

Líffræðilegur fjölbreytileiki í hverum að Þeistareykjum og í Gjástykki

Sólveig K. Péturnsdóttir
Snædís Huld Björnsdóttir
Sólveig Ólafsdóttir
Guðmundur Óli Hreggviðsson

Liftækni

Skýrsla Matís 39-08
Desember 2008

ISSN 1670-7192



Líffræðilegur fjölbreytileiki í hverum að Þeistareykjum og í Gjástykki



MATÍS – Prokaria Desember 2008

Sólveig K. Pétursdóttir¹⁾
Snaðís Huld Björnsdóttir¹⁾
Sólveig Ólafsdóttir¹⁾
Guðmundur Óli Hreggviðsson^{1,2)}

¹⁾ Matís-Prokaria, Gylfaflöt 5, 112 Reykjavík

²⁾ Háskóli Íslands, Líffræðiskor, Askja, Sturlugata, 101 Reykjavík

Titill / Title	Líffræðilegur fjölbreytileiki í hverum að Peistareykjum og í Gjástykki / Biodiversity in hot springs at Peistareykir and Gjástykki		
Höfundar / Authors	<i>Sólveig K. Pétursdóttir, Snædis Huld Björnsdóttir, Sólveig Ólafsdóttir, Guðmundur Óli Hreggvíðsson</i>		
Skýrsla / Report no.	39-08	Útgáfudagur / Date:	Desember 2008
Verknr. / project no.	2313- 1876		
Styrktaraðilar / funding:	<i>Peistareykir ehf</i>		
Ágrip á íslensku:	<p>Verkefnið var liður í umhverfismati vegna fyrirhugaðrar jarðvarmanýtingar og fóli í sér rannsókn á lífríki í hverum á Peistareykjum og Gjástykki. Alls voru 27 sýni tekin. Hitastig og sýrustig á sýnatökustöðnum spönnuðu vitt bil eða 33-96°C og pH 1,9-8,6. Tegundasamsetning hveraörvera og hlutföll þeirra voru ákvörðuð með kjarnsýrumögnum og raðgreiningu á 16S rRNA tegundaákvvarðandi geni þar sem bakteríu- og fornbakteríuvízar voru notaðir. Alls tókst að greina bakteríur og/eða fornbakteríur í 21 sýni. DNA raðir voru flokkaðar til tegunda m.v. 98% skyldleika og bornar saman við raðir í Genbank til tegundagreiningar.</p> <p>Í súrum hverum á Peistareykjum voru tegundir innan bakteríufylkinga β-, δ-, og γ-Proteobaktería og Aquificae algengastar, einkum sýrukærar og/eða frumbjarga tegundir sem nýta sér brennisteins- og járnsambönd og binda CO₂. Í gufuopum í hraunhlóum á Peistareykjum við hærra sýrustig (pH 6,7-8,6) voru tegundir Acidobaktería, Actinobaktería, Chloroflexi og Deinococcus-Thermus áberandi. Í sýnum úr hverum í Gjástykki (pH 4,4-6,9) voru Deinococcus-Thermus og Verrucomicrobium algengastar. Margar þessara tegunda eru ófrumbjarga.</p> <p>Fornbakteríur fundust einkum á súrum svæðum á Peistareykjum, og í öllum sýnum úr Gjástykki, en ekki í gufuugum í hrauni við Peistareyki, enda er sýrustig þar hærra. Tegundir innan fylkingar Crenarchaeota fundust í öllum þessum sýnum, en tegundir innan Euryarchaeota voru bundnar við sýni úr yfirborðsummyndunum og súrum jarðvegi. Fornbakteríur geta flestar lifað frumbjarga lífi.</p> <p>Líffræðilegur fjölbreytileiki (Nt/Nmax) baktería var oftast á bilinu 1-3 og 1-2 meðal fornbaktería. Þessi lágu gildi eru dæmigerð fyrir jaðarvistkerfi, þar sem ein tegund er í mjög háu hlutfalli.</p> <p>Fjölmargar nýjar tegundir fundust í sýnum, einkum bakteríur í gufuugum í hrauni á Peistareykjum og í hverum í Gjástykki. Einnig sýndu tegundir Euryarchaeota innan fornbaktería oft lága skyldleikaprósentu og teljast því nýjar tegundir.</p>		
Lykilord á íslensku:	<i>Umhverfismat; hveraörverur; 16S rRNA gen; DNA; tegundasamsetning; líffræðilegur fjölbreytileiki</i>		

Summary in English:

Due to future plans for utilizing the geothermal power at Þeistareykir and Gjástykki, an environmental assessment of the biodiversity in hot springs from these sites was carried out. A total of 27 samples were taken from diverse sites at temperatures of 33-96°C and pH 1,9-8,6. The species composition and ratios of thermophiles were estimated by PCR and sequencing of the 16S rRNA genes using bacterial and archaeal primers. Microbial species were detected in 21 samples. DNA sequences were grouped at the 98% similarity species level and compared with available sequences in Genbank for species determination.

Species belonging to the bacterial phyla of β -, δ -, and γ -*Proteobacteria* and *Aquificae* were dominating in samples from the solfatara fields of Þeistareykir. These were mainly acidophiles and autotrophs capable of utilizing sulphur- and iron compounds and fixing CO₂. A totally different pattern of species composition was observed in samples from fumaroles at the lava fields of Þeistareykir at higher pH (6,7-8,6) than in the solfataras. These were mainly *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, *Chloroflexi* and *Deinococcus-Thermus*. In Gjástykki, (pH 4,4-6,9) *Deinococcus-Thermus* and *Verrucomicrobium* sp. were dominating. These are mainly heterotrophs.

Archaeal species were found as well in the solfatara fields at Þeistareykir and also in hot springs at Gjástykki, but not in the high pH fumaroles at Þeistareykir lava fields. Species from the *Crenarchaeota* group were found in the samples, but species belonging to the *Euryarchaeota* group were only detected in solfatara soil samples and sulphur / iron precipitates. These were mainly autotrophs.

Biodiversity (Nt/Nmax) was calculated for all samples and estimated at 1-3 among the Bacteria and 1-2 among the Archaea. These low values are typical for extreme environments where one species is highly dominating.

Many novel species were found in the samples, especially in soil from fumaroles at the lava field at Þeistareykir and in hot springs at Gjástykki. *Euryarchaeal* species within the Archaea domain often showed low similarity to known species and most likely represent new species.

English keywords:

Environmental assessment; thermophiles; 16S rRNA gene;DNA; species composition; biodiversity.

EFNISYFIRLIT

1. INNGANGUR.....	1
2. FRAMKVÆMD	3
2.3 Einangrun á DNA.....	3
2.3.1 Lífmassasýni.....	3
2.3.2 Jarðvegssýni	3
2.3.3 Sýni af vökva og yfirborðsbrák.....	4
2.4 PCR á 16S rRNA geninu.....	4
2.5 Klónun og raðgreining	4
2.6 Ákvörðun á tegundasamsetningu í sýnum	4
2.7 Skyldleikatré.....	5
2.8 Líffræðilegur fjölbreytileiki	5
3. NIÐURSTÖÐUR OG MÆLINGAR	6
3.1 Sýni og sýnatökustaðir	6
3.2 Niðurstöður úr PCR og erfðagreiningum	10
3.2.1 Leirhverir og yfirborðsummyndanir á Þeistareykjasvæði - erfðagreiningar á sýnum	11
3.2.2 Gufuaugu í hrauni á Þeistareykjasvæði - erfðagreiningar á sýnum	25
3.2.3 Gjástykki - erfðagreiningar á sýnum	29
3.3 Dreifing baktería og fornbaktería á fylkingar – samantekt	33
3.4 Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería og fornbaktería	35
3.5 Skyldleikatré.....	36
3.5.1 <i>Aquificae</i>	37
3.5.2 β - <i>proteobakteríur</i>	38
3.5.3 γ - <i>proteobakteríur</i>	39
3.5.4 <i>Acidobakteríur</i>	40
3.5.5 <i>Aktinobakteríur</i>	41
3.5.6 <i>Chloroflexi</i>	42
3.5.7 <i>Deinococcus – Thermus</i>	43
3.5.8 <i>Verrucomicrobia</i>	44
3.5.9 <i>Crenarchaeota</i>	45
3.5.10 <i>Euryarchaeota</i>	46
3.6 Frumefnamælingar	47
4. SAMANTEKT	48
5. HEIMILDIR	50
VIÐAUKI - FRUMEFNAMÆLINGAR	58

1. INNGANGUR

Þeistareykir er eitt af háhitasvæðum Íslands. Fyrirhugað er að nýta jarðhitann á svæðinu í orkufreka stóriðju. Önnur háhitasvæði sem áætlað er að nýta í þessu skyni eru í Gjástykki og Kröflu. Þar sem framkvæmdin er umhverfismatsskyld fór verkfræðistofan Mannvit hf (sem annast umhverfismatið fyrir Þeistareyki ehf) þess á leit við Matís – Prokaria að meta stöðu lífríkis í hverunum á Þeistareykjum og í Gjástykki vegna ofangreindra framkvæmda og hugsanlegra áhrifa þeirra á lífríkið.

Örverulíf háhitasvæðanna er verðmætt hvort sem mælistikan er efnahagsleg eða náttúrufarsleg. Líffræðilegur fjölbreytileiki í hverum á háhitasvæðum endurspeglar almennan fjölbreytileika yfirborðsfyrribæra, sem eru afsprengi jarðhita og geta orðið fyrir áhrifum af vinnslu hans.

Vinnsla á orku á jarðhitasvæði getur haft það í főr með sér að ýmis ummerki á svæðinu breytast eða hverfa. Það getur verið erfitt 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. Próun örveruflóunnar getur þannig verið til vitnis um varanlegar breytingar á svæðinu.

Almennt hefur verið talið að hitastig og sýrustig ráði mestu um það hvaða tegundir örvera 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 Bandaríkjum 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 hvera örveranna eykur líkur á að hægt verði að einangra og rækta fleiri tegundir á kerfisbundinn hátt. Markmiðið er að reyna að sjá 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 jarðefnafræðinga Jarðfræðistofnunar HÍ í tengslum við Rammaáætlun um nýtingu á jarðvarma, þar sem vistkerfi hvera á háhitasvæðum Íslands hafa verið rannsókuð. 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. Hámarksvantarhitastig 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 raunbaktería (*Eubacteria*) og fornbaktería (*Archaea*). Þær síðarnefndu eru almennt séð hita- og sýruþolnari en þær fyrnefndu. 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 ólífraent 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. Sífellt 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 tegundaákvvarðandi 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 jarðhitasvæðum við Þeistareyki og einnig úr hverum í Gjástykki. Tegundasamsetning var ákvörðuð í sýnum með sameindalíffræðilegum aðferðum. Samanburður var gerður á tegundasamsetningu og hlutföllum einstakra tegunda milli sýna og greint frá áður óþekktum tegundum. Líkur voru leiddar að vistfræðilegu hlutverki helstu tegunda eða hópa. Frumefnamælingar voru gerðar á nokkrum vökvásýnum

Í upphafi var ákveðið að farið yrði í vettvangsskoðun og sýnatöku með staðkunnugum manni, Hreini Hjartarsyni framkvæmdastjóra Þeistareykja ehf. Sýnin yrðu frumgreind og gerð grein fyrir þessum verkpáttum í áfangaskýrslu. Þeirri skýrslu var skilað í byrjun september 2008. Þessi skýrsla er lokaskýrsla og er hér gerð grein fyrir niðurstöðum rannsókna á tegundasamsetningu raunbaktería og fornbaktería í þeim sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki sem tókst að fullgreina.

