. (DQ431000)	Hver Grænland	90%	<i>Cyanobacteria</i>	Roselers et al. 2007
a746-10-4	Uncultured bacterium (AF407731)	Great artesian basin Australia	99%	<i>Cyanobacteria</i>	Spanavello et al 2001
a746-18-1	Uncultured bacterium (AF407731)	Great artesian basin Australia	95%	<i>Cyanobacteria</i>	Spanavello et al 2001
a746-7-3	Uncultured bacterium (AF407706)	Great artesian basin Australia	98%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Spanavello et al 2001
a746-9-2	Uncultured bacterium (EU037354)	Króm mengaður jarðv, Indl.	98%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Desai et al. 2008
a746-16-1	Uncultured bacterium (AF407706)	Great artesian basin Australia	91%	<i>Deinoc-Thermus</i>	Spanavello et al 2001
a746-4-3	Uncultured planctomycete (AM902592)	Hver Austurríki	97%	<i>Planctomycete</i>	Weidler et al. 2007
a746-20-1	Uncultured bacterium (EF515492)	Bruggverksm úrgangur	98%	<i>Spirochaeta</i>	Dryden et al. 2007
a746-2-7	<i>Fervidobacterium</i> sp. (EU851047)	Hver, Kunashir eyja	99%	<i>Thermotogae</i>	Kublanov et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Raðgreiningar á 16S rRNA geni úr ræktuðum stofnum úr sýni 746 gaf nokkar þekktar bakteríutegundir: *Tepidomonas ignava* sem fannst einnig í sýni 741 ; *Anoxybacillus kualawohkensis* sem er hitakær tegund af fylkingu *Firmicutes* sem fannst í hver í Malasíu og var lýst árið 2006 (Kamaruzaman o.fl.). Síðast en ekki síst hitakæra tegundin *Meiothermus ruber* sem er mjög algeng í hverum.



Sýni 747 var tekið af grænum þörungamassa með gulum útfellingum í læk (mynd 34). Hitastigið var 39°C og pH 7,3. Bæði fornbakteríur og bakteríur fundust í þessu sýni (töflur 28a og 28b).

Mynd 34. Sýni 747 var tekið af þessum þörungamassa í læk í Vonarskarði. Hitastigið var 39°C og pH 7,3.

Aðeins tvær tegundir fornbaktería fundust í sýni 747, önnur af fylkingu *Crenarchaeota*, sem fannst áður í gullnámu, en hin af fylkingu *Euryarchaeota* sem fannst áður í setlagi í tjörn.

TAFLA 28a: Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 747

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a747-2-4	Uncultured crenarchaeote (AB113625)	gullnáma	99%	<i>Crenarchaeota</i>	Nunoura et al. 2005
a747-5-1	Uncultured euryarchaeote (DQ676247)	Setlag úr tjörn	93%	<i>Euryarchaeota</i>	Briee et al. 2007

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

Bakteríur fundust einnig í sýninu og allar með fornbakteríuvisum. Í þessum sýni fundust þó nokkrar nýjar tegundir. Flestar þeirra flokkuðust til tegundar af fylkingu *Chloroflexi*, en eru fjarskyldar nánasta ættingja, eða aðeins 93%. Aðrar tegundir voru flestar innan fylkingar *Planctomycetes*, en fjarskyldar. Raðgreiningar á 18S rRNA geni heilkjörnunga gáfu eina amöbutegund, *Filamoeba sp.*

TAFLA 28b: Tegundasamsetning baktería í sýni 747

Sýni-fj. ^{a)}	Nánasti ættingi í Genbank ^{b)}	Fundarstaður ^{c)}	Skyldl. ^{d)}	Fylking	Heimild
a747-3-1	<i>Sphingopyxis alaskensis</i> (CP000356)		83%	<i>α-Proteob</i>	
a747-1-3	Uncultured <i>Chloroflexi</i> (EF429491)	Hverasvæði	93%	<i>Chloroflexi</i>	Lacap et al. 2007
a747-4-1	Uncultured bacterium (EU135046)	Jarðvegur	95%	<i>Planctomycetes</i>	Elshahed et al. 2008
a747-6-1	Uncultured bacterium (EU135151)	Jarðvegur	93%	<i>Planctomycete?</i>	Elshahed et al. 2008
a747-7-1	Uncultured bacterium (EF018317)	Jarðvegur	93%	<i>Planctomycete?</i>	Lesaulnier et al. 2008

^{a)}Sýni-númer innan sýnis-fjöldi innan sýnis; ^{b)}Númer nánasta ættingja í Genbank er gefið innan sviga; ^{c)}Fundarstaður nánasta ættingja; ^{d)}Skyldleiki (%) við nánasta ættingja byggð á samröðun; a = Mögnun gerð með fornbakteríuvisum. Skærgrænn í dálki yfir skyldleikaprósentu = ný tegund.

3.3 Dreifing fornbaktería og baktería á fylkingar – samantekt

Tafla 29 sýnir dreifingu fornbaktería sem greindust í sýnum úr Vonarskarði á fylkingar. Fylkingar *Crenarchaeota* og *Euryarchaeota* eru í meirihluta í jafnmörgum tilvikum, eða í 8 af 16 sýnum hvor. *Crenarchaeota* finnst í 13 sýnum af 16, en *Euryarchaeota* í 12 af 16. Sé þetta skoðað í ljósi uppruna þeirra sést að *Crenarchaeota* koma að jafnaði úr hærri hitastigunum, en *Crenarchaeota* tegundir þola einmitt mun herra hitastig og jafnframt lægra sýrustig en *Euryarchaeota*.

TAFLA 29. Dreifing fornbaktería á fylkingar

Fylking	Sýni	718	%	723	%	725	%	726	%	730	%	731	%	734	%	739	%
<i>Crenarchaeota</i>	8	73	38	100	13	100	3	75	6	100	1	5			5	100	
<i>Euryarchaeota</i>	3	27					1	25			20	95	19	100			
ALLS	11	100	38	100	13	100	4	100	6	100	21	100	19	100	5	100	

Fylking	Sýni	740	%	741	%	742	%	743	%	744	%	745	%	746	%	747	%
<i>Crenarchaeota</i>				1	20			1	33	2	17	4	80	2	40	4	80
<i>Euryarchaeota</i>	2	100	4	80	1	100	2	66	10	83	1	20	3	60	1	20	
ALLS	2	100	5	100	1	100	3	100	12	100	5	100	5	100	5	100	

Í töflu 30 má sjá dreifingu baktería úr sýnunum úr Vonarskarði á fylkingar. Þar sést að tegundir innan fylkingar *Aquificae* voru algengastar og ríkjandi í 10 sýnum af þeim 24 sem tókst að erfðagreina, α -*Proteobacteria* var ríkjandi í fjórum sýnum en fannst í tíu; *Chloroflexi* var ríkjandi í þremur sýnum, en fannst í tíu; *Chlorobi* var ríkjandi í tveimur sýnum en fannst í 8 sýnum; *Bacteroidetes* var ríkjandi í einu sýni en fannst í 7 þeirra, *Cyanobacteria* var ríkjandi einu sýni en fannst í tíu og sama átti við um β -*Proteobacteria*. δ - og γ -*Proteobacteria* sýndu talsverða útbreiðslu og fundust í 13 (δ -) og 12 (γ -) sýnum, þær síðarnefndu voru einnig ríkjandi í einu sýni. *Firmicutes* tegundir voru ríkjandi í einu sýni en fundust í 11 þeirra.

Tafla 30. Dreifing baktería á fylkingar

Fylking	Sýni	723	%	725	%	726	%	727	%	728	%	729	%	730	%	731	%	732	%	733	%	734	%	735	%
<i>Aquificae</i>		48	100			38	90	6	75	41	87	4	9	67	77	19	43	2	4			1	1	1	2
<i>Acidobacteria</i>																2	5	6	12,5	1	2	4	5		
<i>Actinobacteria</i>				7	25																				
<i>Bacteroidetes</i>												10	24									6	8		
<i>Chlorobi</i>												1	2	1	1	1	2					26	35	4	9
<i>Chloroflexi</i>								1	12,5			6	14	5	6							5	7		
<i>Cyanobacteria</i>				1	4							1	2					3	6			6	8		
<i>Deinococcus-Thermus</i>												3	7									4	5		
<i>α-Proteobacteria</i>				13	46													12	25	42	88	8	11		
<i>β-Proteobacteria</i>						1	2,5			2	4	3	7			9	20	12	25					6	13
<i>δ-Proteobacteria</i>						1	2,5									4	10			4	8	2	3	31	67
<i>γ-Proteobacteria</i>				1	4	1	2,5			2	4	7	16	11	13	1	2	6	12,5			1	1		
<i>Firmicutes</i>						1	2,5					3	7			1	2	7	15	1	2	5	7	2	4,5
<i>Annað</i>				6	21			1	12,5	2	5	6	14	3	3	7	16					7	9	2	4,5
Alls		48	100	28	100	42	100	8	100	47	100	44	100	87	100	44	100	48	100	48	100	75	100	46	100

frh

Fylking	Sýni	736	%	737	%	738	%	738b	%	740	%	741	%	742	%	743	%	744	%	745	%	746	%	747	%
<i>Aquificae</i>		67	70	30	64	12	15			2	9	24	100	13	35	4	9			1	2				
<i>Acidobacteria</i>						4	5			1	4,3					2	5	1	2,5			1	2,5		
<i>Actinobacteria</i>				1	2																				
<i>Bacteroidetes</i>								4	11	3	14			2	6	1	2,3			3	7				
<i>Chlorobi</i>		3	3	1	2	32	40																		
<i>Chloroflexi</i>														3	8	3	7	14	38	5	13	9	22,5	5	56
<i>Cyanobacteria</i>						8	10							5	14	1	2,3	1	2,5	30	72	8	20		
<i>Deinococcus-Thermus</i>																1	2,3	2	6	2	4	6	15		
<i>α-Proteobacteria</i>						1	1,2			5	23			1	3			10	28			3	7,5	1	11
<i>β-Proteobacteria</i>		13	14	8	17	8	10	8	22																
<i>δ-Proteobacteria</i>		5	5	4	9	1	1,2	6	17	4	18			4	11	1	2,3					1	2,5		
<i>γ-Proteobacteria</i>						4	5									25	58	2	6			1	2,5		
<i>Firmicutes</i>				2	4			18	50							1	2,3	1	2,5						
<i>Annað</i>		8	8	1	2	10	12,6			7	31,6			8	23	4	9,3	5	14,5	1	2	11	7,5	3	33
ALLS		96	100	47	100	80	100	36	100	22	100	24	100	37	100	43	100	36	100	42	100	40	100	9	100

3.4 Líffræðilegur fjölbreytileiki

Í töflu 31 sjást ýmsar tölulegar upplýsingar um líffræðinlegan fjölbreytileika baktería í sýnunum. Þar kemur m.a. fram mat á líffræðilegum fjölbreytileika Nt/Nmax (Curtis o.fl. 2002) og eru gildin í flestum tilvikum á bilinu 1-3 sem segja má að séu dæmigerð fyrir jaðarvistkerfi eins og vistkerfi í hverum. Í nokkrum tilvikum eru gildin ívið hærri, eða allt upp í 9,6 (sýni 732 í töflu), en nánari skoðun sýnir þá oftast lágt hitastig og/eða hlutlausara sýrustig en ella. Við mildari aðstæður geta fleiri komist af og reiknað gildi fyrir líffræðilegan fjölbreytileika verður að jafnaði herra. Áreiðanleiki greininganna (C) er í flestum tilvikum vel viðunandi eins og sjá má í töflunni, en í nokkrum tilvikum hefði þurft að greina fleiri klóna til að auka áreiðanleikann. Þumalfingusreglan er þó sú að eftir því sem “fjölmennasta” tegundin er í herra hlutfalli af röðum alls, því meiri verður áreiðanleikinn.

TAFLA 31. Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería í sýnum úr Vonarskarði

Sýni	T°C	pH	Nt	S	N1	C	Nmax	Nt/Nmax
718	92,8	1,9	9	4	3	67	6	1,5
723	65-72	2,8	49	2	1	98	48	1,0
725	16,3	2,5	28	13	7	75	5	5,6
726F	81,5	8	42	5	4	90	38	1,1
727	43,4	3,7	8	3	2	75	6	1,3
728	52,8	4,3	47	6	4	91	41	1,1
729	44,5	4,6	44	23	13	70	5	8,8
730	49,8	4,9	87	11	8	91	65	1,3
731	41,7	3,4	44	13	7	84	17	2,6
732	35,7	3,2	48	27	14	71	5	9,6
733	16	2,9	48	12	6	87	16	3
734	40,3	5,8	41	15	11	73	20	2,05
735	41	3,4	46	8	5	89	31	1,5
736	64,5	4,7	96	18	10	90	36	2,7
737	45,1	3,8	47	14	10	79	21	2,2
738	33,3	3,7	80	23	15	81	28	2,8
738b	42	3,7	36	13	8	78	16	2,2
740	22	6	22	13	7	68	4	5,5
741	59	5,9	24	1	0	100	24	1,0
742	46	6,9	36	12	4	89	13	2,8
743	62,5	7	43	15	11	74	24	1,8
744	36,6	7,3	36	23	19	47	11	3,3
745	52,5	7,3	42	11	8	81	30	1,4
746	54	7,3	40	17	8	80	7	5,7
747	39	7,3	9	5	4	55	5	1,8

Skýringar:
Nt gefur heildarfjölda klóna í sýni; S gefur tegundafjölda; N1 fjölda tegunda sem innihalda aðeins einn fulltrúa; C ($C=1-(N1/Nt)$) gefur mat á áreiðanleika greiningarinnar á bilinu 0-100 (80-100 telst mjög vel viðunandi); Nmax er fjöldi fulltrúa í fjölmennustu tegundinni og útreiknað Nt/Nmax gefur svo áætlaðan líffræðilegan fjölbreytileika í sýninu. Skærgrænn táknar að viðkomandi gildi telst innan eðlilegra marka fyrir líffræðilegan fjölbreytileika jaðarsvæða

Tafla 32 sýnir líffræðilegan fjölbreytileika fornbaktería í sýnum úr Vonarskarði. Nt/Nmax gildin eru almennt lægri en sambærileg gildi fyrir bakteríur og eru öll dæmigerð fyrir líffræðilegan fjölbreytileika í jaðarvistkerfum. Áreiðanleikagildum (C) ber að taka með fyrirvara, sérstaklega þar sem fjöldi greindra klóna er að jafnaði heldur lágur.

TAFLA 32. Líffræðilegur fjölbreytileiki fornbaktería í sýnum úr Vonarskarði

Sýni	T°C	pH	Nt	S	N1	C	Nmax	Nt/Nmax
718	92,8	1,9	11	2	0	100	8	1,4
723	65-72	2,8	38	1	0	100	38	1,0
725	16,3	2,5	13	3	1	92	10	1,3
726F	81,5	8	4	3	2	50	2	2,0
730	49,8	4,9	6	2	0	100	4	1,5
731	41,7	3,4	21	2	1	95	20	1,05
734	40,3	5,8	19	1	0	100	19	1,0
739	95	4,0	5	1	0	100	5	1,0
740	22	6	2	2	2	ND	1	2
741	59	5,9	5	2	1	80	4	1,2
742	46	6,9	1	1	1	ND	1	1
743	62,5	7	3	3	3	ND	1	3
744	36,6	7,3	12	3	0	100	8	1,5
745	52,5	7,3	5	2	1	80	4	1,2
746	54	7,3	5	4	3	40	2	2,5
747	39	7,3	5	2	1	80	4	1,2

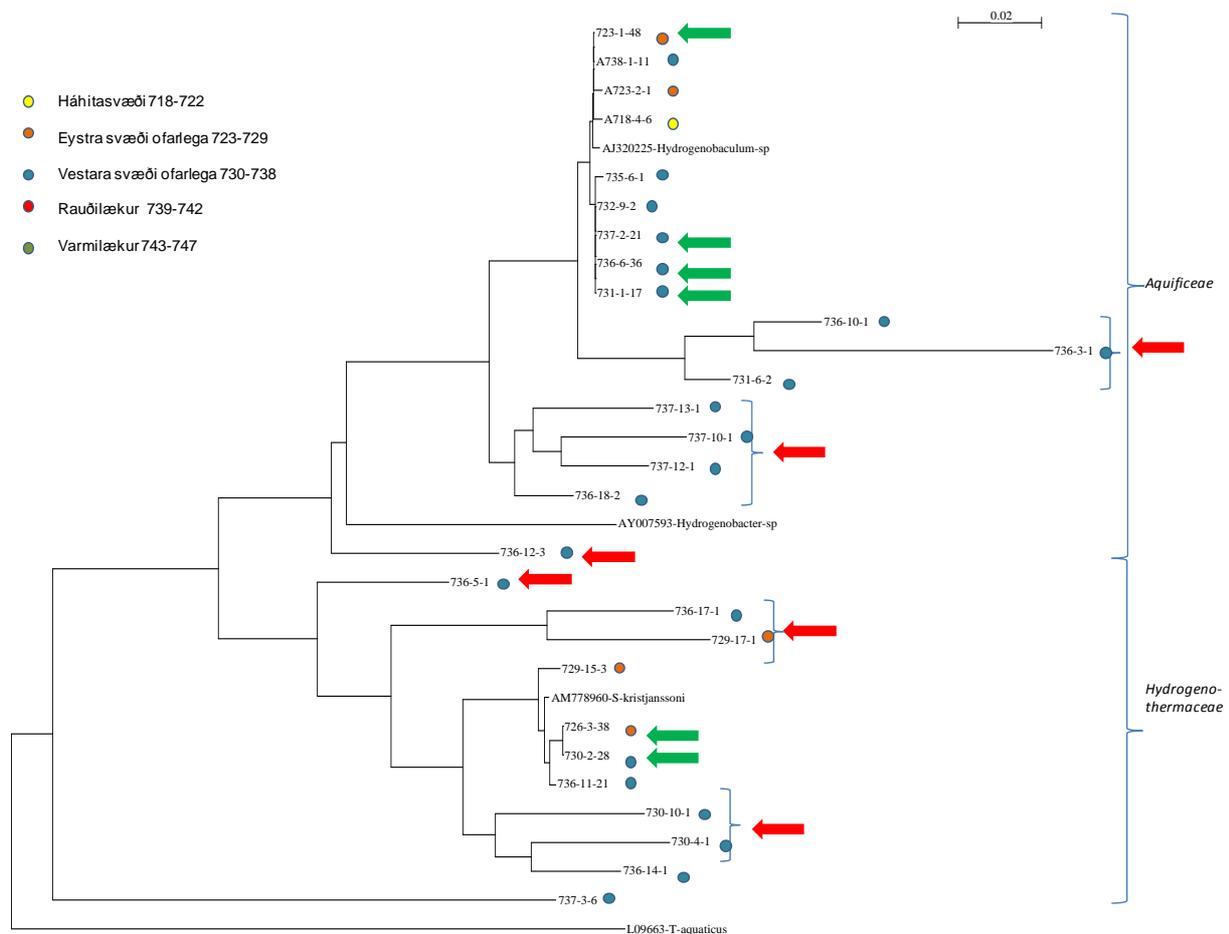
Skýringar:
 Nt gefur heildarfjölda klóna í sýni; S gefur tegundafjölda; N1 fjöldi tegunda sem innihalda aðeins einn fulltrúa; C ($C=1-(N1/Nt)$) gefur mat á áreiðanleika greiningarinnar á bilinu 0-100 (80-100 telst mjög vel viðunandi); Nmax er fjöldi fulltrúa í fjölmennustu tegundinni og útreiknað Nt/Nmax gefur svo áætlaðan líffræðilegan fjölbreytileika í sýninu. Skærgrænn táknar að viðkomandi gildi telst innan eðlilegra marka fyrir líffræðilegan fjölbreytileika jaðarsvæða

3.5 Samanburður á milli sýna - skyldleikatré

Skyldleikatrén sem hér fara á eftir byggjast á samanburði og samröðun DNA raða (400-600bp) sem fengust úr raðgreiningum á sýnum úr hverum í Vonarskarði. Sama svæði innan tegundagreinandi gens (16S rRNA) baktería og fornbaktería var samraðað í tölvu og skyldleikatré reiknað út. Á þennan hátt fékkst innbyrðis skyldleiki tegunda í sýnum, skyldleiki tegunda milli sýna og skyldleiki við þekktar tegundir eða raðir í GenBank. Skyldleikatré voru búin til fyrir bakteríufylkingar sem fundust í mörgum sýnum. Skyldleikatré voru jafnframt búin til fyrir tvær aðalfylkingar fornbaktería sem fundust í sýnunum, þ.e. *Crenarchaeota* og *Euryarchaeota*.