2. FRAMKVÆMD

2.1 Sýnataka

Sýni voru tekin úr hverum á Þeistareykjum í tveimur lotum. Fyrst 30. júlí en þá var hlýtt í veðri og lygnt. Seinni sýnatökuferðin var farin 20. ágúst en þá var talsvert kaldara í veðri og því auðveldara að sjá staðsetningu einstakra hvera en áður. Sýnatökustaðirnir voru einkum sunnan og vestan Þeistareykja. Svæðið undir Ketilfjalli norðaustan Þeistareykja var einnig skoðað en engin sýni tekin þar sem yfirborðshiti virtist lítill sem enginn. Reynt var að fara sem víðast um svæðið og taka fjölbreytt sýni af vökva, leir, jarðvegi, yfirborðs-ummyndunum og lífmassa. Í seinni ferðinni voru einnig tekin sýni úr hverum í Gjástykki.

Myndir voru teknar af sýnatökustöðnum 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 frumefna- og súlfíðmælingar.

2.2 Mælingar

Mælingar voru endurteknar á sýrustigi á rannsóknastofunni. Leiðni var mæld í vökvásýnum á rannsóknastofu Matís. Frumefnamælingar á 72 frumefnum voru framkvæmdar á þremur vökvásýnum 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 Einangrun á DNA

2.3.1 Lífmassasýni

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

2.3.2 Jarðvegssýni

Jarðvegssýni (ca 100mL) voru skoluð í 200mL af 0,9% NaCl lausn, hrist duglega nokkrum sinnum og látin standa yfir nótta. 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).

2.3.3 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 PCR á 16S rRNA geninu

Algengast er að nota 16S rRNA gen baktería til tegundaákvörðunar og var það gert hér. Þynningarröð var gerð af hverju sýni (óþynnt, 10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3}) og voru allar þynningar prófaðar við kjarnsýrumögnun (PCR) á geninu. Mögnun var reynd með sérvirkum 16S endavísum fyrir raunbakteríur (F9 og R1544 eða R805) og fornbakteríur (UA715F og UA1406R). PCR hvarfið (4 µl 10x polymerasa buffer; 1,0 µl dNTP (10µM), 0,7 µl Teg polymerasi (0,5U), 1,0 µl af hvorum vísi (20 µM) og 27,7 µl sterilt H₂O og 2,0 µl 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 rafdregnar 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 "gradient PCR" þar sem pörunarhitastig vísis og móts var breytilegt á bilinu milli 42 og 56°C.

2.5 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. Síðan var ræktað í vökvaæti. Gengið var úr skugga um að 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.

2.6 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 hverrar raðar (tegundar) og jafnframt skyldleikaprósenta óþekktu tegundarinnar við nánasta þekkta ættingja. Á þennan hátt fékkst yfirlit um tegundasamsetningu í hverju sýni.

2.7 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 hverra 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.

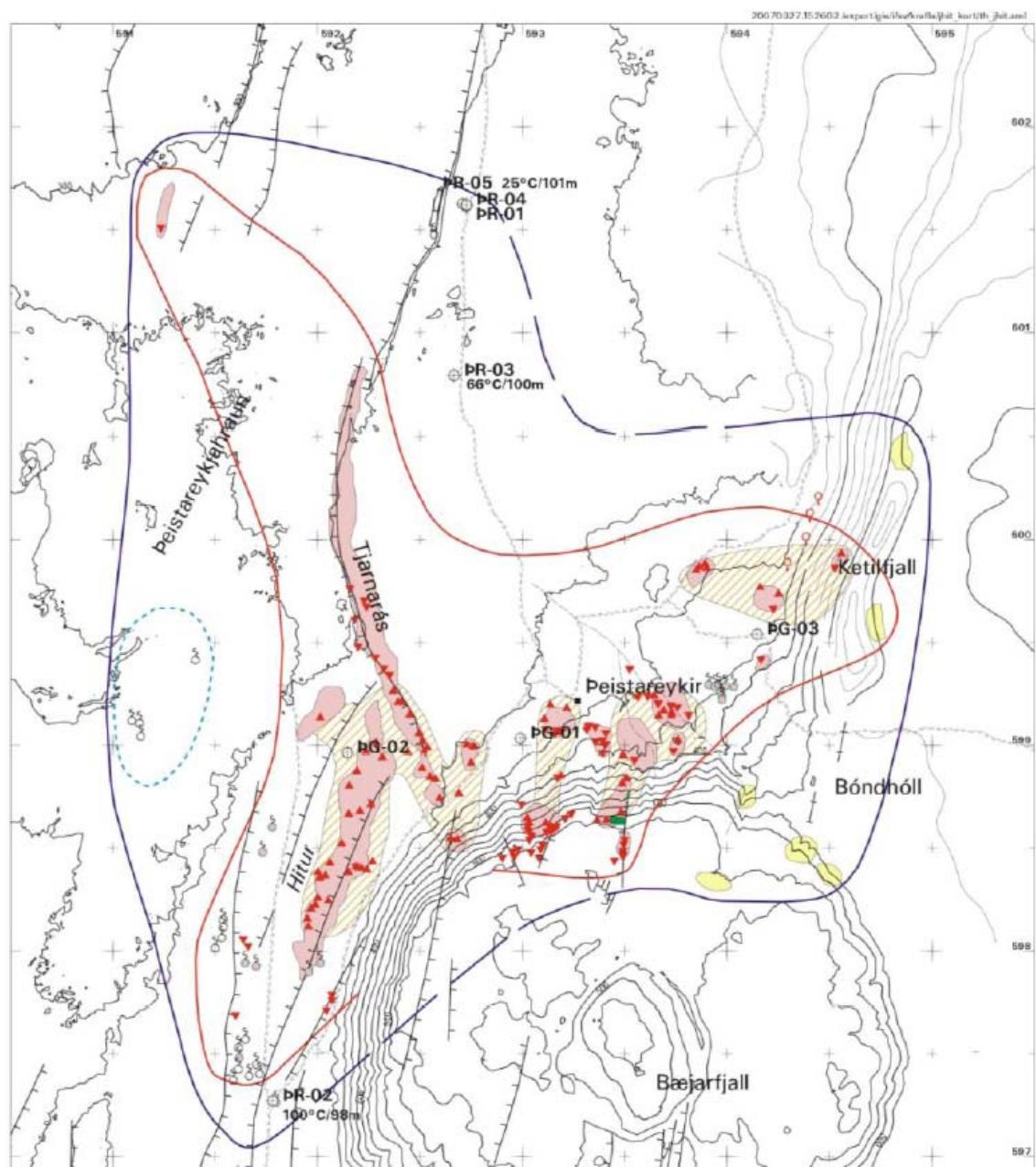
2.8 Líffræðilegur fjölbreytileiki

Líffræðilegur fjölbreytileiki var metinn í sýnunum með aðferð Curtis og félaga (2002). Niðurstöðurnar voru bornar saman við samskonar greiningu á sýnum úr hverum með svipað pH og hitastig og á sama svæði og kalkríku hverirmir. Mat var gert á því hvort fjöldi klóna úr hverju sýni væri nægilegur til að enduspegla raunverulegarn tegundafjölbreytileika og hlutföll í sýnunum.

3. NIÐURSTÖÐUR OG MÆLINGAR

3.1 Sýni og sýnatökustaðir

Mynd 1 sýnir yfirlitskort af Þeistareykjasvæðinu. Áhrifasvæði borana verða einkum sunnan og vestan Þeistareykja. Jarðhitasvæðið einkennist fyrst og fremst af brennisteinshverum, gufu- og leirhverum. Ennfremur finnast sérstök gufuaugu í hraunhlóum m.a. í vesturhluta svæðisins (svæði sem afmarkast af blárrí punktalínu á korti).



Mynd 1. Yfirlitskort sem sýnir jarðhita á Þeistareykjasvæðinu. (Kort úr skýrslu Kristjáns Sæmundssonar ÍSOR KS/gsj 2007 0327)

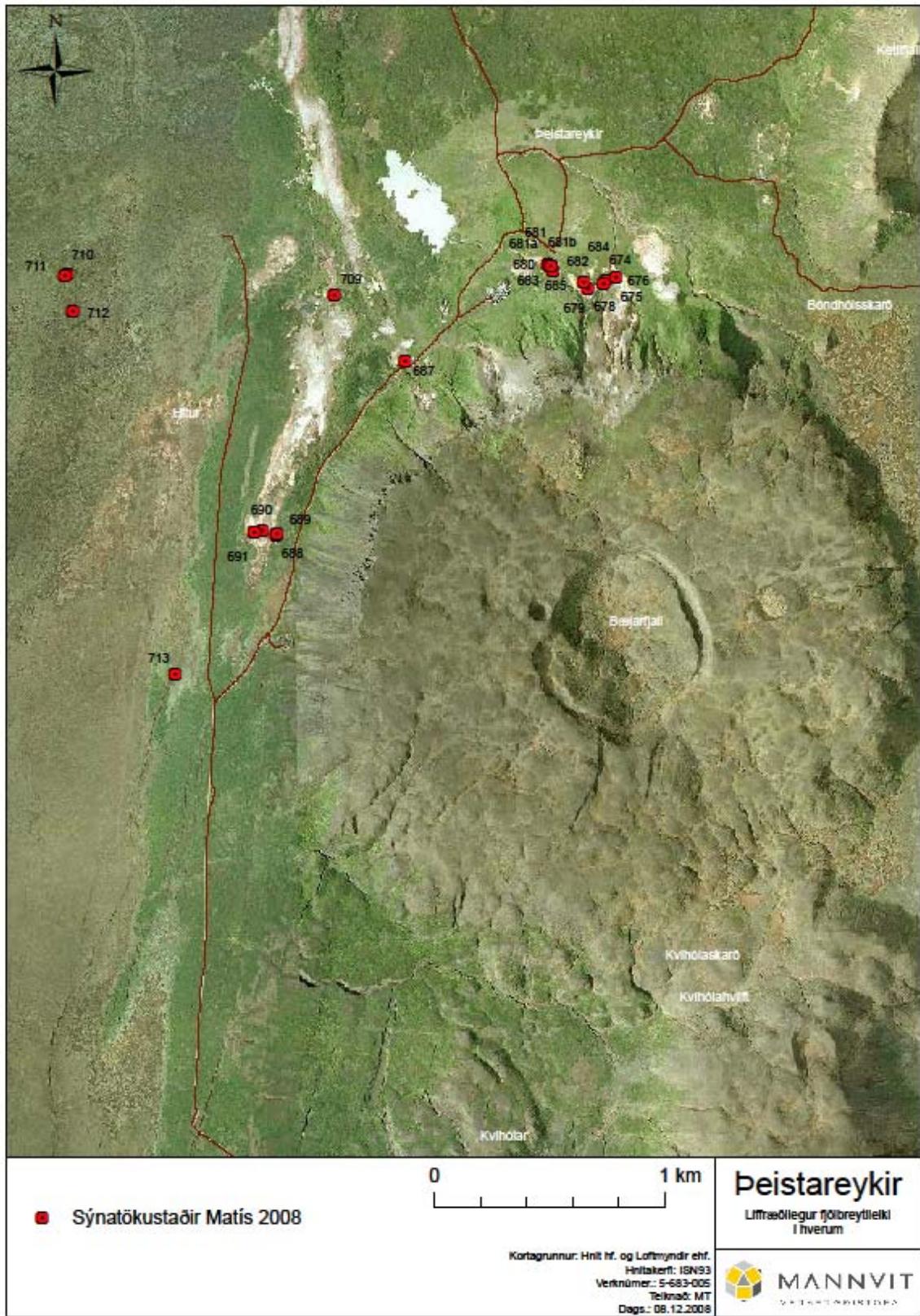
Alls voru tekin 27 sýni í Peistareykjum og Gjástykki. Tafla 1 gefur yfirlit um sýnin þar sem fram kemur gerð hvers, gerð sýnis, hitastig og sýrustig. Ennfremur sjást GPS hnit. Sýnatökustaðir eru merktir inn á loftmyndir af Peistareykjum og Gjástykki (myndir 2 og 3).