3.5.1 *Aquificae*

Aquificae fylkingin myndar sem heild djúpa grein í lífsins tré og er því mjög gömul og upprunaleg í sögu lífsins. Tegundir innan þessarar fylkingar eru undantekningarlaust frumbjarga. Þær eru algengar í hverum og nýta H₂ og H₂S í orkuvinnslu og geta bundið ólífrænt kolefni úr CO₂. Þær mynda því oft grunninn fyrir tilvist annarra ófrumbjarga tegunda. *Aquificae* tegundir fundust í flestum sýnum og voru ríkjandi í mörgum þeirra. Flestar tegundirnar sem fundust komu úr sýnum sem tekin voru ofarlega á jarðhitasvæðinu í Vonarskarði (mynd 35) og flokkuðust einkum til *Aquificae* og *Hydrogenothermaceae*. Ríkjandi tegundir *Aquificae* í skyldleikatrénu (mynd 35) eru auðkenndar með grænum örvarum. Þær eru annars vegar af ættkvísl *Hydrogenobaculum* og hins vegar tegundin *Sulfurihydrogenibium kristjanssonii* (Flores o.fl. 2008). *Hydrogenobaculum* tegundir fundust í fleiri sýnum og að jafnaði við lægra hitastig og hærra sýrustig en *Sulfurihydrogenibium* tegundirnar. Rauðar örvar í trénu tákna tegundir sem eiga sér engan náinn ættingja og teljast því nýjar. Fjölbreytileiki innan fylkingarinnar er umtalsverður eins og margar greinar þess bera með sér.

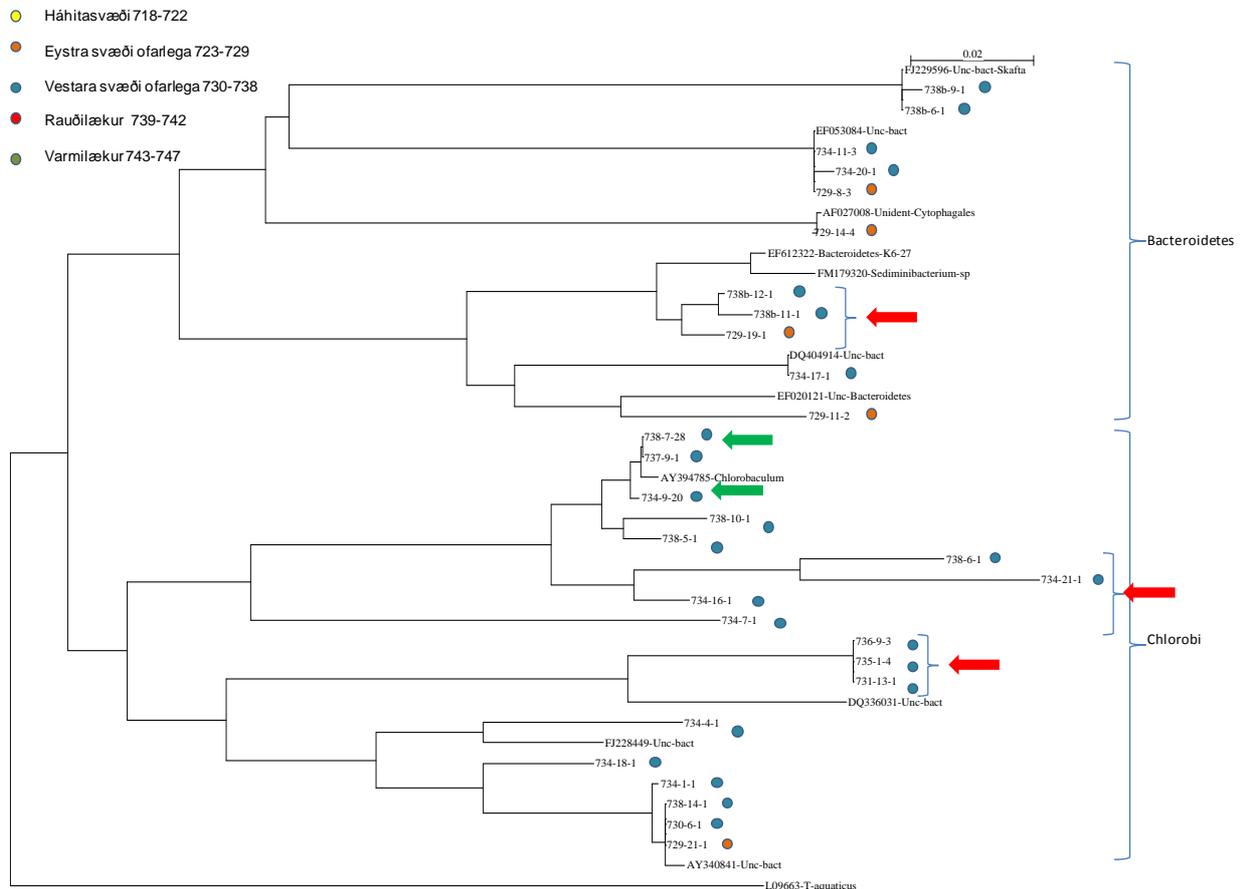


Mynd 35. Skyldleikatré *Aquificae*, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri tákna fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.2 Bacteroidetes / Chlorobi

Fylkingar *Bacteroidetes* og *Chlorobi* eru tiltölulega skyldar og því fjallað um þær hér saman. Þessar tegundir finnast víða í umhverfinu, m.a. í sjó, jarðvegi og nýverið í jöklum í Tíbet (Zhang o.fl. 2009). Nokkrar tegundir hafa greinst í jarðvegi á hverasvæðum. Einungis tvær ættkvíslir innan *Bacteroidetes* innihalda þekktar hitakærar bakteríur. *Bacteroidetes* fylkingin inniheldur ófrumbjarga tegundir sem þurfa lífrænt kolefni til vaxtar og viðhalds. Þær þykja áhugaverðar því að þær framleiða ensím sem gera þeim kleift að sundra stórsameindum eins og fjölsykrum. *Chlorobi* tegundir eru þekktar fyrir að geta nýtt sér ýmis konar brennisteinssambönd.

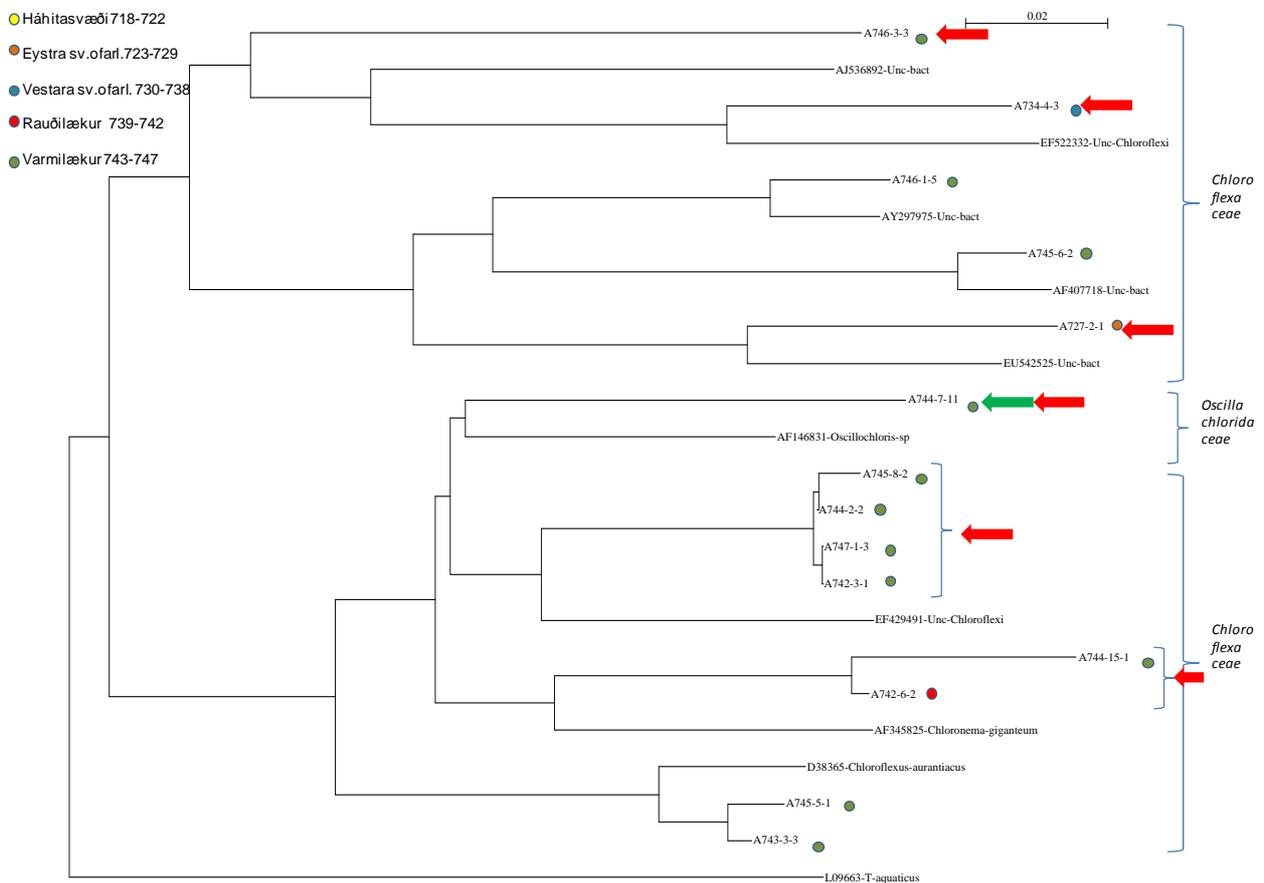
Eins og skyldleikatréð á mynd 36 ber með sér komu allar tegundirnar sem fundust úr sýnum sem tekin voru ofarlega á jarðhitasvæðinu í Vonarskarði. Nokkrar nýjar tegundir eða ættkvíslir fundust og bera djúpar greinar innan *Chlorobi* hluta trésins vott um mjög fjarskyldar tegundir. Ræktunartilraunir gáfu eina nýja *Bacteroidetes* tegund sem tókst að einangra og er áætlað að lýsa henni í fagtímariti þegar færi gefst.



Mynd 36. Skyldleikatré *Bacteroidetes* / *Chlorobi*, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.3 Chloroflexi

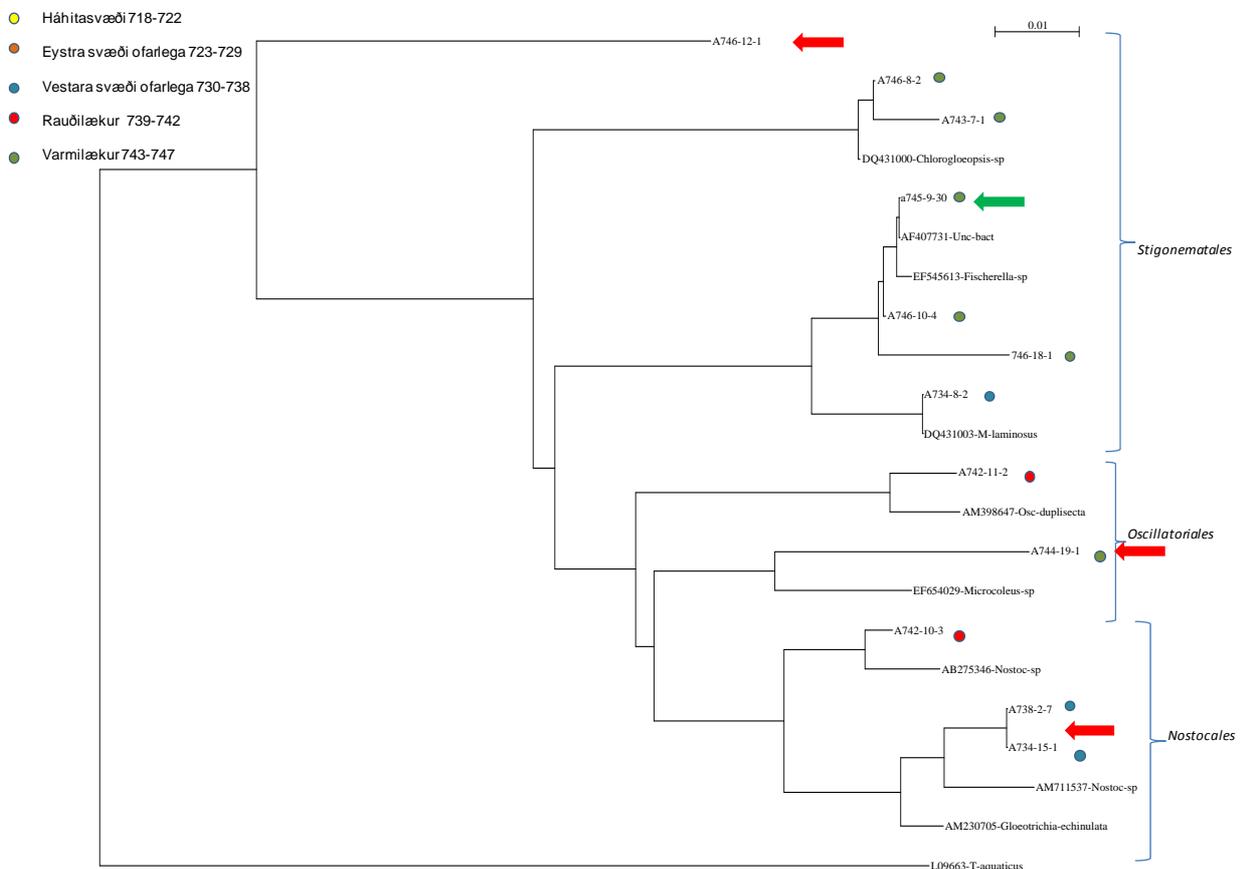
Innan *Chloroflexi* fylkingarinnar eru vel þekktar hverabakteríur. Þetta á sérstaklega við um *Chloroflexus aurantiacus* sem er ein af einkennistegundum vatnshvera. Þessi tegund getur nýtt sér sólarljós til frumbjarga lífs og myndar þá oft áberandi appelsínugular örveruþekjur í afrennsli vatnshvera, þar sem sýrustig er u.þ.b. hlutlaust eða pH7. Þessi tegund getur einnig lifað ófrumbjarga lífi. *Chloroflexi* tegundir fundust í 10 sýnum í Vonarskarði, einkum í sýnum úr Varmalæk og einnig úr Rauðalæk. Þær greindust þó sjaldnast sem ríkjandi tegundir. Í skyldleikatrénu á mynd 37 sjást m.a. ýmsar nýjar tegundir eða ættkvíslir (rauðar örvar). Það sem vekur einkum áhuga er þó tegund sem myndar náskyldar greinar fyrir neðan *Oscillachloridaceae* greinina. Þarna er ný ættkvísl sem fannst í nokkrum sýnum í Varmalæk í Vonarskarði.



Mynd 37. Skyldleikatré *Chloroflexi*, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.4 Cyanobacteria

Cyanobacteria eða blágrænar bakteríur lifa frumbjarga lífi þar sem þær eru ljóstillífaði og geta bundið ólífrænt kolefni úr CO₂. Þær mynda því undirstöðu fyrir aðrar ófrumbjarga tegundir. Blágrænar bakteríur eru sumar hverjar vel sýnilegar í vatnshverum þar sem þær mynda þykkan, grænar, áberandi gróðurmottur. Þetta á einkum við um tegundir af ættkvíslum *Chlorogloopsis*, *Fischerella* og *Mastigocladus* innan *Stigonematales*. Í sýnunum úr Vonarskarði fundust einkum þrjár hópar blágrænna baktería: *Stigonematales*, *Oscillatoriales* og *Nostocales*. *Stigonematales* tegundir virðast algengastar í Varmalæk (sýni 743-747) og *Nostocales* efst í Rauðalæk eins og skyldleikatréð á mynd 38 ber með sér. Nokkrar nýjar tegundir blágrænna baktería fundust í Vonarskarði (rauðar örvar).