TAFLA 1. Yfirlit um sýni og sýnatökustaði á Þeistareykjum og í Gjástykki

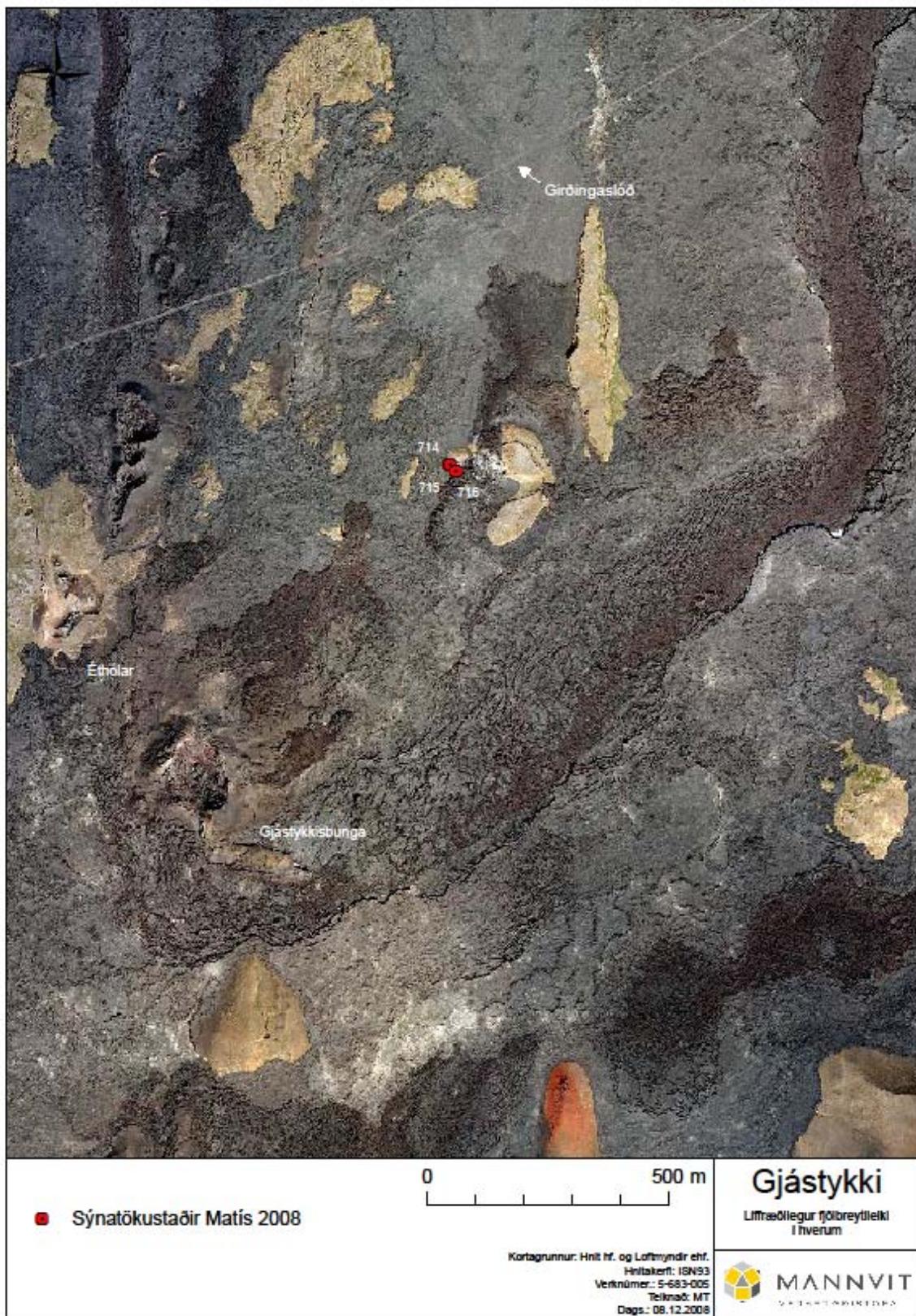
Sýni	Staður	Gerð hvers	Gerð sýnis	T°C	pH	GPS N	GPS W	MYS
674F	Þeistareykir -Flag 1	Leirhver	Vökvásýni 1L	87	4,1	65 52 510	16 57 080	366
675	Þeistareykir -Flag 1	Brennisteins-járnútfellingar	Jarðvegssýni	52	2,7	65 52 503	16 57 092	364
676	Þeistareykir -Flag 1	Hveraskella - Cyanidium á yfirb.	Lífmassi og jarðv.	54-70 (0-5cm)	3,1	65 52 520	16 57 020	nd
677	Þeistareykir -Flag 1	Vatnsuppsprettasgas bobblar upp	Jarðv. leðjusýni	56,6-83	3,8	nd	nd	nd
678	Þeistareykir -Flag 2	Brennisteinsþúfa	Jarðvegssýni	62,4	1,9	65 52 495	16 57 182	373
679	Þeistareykir -Flag 2	Leirhver	Vökvásýni 1l	90	3,9	65 52 511	16 57 204	364
680	Þeistareykir -Flag 3 Sunnan sæluhúss	Leirhver	Vökvásýni	55	2,3	65 52 538	16 57 379	352
681	Þeistareykir -Flag 3 Sunnan sæluhúss	Stór ljós vatnshver	Vökvásýni og brák	90	2,7	65 52 553	16 57 406	347
682	Þeistareykir augu	Brúnt auga	Vökvásýni	96,5	3,1	65 52 549	16 57 391	351
683	Þeistareykir augu	Hvít auga	Vökvásýni	89,4	3,1	65 52 549	16 57 391	351
684	Þeistareykir augu	Grásvart auga loftbólubrák	Vökvásýni	92,1	3,4	65 52 549	16 57 391	351
685	Þeistareykir augu	Grátt auga neðar	Vökvásýni	60-72	2,9	65 52 549	16 57 391	351
686	Þeistareykir augu	Þörungar við auga	Lífmassi og jarðv.	33	2,8	65 52 549	16 57 391	351
687F	Þeistareykir sunnan skála	Leirhver - ljós, vatnsríkur	Vökvásýni	82,5	2,8	65 52 338	16 58 240	343
688	Þeistareykir sunnan skála	Bullandi leirhver	Vökvásýni	96	4,7	65 51 942	16 59 006	327
689	Þeistareykir sunnan skála	Hvítar útfellingar ummyndun	Útfellingar jarðvegssýni	46,6	3,4	65 51 944	16 59 002	nd
690F	Þeistareykir sunnan skála	Leirpyttur - staðið vatn	Fitubrák og vökti 200mL	60	2,5	65 51 953	16 59 084	335
691	Þeistareykir sunnan skála	Leirhver þykkbobblandi	Svört brák vökvásýni	60	2,6	65 51 950	16 59 129	333
709	Þeystareykir -sunnan skála	Leirhver	Leðja	88	3,3	65 52 498	16 58 631	332
710	Þeistareykir -hraunhólar	Jarðvegur - gufuauge	Jarðv. og lífmassi	83,6	8,6	65 52 567	17 00 151	344
711	Þeistareykir -hraunhólar	Jarðvegur - gufuauge	Jarðvegssýni	61-63	7,2	65 52 562	17 00 166	337
712	Þeistareykir -hraunhólar	Jarðvegur - gufuauge	Jarðvegssýni	55	8,0	65 52 480	17 00 126	335
713	Þeistareykir -hraunhólar	Þörungaskán við gufuauge	Jarðv. og lífmassi	44,8	6,7	65 51 625	16 59 607	329
714	Gjástykki -hverir	Gufuauge	Jarðvegssýni	58,4	6,6	65 47 693	16 46 178	506
715	Gjástykki -hverir	Gufuauge	Jarðvegssýni	66-68	6,9	65 47 693	16 46 178	506
716	Gjástykki -hverir	Brennisteins gufuauge	Jarðv. og leðja	84,8	4,4	65 47 686	16 46 163	501

Skýringar við töflu: F aftan við sýnanúmer táknað að frumefnamæling hafi verið gerð á sýninu.

Sýnatökustaðir á Þeistareykjum voru einkum úr leirhverum, jarðvegi og yfirborðsummyndunum á hverasvæðum norðan og vestan Bæjarfjalls (mynd 2). Ennfremur voru tekin sýni úr gufuopum í hrauni talsvert vestar (710-13 á korti). Sýnatökustaðir í Gjástykki voru á afmörkuðu, litlu svæði inni í miðju hrauninu (mynd 3).



Mynd 2. Sýnatökustaðir á Þeistareykjum. Sýni 674-709 voru tekin úr leirhverum og yfirborðsummyndunum. Sýni 710-713 af jarðvegi úr gufuugum í hrauni.



Mynd 3. Sýnatökustaðir í Gjástykki. Sýnatökustaðirnir prír voru á litlu afmörkuðu svæði í hrauninu. Sýnin voru öll jarðvegssýni.