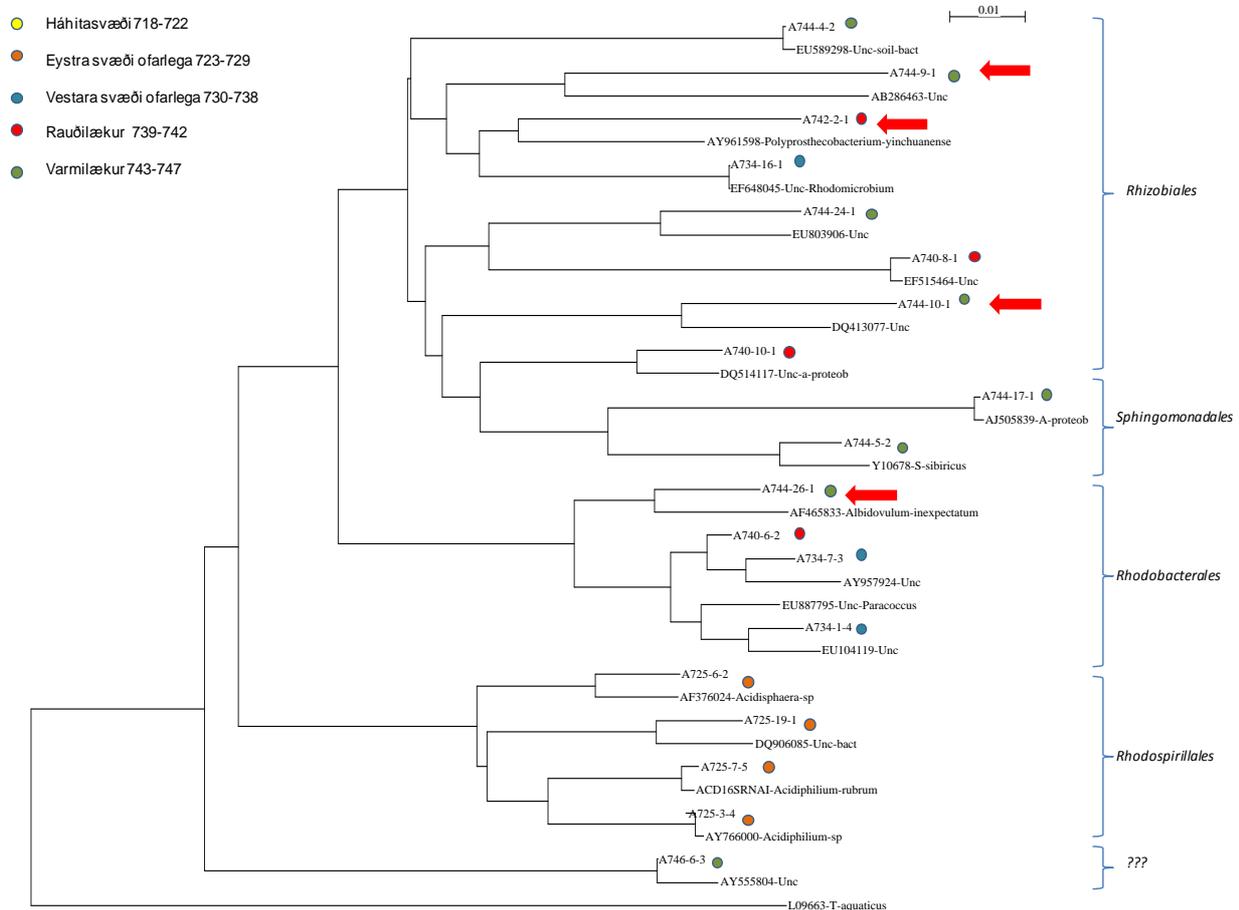
Mynd 38. Skyldleikatré *Cyanobacteria*, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.5 Proteobacteria

Fylking *Proteobacteria* er afar stór og sundurleitur hópur bacteria sem eru flokkaðar niður í nokkrar undirfylkingar (α -, β -, γ -, δ - og ϵ - *Proteobacteria*). Verður gerð nánari grein fyrir þeim hér á eftir.

3.5.5.1 α -*Proteobacteria*

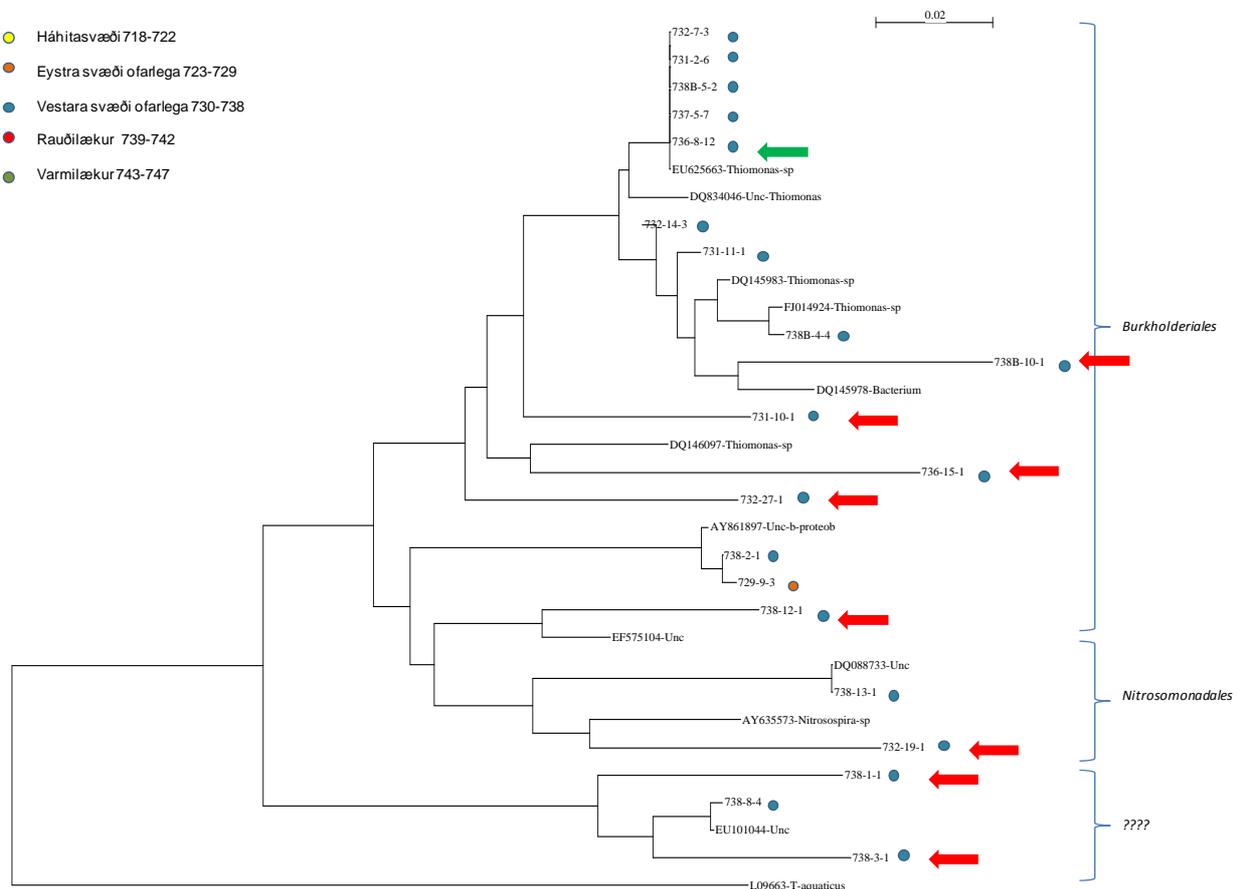
α -*Proteobacteria* fundust í 10 sýnum úr Vonarskarði og flokkast einkum til fjögurra hópa: *Rhodospirillales*, *Rhizobiales*, *Sphingomonadales* og *Rhodobacterales* (mynd 39). Uppruni tengundanna sem sjást í trénu er nokkuð dreifður eins og mismunandi litaldeplar bera með sér. Hins vegar er áberandi einsleitur uppruni tegundanna sem mynda *Rhodospirillales* greinina neðst í trénu. Væntanlega eru einhverjar aðstæður sérstakar fyrir þennan hluta jarðhitasvæðisins sem eru ákjósanlegar fyrir þennan hóp.



Mynd 39b. Skyldleikatré α -*Proteobacteria*, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.5.2 β -Proteobacteria

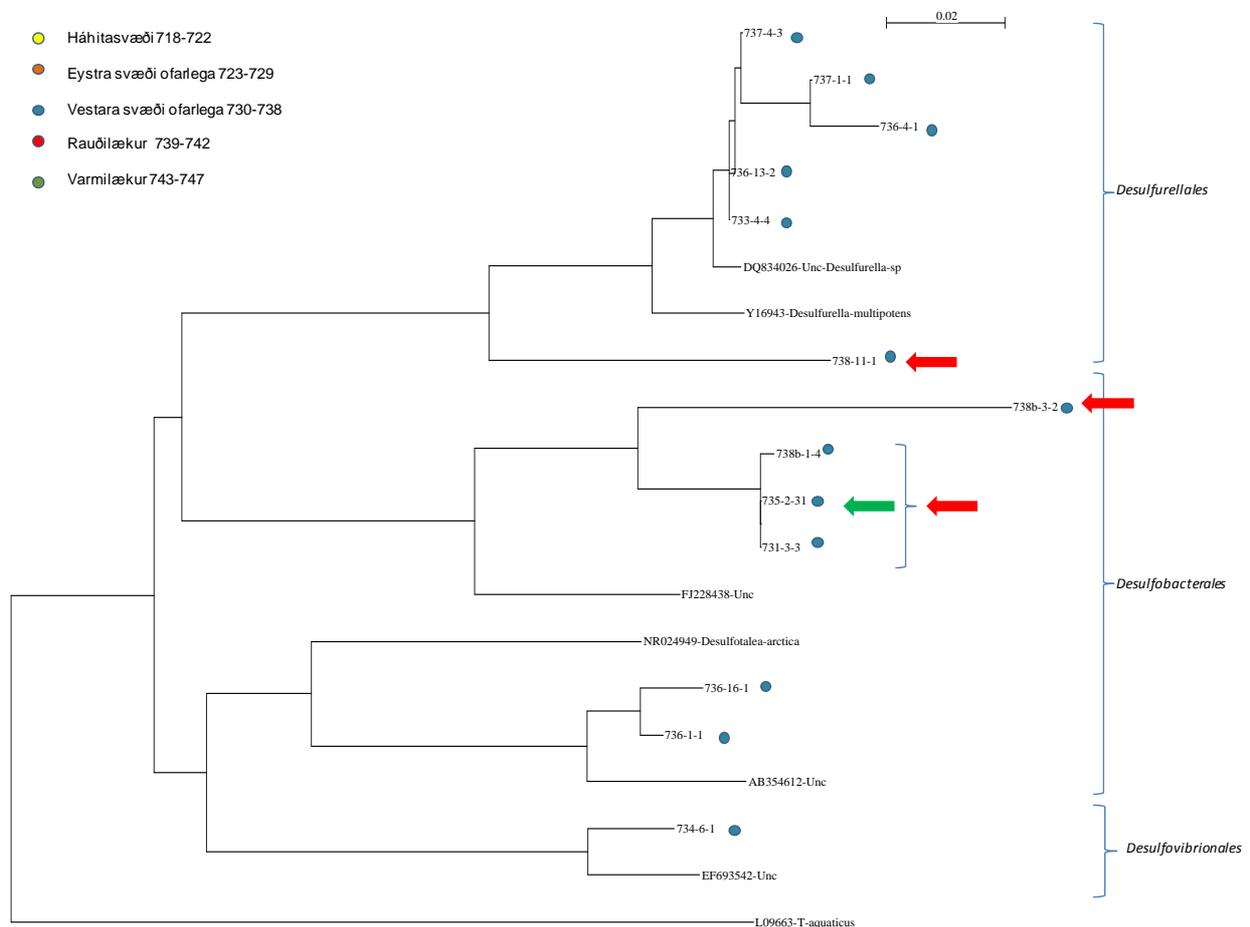
β -Proteobacteria tegundir eru algengar í hverum, einkum *Thiomonas* tegundir sem geta nýtt sér ýmis brennisteinssambönd. *Thiomonas* ættkvíslin er einmitt algengust β -Proteobacteria tegunda sem fundust og ríkjandi tegund í sýni 736 eins og skyldleikatréð á mynd 40 ber með sér (græn ör). Þar sést ennfremur að innan stærsta hópsins - *Burkholderiales* – greinast fjórar nýjar tegundir (rauðar örvar). Tvær tegundir finnast innan Nitrosomonadales hópsins, önnur hefur fundist áður, en aldrei verið ræktuð svo vitað sé, en hin er fjarskyld öllu því sem þekkt er (732-19-1). Neðst í trénu sést svo grein með nokkrum sem ekki tekst að finna almennilegan stað innan undirfylkingar β -Proteobacteria, ein þessara tegunda hefur fundist áður en aðeins sem röð og ekki verið ræktuð. Langflestar tegundirnar sem fundust eru upprunnar á svipuðum slóðum ofarlega á jarðhitasvæðinu í Vonarskarði (bláir deplar).



Mynd 40. Skyldleikatré β -Proteobacteria, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.5.3 δ -Proteobacteria

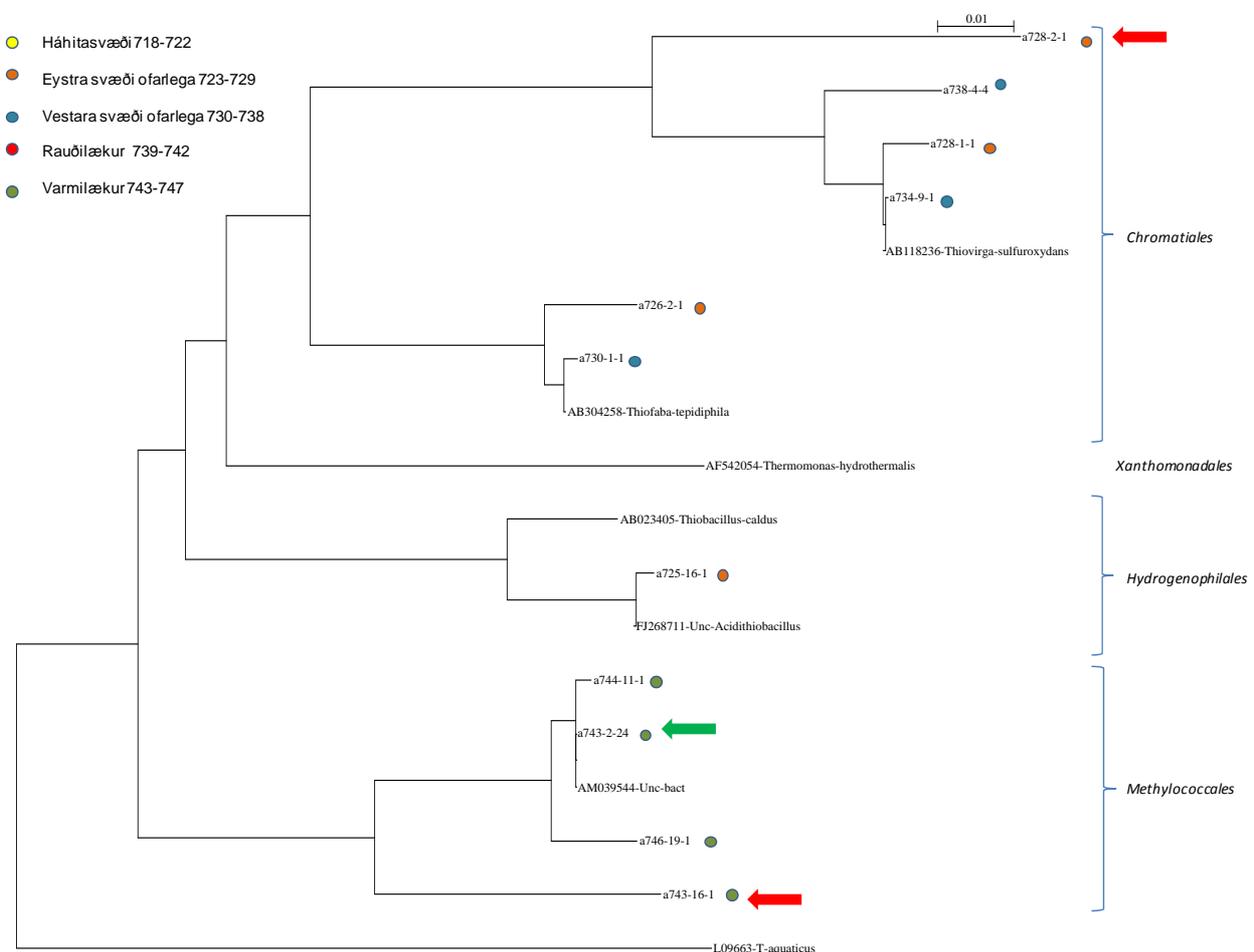
Það voru einkum þrjú hópar δ -Proteobacteria sem fundust í sýnum úr Vonarskarði, þ.e. *Desulfurellales*, *Desulfobacterales* og *Desulfovibrionales* (mynd 41). Eins og nöfnin bera með sér eru þarna á ferðinni hópar tegunda sem eiga það sameiginlegt að geta afoxað brennistein. Allar tegundirnar sem fundust í Vonarskarði voru af svipuðum slóðum innan jarðhitasvæðisins eins og bláir deplar trésins bera með sér. Ein tegund sem fannst í sýnunum í Vonarskarði er sérlega áhugaverð, en hún fannst ríkjandi í sýni 735 og í nokkrum eintökum í sýnum 738b og 731. Þegar litið er á hita- og sýrustig sést að þau eru á afar þröngu bili þ.e. 41-42°C og pH 3,2-3,7 en vera má að tegundin sé viðkvæm fyrir þessu. Nánasti ættingi er afar fjarskyldur, þannig að þarna er án efa ný ættkvísl á ferð, jafnvel ný ætt. Þessi hópur myndar grein innan *Desulfobacterales* og er auðkenndur með grænni og rauðri ör í skyldleikatrénu.



Mynd 41. Skyldleikatré δ -Proteobacteria, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.5.4 γ -Proteobacteria

γ -Proteobacteria tegundir sem fundust í sýnum í Vonarskarði flokkuðust einkum til þriggja hópa þ.e. *Chromatiales*, *Hydrogophilales* og *Methylococcales*. Uppruni hinna tveggja fyrirtnefndu er einkum ofarlega á jarðhitasvæðinu, en sú þriðja kom einkum úr Varmalæk. Tegundirnar úr Vonarskarði hafa flestar fundist áður og hafa sumar þeirra verið ræktaðrar, s.s. *Thiovirga*, *Thiofaba*, *Thiobacillus* og *Acidithiobacillus* en allar þessar tegundir nýta sér brennisteinsefnaskipti eins og nöfn þeirra gefa til kynna. Neðar í trénu innan *Methylococcales* hópsins sést tegund sem var ríkjandi í sýni 743 og er auðkennd með grænni ör. Nánasti ættingi (AM039544) hefur þó aldrei verið ræktaður. Þessi hópur *Methylococcales* inniheldur tegundir sem eru loftháðar, nýta metan og önnur kolefnissambönd sem kolefnisgjafa sér til vaxtar og viðhalds. Nýjar tegundir í þessu tré eru tvær, en aðeins einn fulltrúi af hvorri og er því tekið með fyrirvara.

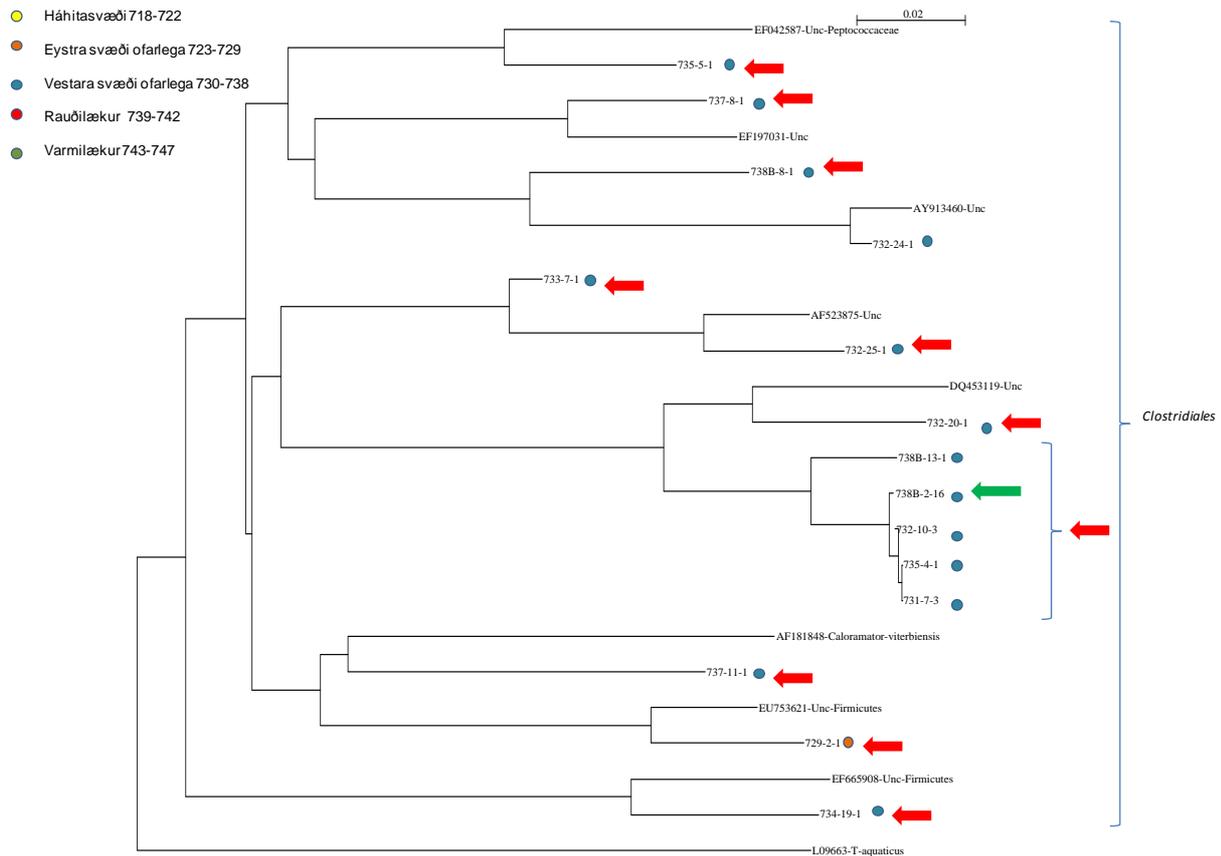


Mynd 42. Skyldleikatré γ -Proteobacteria, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.6 Firmicutes

Firmicutes tegundir sem fundust í sýnunum virðast allar flokkast til *Clostridiales*, sem er hópur sem þolir illa súrefni og er grómyndandi. Allar tegundirnar sem fundust voru upprunnar úr sýnum sem tekin voru ofarlega á jarðhitasvæðinu í Vonarskarði.

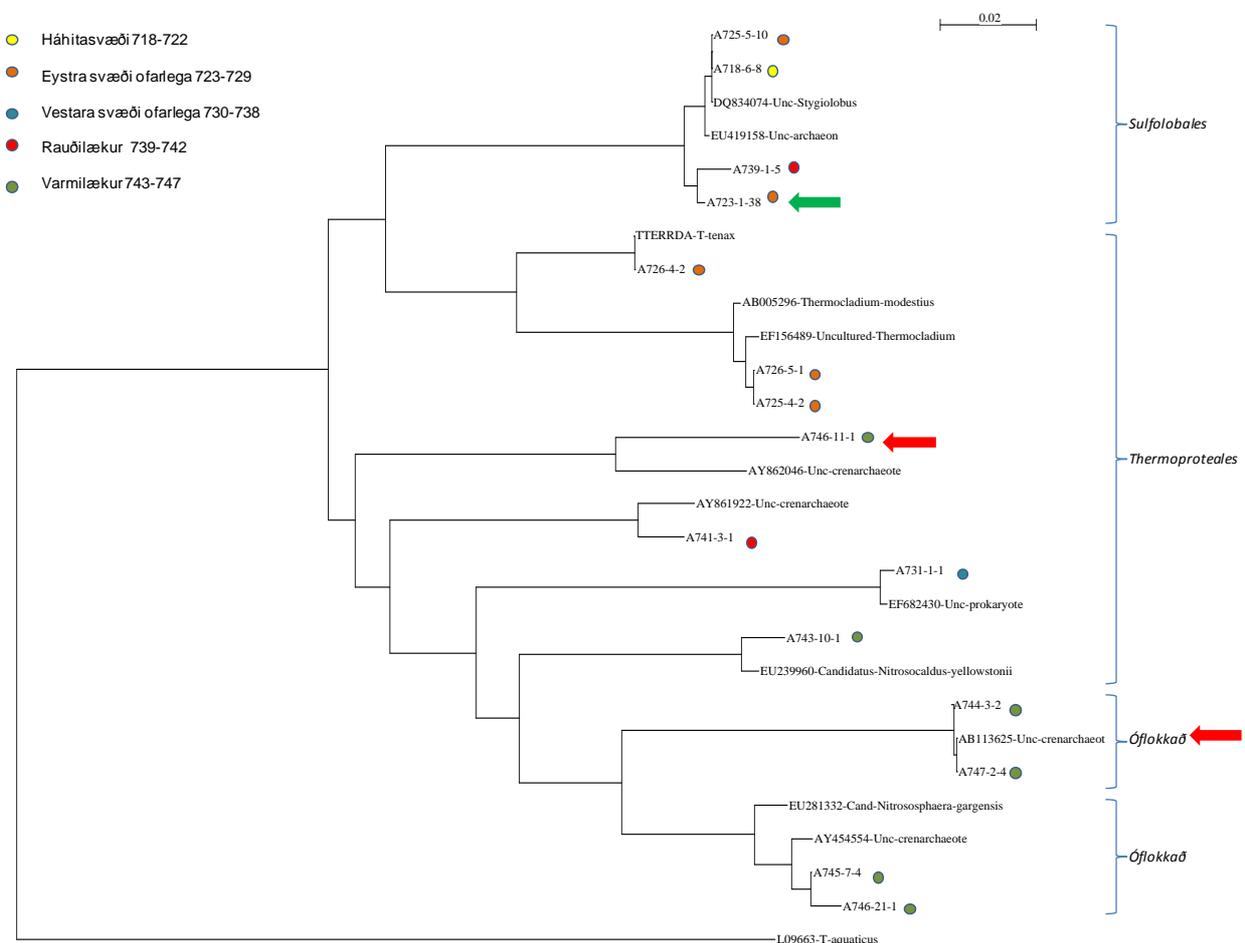
Clostridiales tegundir hafa vakið athygli síðari árin þar sem þær nýta sér járn - og brennisteinssambönd. Fjöl margar nýjar *Clostridiales* tegundir fundust eins og rauðar örvar skyldleikatrésins bera með sér. Ein tegund er þó sérlega áhugaverð þar sem hún myndar þetta grein rétt fyrir neðan miðju trésins. Hún fannst í fjórum sýnum og var ríkjandi í einu þeirra (738b-2-16). Hún á sér aðeins fjarskylda ættingja og er því ný ættkvísl eða ætt hér á ferð.



Mynd 43. Skyldleikatré *Firmicutes*, byggt á samröðun 16S rRNA genaþaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. eftri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

3.5.7 Crenarchaeota

Crenarchaeota hópurinn innan fornbaktería er talinn innihalda elstu lífsform jarðarinnar. Innan hans eru hitakærustu örverur sem þekkjast og hafa flestar fundist eða verið einangraðar úr land- eða neðansjávarhverum. Þær vaxa oft við 80-100°C. Margar tegundir lifa einnig við mjög súrar aðstæður (pH 1-2). Margar tegundir þola lægra hitastig, en ekki hefur tekist að einangra þær og er því lítið vitað um eiginleika þeirra og lífshætti. Innan *Crenarchaeota* finnast fjölbreyttar tegundir bæði frumbjarga og ófrumbjarga, loftháðar og loftfælnar. Margar nýta brennistein eða brennisteinnssambönd í orkuvinnslu. Nokkrar tegundir eru frumframleiðendur lífrænna efna og nýta CO₂ sem kolefnisgjafa og ná í orku með oxun á brennisteini og vetni og afoxun á brennisteini og nitrati. Aðrar nýta lífræn efni sér til vaxtar og viðhalds. Uppruni *Sulfolobales* og *Thermoproteales* tegundanna sem fundust er í flestum tilvikum í hverum ofarlega á jarðhitasvæðinu. Tegundir í neðstu greinum trésins koma hins vegar úr Varmalæk.

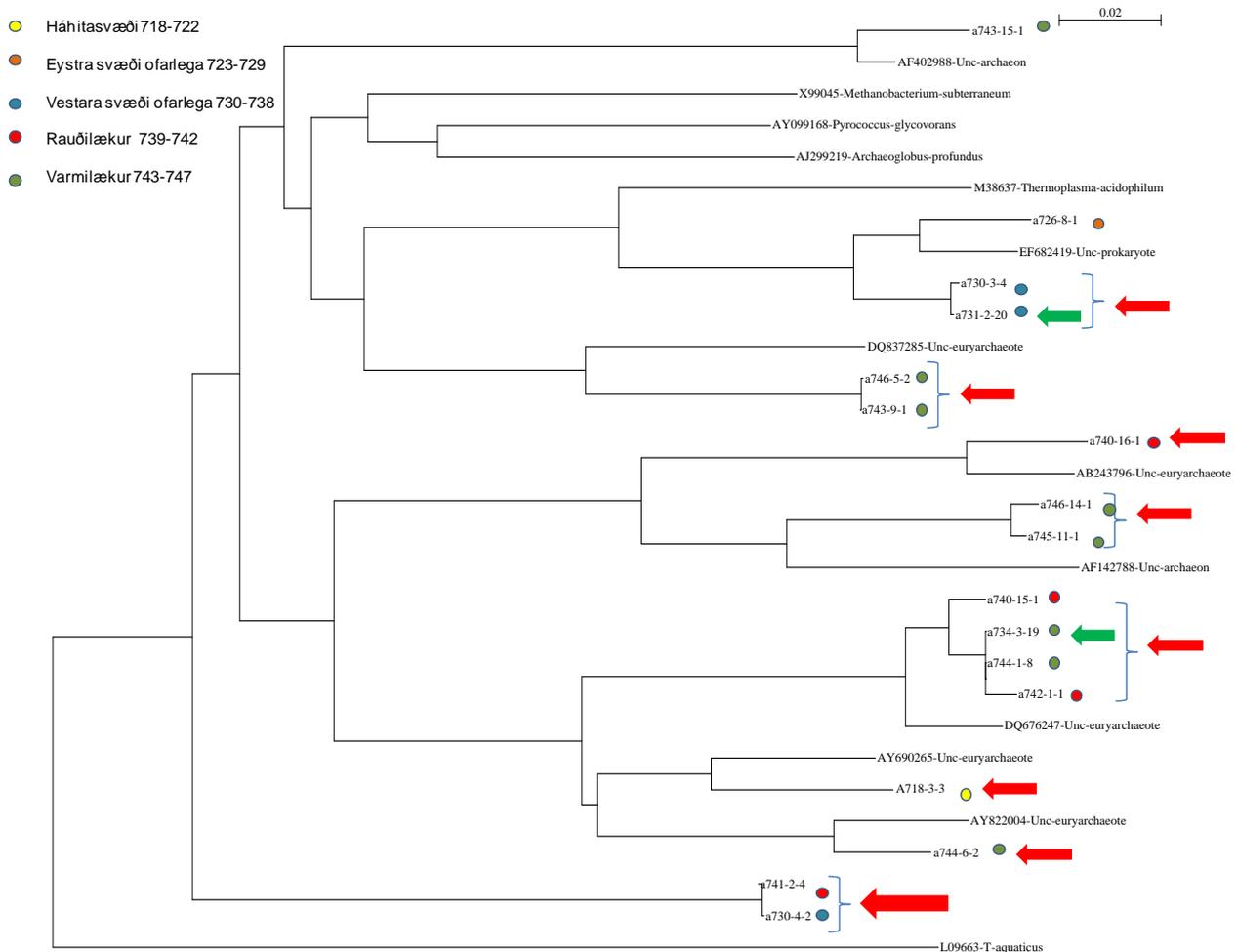


Mynd 44. Skyldleikatré *Crenarchaeota*, byggt á samröðun 16S rRNA genaþaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notað sem útröð.

Flestar tegundirnar sem fundust í Vonarskarði hafa fundist áður, og hafa nokkrar þeirra verið ræktaðar. Efst grein trésins sýnir fulltrúa innan *Sulfolobales* hópsins, sem flestir virðast af ættkvísl *Stygioglobus*. Þarna sést ríkjandi tegund í sýni 723, þ.e. 723-1-38 sem er auðkennd með grænni ör. Tveir hópar neðst í *Crenarchaeota* trénu eru óflokkaðir og hafa aldrei verið ræktaðir. Nokkrar tegundir í úr Vonarskarði lenda þarna í trénu.

3.5.8 Euryarchaeota

Innan ríkis *Euryarchaeota* finnast m.a. halobakteríur sem eru afar saltkærar, metanmyndandi tegundir og hitakærir hópar. Fjölmargir hópar eiga sér engan ræktaðan fulltrúa og endurspeglar skyldleikatréð á mynd 45 þá staðreynd. Hins vegar eiga tegundir sem fundust í Vonarskarði margar hverjar nána ættingja sem hafa þó aldrei verið ræktaðir.



Mynd 45. Skyldleikatré *Euryarchaeota*, byggt á samröðun 16S rRNA genaða úr sýnum úr Vonarskarði og nánustu ættingja í Genbank. Síðasta talan í sýnanúmeri táknar fjölda viðkomandi tegundar í sýninu. “Unc” í tegundanafni þýðir uncultured eða óræktuð. Grænar örvar draga fram að tegundin sé ríkjandi í sýni. Rauðar örvar sýna nýjar tegundir eða ættkvíslir. Stíkan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). 16S rRNA gen *Thermus aquaticus* var notuð sem útröð.

Þær tvær tegundir sem innihalda ríkjandi fornbakteríutegundir í sýnum 731 og 734 (grænar örvar í tré) eru afar sérstakar þar sem þær eiga sér enga nana ættingja hvorki ræktaða né óræktaða. Neðsta grein trésins er afar merkileg þar sem um er að ræða mjög fjarskylda tegund sem fannst í tveimur sýnum í Vonarskarði, þ.e. 741 og 730. Uppruni tegundanna í trénu er nokkuð dreifður, en það vekur athygli að ýmsar þeirra, einkum hinar nýju tegundir koma úr Varmalæk.

3.6 Frumefnamælingar

Frumefnamælingar voru framkvæmdar á fjórum vatnssýnum, þ.e. 726 sem tekið var úr svörtum læk, 729 sem var tekið úr hvítum hver, 737 sem tekið var úr læk þar sem svartur lækur og tær lækur mættust og 738b sem tekið var úr tærum læk. Niðurstöður þessara mælinga sjást í viðauka þessarar skýrslu.

Magnesiumstyrkur (Mg) var umtalsvert lægri í svörtum læk en í hinum sýnunum. Styrkur brennisteins (S) var mjög svipaður á milli sýna. Styrkur mangans (Mn) í sýni 726 úr svörtum læk er aðeins um 25% mældum manganstyrk í hinum sýnunum. Styrkur járns (Fe) er langlægstur í sýni 729 úr hvítum læk. Hann er hins vegar svipaður í hinum sýnunum. Styrkur arsens (As) er langhæstur í sýni 726 úr svörtum læk. Styrkur þess í hinum sýnunum er svipaður.