3.2 Niðurstöður úr PCR og erfðagreiningum

Í töflu 2 sést árangur PCR mögnunar á bakteríum (Eubacteria) og fornbakteríum (Archaea) úr sýnunum.

TAFLA 2. Yfirlit um árangur DNA einangrunar og mögnunar

Sýni	T°C	pH	Bakt.	Fornb.	Sýni	T°C	pH	Bakt.	Fornb.
674F	87°C	4,1	x	x	687F	82,5°C	2,8		x
675	52°C	2,7	x	x	688	96°C	4,7		
676	54-70°C (0-5cm)	3,1	x	x	689	46,6°C	3,4	x	x
677	56,6- 83°C	3,8	x	x	690F	60°C	2,5		
678	62,4°C	1,9	x	x	691	60°C	2,6		
679	90°C	3,9			709	88°C	3,3		
680	55°C	2,3	x		710	83,6°C	8,6	x	
681	90°C	2,7	x	x	711	61-63°C	7,2	x	
682	96,5°C	3,1		x	712	55°C	8,0	x	
683	89,4°C	3,1	x		713	44,8°C	6,7	x	
684	92,1°C	3,4	x		G714	58,4°C	6,6	x	x
685	60-72°C	2,9	x		G715	66-68°C	6,9	x	x
686	33°C°C	2,8	x	x	G716	84,8°C	4,4	x	x

Taflan sýnir hvort tekist hefur að einangra DNA úr sýnunum (x), ennfremur hvort tekist hefur að magna 16S rRNA gen raunbaktería (raun) og/eða fornbaktería (forn) úr þeim. G = Gjástykki

Alls tókst að einangra DNA og magna upp í PCR 22 sýni af 27 sem tekin voru á Þeistareykjum og í Gjástykki. Tvö sýni, sýni 681a og 681b sem tekin voru af vökva og brák úr sama hver að Þeistareykjum voru síðar sameinuð.

Hér á eftir eru töflur (3-22) sem sýna niðurstöður úr greiningum á tegundasamsetningu í hverju sýni ásamt mynd af sýnatökustað fyrir sama sýni. 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. Skyldleikaprósenta gefur til kynna skyldleika tegundarinnar sem fannst í sýninu við nánasta ættingjann í Genbank. Dálkur merktur „uppruni“ gefur til kynna fundarstað nánasta ættingja. Grænar töflur sýna bakteríur, en gráar töflur fornbakteríur. „Unc.“ merkir uncultured eða óræktað, þ.e. tegund sem hefur einungis fundist með erfðagreiningu, en hefur ekki verið ræktuð.

3.2.1 Leirhverir og yfirborðsummyndanir á Peistareykjasvæði - erfðagreiningar á sýnum



Mynd 4. Sýni 674 var tekið úr leirhver 87°C pH 4,1. Vökvasýni (1L).

TAFLA 3a. Tegundasamsetning baktería í sýni 674: 42 klónar, 3 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
674-1-2	Iron-reducing bacterium enrichment culture cl (FJ269077)	99	β-Proteobacteria	Jarðvegur Kína	Wang et al. 2008
674-2-22	Unc. β-proteobacterium (EF562563)	99	β -Proteobacteria		Jin et al. 2007
674-3-18	Curvibacter gracilis (AB109889)	99	β -Proteobacteria	Uppspretta	Ding et al. 2004

Númer= sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Örveruflóran í **sýni 674** er tiltölulega einsleit. Allar bakteríurnar flokkast til *β-Proteobaktería* (tafla 3a). Ríkjandi tegund hefur ekki verið ræktuð, en flokkast til ættar *Methylophilales*, en meðlimir hennar finnast víða og geta m.a. oxað methanol. *Curvibacter gracilis* er einnig fyrirferðarmikil í þessu sýni eins og sjá má. Fornbakteríurnar (tafla 3b) eru allar af fylkingu *Crenarchaeota* og flestar skyldar *Thermoproteus tenax* sem er háhitakær fornbakteríutegund sem nýtir sér brennistein og brennisteinssambönd og vex best við 85°C. Frumefnamæling var gerð á þessu sýni (sjá viðauka).

TAFLA 3b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 674: 40 klónar, 5 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
674A-2-35	Thermoproteus tenax (M35966)	99	Crenarchaeota	Hver	Leinfelder et al. 1985
674A-8-1	Thermoproteus tenax (M35966)	97	Crenarchaeota	Hver	Leinfelder et al. 1985
674A-9-1L	Thermoproteus tenax (M35966)	96	Crenarchaeota	Hver	Leinfelder et al. 1985
674A-11-1L	Pyrobaculum sp. (DQ778007)	96	Crenarchaeota	Hver N- Sjáland (Rotorua) 2008	Niederberger et al. 2008
674A-3-2	Unc. archaeon cl (EU419158)	98	Crenarchaeota	Hver	Henneberger et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.



Allflestar bakteríutegundir sem fundust í sýni **675** (tafla 4a), flokkast til *γ-Proteobaktería*, ýmist *Thiobacillus*, eða *Acidithiobacillus ferrooxidans*. Þessar sýrukærur tegundir nýta sér ýmiss konar brennisteins – og járn-sambond og eru afar algengar í súrum hverum.

Stór hópur fornbaktería í sýni 675 flokkast til *Crenarchaeota* (tafla 4b), en flestar flokkast til *Euryarchaeota* og eru þar flestar fjarskyldar nánasta ættingja eins og skyldleikaprósantan í töflunni sýnir (93-95%). Jánoxandi sýrukærar *Ferroplasma* finnast þarna einnig.

Mynd 5. Sýni 675 var tekið af hverahrúðri umhverfis gufuop á brennisteinsþúfu þar sem hitinn var 52°C og pH 2,7.

TAFLA 4a. Tegundasamsetning baktería í sýni 675: 49 klónar, 14 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.	Fylking	Uppruni	Heimild
675-6-4	Unc. bacterium cl (<i>Thiobacillus</i>) (EF672752)	96	γ-Proteobacteria	Ræktunartankur	Zeng et al. 2007
675-8-3	Unc. bacterium cl (<i>Thiobacillus</i>) (EF672752)	97	γ-Proteobacteria	Ræktunartankur	Zeng et al. 2007
675-1-23	Unc. bacterium cl (<i>Thiobacillus</i>) (EF672752)	98	γ-Proteobacteria	Ræktunartankur	Zeng et al. 2007
675-3-4	Acidithiobacillus ferrooxidans (CP001132)	99	γ-Proteobacteria	ATCC stofnasafn	Lucas et al. 2008
675-5-2	Acidithiobacillus ferrooxidans (CP001132)	97	γ-Proteobacteria	ATCC stofnasafn	Lucas et al. 2008
675-11-1	Acidithiobacillus ferrooxidans (CP001132)	97	γ-Proteobacteria	ATCC stofnasafn	Lucas et al. 2008
675-12-1	Acidithiobacillus ferrooxidans (CP001132)	97	γ-Proteobacteria	ATCC stofnasafn	Lucas et al. 2008
675-7-2	Acidithiobacillus ferrooxidans (CP001132)	96	γ-Proteobacteria	ATCC stofnasafn	Lucas et al. 2008
675-4-2	Unc. bacterium cl (EU419128)	99	γ-Proteobacteria	Eldfjallajarðv. Ástralía	Henneberger et al. 2008
675-9-1	Unc. Pseudoalteromonas sp. cl (EF648109)	92	γ-Proteobacteria	Vatnshreinsistöð Kína	Wang et al. 2007
675A-3-2	Unc. Acidithiobacillus sp. cl (FJ268716)	98	γ-Proteobacteria	Koparsúlfíð bioleaching	Chen et al. 2008
675A-6-1	Unc. Acidithiobacillus sp. cl (FJ268716)	94	γ-Proteobacteria	Koparsúlfíð bioleaching	Chen et al. 2008
675-10-1	Unc. bacterium cl (EU419167)	98	Verrucomicrobia	Eldfjallajarðv. Ástralía	Henneberger et al. 2008
675-2-2	Unc. Desulfurella sp. (DQ834025)	98	δ-Proteobacteria	Yellowstone	Korf et al. 2006

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 4b. Tegundasamsetning fornbakteríá í sýni 675: 44 klónar, 4 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.	Fylking	Uppruni	Heimild
675A-1-13	Unc. prokaryote cl (EF682430)	99	Crenarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2008
675A-2-29	Unc. prokaryote cl (EF682419)	95	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2008
675A-7-1	Unc. Ferroplasma sp. cl (FJ206236)	99	Euryarchaeota	Kopar bioleaching	Liu et al. 2008
675A-8-1	Unc. Ferroplasma sp. cl (FJ206236)	99	Euryarchaeota	Kopar bioleaching	Liu et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Í sýni 676 (mynd 6) voru bæði δ - og γ - *Proteobakteríur* afar áberandi (tafla 5a), en þessir hópar innan fylkingar *Proteobaktería* eru tiltölulega algengir í hverum. Það kemur samt nokkuð á óvart að tveir hópar séu ríkjandi, þar sem algengast er að aðeins einn hópur sé ríkjandi í jaðarvistkerfum eins og hverum. Hér má vera að mörk þessara smáu vistkerfa séu óljós og í raun um tvö nálæg vistkerfi að ræða, sem blandast í sýninu. *Desulfurella* tegundir afoxa brennistein eins og nafnið bendir til. *Thiobacillus*- og *Acidithiobacillus* tegundir eru í umtalsverðu magni eins og í sýni 675 hér að framan, en þær eru sýrukærar og nýta sér brennisteins- og járnsambond eins og áður hefur komið fram. Tilvist rauðþörungsins *Cyanidium caldarium*, sem sést oft í skærgrænum lit á súru yfirborði hverasvæða var staðfestur í þessu sýni.

Fornbakteríur í sýni 676 skiptast nokkuð jafnt á milli fylkinga *Crenarchaeota* og *Euryarchaeota*, en þær síðar nefndu eru þó ívið fleiri. *Euryarchaeota* tegundirnar sýna tiltölulega lítinn skyldleika (92-95%) við nánustu ættingja *Euryarchaeota*. Líklegt er að þessi hópur sé afar sérstakur, að öllum líkindum ættkvísl sem ekki hefur fundist áður, a.m.k ekki ræktaður.



Mynd 6. Sýni 676 var tekið af lífmassa og jarðvegi á yfirborði hveraskella þar sem sýrupolni rauðþörungurinn *Cyanidium caldarium* var sýnilegur. Yfirborðshitastig var 54°C og pH 3,1.