4. SAMANTEKT

- Í þessari rannsókn voru sýni tekin víða af jarðhitasvæðinu austan Eggju í Vonarskarði. Alls voru tekin 32 sýni úr mismunandi hverum, lækjum og jarðvegi við mismunandi hitastig og sýrustig. Frumefni voru mæld í fjórum vatnssýnum af svæðinu, þar af einu úr sérkennilegum svörtum læk. Samanburður leiddi í ljós að magnesíumstyrkur (Mg) var lægri í svörtum læk en í hinum sýnunum, en styrkur brennisteins (S) var mjög svipaður. Styrkur mangans (Mn) úr svörtum læk var aðeins um 25% mældum manganstyrk í hinum sýnunum. Styrkur járn (Fe) var svipaður í sýnunum sem mæld voru en styrkur arsens (As) var langhæstur í svörtum læk. Hvort og þá hvað af þessu skýrir svartar útfellingar í læknum þarfnast nánari skoðunar.
- Tegundasamsetning baktería og fornbaktería var ákvörðuð í sýnunum með sameinda-líffræðilegum aðferðum. Mögnun á tegundagreinandi geni (16SrRNA) baktería tókst í 24 sýnum af 32 og voru alls greindar 1052 genaþir sem dreifðust á 23 bakteríufylkingar. Algengasta fylkingin var *Aquificae* sem er frumbjarga og algeng í hverum. Ríkjandi tegund í sýnum var oft *Aquificae* tegundin *Sulfurihydrogenibium kristjanssonii*. Frumbjarga og ófrumbjarga *Proteobacteria* tegundir fundust í umtalsverðu magni og var oftast um þekktar tegundir að ræða. Dæmigerðar tegundir Cyanobacteria (*Blágrænar bakteríur*) og *Chloroflexi* fundust í sýnunum. *Firmicutes*, *Bacteroidetes* og *Chlorobi* tegundir fundust einkum í sýnum sem tekin voru við lægri hitastig.
- Mögnun á tegundagreinandi geni (16SrRNA) fornbaktería tókst í 16 sýnum af 32 og voru alls greindar 155 genaþir. Fornbakteríur sem fundust í sýnunum dreifðust á tvo stærstu hópa fornbaktería þ.e. *Crenarcheota* og *Euryarchaeota*.
- Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería í sýnunum var oftast á bilinu $Nt/N_{max} = 1,0-3,0$ sem er dæmigert fyrir jaðarvistkerfi. Í nokkrum tilvikum var hann hærrí, einkum í sýnum þar sem hitastig var tiltölulega lágt og því lífvænlegra fyrir fleiri tegundir. Líffræðilegur fjölbreytileiki fornbaktería í sýnunum var í öllum tilvikum $Nt/N_{max} = 1,0-2,5$. Mat á áreiðanleika greininganna var í flestum tilvikum innan marka og því ásættanlegur.
- Fjölmargar nýjar tegundir og ættkvíslir fundust í sýnunum. Þannig fundust vísbendingar um 52 áður óþekktar bakteríutegundir í Vonarskarði, þar af 11 sem eru að öllum líkindum fulltrúar nýrra ættkvísla. Tíu nýjar fornbakteríutegundir fundust í sýnunum, þar af fimm sem eru fulltrúar nýrra ættkvísla. Lífríki jarðhitasvæðisins í heild verður því að teljast afar fjölbreytt og sérstakt.
- Ræktunartilraunir við mismunandi aðstæður – æti og hitastig – gáfu sjö bakteríutegundir. Mestan áhuga vöktu nokkrir stofnar af nýrri tegund innan ættkvíslar *Sediminibacter* innan fylkingar *Bacteroidetes* sem sýndu aðeins 95% samsvörun í 16SrRNA við nánasta ættingja. Þetta er því ný ræktuð tegund sem bíður þess að verða lýst í vísindarití. Nokkrar *Deinococcus-Thermus* tegundir voru einnig tegundagreindar þ.e. *T. islandicus*, *T. scotoductus* og *Meiothermus ruber*, hin

fyrstnefnda var fyrst einangruð úr sýni úr hver á Torfajökulssvæðinu innan Rammaáætlunar verkefnisins og er einlend á Íslandi; þær tvær síðarnefndu eru vel þekktar í hverum almennt. *Proteobakteríurnar Thermomonas hydrothermalis* og *Tepidimonas ignava* voru ræktaðar upp úr nokkrum sýnum. *Anoxybacillus kualawohkensis*, hitakær tegund af fylkingu *Firmicutes* fannst í einu sýni.

- Tilraunir með mögnun og raðgreiningar á tegundagreinandi geni heilkjörnunga (18SrRNA) upp úr sýnum sem tekin voru við <50°C gáfu ýmsar tegundir krabbadýra, svipudýra, stramenopiles, hjóldýra, bifdýra, amaba, þráðorma, þörungna, sveppa og mosa. Hér var þó einungis um tilraunir að ræða og niðurstöðurnar vísbendingar um heilkjarna tegundir sem kunna að finnast á svæðinu.

HEIMILDIR

- Abulencia, C.B., Wyborski, D.L., Garcia, J.A., Podar, M., Chen, W., Chang, S.H., Chang, H.W., Watson, D., Brodie, E.L., Hazen, T.C. and Keller, M. (2006) Environmental whole-genome amplification to access microbial populations in contaminated sediments. *Appl. Environ. Microbiol.* 72:3291-3301.
- Ackerman, G., Masur, D. and Inskeep, W.P. (2006) Geochemical controls on microbial population distribution at Rainbow and Joseph's Coat hot springs in Yellowstone National Park. Unpublished.
- Aguiar P, Beveridge TJ and Reysenbach AL. 2004. *Sulfurihydrogenibium azorense*, sp. nov., a thermophilic hydrogen-oxidizing microaerophile from terrestrial hot springs in the Azores. *Int J Syst Evol Microbiol* 54 (2004), 33-39
- Ahn, J.H. and Ka, J.O. (2007) Diversity of *Alphaproteobacteria* in Korea. Unpublished.
- Albuquerque, L., Santos, J., Travassos, P., Nobre, M.F., Rainey, F.A., Wait, R., Empadinhas, N., Silva, M.T. and Da Costa, M.S. 2002. *Albidovulum inexpectatum* gen. nov., sp. nov., a Nonphotosynthetic and Slightly Thermophilic Bacterium from a Marine Hot Spring That Is Very Closely Related to Members of the Photosynthetic Genus *Rhodovulum*. *Appl. Environ. Microbiol.* 68 (9), 4266-4273 (2002)
- Alfreider, A. and Vogt, C. (2003) Analysis of bacterial populations in benzene-contaminated groundwater. Unpublished.
- Alves, M.P., Rainey, F.A., Nobre, M.F. and da Costa, M.S. (2003) *Thermomonas hydrothermalis* sp. nov., a new slightly thermophilic gamma-proteobacterium isolated from a hot spring in central Portugal. *Syst. Appl. Microbiol.* 26:70-75.
- Arnett, C.M., Rodriguez, G. and Maloney, S.W. (2008) Analysis of bacterial community diversity in anaerobic fluidized bed bioreactors treating 2,4-dinitroanisole (DNAN) and N-methyl-4-nitroaniline (MNA) using 16S rDNA gene clone libraries. Unpublished.
- Asano, R., Nakai, Y. and Sasaki, T. (2007) *Thiomonas* sp. Isolated from sewerage water from hot spring. Unpublished.
- Axelrood, P.E., Chow, M.L., Radomski, C.C., McDermott, J.M. and Davies, J. (2002) Molecular characterization of bacterial diversity from British Columbia forest soils subjected to disturbance. *Can. J. Microbiol.* 48:655-674.
- Baeseman, J., Walker, J.J., Pace, N.R., Silverstein, J. and Smith, R.L. (2005) Microbial Community Structure in acid-impacted and pristine subalpine stream sediments. Unpublished.
- Balk, M., Altinbas, M., Rijpstra, W.I., Sinninghe Damste, J.S. and Stams, A.J. (2008) *Desulfatirhabdium butyratorans* gen. nov., sp. nov., a butyrate-oxidizing, sulfate-reducing bacterium isolated from an anaerobic bioreactor. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 58:110-115.
- Bedard, D.L., Jerzak, G.V.S., Nuebel, U., Bateson, M.M. and Ward, D.M. (2005) Unexpected 16S rRNA sequence diversity in green sulfur bacteria found in thermal springs. Unpublished.
- Bhattacharya, A. and Chakrabarti, T. (2009) Study of prokaryotic diversity from some selected niches of Western Ghats, India. Unpublished.
- Bohus, V., Szoboszlai, M., Marialigeti, K. and Toth, E.M. (2008) Bacteriological investigations on an industrial cooling water system using cultivation and molecular methods. Unpublished.
- Bonin, A.S. (2004) Unpublished.
- Boomer, S.M., Noll, K.L., Hanson, N.E., Parenteau, M.N. and Dutton, B.E. (2008) Long-term monitoring at two red layer microbial observatory sites. Unpublished.
- Botero, L.M. and McDermott, T.R. (2005) Non-biased priming reverse transcriptase PCR amplification of environmental RNA from Yellowstone National Park. Unpublished.
- Bowman, J.P., Rea, S.M., McCammon, S.A. and McMeekin, T.A. 2000. Diversity and community structure within anoxic sediment from marine salinity meromictic lakes and a coastal meromictic marine basin, Vestfold Hills, Eastern Antarctica. *Environ. Microbiol.* 2 (2), 227-237 (2000)
- Briee, C., Moreira, D. and Lopez-Garcia, P. (2007) Archaeal and bacterial community composition of sediment and plankton from a suboxic freshwater pond. *Res. Microbiol.* 158:213-227.
- Brodie, E.L., Desantis, T.Z., Joyner, D.C., Baek, S.M., Larsen, J.T., Andersen, G.L., Hazen, T.C., Richardson, P.M., Herman, D.J., Tokunaga, T.K., Wan, J.M. and Firestone, M.K. (2006) Application of a high-density oligonucleotide microarray approach to study bacterial population dynamics during uranium reduction and reoxidation. *Appl. Environ. Microbiol.* 72:6288-6298.
- Brofft, J.E., McArthur, J.V. and Shimkets, L.J. (2002) Recovery of novel bacterial diversity from a forested wetland impacted by reject coal. *Environ. Microbiol.* 4:764-769.
- Brown, C.E. and Turner, S.J. (2008) Evidence for the *Comamonadaceae* as determinants of activated sludge settling performance. Unpublished.

- Bryan, C.G., Marchal, M., Battaglia-Brunet, F., Bruneel, O., Kugler, V., Lievreumont, D., Bertin, P.N. and Arsene-Ploetze, F. (2008) Physiological and phylogenetic comparison of several *Thiomonas* spp. Unpublished.
- Busse, I. and Preisfeld, A. 2001. Direct Submission. Submitted (30-JUL-2001)
- Cambon-Bonavita, M., Postec, A., Jean, J., Nadalig, T., Etoubleau, J., Cambon, P., Godfroy, A., Fouquet, Y. and Querellou, J. (2006) Microbial diversity from black smoker samples collected in Rainbow deep sea hydrothermal vent field, Mid Atlantic Ridge : ecological implications. Unpublished.
- Cardenas, E., Wu, W.M., Leigh, M.B., Carley, J., Carroll, S., Gentry, T., Luo, J., Watson, D., Gu, B., Ginder-Vogel, M., Kitanidis, P.K., Jardine, P.M., Zhou, J., Criddle, C.S., Marsh, T.L. and Tiedje, J.M. (2008) Microbial communities in contaminated sediments, associated with bioremediation of uranium to submicromolar levels. *Appl. Environ. Microbiol.* 74:3718-3729.
- Chen, B., Liu, X. and Wen, J. (2008) Evolution of bacteria community in a low-grade copper sulphide bioleaching heap. Unpublished.
- Chen, B., Ma, C., Zhou, S., Bu, H., Li, H., Jiang, S. and Ni, Z. 2008. Biodiversity of Microbes from Yangbajing's Disuse Thermal Vents in Tibet. Unpublished
- Chen, C.L., Macarie, H., Ramirez, I., Olmos, A., Ong, S.L., Monroy, O. and Liu, W.T. 2004. Microbial community structure in a thermophilic anaerobic hybrid reactor degrading terephthalate. *Microbiology (Reading, Engl.)* 150 (PT 10), 3429-3440 (2004)
- Chung, A.P., Rainey, F., Nobre, M.F., Burghardt, J. and da Costa, M.S. 1997. *Meiothermus cerebureus* sp. nov., a new slightly thermophilic species with high levels of 3-hydroxy fatty acids. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 47 (4), 1225-1230 (1997)
- Cichocka, D., Nikolausz, M., Wagner, A. and Nijenhuis, I. (2008) Enrichment of a *Dehalococcoides*-containing culture dechlorinating tetrachloroethene to ethene. Unpublished.
- D'Angelo, E.M. and Nunez, A.E. 2007. Phylogenetic Characterization of Polychlorinated Biphenyl Dechlorinating Consortia Under Different Anaerobic Treatments of Ohio River Sediments. Unpublished
- Dai, Z. and Liu, X. (2007) Bacterial community composition of acid mine drainage in DongChuan copper pyrites, PRC, determined by 16S rRNA gene. Unpublished.
- de la Torre, J.R., Walker, C.B., Ingalls, A.E., Konneke, M. and Stahl, D.A. 2008. Cultivation of a thermophilic ammonia oxidizing archaeon synthesizing crenarchaeol. *Environ. Microbiol.* 10 (3), 810-818 (2008)
- Desai, C., Parikh, R.Y., Shouche, Y.S. and Madamwar, D. 2007. Bacterial community structure of landfill sediments receiving long-term high augmentations of chromium contaminated wastes. Unpublished
- Desai, C., Parikh, R.Y., Vaishnav, T., Shouche, Y.S. and Madamwar, D. 2008. Tracking the influence of long-term chromium pollution on soil bacterial community structures by comparative analyses of 16S rRNA gene phylotypes. *Res. Microbiol.* (2008) In press
- Dicksved, J. (2008) Molecular characterization of the stomach microbiota in patients with gastric cancer and controls. Unpublished.
- Dorador, C., Castillo, G., Witzel, K.P. and Vila, I. 2007. Bacterial diversity in the sediments of a temperate artificial lake, Rapel reservoir. *Rev. Chil. Hist. Nat.* 80, 213-224
- Dryden, S.K., He, Z., Ley, R.E. and Angenent, L.T. (2007) Electricigen Enrichment in a MFC. Unpublished.
- Eder, W. and Huber, R. (2002) New isolates and physiological properties of the *Aquificales* and description of *Thermocrinis albus* sp. nov. *Extremophiles* 6:309-318.
- Ekman, J., Kosonen, M., Jokela, S., Kolari, M., Korhonen, P. and Salkinoja-Salonen, M. 2007. Detection and quantitation of colored deposit-forming *Meiothermus* spp. in paper industry processes and end products. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.* 34 (3), 203-211
- Elshahed, M.S., Youssef, N.H., Sheik, C., Spain, A.M., Najjar, F.Z., Sukharnikov, L.O., Roe, B.A., Schloss, P.D., Davis, J.P. and Krumholz, L.R. (2008a) Phylogenetic diversity and evolutionary relationships between rare and abundant members of the bacterial community in tallgrass prairie soil. Unpublished.
- Elshahed, M.S., Youssef, N.H., Spain, A.M., Sheik, C., Najjar, F.Z., Sukharnikov, L.O., Roe, B.A., Davis, J.P., Schloss, P.D., Bailey, V.L. and Krumholz, L.R. (2008b) Novelty and uniqueness patterns of rare members of the soil biosphere. *Appl. Environ. Microbiol.* 74:5422-5428.
- Enright, A.-M., Collins, G. and O'Flaherty, V. (2006). Microbial community structure of anaerobic granular sludge during low-temperature anaerobic digestion of toluene contaminated wastewater. Unpublished.
- Falk, M.W., Song, K.-G., Matiassek, M.G. and Wuertz, S. (2008) Bacterial community dynamics in replicate membrane bioreactors using terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) analysis. Unpublished.
- Ferrera, I., Longhorn, S., Liu, Y., Preston, D., Banta, A.B. and Reysenbach, A.L. (2007) Diversity of 16S rRNA gene, ITS region and *acIB* gene of the *Aquificales*. Unpublished.