TAFLA 5a. Tegundasamsetning baktería í sýni 676: 42 klónar, 13 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl %	Fylking	Uppruni	Heimild
676-11-1	Unc. Desulfurella sp. cl (DQ834025)	90	δ-Proteobacteria	Yellowstone	Korf et al. 2006
676-13-1	Unc. Desulfurella sp. cl (DQ834025)	90	δ-Proteobacteria	Yellowstone	Korf et al. 2006
676-15-1	Unc. Desulfurella sp. cl (DQ834025)	91	δ-Proteobacteria	Yellowstone	Korf et al. 2006
676-17-1	Unc. Desulfurella sp. cl (DQ834025)	93	δ-Proteobacteria	Yellowstone	Korf et al. 2006
676-6-14	Unc. Desulfurella sp. cl (DQ834025)	97	δ-Proteobacteria	Yellowstone	Korf et al. 2006
676-14-1	Acidithiobacillus sp. (DQ675568)	98	γ-Proteobacteria	Ræktunartankur	Chen et al. 2007
676-16-1	Acidithiobacillus sp. (DQ675568)	92	γ-Proteobacteria	Ræktunartankur	Chen et al. 2007
676-10-1	Acidithiobacillus sp. (DQ675568)	96	γ-Proteobacteria	Ræktunartankur	Chen et al. 2007
676-7-15	Thiobacillus caldus AB023405	98	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
676-8-2	Unc. bacterium cl (EU419147)	99	Firmicutes	Eldfjallajarðv. Ástralía	Henneberger et al. 2008
676-9-2	Desulfovibugula thermocuniculi (DQ208689)	88	Firmicutes	Súlfat afoxandi jarðhitasvæði í Japan	Kaksonen et al. 2006
676-12-1	Acidimicrobium ferrooxidans (EF621760)	98	Actinobacteria	Sýrukær, járnoxandi	Johnson et al. 2007
676-2-1	Cyanidium caldarium plastid gene (X52985)	98	Rauðþörungar heilkjörnungar	Sýrukær	Maid et al. 1990
676-3-1	Cyanidium caldarium plastid gene (X52985)	97	Rauðþörungar heilkjörnungar	Sýrukær	Maid et al. 1990
676-1-1	Unc. Leptospirillum sp. cl (J268722)	99	Nitrospirae	Hreinsun á pyrit	Chen et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegundir auðkenndar í ramma.

TAFLA 5b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 676: 46 klónar, 5 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.	Fylking	Uppruni	Heimild
676A-3-20	Unc. prokaryote cl (EF682430)	99	Crenarchaeota?	USA hver	Wilson et al. 2008
676A-2-22	Unc. prokaryote cl (EF682419)	95	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2008
676A-4-2	Unc. prokaryote cl (EF682419)	92	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2008
676A-5-1	Unc. prokaryote cl (EF682419)	92	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2008
676A-6-1	Unc. archaeon cl BSLc301 EF682485	98	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 677 var jarðvegsleðjusýni tekið við vatnusuppsprettu. Hitastigið var 56,6-83°C og pH 3,8. Engin mynd var tekin á þessum sýnatökustað. *Hydrogenobaculum* tegund af fylkingu *Aquificae* er ríkjandi baktería í sýninu (tafla 6a), en hún er mjög algeng í súrum vatnshverum, eða vatnsríkum leirhverum á Íslandi og nýtir sér brennisteinsvetni (H_2S) til orkuöflunar og getur bundið koldíoxíð (CO_2). Ríkjandi fornbaktería í sýninu tilheyrir *Euryarchaeota* (tafla 6b) og er sú sama og í sýni 676.

TAFLA 6a. Tegundasamsetning baktería í sýni 677: 46 klónar, 6 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
677-1-33	Unc. Hydrogenobaculum sp. (DQ834127)	99	Aquificae	Yellowstone	Korf et al. 2006
677-5-1	Unc. Hydrogenobaculum sp. (DQ834127)	96	Aquificae	Yellowstone	Korf et al. 2006
677-3-1	Unc. Methylobacillus sp(DQ130042)	99	β-Proteobacteria		Gao et al. 2007
677-4-1	Curvibacter gracilis (AB109889)	96	β-Proteobacteria	Uppspretta	Ding et al. 2004
677-2-9	Thiobacillus caldus (AB023405)	98	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
677-6-1	Acidithiobacillus thiooxidans (DQ508106)	98	γ-Proteobacteria	Súlfíð ore	Fu et al. 2006

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 6b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 677: 21 klónn, 4 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
677A-2-3	Thermocladium modestius (AB005296)	98	Crenarchaeote	Hver Japan	Itoh et al. 1998
677A-7-1	Unc. archaeon (AM905420)	86	Crenarchaeote ?	Methanmyndandi bakterífur	Juottonen et al. 2008
677A-3-16	Unc. prokaryote cl(EF682419)	95	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2008
677A-6-1	Unc. archaeon cl (EF682485)	97	Euryarchaeota	USA hver	Wilson et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.



Ríkjandi tegund baktería í sýni 678, úr brennisteinsþúfu (mynd 7), er *γ-Proteobakterían Thiobacillus caldus* (tafla 7a). Náskyld tegund, *Acidithiobacillus* er þarna einnig. Þessar tegundir þola afar lágt sýrustig, sem raun ber vitni, þar sem það mældist aðeins pH 1.9 á sýnatökustað.

Mynd 7. Sýni 678 var tekið úr brennisteinsþúfu þar sem hitastigið var 62,4°C og pH 1,9.

Ríkjandi tegund fornbaktería í sýni 678 eru af fylkingu *Euryarchaeota* (tafla 7b). Sama tegund fannst nýlega á hverasvæðum í Ástralíu (Henneberger 2008).

TAFLA 7a. Tegundasamsetning baktería í sýni 678: 46 klónar, 10 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
678-2-36	Thiobacillus caldus (AB023405)	98	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-3-2	Thiobacillus caldus (AB023405)	97	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-4-1	Thiobacillus caldus (AB023405)	94	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-6-1	Thiobacillus caldus (AB023405)	97	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-7-1	Thiobacillus caldus (AB023405)	96	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-8-1	Thiobacillus caldus (AB023405)	97	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-10-1	Thiobacillus caldus (AB023405)	92L	γ-Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
678-1-1	Acidithiobacillus thiooxidans (Y11596)	97	γ-Proteobacteria	Súr hver - ATCC	De Wulf-Durand et al. 1997
678-5-1	Unc. Acidithiobacillus sp.(FJ268726)	97	γ-Proteobacteria	Hreinsun á pyrit	Chen et al. 2008
678-9-1	Unc. Acidithiobacillus sp. (FJ268726)	97	γ-Proteobacteria	Hreinsun á pyrit	Chen et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 7b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 678: 45 klónar, 2 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.	Fylking	Uppruni	Heimild
678A-3-2	Unc. archaeon (EU419156)	98	Crenarchaeota	Hverajarðvegur Ástralía	Henneberger et al 2008
678A-2-43	Unc. archaeon (EU419175)	99	Euryarchaeota	Hverajarðvegur Ástralía	Henneberger et al 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.



Ekki tókst að einangra DNA úr **sýni 679** (mynd 8). Líklegt er að harðneskjulegar aðstæður, þ.e. óvenju hátt hitastig og lágt sýrustig geri örverum illkleift að komast af. Ekki er hægt að útiloka aðra þætti sem kunna að vera að verki s.s. of háan styrk þungmálma.

Mynd 8. Sýni 679 var vökvá/leðjusýni úr leirhver þar sem hitastigið mældist 90°C og pH 3,9.

Sýni 680 var tekið úr leirver í flagi sunnan sæluhúss. Engin mynd er af þessum hver, en hitastigið var tiltölulega lágt eða 55°C og sýrustig pH 2,3. Í þessum hver fundust ýmsar tegundir baktería, (tafla 8), en engar fornbakteríur. Varla er hægt að skilgreina ríkjandi

tegund í þessu sýni, en sú tegund sem inniheldur flestar raðir er óræktuð tegund af fylkingu *Nitrospira*. Þessar bakteríur oxa nítrít og binda ólifrænt kolefni (HCO_3^- og CO_2). Flestar tegundir í sýninu flokkast þó til γ -Proteobaktería (6 teg) og eru þar gamlir sýrukærir kunningjar á ferð eins og *Thiobacillus* og *Acidithiobacillus*.

TAFLA 8. Tegundasamsetning baktería í sýni 680: 46 klónar, 17 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldi.%	Fylking	Uppruni	Heimild
680-8-4	Unc. Hydrogenobaculum sp. (DQ834127)	99	Aquificae	Yellowstone	Kort et al. 2006
680-1-1	Unc. bacterium cl (EU360481)	99	A-Proteobacteria	Náma	Heinzel et al. 2007
680-7-2	Curvibacter gracilis (AB109889)	99	β -Proteobacteria		Ding et al. 2004
680-16-1	Unc. bacterium cl (EU592658)	99	β -Proteobacteria	Brasilía	Miranda et al. 2008
680-17-1	Unc. b- proteobacterium (EF562563)	99	β -Proteobacteria	Pappírsverksm. USA	Jin et al 2007
680-2-3	Unc. proteobacterium (EU156151)	98	δ -Proteobacteria	Hver USA	Hall et al. 2008
680-6-4	Unc. bacterium (AB254783)	95	δ -Proteobacteria	Afoxandi setlög	Yoshida et al 2006
680-3-5	Unc. bacterium cl (EF446231)	100	γ -Proteobacteria	Súrt umhverfi	Garcia-Moyano et al. 2007
680-13-1	Acidithiobacillus caldus (EU499920)	100	γ -Proteobacteria	Ástralía	Watling et al. 2008
680-14-1	Unc. bacterium (EF672752)	97	γ -Proteobacteria	Kína	
680-15-1	Unc. bacterium (DQ463194)	99	γ -Proteobacteria	Súr náma - frárennsli Kína	Huo et al. 2006
680-5-4	Thiobacillus caldus (AB023405)	98	γ -Proteobacteria	Hver	Kamimura et al. 1999
680-9-4	Unc. Acidithiobacillus sp.(EF612415)	99	γ -Proteobacteria	Náma Klondyke	Mendez et al. 2008
680-10-2	Iron-oxidizing acidophile (JAY140237)	98	Actinobacteria	Yellowstone	Johnson et al. 2003
680-11-2	Unc. soil bacterium cl (EU861924)	98	Acidobacteria	Jarðvegur	Nemergut et al 2008
680-12-1	Alicyclobacillus sp. (EU282873)	93	Firmicutes	Járn oxandi Finnland	Wakeman et al. 2007
680-4-9	Unc. bacterium (EU151435)	99	Nitrospirae	Súrt umhverfi	Garrido et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 681 var tekið úr vatnsríkum leirhver (myndir 9 og 10).



Mynd 9. Yfirlitsmynd af sýnatökustað 681. Hitastigið var 90°C og pH 2,7.



Mynd 10. Sýni 681 var tekið af vökv og yfirborðsbrák.