- Ferrera, I., Massana, R., Casamayor, E.O., Balague, V., Sanchez, O., Pedros-Alio, C. and Mas, J. (2004) High-diversity biofilm for the oxidation of sulfide-containing effluents. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 64:726-734.
- Flores, G.E., Liu, Y., Ferrera, I., Beveridge, T.J., and Reysenbach, A.L. (2008) *Sulfurihydrogenibium kristjanssoni* sp. nov., a hydrogen and sulfur-oxidizing thermophile isolated from a terrestrial Icelandic hot spring. *Int J Syst Evol Microbiol* 58 (2008), 1153-1158
- Gaidos, E., Marteinsson, V., Thorsteinsson, T., Johannesson, T., Rafnsson, A., Glazer, B., Lanoil, B., Skidmore, M., Han, S., Miller, M., Rusch, A. and Foo, W. (2008) The microbial community of an anoxic volcanic subglacial lake, Iceland. Unpublished.
- Gao, Z., Tseng, C.H., Pei, Z. and Blaser, M.J. (2007) Molecular analysis of human forearm superficial skin bacterial biota. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 104:2927-2932.
- Garcia-Moyano, A., Gonzalez-Toril, E., Aguilera, A. and Amils, R. (2007) Prokaryotic community composition and ecology of floating macroscopic filaments from an extreme acidic environment, Rio Tinto (SW, Spain). *Syst. Appl. Microbiol.* 30:601-614.
- Gihring, T., Moser, D.P. and Onstott, T.C. (2006) The distribution of microbial taxa in the subsurface water of the Kalahari Shield, South Africa. Unpublished.
- Gomez-Alvarez, V. and Nuesslein, K. (2005) Comparative 16S rRNA gene sequence analysis of microbial communities on recent Hawaiian volcanic deposits (1982, 1979, 1974, 1973, 1971, 1969, 1959, 1921, 1894, 1790 & 1700): Colonization and succession of microbes in extreme environments - Data 2003. Unpublished.
- Gich, F., Garcia-Gil, J. and Overmann, J. 2001. Uncharacterized and phylogenetically diverse members of the green nonsulfur bacteria phylum are indigenous to freshwater lakes. Unpublished
- Hao, C.B., Zhang, H.X., Bai, Z.H., Hu, Q. and Zhang, B.G. (2007) A novel acidophile community populating waste ore deposits at an acid mine drainage site. *J Environ Sci (China)* 19:444-450.
- Hao, C. (2006) Phylogeny of microorganisms populating an acid sediment at an extreme acid mine drainage site. Unpublished.
- Hallberg, K.B., Coupland, K., Kimura, S. and Johnson, D.B. (2006) Macroscopic streamer growths in acidic, metal-rich mine waters in north Wales consist of novel and remarkably simple bacterial communities. *Appl. Environ. Microbiol.* 72:2022-2030.
- Hallberg, K.B. and Johnson, D.B. (2005) Microbiology of a wetland ecosystem constructed to remediate mine drainage from a heavy metal mine. *Sci. Total Environ.* 338:53-66.
- Harris, J.K., De Groote, M.A., Sagel, S.D., Zemanick, E.T., Kapsner, R., Penvari, C., Kaess, H., Deterding, R.R., Accurso, F.J. and Pace, N.R. Molecular identification of bacteria in bronchoalveolar lavage fluid from children with cystic fibrosis. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 104:20529-20533.
- Harris, J.K., Kelley, S.T. and Pace, N.R. 2004 New perspective on uncultured bacterial phylogenetic division OP11. *Appl. Environ. Microbiol.* 70 (2), 845-849 (2004)
- Hatzenpichler, R., Lebedeva, E.V., Spieck, E., Stoecker, K., Richter, A., Daims, H. and Wagner, M. 2008. A moderately thermophilic ammonia-oxidizing crenarchaeote from a hot spring. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 105 (6), 2134-2139 (2008)
- He, J.Z., Zheng, Y. and Zhang, L.M. (2008) Community Structure and Abundance of Methane-Oxidizing Bacteria in an Upland Red Soil under Different Land Uses. Unpublished.
- Henneberger, R.M., Walter, M.R., Bergquist, P.L. and Anitori, R.P. (2008) Microbial diversity and ecology of selected andesitic hydrothermal environments. Unpublished.
- Ho, C.-H. and Liu, S.-M. (2008) Effects of chemical structure and concentration on the pathways and microbial communities during dechlorination of coplanar PCBs in sediment slurries. Unpublished.
- Hobel, C.F., Marteinsson, V.T., Hreggvidsson, G.O. and Kristjansson, J.K. (2005) Investigation of the microbial ecology of intertidal hot springs by using diversity analysis of 16S rRNA and chitinase genes. *Appl. Environ. Microbiol.* 71:2771-2776.
- Hornek, R., Pommerening-Roeser, A., Koops, H.P., Farnleitner, A.H., Kreuzinger, N. and Mach, R.L. (2006) Distribution and characterization of ammonia oxidizing bacteria in a rendering plant activated sludge system. Unpublished.
- Hugenholtz, P., Pitulle, C., Hershberger, K.L. and Pace, N.R. (1988) Novel division level bacterial diversity in a Yellowstone hot spring. *J. Bacteriol.* 180:366-376.
- Ito, T., Sugita, K. and Okabe, S. (2004) Isolation, characterization, and in situ detection of a novel chemolithoautotrophic sulfur-oxidizing bacterium in wastewater biofilms growing under microaerophilic conditions. *Appl. Environ. Microbiol.* 70:3122-3129.
- Itoh, T., Suzuki, K. and Nakase, T. (1998) *Thermocladium modestius* gen. nov., sp. nov., a new genus of rod-shaped, extremely thermophilic crenarchaeote. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 48:879-887.

- Jangid, K., Williams, M.A., Schmidt, T.M., Coleman, D.C. and Whitman, W.B. (2007) Impact of agricultural land management practices on bacterial soil communities in Michigan. Unpublished.
- Jeon, C.O. and Lu, S. 2006. Comparative Analysis of Microbial Communities from Culture-dependent and -independent Approaches in an Anaerobic/Aerobic SBR Reactor. Unpublished
- Jesus, E.C., Marsh, T.L., Tiedje, J.M. and Moreira, F.M.S. (2008) Below-Ground Biodiversity project (BGBD) Land use changes the structure of bacterial communities on western Amazon soils. Unpublished.
- Jin, Q., Giska, J.R., Do, Y. and Banfield, J.F. 2007. Development of a stable microbial consortia capable of degrading complex organic matter. Unpublished
- Johnson, D.B., Okibe, N. and Roberto, F.F. (2003) Novel thermo-acidophilic bacteria isolated from geothermal sites in Yellowstone National Park: physiological and phylogenetic characteristics. Arch. Microbiol. 180:60-68.
- Johnson, D.B., Rolfe, S., Hallberg, K.B. and Iversen, E. (2001) Isolation and phylogenetic characterization of acidophilic microorganisms indigenous to acidic drainage waters at an abandoned Norwegian copper mine. Environ. Microbiol. 3:630-637.
- Kaksonen, A.H., Plumb, J.J., Franzmann, P.D. and Puhakka, J.A. (2004) Simple organic electron donors support diverse sulfate-reducing communities in fluidized-bed reactors treating acidic metal- and sulfate-containing wastewater. FEMS Microbiol. Ecol. 47:279-289.
- Kalyuzhnaya, M.G., Lidstrom, M.E. and Chistoserdova, L. 2008. Real-time detection of actively metabolizing microbes via redox sensing as applied to methylophyllopopulations in Lake Washington. Unpublished
- Kamaruzaman, A.L., Nazamid, S., Nazimah, S.A.H. and Son, R. 2006. Newly isolated thermophilic *Anoxybacillus kualawohkensis* KW 12: A lipase-producing thermophilic bacterium isolated from Malaysian Hot Spring. Unpublished
- Kamimura, K., Okayama, T., Murakami, K. and Sugio, T. (1999) Isolation and characterization of a moderately thermophilic sulfur-oxidizing bacterium. Microbios 99:7-18.
- Kaneko, T., Nakamura, Y., Wolk, C.P., Kuritz, T., Sasamoto, S., Watanabe, A., Iriguchi, M., Ishikawa, A., Kawashima, K., Kimura, T., Kishida, Y., Kohara, M., Matsumoto, M., Matsuno, A., Muraki, A., Nakazaki, N., Shimpo, S., Sugimoto, M., Takazawa, M., Yamada, M., Yasuda, M. and Tabata, S. (2001) Complete genomic sequence of the filamentous nitrogen-fixing cyanobacterium *Anabaena* sp. strain PCC 7120. DNA Res. 8:205-213.
- Kanokratana, P., Chanapan, S., Pootanakit, K. and Eurwilaichitr, L. 2004. Diversity and abundance of Bacteria and Archaea in the Bor Khlueng Hot Spring in Thailand. J. Basic Microbiol. 44 (6), 430-444 (2004)
- Kappler, U. and Hurse, T.J. (2007) Molecular analysis of a biofilm in a phototrophic biological sulfide-removal reactor. Unpublished.
- Kendall, M.M., Wardlaw, G.D., Tang, C.F., Bonin, A.S., Liu, Y. and Valentine, D.L. 2007. Diversity of Archaea in marine sediments from Skan Bay, Alaska, including cultivated methanogens, and description of *Methanogenium boonei* sp. nov. Appl. Environ. Microbiol. 73 (2), 407-414 (2007)
- Keppen, O.I., Tourouva, T.P., Kuznetsov, B.B., Ivanovsky, R.N. and Gorlenko, V.M. 2000. Proposal of *Oscillochloridaceae* fam. nov. on the basis of a phylogenetic analysis of the filamentous anoxygenic phototrophic bacteria, and emended description of *Oscillochloris* and *Oscillochloris trichoides* in comparison with further new isolates. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 50 PT 4, 1529-1537 (2000)
- Kishimoto, N., Kosako, Y., Wakao, N., Tano, T. and Hiraishi, A. (1995) Transfer of *Acidiphilium facilis* and *Acidiphilium aminolytica* to the genus *Acidocella* gen. nov., and emendation of the genus *Acidiphilium*. Syst. Appl. Microbiol. 18:85-91.
- Kolari, M., Nuutinen, J., Rainey, F.A. and Salkinoja-Salonen, M.S. 2003. Colored, moderately thermophilic bacteria in paper-machine biofilms. J. Ind. Microbiol. Biotechnol. 30 (4), 225-238 (2003)
- Korf, S.E., Inskeep, W.P., Macur, R.E., Kozubal, M.A., Taylor, W.P. and Nagy, A. (2007) Microbial population distribution at Norris Geyser Basin in Yellowstone National Park. Unpublished.
- Korf, S.E., Macur, R.E., Nagy, A.M., Taylor, W.P., Kozubal, M.A., Ackerman, G., Masur, D. and Inskeep, W.P. (2006) Geochemical controls on microbial population distribution at Rainbow and Joseph's coat hot springs in Yellowstone National Park. Unpublished.
- Kormas, K.A. and Kontoyanni, V. 2007. Bacterial phylotypes from sediments of Lake Kastoria, Greece. Unpublished
- Kublanov, I.V., Kolganova, T.V. and Bonch-Osmolovskaya, E.A. 2008. *Fervidobacterium cellulolyticum* sp. nov., a novel cellulose-degrading thermophilic bacterium from a Kunashir island hot spring. Unpublished.
- Kulichevskaya, I.S., Guzev, V.S., Gorlenko, V.M., Liesack, W. and Dedysh, S.N. (2006) *Rhodoblastus sphagnicola* sp. nov., a novel acidophilic purple non-sulfur bacterium from Sphagnum peat bog. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 56:1397-1402.
- Lacap, D.C., Barraquio, W. and Pointing, S.B. 2007. Thermophilic microbial mats in a tropical geothermal location display pronounced seasonal changes but appear resilient to stochastic disturbance. Environ. Microbiol. 9 (12), 3065-3076

- Lau, M.C.Y. and Pointing, S.B. (2008) Comparison of bacterial diversity among geographically separated geothermal regions in central Tibet. Unpublished.
- Lehours, A.C., Batisson, I., Guedon, A., Mailhot, G. and Fonty, G. (2007) Preferential carbon sources and ferric iron forms used by Lake Pavin anaerobic bacteria for dissimilatory iron reduction: a culture-dependent approach. Unpublished.
- Leinfelder, W., Jarsch, M. and Bock, A. (1985) The phylogenetic position of the sulfur-dependent archaeobacterium *Thermoproteus tenax*: Sequence of the 16S rRNA gene. *Syst. Appl. Microbiol.* 6:164-170.
- Lesaulnier, C., Papamichail, D., McCorkle, S., Ollivier, B., Skiena, S., Taghavi, S., Zak, D. and van der Lelie, D. (2008) Elevated atmospheric CO₂ affects soil microbial diversity associated with trembling aspen. *Environ. Microbiol.* 10:926-941.
- Li, K., Guan, W., Wei, G., Liu, B., Xu, J., Zhao, L. and Zhang, Y. (2007a) Phylogenetic analysis of intestinal bacteria in the Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*). *J. Appl. Microbiol.* 103:675-682.
- Li, T., Bouchez, T. and Mazeas, L. (2007b) Methanol-assimilating bacteria in anaerobic solid waste digester. Unpublished.
- Li, Y., Yang, R., Lu, Z. and Zhang, L. 2005. Isolation and classification of myxobacteria. Unpublished
- Liang, D.W., Fang, H.H.P. and Zhang, T. (2006) Characterization of microbial community in anaerobic dimethyl phthalate degrading sludge. Unpublished.
- Liao, P.C., Huang, B.H. and Huang, S. (2007) Microbial community composition of the danshui river estuary of northern Taiwan and the practicality of the phylogenetic method in microbial barcoding. *Microb. Ecol.* 54:497-507.
- Liao, P.C., Wang, C.H.T., Huang, B.H., Chen, C.H. and Huang, S. (2005) The microbial community structure of a sulfur spring, Milk Lake in Taiwan and the population genetic structure of the dominant species, *Thiomonas* sp. Unpublished.
- Lin, L.-H., Hall, J., Onstott, T.C., Gihring, T., Sherwood Lollar, B., Boice, E., Pratt, L., Lippmann-Pipke, J. and Bellamy, R.E.S. (2006) Planktonic microbial communities associated with fracture-derived groundwater in a deep gold mine of South Africa. *Geomicrobiol. J.* 23:475-497.
- Liu, X., Chen, B., Wen, J. and Liu, W. (2008) Microbial succession in a pyrite bioleaching reactor. Unpublished.
- Liu, S.Y., Rainey, F.A., Morgan, H.W., Mayer, F. and Wiegel, J. (1996) *Thermoanaerobacterium aotearoense* sp. nov., a slightly acidophilic, anaerobic thermophile isolated from various hot springs in New Zealand and emendation of the genus *Thermoanaerobacterium*. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 46:388-396.
- Lopez-Archilla, A.I., Moreira, D., Velasco, S. and Lopez-Garcia, P. 2007. Archaeal and bacterial community composition of a pristine coastal aquifer in Donana National Park, Spain. *Aquat. Microb. Ecol.* 47, 123-139 (2007)
- Low, A., Schleheck, D., Khou, M., Aagaard, V., Lee, M., Cord-Ruwisch, R. and Manefield, M. (2007) Options for in situ remediation of soil contaminated with a mixture of chlorinated hydrocarbons. Unpublished.
- Lowe, M., Madsen, E.L., Schindler, K., Smith, C., Emrich, S., Robb, F. and Halden, R.U. 2002. Geochemistry and microbial diversity of a trichloroethene-contaminated Superfund site undergoing intrinsic in situ reductive dechlorination. *FEMS Microbiol. Ecol.* 40 (2), 123-134 (2002)
- Lu, J. and Santo Domingo, J.W. (2008) Turkey fecal microbial community structure and functional gene diversity revealed by 16S rRNA gene and metagenomic sequences. Unpublished.
- Lu, Y., Rosencrantz, D., Liesack, W. and Conrad, R. (2006) Structure and activity of bacterial community inhabiting rice roots and the rhizosphere. *Environ. Microbiol.* 8:1351-1360.
- Macalady, J.L., Dattagupta, S., Schaperdoth, I., Jones, D.S., Druschel, G.K. and Eastman, D. (2008) Niche differentiation among sulfur-oxidizing bacterial populations in cave waters. *ISME J* 2:590-601.
- Mannisto, M., Tirola, M. and Haggblom, M.M. (2008) Temperature induced changes in bacterial communities of Arctic tundra soil. Unpublished.
- Martin, E., Kaempfer, P. and Jaeckel, U. (2008) Identification of airborne bacteria in indoor air. Unpublished.
- McMahon, K.D., Dojka, M.A., Pace, N.R., Jenkins, D. and Keasling, J.D. 2002. Microbial community structure of a laboratory scale sequencing batch reactor carrying out enhanced biological phosphorus removal. Unpublished
- Meier, J., Mueller, F.D., Kiesel, B., Wendt-Potthoff, K. and Kleinstueber, S. (2008) Characterization of the sulfate-reducing community enriched during a bioremediation experiment in sediments of acidic mine pit lake 111 (Brandenburg, Germany). Unpublished.
- Meldal, B.H., Debenham, N.J., De Ley, P., De Ley, I.T., Vanfleteren, J.R., Vierstraete, A.R., Bert, W., Borgonie, G., Moens, T., Tyler, P.A., Austen, M.C., Blaxter, M.L., Rogers, A.D. and Lamshead, P.J. 2007. An improved molecular phylogeny of the Nematoda with special emphasis on marine taxa. *Mol. Phylogenet. Evol.* 42 (3), 622-636 (2007)
- Mendez, M.O., Neilson, J.W. and Maier, R.M. 2008. Characterization of a bacterial community in an abandoned semiarid lead-zinc mine tailing site. *Appl. Environ. Microbiol.* 74 (12), 3899-3907