TAFLA 9a. Tegundasamsetning baktería í sýni 681: 48 klónar; 32 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
681-16-1	Acidiphilium rubrum (D30776)	99	α-Proteobacteria		Kishimoto et al.1995
681-17-1	Unc. bacterium cl (EF446204)	91	α -Proteobacteria	Rio Tinto súrt umvherfi Spann	Garcia-Moyano et al. 2007
681-20-1	Unc. alpha proteobacterium (FM253674)	98	α -Proteobacteria	Gullnáma	Tomczyk-Zak et al. 2008
681-23-1	Unc. bacterium cl (EU360477)	96	α -Proteobacteria	Námuvatn	Heinzel et al. 2007
681-27-1	Unc. bacterium cl (EF613016)	91	α -Proteobacteria	Náma Kína	Yin et al. 2008
681-28-1	Unc. bacterium cl (AF523875)	91	α -Proteobacteria	Votlendi í skógi	Broffet et al. 2002
681-5-2	Unc. bacterium cl (AF523886)	99	δ-Proteobacteria	Votlendi í skógi	Broffet et al. 2002
681-30-1	Unc. alpha proteobacterium (EF417607)	91	α -Proteobacteria	Jarðvegur Kína	Zhou et al. 2007
681-18-1	Unc. bacterium cl (DQ988310)	98	α -Proteobacteria	Skolphreinsun Kína	Yan et al. 2006
681-6-3	Unc. bacterium cl (DQ840470)	99	γ-Proteobacteria	Súr náma - frárennsli Kína	Yin et al. 2006
681-1-1	Unc. bacterium (EF446257)	93	Actinobacteria	Súr náma Spánn	Garcia-Moyano et al. 2007
681-2-1	Unc. bacterium (DQ906070)	96	Actinobacteria	Tinto River Rhizosph. Spánn	Mirete et al. 2006
681-9-2	Unc. actinobacterium cl (EF612363)	98	Actinobacteria	Blý-zink náma	Mendez et al. 2008
681-29-1	Unc. bacterium cl (DQ303258)	94	Actinobacteria	Rio Tinto súrt umvherfi Spann	Garcia-Moyano et al. 2007
681-22-1	Unc. bacterium cl (EU360085)	97	Actino Acid??	Jarðvegur Taiwan	Selvam et al. 2007
681-7-3	Acidobacteriaceae bacterium (DQ355184)	99	Acidobacteria	Námu úrgangur kopar	Diaby et al. 2007
681-8-6	Unc. Acidobacteria bacterium cl (EU122604)	98	Acidobacteria	Jarðvegur	George et al. 2007
681-10-3	Unc. bacterium cl (DQ453121)	99	Acidobacteria	Súr náma Kína	Hao et al. 2007
681-14-1	Unc. bacterium cl (DQ453121)	97	Acidobacteria	Súr náma Kína	Hao et al. 2007
681-11-2	Unc. Acidobacteria bacterium cl (EF457297)	98	Acidobacteria	Uranium setlög	Barns et al. 2007
681-12-1	Unc. bacterium cl ERF-H7 (DQ906084)	90	Acidobacteria	Tinto River Rhizosph. Spánn	Mirete et al. 2006
681-13-1	Unc. organism cl (DQ395941)	93	Acidobacteria	Djúpsjávarkórrall	Penn et al. 2006
681-15-1	Unc. bacterium cl (EU403015)	97	Acidobacteria	Setlög Malaysia	Jackson et al. 2008
681-19-1	Unc. bacterium cl (DQ659229)	92	Acidobacteria	Súr náma afrennsli	Wan et al. 2006
681-21-1	Unc. Acidobacterium (AF200696)	98	Acidobacteria		Radajewski 2000
681-25-1	Unc. Acidobacteria bacterium (DQ328617)	97	Acidobacteria	Súrt námuvatn	Hao et al. 2005
681-32-1	Unc. Acidobacteria bacterium cl (DQ328617)	97	Acidobacteria	Súr náma	Hao et al. 2005
681-4-2	Unc. bacterium (AB254788)	99	Planctomycetes?	Járník setlög Japan	Yoshida et al. 2006
681-26-1	Unc. bacterium cl (AY963406)	98	Planctomycetes	Skógarjarðvegur	Chan et al. 2006
681-31-1	Unc. bacterium cl (FJ178144)	98	Firmicutes	Jarðvegur	He et al. 2008
681-24-1	Unc. bacterium cl (DQ660855)	93	Cyanobacteria	Námuvatn Kína	Dai et al. 2006
681-3-2	Candidate division OP10 bacterium (AM749780)	95	OP-10	Hverasvæði Nýja sjáland	Stott et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Tegundafjölbreytileiki er mikill meðal baktería í sýni 681 (tafla 9a), sem kemur nokkuð á óvart þar sem hitastig er hátt (90°C) og sýrustig lágt (pH 2.7). Engin ein tegund er ríkjandi í þessu sýni, en flestar tegundir flokkast þó til *Acidobacteria*, sem er sýrukær hópur baktería eins og nafnið bendir til.

Sýni 681 er afar einsleitt hvað fornbakteríur varðar, þar sem allar tegundir flokkast til *Crenarchaeota*. Tegundahlutföll þeirra í sýninu eru dæmigerð fyrir jaðarvistkerfi þar sem ein tegund er ríkjandi (47 klónar af 68) (tafla 9b). Sama tegund fannst nýlega á hverasvæði í Ástralíu (Henneberger o.fl. 2008). Þessi tegund hefur þó aldrei verið ræktuð.

TAFLA 9b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 681: 68 klónar; 7 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldi.	Fylking	Uppruni	Heimild
681A-1-47	Unc. archaeon cl (EU419158)	99	Crenarchaeota	Ástralía hverasvæði	Henneberger et al. 2008
681A-6-1	Unc. archaeon cl (EU419158)	97	Crenarchaeota	Ástralía hverasvæði	Henneberger et al. 2008
681A-3-1	Pyrobaculum sp. AQ1.S2 DQ778007	99	Crenarchaeota	Hver Nýja Sjáland	Niederberger et al. 2008
681A-5-16	T.tenax (M35966)	99	Crenarchaeota	hver	Leinfelder et al.1985
681A-7-1	T.tenax (M35966)	99	Crenarchaeota	hver	Leinfelder et al.1985
681A-8-1	Thermocladium modestius (AB005296)	98	Crenarchaeota	hver	Itoh et al. 1998
681A-9-1	Unc. archaeon cl (AY779839)	96	Crenarchaeota	Súr hver USA	Siering et al. 2004

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 682-686 voru öll tekin úr mislitum opnum í „sama“ hvernnum (myndir 11 og 12).



Mynd 11. Örvarnar sýna sýnatökustaði 682 og 683. Sýni 682 var vökvásýni úr brúnu auga þar sem hitastig mældist $96,5^{\circ}\text{C}$ og pH 3,1. Sýni 683 var úr hvíta auganu vinstra megin við brúna augað. Hitastigið var $89,4^{\circ}\text{C}$ og pH 3,1.

Eingöngu fornbakteríur fundust í sýni 682 úr brúnu auga (mynd 11, tafla 10). Hitastigið mældist afar hátt í þessu auga, eða 96,5°C og sýrustig lágt, eða pH 3.1. Það kemur því ekki á óvart að fornbakteríur ríki í hvernnum. Allar tegundirnar sem fundust flokkast til fylkingar Crenarchaeota. Ríkjandi tegund fannst nýverið í Ástralíu (Henneberger o.fl. 2008) og er sú sama og var ríkjandi í sýni 681.

TAFLA 10. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 682: 34 klónar; 4 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
682-1-27	Unc. archaeon cl (EU419158)	98	Crenarchaeota	Ástralía hverasvæði	Henneberger et al. 2008
682-2-5	T.tenax (M35966)	98	Crenarchaeota	Hver	Leinfelder et al.1985
682-5-1	T.tenax (M35966)	95	Crenarchaeota	Hver	Leinfelder et al.1985
682-3-1	Unc. archaeon cl (AY779851)	95	Crenarchaeota	Súr hver USA	Siering et al. 2004

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Í sýni 683 úr hvítu auga (mynd 11) þar sem hitastigið var 89.4°C og pH 3.1, fundust eingöngu bakteríur (tafla 11), en engar fornbakteríur, fyrir utan eina sem magnaðist upp með bakteríuvísum. Þetta auga, sem sýnið var tekið úr, er mjög nálægt auga 682 þar sem eingöngu fundust fornbakteríur. Ríkjandi tegund í sýninu er *β-Proteobakterían Curvibacter gracilis*. Ekki er mikið vitað um lífshætti þessarar tegundar í hverum, en hún hefur verið einangruð úr uppsprettuvatni. Hins vegar eru *β-Proteobakteríur* mjög algengar í þessum hver en þær eru oft einkennandi fyrir hvítleita, vatnsmikla hveri, einkum *Thiomonas* tegundir sem fundust þó ekki hér.

TAFLA 11. Tegundasamsetning baktería í sýni 683: 39 klónar, 8 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.	Fylking	Uppruni	Heimild
683-1-1	Hydrogenobaculum acidophilum (EU545991)	99	Aquificae	Hver	D'Imperio et al. 2008
683-2-19	Curvibacter gracilis (AB109889)	100	β-Proteobacteria	Uppsprettu	Ding et al. 2004
683-4-12	Unc. β-proteobacterium (EF562563)	99	β-Proteobacteria		Jin et al. 2007
683-6-1	Unc. β-proteobacterium (EF562563)	97	β-Proteobacteria		Jin et al. 2007
683-5-2	Unc. bacterium Ontario (FJ390689)	99	γ-Proteobacteria	Kanada	Lu et al 2008
683-9-1	Acinetobacter sp. (EU267627)	99	γ-Proteobacteria	Geimfar?	Vaishampayan et al. 2008
683-3-2	Arthrobacter russicus (AB071950)	99	Actinobacteria	Andrúmsloft Rússland	Li, et al. 2004
683-8-1	Unc. bacterium cl (EU746772)	99	Bacteroidetes	Drykkjarvatn Grikkland	Kormas et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 684 var tekið af yfirborðsbrák í dökkgráu auga (mynd 12, tafla 12). Hitastigið var hátt, eða 92,1°C og sýrustig lágt eða pH 3.4. Það kom því nokkuð á óvart að engar fornbakteríur fundust þarna. Algengust baktería var *β-Proteobakterían Curvibacter gracilis*, eins og í sýni 683.



Mynd 12. Sýni 684 var tekið af yfirborðsbrák með loftbólum úr efra auganu á myndinni. Hitastigið var $92,1^{\circ}\text{C}$ og $\text{pH} 3,4$. Sýni 685 var vökvásýni úr ljósgráu auga þar sem hitastig var $60-72^{\circ}\text{C}$ og $\text{pH} 2,9$. Sýni 686 var tekið af grænum þörungamassa við jaðar neðra augans. Hitastigið var 33°C og $\text{pH} 2,8$.

TAFLA 12. Tegundasamsetning baktería í sýni 684: 47 klónar, 5 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldi.%	Fylking	Uppruni	Heimild
684-1-1	Unc. Hydrogenobaculum sp. (DQ924822)	87L	Aquificae	Yellowstone	Korf et al. 2006
684-2-16	Unc. β -proteobacterium (EF562563)	99	β -Proteobacteria		Jin et al. 2007
684-3-25	Curvibacter gracilis (AB109889)	99	β -Proteobacteria	Uppspretta	Ding et al. 2004
684-4-3	Iron-reducing bacterium (FJ269077)	99	β -Proteobacteria	Jarðvegur Kína	Wang et al. 2008
684-5-2	Unc. bacterium cl (EF632913)	98	γ -Proteobacteria	Vatn Chile	Dorador et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Í sýni 685 úr ljósgráu auga (mynd 10, tafla 13) fundust eingöngu bakteríur, en engar fornbakteríur. Hitastig í þessum hver er ívið lægra en í 683 og 684, eða $60-72^{\circ}\text{C}$. Ríkjandi tegund er *Hydrobaculum* tegund, en þær hafa fundist víða bæði hér á landi og annars staðar. Þessi tegund nýtir sér brennisteinsvetni (H_2S) og vetni (H_2) og bindur koldíoxíð (CO_2) og er því frumbjarga. β -Proteobakterian *Curvibacter gracilis* finnst einnig í þessu sýni.

TAFLA 13. Tegundasamsetning baktería í sýni 685: 48 klónar; 4 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldi.%	Fylking	Uppruni	Heimild
685-1-42	Unc. Hydrogenobaculum sp. (DQ834127)	99	Aquificae	Yellowstone	Korf et al. 2006
685-2-2	Unc. Hydrogenobaculum sp. (DQ834127)	97	Aquificae	Yellowstone	Korf et al. 2006
685-3-2	Curvibacter gracilis (AB109889)	99	β -Proteobacteria	Uppspretta	Ding et al. 2004
685-4-2	Unc. β -proteobacterium (EF562563)	99	β -Proteobacteria		Jin et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 686 var tekið af grænum þörungamassa á yfirborði þar sem hitastig mældist 33°C og pH 2.8 (mynd 12). Í sýninu fundust bæði bakteríur (tafla 14a) og fornbakteríur (tafla 14b). *Hydrogenobaculum* tegund er ríkjandi í sýninu, en *β-Proteobakteríur* finnast þar einnig, þær sömu og áður.

TAFLA 14a. Tegundasamsetning baktería í sýni 686: Bakteríur: 48 klónar, 3 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldi.%	Fylking	Uppruni	Heimild
686-1-46	Hydrogenobaculum sp. NOR3L3B (AJ320225)	99	Aquificae	Hver	Eder and Huber 2002
686-2-1	Curvibacter gracilis (AB109889)	99	β-Proteobacteria	Uppspretta	Ding et al. 2004
686-3-1	Unc. beta proteobacterium cl 61-01-24c007 (DQ316806)	99	β-Proteobacteria	Uranium náma setlög	Akob et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Fornbakteríur í sýni 686 eru bæði af fylkingum Euryarchaeota og Crenarchaeota og tilheyra fleiri þeirri fyr nefndu (tafla 14b). Þörungamassinn sem sýnið var tekið úr kemur ekki fram, þær sem þörungar flokkast til heilkjörnunga og greinast því ekki með dreifkjörnungavísum.

TAFLA 14b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 686: 12 klónar; 4 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldi.%	Fylking	Uppruni	Heimild
686A-1-6	Unc. prokaryote cl (EF682419)	95	Euryarchaeota	Hver USA	Wilson et al. 2008
686A-2-3	Unc. prokaryote cl (EF682419)	95	Euryarchaeota	Hver USA	Wilson et al. 2008
686A-4-2	Unc. archaeon cl (EF156499)	99	Crenarchaeota	Yellowstone	Korf et al. 2006
686A-6-1	Unc. prokaryote cl (EF682430)	93	Crenarchaeota?	Hver USA	Wilson et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 687 var tekið úr vatnsmíklum ljósum leirhver, þær sem hitastig mældist 82,5 og pH 2.8 (myndir 13 og 14). Sýni til frumefnamælinga var einnig tekið úr þessum hver. Fornbakteríur af fylkingu *Crenarchaeota* virtust allsráðandi í hvernnum (tafla 15), - í honum fundust engar bakteríur. Frumefnamæling var gerð á vökvásýni úr þessum hver (sjá viðauka).



Mynd 13. Sýni 687 var tekið úr þessum ljósa leirhver.



Mynd 14. Sýnatökustaður fyrir sýni 687. Hitastigið var 82,5 og pH 2,8.

TAFLA 15. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 687: 25 klónar, 5 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
687A-1-15	Unc. archaeon cl (EU419158)	99	Crenarchaeota	Hver Ástralía	Henneberger et al. 2008
687A-2-6	Unc. archaeon cl (EF558682)	99	Crenarchaeota	Hver USA	Bartles et al. 2007
687A-3-2	T.tenax (M35966)	96	Crenarchaeota	hver	Leinfelder et al. 1985
687A-5-1	Unc. archaeon cl SK289 (AY882838)	99	Crenarchaeota	Yellowstone USA	Korf et al 2005
687A-6-1	Unc. archaeon cl (EF558697)	96	Crenarchaeota	Hver USA	Bartles et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.



Sýni 688 var tekið úr bullandi leirhver, þar sem hitastigið var 96°C og sýrustigið pH 4.7 (mynd 15). Ekki tókst að einangra DNA úr sýninu, sem kom reyndar ekki á óvart við svo hátt hitastig sem raun ber vitni.

Frumefnamæling var gerð á bessu sýni (sjá viðauka).

Mynd 15. Sýni 688 var vökva/leðjusýni úr bullandi leirhver við 96°C. Sýrustigið mældist 4,7.

Í sýni 689 af hvítum yfirborðsutfellingum (mynd 16) fundust bæði bakteríur og fornbakteríur. Ríkjandi tegund baktería var frumbjarga *Hydrogenobaculum* og var hún allsráðandi og eina bakteríutegundin sem fannst í hvernnum (tafla 16a). Ríkjandi tegund fornbaktería var óræktuð tegund af fylkingu *Crenarchaeota* (tafla 16b).

TAFLA 16a. Tegundasamsetning baktería í sýni 689: 45 klónar, 1 tegund

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
689-1-45	Unc. <i>Hydrogenobaculum</i> sp. (DQ834127)	99	Aquificae	Yellowstone	Kort et al. 2006

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 16b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 689: 37 klónar, 3 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
689A-2-35	Unc. archaeon cl (FJ358727)	99	Crenarchaeota	Hver USA	Yip et al. 2008
689A-5-1	Unc. archaeon cl (AY882838)	95	Crenarchaeota	Yellowstone	Korf et al. 2005
689A-9-1	Unc. archaeon cl (AY882838)	99	Crenarchaeota	Yellowstone	Korf et al. 2005

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.



Mynd 16. Sýni 689 var tekið af hvítum yfirborðsútfellingum þar sem hitastigið var 45-47°C og sýrustig pH 3,4



Ekki tókst að einangra DNA úr sýnum **690**, **691** og **709** (myndir 17, 18 og 19). Sýrustigið var mjög lágt í þessum sýnum eða pH 2.4 í sýni 690, 2.6 í sýni 691 og pH 2.0 í sýni 709, sem kann að vera skýring.

Frumefnamæling var gerð á sýni 690 (sjá viðauka).

Mynd 17. Sýni 690 var vökvásýni úr leirþyrtti með stöðnu vatni. Reynt var að veiða brákina ofan af. Hitastigið var rúmlega 60°C og sýrustig 2,5.



Mynd 18. Sýni 691 var tekið af leirleðju úr þessum hver. Hitastigið var 60°C og sýrustig $\text{pH } 2,6$.



Mynd 19. Sýni 709 var tekið úr leirhver. Hitastigið var 88°C og $\text{pH } 2,0$.

3.2.2 Gufuaugu í hrauni á Þeistareykjasvæði - erfðagreiningar á sýnum

Sýni 710-713 voru tekin úr gufuaugum í hraunhlónum við Þeistareyki. Svæðið einkennist af hrauni og gróðri og liðast gufa upp víðsvegar upp í gegnum hraunið og minnir dálítið á Jarðbaðshóla í Mývatnssveit. Þarna eru aðstæður gjörólíkar því sem einkennir sýnatökustaðina sem lýst hefur verið hér að framan. Hér er sýrustigið mun hærra. Niðurstöður úr greiningum á tegundasamsetningu í þessum hverum endurspeglu þetta, þar sem allt önnur flóra er á ferðinni en áður. Flóran í þessum sýnum innbyrðis er þó ekki sú sama, þrátt fyrir að aðstæður séu að mörgu leyti líkar. Gerð sýna 710-713 er einnig í öllum tilvikum sú sama, þ.e. moldar- eða jarðvegssýni. Hitastig á sýnatökustöðunum var hins vegar mismunandi sem ræður að öllum líkindum mun á flóru milli sýna.

Í sýni 710, sem tekið var af jarðvegi úr opi gufuauga (mynd 18) fundust eingöngu bakteríur (tafla 17), engar fornbakteríur. Hitastig var tiltölulega hátt, eða tæpar 84°C og $\text{pH } 8,6$. Ríkjandi bakteríutegundir í sýninu eru tvær og flokkast til *Actinobaktería* og *Acidobaktería*, en jarðvegsbakteríur eru talsvert algengar í þessum fylkingum. *Actinobakteriur* er ein stærsta bakteríufylkingin og innan hennar finnast fjölbreyttir lífshættir og lífsform. Allflestir tegundirnar eru þó lofháðar.



Mynd 20. Sýni 710 var tekið af jarðvegi úr opi gufuaugans sem sést á myndinni. Hitastigið var $83,7$ og $\text{pH } 8,6$.

Sem fyrr segir þrífast *Acidobakteríur* að jafnaði best í súru umhverfi. Það kemur því nokkuð á óvart að finna þær hér við basiskt sýrustig (pH 8,6). Þær þurfa lífrænt kolefni til vaxtar og viðhalds, og eru því ófrumbjarga. Skyldleikaprósenta við þekktar tegundir í Genbank er að jafnaði afar lág í þessu sýni eins og sjá má í töflunni og oft undir 90%, sem bendir til þess að um sérstakt vistkerfi sé að ræða. Það vekur einnig athygli að einungis er um óræktaða ættingja að ræða.

TAFLA 17. Tegundasamsetning baktería í sýni 710: 32 klónar, 9 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
710-1-9	Unc. actinomycete cl. (AF467344)	86	Actinobacteria		Reed et al. 2002
710-7-1	Unc. bacterium cl (EU680343)	83	Actinobacteria	Jarðvegur	Zhou et al. 2008
710-4-2	Unc. bacterium cl (DQ664131)	91	Actinobacteria	Setlög	Allen et al. 2007
710-9-1	Unc. bacterium cl (FJ229206)	94	Actinobacteria		Van Horn et al. 2008
710-3-9	Unc.. Bact. cl (AM777958)	91	Acidobacteria	Basiskt umhverfi	Tiago et al. 2007
710-5-4	Unc.. Acidobacteria bact. (EF457346)	86	Acidobacteria	Jarðög	Barns et al. 2007
710-6-1	Unc..Firmicutes bact.cl (EF665637)	90	Firmicutes	Jarðvegur	Jangid et al 2007
710-2-4	Unc.. Thermomicrobium sp. cl. (AF361218)	89	Chloroflexi	Hver Ísland	Marteinsson et al. 2001
710-8-1	Unc. Bacteroidetes bact (EU246826)	99	Bacteroidetes	Hawaii	Speck et al 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegundir auðkenndar í ramma.