- Menna, P., Binde, D.R. and Hungria, M. (2008) Phylogeny based on ribosomal gene 16S of 54 elite strains used in commercial inoculants in Brazil. Unpublished.
- Mirete, S., Gonzalez de Figueras, C. and Gonzalez-Pastor, J.E. (2007) Novel nickel resistance genes isolated from the metagenome of the Tinto River rhizosphere. Unpublished.
- Miroshnichenko, M.L., Rainey, F.A., Hippe, H., Chernyh, N.A., Kostrikina, N.A. and Bonch-Osmolovskaya, E.A. (1998) *Desulfurella kamchatkensis* sp. nov. and *Desulfurella propionica* sp. nov., new sulfur-respiring thermophilic bacteria from Kamchatka thermal environments. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 48:475-479.
- Mislowack, B.J., Onstott, T.C., Lin, L.H., Rose, G., Ralston, C., Sherwood-Lollar, B., Pfiffner, S.M., Kieft, T. and McCuddy, S. (2005) In situ cultivation of deep subsurface microorganisms in a mafic sill: implications for SLiME's. Unpublished.
- Miura, S. 2006. Isolation and characterization of cyanobacteria from Lichen. Unpublished
- Morales, S., Uribe, L., Weckesser, J., Albertazzi, F., Mora, M. And Sittenfeld, A. 2007. Cyanobacteria from geothermal springs of Costa Rica. Unpublished.
- Moreira, C.; Rainey, F.A.; Nobre, M.F.; da Silva, M.T. and da COSTA, M.S. 2000: *Tepidimonas ignava* gen. nov., sp. nov., a new chemolithoheterotrophic and slightly thermophilic member of the β -*Proteobacteria*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **50**, 735–742.
- Mori, K., Sunamura, M., Yanagawa, K., Ishibashi, J., Miyoshi, Y., Iino, T., Suzuki, K. and Urabe, T. (2008) First cultivation and ecological investigation of a bacterium affiliated with the candidate phylum OP5 from hot springs. *Appl. Environ. Microbiol.* 74:6223-6229.
- Mori, K. and Suzuki, K. (2008) *Thiofaba tepidiphila* gen. nov., sp. nov., a novel obligately chemolithoautotrophic, sulfur-oxidizing bacterium of the Gammaproteobacteria isolated from a hot spring. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 58:1885-1891.
- Moro, I., Di Bella, M., Rascio, N., La Rocca, N. and Andreoli, C. 2007. *Conferva duplisecta* Pollini: rediscovery in Euganean Thermal Springs (Italy) and new assignment to the *Oscillatoria* genus. *Caryologia* 60, 133-136 (2007)
- Nagy, A.M., Korf, S.E., Macur, R.E., Inskip, W.P., Kozubal, M.A., Taylor, W.P. and Ackerman, G.G. (2006) Geochemical controls on microbial population distribution at Rainbow and Joseph's coat hot springs in Yellowstone National Park. Unpublished.
- Nakabachi, A., Ishikawa, H. and Kudo, T. (2003) Extraordinary proliferation of microorganisms in aposymbiotic pea aphids, *Acyrtosiphon pisum*. *J. Invertebr. Pathol.* 82:152-161.
- Narihiro, T., Sekiguchi, Y., Terada, T., Kikuchi, K., Ikeda, M., Yamauchi, T., Shiraishi, K., Kamagata, Y. and Nakamura, K. 2006. Comparative analysis of microbial communities in various upflow anaerobic sludge blanket granular sludges. Unpublished
- Nayak, S.S. and Kale, S.P. 2008. PCR and RFLP analysis of anaerobes of Nisargruna biogas plant. Unpublished
- Nedelkova, M. 2003. Molecular analysis of bacterial communities in ground waters of the deep-well injection site Tomsk-7, Siberia, Russia. Unpublished
- Nemergut, D.R., Anderson, S.P., Cleveland, C.C., Martin, A.P., Miller, A.E., Seimon, A. and Schmidt, S.K. 2007. Microbial community succession in an unvegetated, recently deglaciated soil. *Microb. Ecol.* 53 (1), 110-122 (2007)
- Nickrent, D.L., Parkinson, C.L., Palmer, J.D. and Duff, R.J. (2000) Multigene phylogeny of land plants with special reference to bryophytes and the earliest land plants. *Mol. Biol. Evol.* 17:1885-1895.
- Niu, L., Liu, X. and Dong, X. (2007) A new hydrogen-producing species, *Spirochaeta* sp. HT, isolated from oil field. Unpublished.
- Nogales, B., Moore, E.R., Llobet-Brossa, E., Rossello-Mora, R., Amann, R. and Timmis, K.N. (2001) Combined use of 16S ribosomal DNA and 16S rRNA to study the bacterial community of polychlorinated biphenyl-polluted soil. *Appl. Environ. Microbiol.* 67:1874-1884.
- Noguera, D.R., Yilmaz, L.S., Harrington, G. and Goel, R.C. 2008. (in) IDENTIFICATION OF HETEROTROPHIC BACTERIA THAT COLONIZE CHLORAMINATED DRINKING WATER DISTRIBUTION SYSTEMS. AWWA Research Foundation, 6666 West Quincy Avenue, Denver, CO, USA (2008), In press
- Nunoura, T., Hirayama, H., Takami, H., Oida, H., Nishi, S., Shimamura, S., Suzuki, Y., Inagaki, F., Takai, K., Nealson, K.H. and Horikoshi, K. 2005. Genetic and functional properties of uncultivated thermophilic crenarchaeotes from a subsurface gold mine as revealed by analysis of genome fragments. *Environ. Microbiol.* 7 (12), 1967-1984 (2005)
- Ohene-Adjei, S., Teather, R.M., Penner, G. and Forster, R.J. 2008. Rumen eubacterial 16S rRNA gene analysis implicates the Bacteroidetes as a major particulate phase associated phylum. Unpublished
- Otawa, K., Asano, R. and Nakai, Y. (2008) Microbial community in composting process. Unpublished.
- Pan, L. (2005) Cultivation of uncultivated bacteria in marine sediment Unpublished.

- Papaefthimiou, D., Hrouzek, P., Mugnai, M.A., Lukesova, A., Turicchia, S., Rasmussen, U. and Ventura, S. (2008) Differential patterns of evolution and distribution of the symbiotic behaviour in nostocacean cyanobacteria. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 58:553-564.
- Park, K.S., Bae, H., Park, Y.K. and Jung, J.Y. (2007) Investigation of Microbial communities in the anammox reactor seeded with sewage sludge and anaerobic granule. Sujil Bojeon, In press.
- Piza, F.F., Prado, P.I. and Manfio, G.P. 2003. Molecular diversity of Archaea in tropical estuarine sediments. Unpublished
- Pradhan, S. and Heerden, E. (2008) Bacterial diversity in a South African deep mine (3.6 kmbls) and the assemblage of sulphate-reducers associated with its fissure water. Unpublished.
- Prokofeva, M.I., Kublanov, I.V., Nercessian, O., Tourova, T.P., Kolganova, T.V., Lebedinsky, A.V., Bonch-Osmolovskaya, E.A., Spring, S., Jeanthon, C. (2005). Cultivated anaerobic acidophilic/acidotolerant thermophiles from terrestrial and deep-sea hydrothermal habitats. *Extremophiles* 9:437-448.
- Qin, S., Li, J., Chen, H.-H. and Li, W.-J. (2008). Rare Actinobacteria from medicinal plants of tropical rainforests, Xishuangbanna: isolation, diversity and bioactivity. Unpublished.
- Qiu, Q., Conrad, R. and Lu, Y. 2009. A methane-driven bacterial community succession in rice roots. Unpublished
- Qiu, Y.L., Li, L., Wang, B., Chen, Z., Knoop, V., Groth-Malonek, M., Dombrowska, O., Lee, J., Kent, L., Rest, J., Estabrook, G.F., Hendry, T.A., Taylor, D.W., Testa, C.M., Ambros, M., Crandall-Stotler, B., Duff, R.J., Stech, M., Frey, W., Quandt, D. and Davis, C.C. (2006) The deepest divergences in land plants inferred from phylogenomic evidence *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 103:15511-15516.
- Radajewski, S., Ineson, P., Parekh, N.R. and Murrell, J.C. (2000) Stable-isotope probing as a tool in microbial ecology. *Nature* 403:646-649.
- Rainey, F.A., Silva, J., Nobre, M.F., Silva, M.T. and da Costa, M.S. 2003. *Porphyrobacter cryptus* sp. nov., a novel slightly thermophilic, aerobic, bacteriochlorophyll a-containing species. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 53 (1), 35-41 (2003)
- Ren, G., An, S. and Sun, Q. (2006) 16S rRNA gene obtained from bare acidic copper mine tailings. Unpublished.
- Resendes de Sousa Antonio, M., Finkelstein, D.B., Rollo, D.R., Pratt, L.M. and Bauer, C.E. 2007. Model Environment For Early Earth Harbors Deeply Divergent Divisions. Unpublished
- Rintala, H., Pitkaranta, M., Toivola, M., Paulin, . and Nevalainen, A. (2008) Diversity and seasonal dynamics of bacterial community in indoor environment. *BMC Microbiol.* 8:56.
- Roesch, C., Bruns, J., Mounier, E., Backhausen, S. and Bothe, H. (2005) Bacterial diversity of a German forest soil, as assessed by nifH, nosZ, and SSU clone libraries and tRFLP. Unpublished.
- Roeselers, G., Norris, T.B., Castenholz, R.W., Rysgaard, S., Glud, R.N., Kuhl, M. and Muyzer, G. (2007) Diversity of phototrophic bacteria in microbial mats from Arctic hot springs (Greenland). *Environ. Microbiol.* 9:26-38
- Rojas-Jimenez, K., Del Valle, C., Leon, B., Ulate, W., Albertazzi, F., Heidelberg, K. and Tamayo-Castillo, G. (2007) Study of the diversity of marine microorganisms of Coco's Island based on environmental DNA samples. Unpublished.
- Rowe, O.F., Sanchez-Espana, J., Hallberg, K.B. and Johnson, D.B. (2007) Microbial communities and geochemical dynamics in an extremely acidic, metal-rich stream at an abandoned sulfide mine (Huelva, Spain) underpinned by two functional primary production systems. *Environ. Microbiol.* 9:1761-1771.
- Sadaie, T., Sadaie, A., Takada, M., Hamano, K., Ohnishi, J., Ohta, N., Matsumoto, K. and Sadaie, Y. 2007. Reducing sludge production and the domination of comamonadaceae by reducing the oxygen supply in the wastewater treatment procedure of a food-processing factory. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 71 (3), 791-799 (2007)
- Sait, M., Hugenholtz, P. and Janssen, P.H. (2002) Cultivation of globally distributed soil bacteria from phylogenetic lineages previously only detected in cultivation-independent surveys. *Environ. Microbiol.* 4:654-666.
- Sakai, S., Imachi, H., Sekiguchi, Y., Ohashi, A., Harada, H. and Kamagata, Y. 2007. Isolation of key methanogens for global methane emission from rice paddy fields: a novel isolate affiliated with the clone cluster rice cluster I. *Appl. Environ. Microbiol.* 73 (13), 4326-4331
- Santelli, C.M., Orcutt, B.N., Banning, E., Bach, W., Moyer, C.L., Sogin, M.L., Staudigel, H. and Edwards, K.J. (2008) Abundance and diversity of microbial life in ocean crust. *Nature* 453:653-656.
- Santos, F., Playa, A., Nogales, B., Soria, E., Garcia del Cura, M.A., Gonzalez-Martin, J.A. and Anton, J. (2008) Bacterial diversity in modern freshwater stromatolites from Ruidera Pools Natural Park, Spain. Unpublished.
- Satchanska, G., Flemming, K. and Selenska-Pobell, S. 2003. Comparative molecular analysis of bacterial diversity in soilsamples of uranium wastes by using different 16S rDNA amplification primer pairs. Unpublished

- Sattley, W.M., Madigan, M.T., Swingley, W.D., Cheung, P.C., Clocksin, K.M., Conrad, A.L., Dejesa, L.C., Honchak, B.M., Jung, D.O., Karbach, L.E., Kurdoglu, A., Lahiri, S., Mastrian, S.D., Page, L.E., Taylor, H.L., Wang, Z.T., Raymond, J., Chen, M., Blankenship, R.E. and Touchman, J.W. (2008) The genome of *Heliobacterium modesticaldum*, a phototrophic representative of the *Firmicutes* containing the simplest photosynthetic apparatus. *J. Bacteriol.* 190:4687-4696.
- Sekar, R., Kaczmarek, L.T. and Richardson, L.L. 2006. Microbial community composition of black band disease microbial mats on *Siderastrea siderea* from three regions of the wider Caribbean. Unpublished
- Seyfried, M., Lyon, D., Rainey, F.A. and Wiegel, J. (2002) *Caloramator viterbensis* sp. nov., a novel thermophilic, glycerol-fermenting bacterium isolated from a hot spring in Italy. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 52:1177-1184.
- Shaw, A.K., Halpern, A.L., Beeson, K., Tran, B., Venter, J.C. and Martiny, J.B. (2008) It's all relative: ranking the diversity of aquatic bacterial communities. *Environ. Microbiol.* 10: 2200-2210.
- She, Y.H. and Zhang, X.M. (2007) Microbial diversity in production waters of a Daqing oil field. Unpublished.
- Shivaji, S., Pratibha, M.S., Ashish Kumar, S. and Hara Kishore, K. (2008) Microbial diversity of environmental soil sample from Kafni glacier in the Himalayas. Unpublished.
- Siegesmund, M.A., Johansen, J.R., Karsten, U. and Friedl, T. 2008. COLEOFASCICULUS GEN. NOV. (CYANOBACTERIA): MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CRITERIA FOR REVISION OF THE GENUS MICROCOLEUS GOMONT. *J. Phycol.* 44 (6), 1572-1585 (2008)
- Sihvonen, L.M., Lyra, C., Fewer, D.P., Rajaniemi-Wacklin, P., Lehtimäki, J.M., Wahlsten, M. and Sivonen, K. (2007) Strains of the cyanobacterial genera *Calothrix* and *Rivularia* isolated from the Baltic Sea display cryptic diversity and are distantly related to *Gloeotrichia* and *Tolypothrix*. *FEMS Microbiol. Ecol.* 61:74-84.
- Skirnisdóttir, S., Hreggvidsson, G.O., Hjorleifsdóttir, S., Marteinson, V.T., Petursdóttir, S.K., Holst, O. and Kristjansson, J.K. (2000) Influence of sulfide and temperature on species composition and community structure of hot spring microbial mats. *Appl. Environ. Microbiol.* 66:2835-2841.
- Skirnisdóttir, S., Hreggvidsson, G.O., Holst, O. and Kristjansson, J.K. A new ecological adaptation to high sulfide by a *Hydrogenobacter* sp. growing on sulfur compounds but not on hydrogen. *Microbiol. Res.* 156 (1), 41-47 (2001)
- Slapeta, J., Moreira, D. and Lopez-Garcia, P. 2005. The extent of protist diversity: insights from molecular ecology of freshwater eukaryotes. *Proc. R. Soc. Lond., B, Biol. Sci.* 272 (1576), 2073-2081 (2005)
- Spanevello, M.D. and Patel, B.K.C. 2001. Phylogenetic characterization of microbial communities from Australia's Great Artesian Basin. Unpublished.
- Spear, J.R., Walker, J.J., McCollom, T.M. and Pace, N.R. (2005) Hydrogen and bioenergetics in the Yellowstone geothermal ecosystem. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 102:2555-2560.
- Spear, J.R., Walker, J.J., McCollom, T.M. and Pace, N.R. (2004) Unpublished.
- Spear, J.R., Barton, H.A., Robertson, C.E., Francis, C.A. and Pace, N.R. 2007. Microbial community biofabrics in a geothermal mine adit. *Appl. Environ. Microbiol.* 73 (19), 6172-6180 (2007)
- Stott, M.B., Crowe, M.A., Mountain, B.W., Smirnova, A.V., Hou, S., Alam, M. and Dunfield, P.F. (2008) Isolation of novel bacteria, including a candidate division, from geothermal soils in New Zealand. *Environ. Microbiol.* 10:2030-2041
- Sunna, A. and Bergquist, P.L. 2003. A gene encoding a novel extremely thermostable 1,4-beta-xylanase isolated directly from an environmental DNA sample. *Extremophiles* 7 (1), 63-70 (2003)
- Taeubel, M., Rintala, H., Pitkaeranta, M., Paulin, L., Laitinen, Pekkanen, J., Hyvaerinen, A. and Nevalainen, A. (2008) The occupant as a source of house dust bacteria. Unpublished.
- Takai, K., Gamo, T., Tsunogai, U., Nakayama, N., Hirayama, H., Nealson, K.H. and Horikoshi, K. (2005) Evidence of a hydrogen-based, hyperthermophilic subsurface lithoautotrophic microbial ecosystem (HyperSLiME) beneath an active deep-sea hydrothermal field. Unpublished.
- Takashima, C., Kano, A., Naganuma, T. and Tazaki, K. (2008) Laminated iron texture by iron-oxidizing bacteria in an calcite travertine. Unpublished.
- Tarlera, S., Jangid, K., Ivester, A.H., Whitman, W.B. and Williams, M.A. (2008) Microbial community succession and bacterial diversity in soils during 77 000 years of ecosystem development. *FEMS Microbiol. Ecol.* 64:129-140.
- Tomaras, J., Sahl, J.W., Siegrist, R.L. and Spear, J.R. (2008) Microbial diversity of septic tank effluent and the soil biozone. Unpublished.
- Turmel, M., Ehara, M., Otis, C. and Lemieux, C. (2002) Phylogenetic relationships among streptophytes as inferred from chloroplast small and large subunit rRNA gene sequences. *J. Phycol.* 38:364-375.
- Ueda, K., Tagami, Y., Kamihara, Y., Shiratori, H., Takano, H. and Beppu, T. (2008) Isolation of bacteria whose growth is dependent on high levels of CO₂ and implications of their potential diversity. *Appl. Environ. Microbiol.* 74:4535-4538.

- Val-Moraes,S.P., Pereira,R.M., Silveira,E.L., Scaquitto,D.C.,Pedrinho,E.A.N., Carareto-Alves,L.M., Lemos,E.G.M. and Valarini,M.J.2004. Metagenomic approach to characterize bacteria isolated from suppressive and conducive soils to *Rhizoctonia solani*. Unpublished
- Vaneechoutte, M., Kampfer, P., De Baere, T., Avesani, V., Janssens, M. and Wauters, G. (2007) *Chryseobacterium hominis* sp. nov., to accommodate clinical isolates biochemically similar to CDC groups II-h and II-c. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57:2623-2628.
- Vesteinsdottir,H., Reynisdottir,D.B. and Orlygsson,J. 2008. *Thiomonas islandicus* sp. nov., a novel moderate thermophilic sulfur oxidizing bacterium isolated from Icelandic geothermal hot spring. Unpublished
- von Wintzingerode,F., Selent,B., Hegemann,W. and Gobel,U.B.1999. Phylogenetic analysis of an anaerobic, trichlorobenzene-transforming microbial consortium. *Appl. Environ. Microbiol.* 65 (1), 283-286 (1999)
- Walker, J.J. and Pace, N.R. (2007) Phylogenetic composition of rocky mountain endolithic microbial ecosystems. *Appl. Environ. Microbiol.* 73:3497-3504.
- Wang, J., Wu, Y., Jiang, H., Li, C., Dong, H., Wu, Q., Soininen, J. and Shen,J. (2008). High beta diversity of bacteria in the shallow terrestrial subsurface. *Environ. Microbiol.* 10:2537-2549.
- Wang, Z., Zhang, Y. and Yang, M. (2007) Bacterial community dynamics of aerobic activated sludge during different produced water treatment. Unpublished.
- Watanabe, K., Watanabe, K., Kodama, Y., Syutsubo, K. and Harayama, S. (2000) Molecular characterization of bacterial populations in petroleum-contaminated groundwater discharged from underground crude oil storage cavities. *Appl. Environ. Microbiol.* 66:4803-4809.
- Weidler,G.W., Gerbl,F.W. and Stan-Lotter,H. 2007. Diversity of Acidobacteria and Planctomycetes in a subsurface radioactive thermal mineral spring in the Central Alps, Austria. Unpublished
- Weidler,G.W., Dornmayr-Pfaffenhuemer,M., Gerbl,F.W., Heinen,W. And Stan-Lotter,H. 2007. Communities of Archaea and Bacteria in a Subsurface Radioactive Thermal Spring in the Austrian Central Alps, and Evidence of Ammonia-Oxidizing Crenarchaeota. *Appl. Environ. Microbiol.* 73 (1), 259-270 (2007)
- Williams, M.M. and Santo Domingo, J.W. (2008) Population diversity in model drinking water biofilms receiving chlorine or monochloramine residual. Unpublished.
- Wilson, M.S., Siering, P.L., White, C.L., Hauser, M.E. and Bartles, A.N. (2008) Novel archaea and bacteria dominate stable microbial communities in North America's largest hot spring. *Microb. Ecol.*:292-305.
- Wind, T., Stubner, S. and Conrad, R. (1999) Sulfate reducing bacteria in rice field soil and on rice roots. Unpublished.
- Winderl, C., Anneser, B., Griebler, C., Meckenstock, R.U. and Lueders, T. (2008) Depth-resolved quantification of anaerobic toluene degraders and aquifer microbial community patterns in distinct redox zones of a tar oil contaminant plume. *Appl. Environ. Microbiol.* 74:792-801.
- Wu,Z. and Du,C.2007. Bacterial diversity in activated sludge from a consecutively aerated submerged membrane bioreactor treating domestic wastewater. Unpublished
- Xin,Y. and Zhou,Y.2005. Polyprosthecobacterium yinchuanense AS 1.3820 16S rRNA gene sequence. Unpublished
- Xu, H., Broersma, K., Miao, V. and Davies, J. (2008) Identification of class 1 and class 2 integrons in multidrug resistance gram-negative bacteria isolated from the Salmon River, British Columbia. Unpublished.
- Yin, H., Cao, L., Xie, M., Chen, Q., Qiu, G., Zhou, J., Wu, L., Wang, D. and Liu, X. (2008) Bacterial diversity based on 16S rRNA and *gyrB* genes at Yinshan mine, China. *Syst. Appl. Microbiol.* 31:302-311.
- Yoshida, H., Yamamoto, K., Amano, Y., Takeuchi, M., Naganuma, T. and Matsuoka, K. (2006) Biogenic Fe-oxyhydroxides nodules (takashiko) encrusted iron-oxide bacteria in reducing sediments. Unpublished.
- Young, A.J., Gillings, M.R. and Brumbley, S.M. (2007) Specific oligonucleotide primers for the detection and differentiation of bacterial strains from the genus *Leifsonia*. Unpublished.
- Yu, N., Zhao, M. and Chen, L. (2004) Preliminary Study on Phylogenetic Relationships of Cypridocopina (Ostracoda: Podocopida) Based on 18S rDNA Sequences. *Huadong Shifan Daxue Xuebao*. In press.
- Yurkov,V.V., Krieger,S., Stackebrandt,E. and Beatty,J.T.1999. *Citromicrobium bathyomarinum*, a novel aerobic bacterium isolated from deep-sea hydrothermal vent plume waters that contains photosynthetic pigment-protein complexes. *J. Bacteriol.* 181 (15), 4517-4525 (1999)
- Zhang,J., Dong,N., Yu,H. and Yu,L. 2008. Bacterial diversity of rice paddy field soil from China, Ningxia. Unpublished
- Zheng,D., Zhang,Z. and Yang,K. (2007) Population diversity of rhizosphere bacteria from golden pear. Unpublished.

VIÐAUKI - FRUMEFNAMÆLINGAR

Frumefnamælingar, þar sem styrkur 72 frumefna var áætlaður, var gerður á 4 vökvásýnum úr Vonarskarði og kranavatn haft til samanbuðrar. Skekkjumörk miðast við 25%. Niðurstöður úr þessum mælingum fylgja í töflum hér á eftir. Gildin í töflunum sýna meðaltöl þriggja mælinga.

Tafla 30. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 726 – svörtum læk.

Water (code:726)			MATÍS tap water		Water (code:726)			MATÍS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	5,3	µg/l	44,3	ng/l	Sn	14,3	ng/l	2,1	ng/l
Be	21,3	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	21,7	µg/l	3,4	ng/l
B	837	µg/l	2,1	µg/l	Te	<86	ng/l	<21	ng/l
C	17,7	mg/l	5,8	mg/l	I	7,1	µg/l	193	ng/l
Na	66,3	mg/l	4,6	mg/l	Cs	160	ng/l	0,8	ng/l
Mg	317	µg/l	367	µg/l	Ba	3,9	µg/l	52,3	ng/l
Al	1,1	mg/l	5,7	µg/l	La	0,5	µg/l	3,1	ng/l
P	21,7	µg/l	8,9	µg/l	Ce	1,1	µg/l	2,1	ng/l
S	22,0	mg/l	1,1	mg/l	Pr	130	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	42,3	mg/l	4,1	mg/l	Nd	0,6	µg/l	<1,6	ng/l
K	1,2	mg/l	100	µg/l	Sm	153,3	ng/l	<2	ng/l
Sc	12,3	µg/l	0,9	µg/l	Eu	39,3	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	8,1	µg/l	547	ng/l	Gd	207	ng/l	<1,8	ng/l
V	3,3	µg/l	4,2	µg/l	Tb	38,0	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	15,0	µg/l	0,3	µg/l	Dy	217	ng/l	<1,2	ng/l
Fe	2,9	mg/l	28,7	µg/l	Ho	44,3	ng/l	<0,32	ng/l
Co	3,9	µg/l	7,2	ng/l	Er	123	ng/l	<0,96	ng/l
Ni	5,3	µg/l	67,7	ng/l	Tm	18,0	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	9,5	µg/l	107	ng/l	Yb	110	ng/l	<1,4	ng/l
Zn	6,3	µg/l	14,0	µg/l	Lu	16,0	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	3,7	µg/l	110	ng/l	Hf	<4,8	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	10,0	µg/l	24,0	ng/l	Ta	<1,5	ng/l	<0,38	ng/l
As	73,0	µg/l	30,7	ng/l	W	3,8	ng/l	10,7	ng/l
Se	0,9	µg/l	173	ng/l	Re	<4,2	ng/l	<1	ng/l
Br	283	µg/l	17,7	µg/l	Os	<8,9	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	16,3	µg/l	173	ng/l	Ir	<3,1	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	4,1	µg/l	1,5	µg/l	Pt	11,8	ng/l	<2,1	ng/l
Y	0,8	µg/l	0,7	ng/l	Au	197	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	73,0	ng/l	1,7	ng/l	Hg	250	ng/l	18,7	ng/l
Nb	<1,4	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	16,4	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	767	ng/l	23,0	ng/l	Pb	253	ng/l	14,0	ng/l
Ru	<7,9	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	2,7	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	<1,4	ng/l	<0,3	ng/l	Th	123	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	26,0	ng/l	2,8	ng/l	U	133	ng/l	7,7	ng/l
Ag	450	ng/l	123	ng/l	Si	38,7	mg/l	2,4	mg/l
Cd	33,3	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	0,4	mg/l	0,8	mg/l

* Concentration reported here is the mean value of 3 replications.

** Results are expressed in different units (mg/l, µg/l, or ng/l).

Note: Ca, Pd in the sample 726 (M-08-3360) reported as oxide and Mg as hydride. Ni & Se in the Matís tap water reported as oxide. SR, Reykjavík. 06th. of October 2008.

Tafla 31. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 729

Water (code:729)			MATIS tap water		Water (code:729)			MATIS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	10,3	µg/l	44,3	ng/l	Sn	4,1	ng/l	2,1	ng/l
Be	<5,6	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	16,3	ng/l	3,4	ng/l
B	3,5	µg/l	2,1	µg/l	Te	<43	ng/l	<21	ng/l
C	12,3	mg/l	5,8	mg/l	I	220	ng/l	193	ng/l
Na	20,0	mg/l	4,6	mg/l	Cs	180	ng/l	0,8	ng/l
Mg	2,2	mg/l	367	µg/l	Ba	15,0	µg/l	52,3	ng/l
Al	5,3	µg/l	5,7	µg/l	La	8,8	ng/l	3,1	ng/l
P	20,3	µg/l	8,9	µg/l	Ce	16,3	ng/l	2,1	ng/l
S	26,0	mg/l	1,1	mg/l	Pr	2,2	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	0,7	mg/l	4,1	mg/l	Nd	10,7	ng/l	<1,6	ng/l
K	2,3	mg/l	100	µg/l	Sm	<4,0	ng/l	<2	ng/l
Sc	9,2	µg/l	0,9	µg/l	Eu	5,1	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	5,6	µg/l	547	ng/l	Gd	<3,6	ng/l	<1,8	ng/l
V	167	ng/l	4,2	µg/l	Tb	0,8	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	68,0	µg/l	0,3	µg/l	Dy	5,0	ng/l	<1,2	ng/l
Fe	46,0	µg/l	28,7	µg/l	Ho	1,1	ng/l	<0,32	ng/l
Co	93,3	ng/l	7,2	ng/l	Er	3,2	ng/l	<0,96	ng/l
Ni	253	ng/l	67,7	ng/l	Tm	<0,64	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	173	ng/l	107	ng/l	Yb	<2,9	ng/l	<1,4	ng/l
Zn	0,7	µg/l	14,0	µg/l	Lu	<0,67	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	550	ng/l	110	ng/l	Hf	<2,4	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	0,8	µg/l	24,0	ng/l	Ta	<0,76	ng/l	<0,38	ng/l
As	187	ng/l	30,7	ng/l	W	45,3	ng/l	10,7	ng/l
Se	190	ng/l	173	ng/l	Re	<2,1	ng/l	<1	ng/l
Br	4,5	µg/l	17,7	µg/l	Os	<4,4	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	11,3	µg/l	173	ng/l	Ir	<1,5	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	22,3	µg/l	1,5	µg/l	Pt	<4,2	ng/l	<2,1	ng/l
Y	30,7	ng/l	0,7	ng/l	Au	<2,7	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	3,2	ng/l	1,7	ng/l	Hg	17,3	ng/l	18,7	ng/l
Nb	<0,73	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	<1,3	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	5,7	ng/l	23,0	ng/l	Pb	41,3	ng/l	14,0	ng/l
Ru	<3,9	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	1,5	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	<0,7	ng/l	<0,3	ng/l	Th	<1	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	15,0	ng/l	2,8	ng/l	U	<1	ng/l	7,7	ng/l
Ag	220	ng/l	123	ng/l	Si	30,7	mg/l	2,4	mg/l
Cd	<7,5	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	3,7	mg/l	0,8	mg/l

* Concentration reported here is the mean value of 3 replications.

** Results are expressed in different units (mg/l, µg/l, or ng/l).

Note: Ni, Cu in the sample 729 (M-08-3364) reported as oxide and Zr as dimer. Ni & Se in the Matís tap water reported as oxide. SR, Reykjavík. 06th. of October 2008.

Tafla 32. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 737

Water (code:737)			MATÍS tap water		Water (code:737)			MATÍS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	2,8	µg/l	44,3	ng/l	Sn	11,7	ng/l	2,1	ng/l
Be	55,7	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	223	ng/l	3,4	ng/l
B	56,3	µg/l	2,1	µg/l	Te	<21	ng/l	<21	ng/l
C	12,3	mg/l	5,8	mg/l	I	963	ng/l	193	ng/l
Na	12,7	mg/l	4,6	mg/l	Cs	116,7	ng/l	0,8	ng/l
Mg	1,3	mg/l	367	µg/l	Ba	10,0	µg/l	52,3	ng/l
Al	1,6	mg/l	5,7	µg/l	La	580	ng/l	3,1	ng/l
P	28,3	µg/l	8,9	µg/l	Ce	1,5	µg/l	2,1	ng/l
S	24,0	mg/l	1,1	mg/l	Pr	203	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	4,7	mg/l	4,1	mg/l	Nd	1,1	µg/l	<1,6	ng/l
K	1,6	mg/l	100	µg/l	Sm	293	ng/l	<2	ng/l
Sc	7,0	µg/l	0,9	µg/l	Eu	86,7	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	6,0	µg/l	547	ng/l	Gd	370	ng/l	<1,8	ng/l
V	3,4	µg/l	4,2	µg/l	Tb	68,0	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	73,3	µg/l	0,3	µg/l	Dy	447	ng/l	<1,2	ng/l
Fe	3,0	mg/l	28,7	µg/l	Ho	95,7	ng/l	<0,32	ng/l
Co	2,4	µg/l	7,2	ng/l	Er	277	ng/l	<0,96	ng/l
Ni	2,8	µg/l	67,7	ng/l	Tm	38,7	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	3,8	µg/l	107	ng/l	Yb	240	ng/l	<1,4	ng/l
Zn	8,2	µg/l	14,0	µg/l	Lu	40,7	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	753	ng/l	110	ng/l	Hf	<6,0	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	1,8	µg/l	24,0	ng/l	Ta	<1,9	ng/l	<0,38	ng/l
As	1,8	µg/l	30,7	ng/l	W	62,0	ng/l	10,7	ng/l
Se	610	ng/l	173	ng/l	Re	<3,1	ng/l	<1	ng/l
Br	31,7	µg/l	17,7	µg/l	Os	<2,2	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	9,0	µg/l	173	ng/l	Ir	<2,3	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	10,0	µg/l	1,5	µg/l	Pt	<6,3	ng/l	<2,1	ng/l
Y	1,7	µg/l	0,7	ng/l	Au	<4,1	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	22,7	ng/l	1,7	ng/l	Hg	46,0	ng/l	18,7	ng/l
Nb	<1,8	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	5,7	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	13,7	ng/l	23,0	ng/l	Pb	137	ng/l	14,0	ng/l
Ru	<1,9	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	4,1	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	<1,7	ng/l	<0,3	ng/l	Th	8,8	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	54,3	ng/l	2,8	ng/l	U	54,3	ng/l	7,7	ng/l
Ag	587	ng/l	123	ng/l	Si	21,0	mg/l	2,4	mg/l
Cd	21,0	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	1,5	mg/l	0,8	mg/l

* Concentration reported here is the mean value of 3 replications.

** Results are expressed in different units (mg/l, µg/l, or ng/l).

Note: Ca, Ni, Se, Mo, Pd in the sample 737 (M-08-3365) reported as oxide and Zr as hydride.

Ni & Se in the Matís tap water reported as oxide. SR, Reykjavík. 06th. of October 2008.

Tafla 33. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 738b

Water (code:738B)			MATÍS tap water		Water (code:738B)			MATÍS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	2,9	µg/l	44,3	ng/l	Sn	14,3	ng/l	2,1	ng/l
Be	62,0	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	620	ng/l	3,4	ng/l
B	81,3	µg/l	2,1	µg/l	Te	<120	ng/l	<21	ng/l
C	15,3	mg/l	5,8	mg/l	I	1,3	µg/l	193	ng/l
Na	14,7	mg/l	4,6	mg/l	Cs	117	ng/l	0,8	ng/l
Mg	1,3	mg/l	367	µg/l	Ba	9,9	µg/l	52,3	ng/l
Al	1,4	mg/l	5,7	µg/l	La	530	ng/l	3,1	ng/l
P	32,7	µg/l	8,9	µg/l	Ce	1,4	µg/l	2,1	ng/l
S	23,7	mg/l	1,1	mg/l	Pr	190	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	6,0	mg/l	4,1	mg/l	Nd	963	ng/l	<1,6	ng/l
K	1,6	mg/l	100	µg/l	Sm	270	ng/l	<2	ng/l
Sc	7,2	µg/l	0,9	µg/l	Eu	76,3	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	5,9	µg/l	547	ng/l	Gd	347	ng/l	<1,8	ng/l
V	2,9	µg/l	4,2	µg/l	Tb	64,3	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	73,3	µg/l	0,3	µg/l	Dy	380	ng/l	<1,2	ng/l
Fe	2,7	mg/l	28,7	µg/l	Ho	85,0	ng/l	<0,32	ng/l
Co	2,1	µg/l	7,2	ng/l	Er	247	ng/l	<0,96	ng/l
Ni	2,6	µg/l	67,7	ng/l	Tm	35,7	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	3,8	µg/l	107	ng/l	Yb	240	ng/l	<1,4	ng/l
Zn	6,3	µg/l	14,0	µg/l	Lu	33,0	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	837	ng/l	110	ng/l	Hf	<7,2	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	2,2	µg/l	24,0	ng/l	Ta	<2,2	ng/l	<0,38	ng/l
As	3,8	µg/l	30,7	ng/l	W	103	ng/l	10,7	ng/l
Se	680	ng/l	173	ng/l	Re	<6,3	ng/l	<1	ng/l
Br	44,7	µg/l	17,7	µg/l	Os	<13	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	9,3	µg/l	173	ng/l	Ir	<4,7	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	9,6	µg/l	1,5	µg/l	Pt	<12	ng/l	<2,1	ng/l
Y	1,6	µg/l	0,7	ng/l	Au	<8,2	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	23,0	ng/l	1,7	ng/l	Hg	56,0	ng/l	18,7	ng/l
Nb	<2,2	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	<6,5	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	19,3	ng/l	23,0	ng/l	Pb	90,7	ng/l	14,0	ng/l
Ru	<11	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	<5,9	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	<2,1	ng/l	<0,3	ng/l	Th	16,3	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	47,7	ng/l	2,8	ng/l	U	54,3	ng/l	7,7	ng/l
Ag	710	ng/l	123	ng/l	Si	21,3	mg/l	2,4	mg/l
Cd	<22	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	1,5	mg/l	0,8	mg/l

* Concentration reported here is the mean value of 3 replications.

** Results are expressed in different units (mg/l, µg/l, or ng/l).

Note: Ca, Ni, Mo, Pd in the sample 738B (M-08-3366) reported as oxide and Zr as hydride. Ni & Se in the Matís tap water reported as oxide. SR, Reykjavík. 06th. of October 2008.