Sýni 711 var tekið af jarðvegi í gufuopinu sem sést á mynd 21. Í sýninu voru eingöngu bakteríur (tafla 18), engar fornbakteríur. Tiltölulega fáir klónar (16) fengust upp úr þessu sýni, en þeir dreifðust á tiltölulega margar, eða 12 tegundir. Engin ein tegund virðist ríkjandi, en tegundir af fylkingu *Chloroflexi* virðast algengastar í sýninu (tafla 18). Í þessu sýni fannst einnig *Thermus islandicus* (*Thermus sp.* 3838), en þessi tegund var einangruð úr sýni úr hver á Torfajökulssvæðinu fyrir skömmu (Bjornsdóttir o.fl. 2008).



Mynd 21. Sýni 711 var tekið úr jarðvegi í gufuopi. Hitastigið var 61-63°C og pH 7,2.

Skyldleikinn við nánustu ættingja í Genbank er ívið hærri í þessu sýni en í sýni 710 og nánast alltaf yfir 90% mörkum.

TAFLA 18. Tegundasamsetning baktería í sýni 711: 16 klónar, 12 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
711-9-1	Eubacteria EM 19 (U05662)	91	Aquificae???	Yellowstone	Reysenbach et al. 1994
711-10-1	Unc. bacterium cl (DQ537833)	99	Actinobacteria	Maður	Lu et al. 2006
711-1-3	Unc. bacterium cl (DQ324890)	98	Chloroflexi?	Yellowstone	Ackerman et al. 2005
711-3-2	Unc.. Thermomicrobium sp. cl SUBT-4 (AF361218)	96	Chloroflexi	Ísland neðansjávarhver	Marteinsson et al. 2001
711-11-1	Unc. bacterium cl (DQ791457)	98	OP-10 ??? Chloroflexi??	Hawaii geothermal soil	Gomez-Alvarez 2006
711-4-1	Unidentified Cytophagales (AF027008)	91	Bacteroidetes	Yellowstone	Hugenholtz et al. 1998
711-5-1	Sphingobacterium multivorum (AB100739)	99	Bacteroidetes	Mjólkurvara	Im et al. 2003
711-2-2	Thermus sp. PRI-3838 (EU753247)	99	Deinococcus Thermus	Ísland Torfajökulssvæði	Bjornsdottir et al. 2008
711-8-1	Meiothermus sp. (AM229107)	99	Deinococcus Thermus	Pappírsvínnsla Finnland	Ekman et al. 2007
711-6-1	Thermoanaerobacterium islandicum strain AK17 (EF088330)	99	Firmicutes	Ísland hver	Orlygsson et al. 2006
711-7-1	Unc. bacterium cl (FJ206615)	82	Planctomycetes??	Yellowstone	Boomer et al. 2008
711-12-1	Unc. bacterium cl (FJ206539)	97	Planctomycetes	Yellowstone	Boomer et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Engin tegund ríkjandi.

Sýni 712 var jarðvegssýni sem tekið af jarðvegi undir steini sem gufaði undan (mynd 22) ofarlega í hól á svæðinu. *Actinobakteríufylkingin* er ríkjandi í þessu sýni (tafla 19). Tegund af fylkingu *Acidobaktería* á einnig nokkurn fjölda fulltrúa. Eins og sjá má er skyldleika-prósentan er afar lág að jafnaði í þessu sýni og oft um og undir 90% sem bendir til þess að vistkerfið sé sérstakt.



Mynd 22. Sýni 712 var jarðvegssýni tekið úr gufu. Hitastigið var 55°C og pH 8,0.

TAFLA 19. Tegundasamsetning baktería í sýni 712: 48 klónar, 15 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.	Fylking	Uppruni	Heimild
712-3-1	Unc. bacterium cl (EF516156)	93	Actinobacteria	Jarðvegur	Cruz et al. 2007
712-4-1	Unc. bacterium (AF234118)	87	Actinobacteria?	Jarðvegur	Holmes et al. 2000
712-5-1	Unc. bacterium cl (EF584530)	88	Actinobacteria?	Anamox reactor	Park et al. 2007
712-6-3	Unc. bacterium cl (DQ830110)	86	Actinobacteria?	Jarðvegur	Upchurch et al. 2006
712-8-15	Unc. actinomycete cl (AF467344)	86	Actinobacteria		Reed et al. 2002
712-10-2	Unc. bacterium cl KSC6-2 (DQ532336)	87	Actinobacteria?		Moissl et al. 2007
712-15-1	Unc. bacterium cl (EU133124)	95	Actinobacteria	Jarðvegur	Elshahed et al. 2008
712-7-15	Unc. bact CV (AM777958)	91	Acidobacteria	Portugal grunnvatn	Tiago et al. 2007
712-11-1	Unc. Sphingobacterium sp. cl. (AY862023)	89	Bacteroidetes	Yellowstone	Spear et al. 2005
712-9-3	Unc. Bacteroidetes (AB113613)	98	Bacteroidetes	Jarðhitavökví Japan	Hirayama et al. 2005
712-12-1	Unc.. Bacteroidetes bact cl (EU246826)	94	Bacteroidetes? Actinobacteria?	Hawaii	Speck et al. 2007
712-13-1	Unc.. Thermomicrobium sp. cl. (AF361218)	89	Chloroflexi	Ísland	Marteinsson o.fl. 2001
712-14-1	Unc. bacterium cl (EU134040)	85	Chloroflexi? Firmicutes?	Jarðvegur	Elshahed et al. 2008
712-2-1	Unc.. bacterium cl (EF075382)	91	Firmicutes?	Jarðvegur	Jangid et al. 2006
712-1-1	Unc. bacterium cl (EU149044)	99	Deinococcus Thermus	Bjalla	Vasanthakumar et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegundir auðkenndar í ramma.

Sýni 713 var tekið af þörungaskán í gufuauga (mynd 23) við tiltölulega lágt hitastig ($44,8^{\circ}\text{C}$) og hlutlaust sýrustig. Engar fornbakteríur fundust í þessu sýni. Ríkjandi tegund baktería er hins vegar algeng hverabaktería af *Meiothermus* ættkvísl (S119) (tafla 20) innan *Deinococcus – Thermus* fylkingarinnar.



TAFLA 20. Tegundasamsetning baktería í sýni 713: 52 klónar, 20 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
713-12-1	Unc. bacterium cl (EF032760)	98	γ-Proteo?? Firmicutes??	Hellir á Hawaii	Brown et al. 2006
713-15-1	Unc. Xanthomonadales bact (EF074620)	96	γ-Proteobact	Jarðvegur USA	Jangid et al. 2006
713-2-2	Unc. bacterium cl (EU881203)	89	Actinobacteria	Jarðvegur	Chen et al. 2008
713-8-3	Unc. bacterium cl (DQ532228)	93	Acidobacteria		Moissl et al. 2007
713-17-1	Unc.. Bact. cl Amb (EF019199)	93	Acidobacteria	Jarðvegur	Lesaulnier et al. 2008
713-19-1	Unc. Acidobacteria bact (EU122912)	94	Acidobacteria	Jarðvegur	George et al. 2007
713-3-6	Chloroflexi bacterium (AM749769)	96	Chloroflexi	Jarðhitasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
713-4-4	Chloroflexi bacterium (AM749769)	92	Chloroflexi	Jarðhitasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
713-6-4	Chloroflexi bacterium (AM749781)	97	Chloroflexi	Jarðhitasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
713-14-1	Unc. bacterium cl (EU680443)	88	Chloroflexi??	Jarðvegur Kína	Zhou et al. 2008
713-7-10	Bacterium S119 (AY040675)	99	Deinococcus-Thermus	Jarðhitasvæði	Dhamwichukorn et al. 2001
713-13-1	Unc. Thermaceae bact c (EF032761)	91	Deinococcus-Thermus	Hellir á Hawaii	Brown et al. 2006
713-16-1	Unc. Thermaceae bact cl(EF032761)	99	Deinococcus-Thermus	Hellir á Hawaii	Brown et al. 2006
713-18-1	Unc.. Meiothermus sp.(EU249942)	95	Deinococcus-Thermus	Sjór	Speck et al. 2007
713-9-2	Microcoleus sp. DAI (EF654029)	95	Cyanobacteria		Siegesmund et al. 2007
713-20-1	Chlorogloeopsis sp. (DQ431000)	85	Cyanobacteria	Hver á Grænlandi	Roeselers et al. 2007
713-10-1	Unc. Planctomycetes (AM749743)	88	Planctomycetes	Jarðhitasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
713-5-2	Unc. Planctomycetes (AM749743)	94	Planctomycetes	Jarðhitasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
713-11-1	Methylacidiphilum infernorum V4 (CP000975)	86	Verrucomicrobia	Sýrukær	Hou et al. 2008
713-1-8	Unc. bacterium cl (EU419165)	86	Verrucomicrobia	Hydrothermal environments	Henneberger et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

3.2.3 Gjástykki - erfðagreiningar á sýnum

Yfirborðshiti í Gjástykki er sýnilegur á tiltölulega litlu hverasvæði sem er eins og eyja innan nýja hraunsins sem rann í Kröflueldum á níunda áratug síðustu aldar. Þrjú sýni voru tekin á þessu svæði, 714, 715 og 716.

Í sýni 714 sem var tekið úr gufuauga (mynd 24) fundust bæði bakteríur (tafla 21a) og fornbakteríur (tafla 21b). Ríkjandi tegund er tegund S119 sem fannst einnig í hraunhlóum við Þeistareyki og er af ættkvísl *Meiothermus*. Þetta rímar ágætlega saman við umhverfisaðstæður sem eru ákjósanlegar fyrir *Meiothermus* tegundir. Aðrar tegundir í sýninu innihalda fáa fulltrúa og sýnir greiningin dæmigerða dreifingu í sýni úr jaðarvistkerfi.

Ríkjandi tegund fornbaktería í sýni 714 er af fylkingu *Crenarchaeota* (tafla 21b) og er af ættkvísl *Stygioglobus* þegar betur er að gáð, en sama tegund fannst á Azoreyjum og notar brennisteinsöndun til orkuvinnslu og getur nýtt sér ólifrænt kolefni (CO_2).



Mynd 24. Sýni 714 var tekið af jarðvegi úr gufuauga í jaðri nýja hraunsins. Hitastigið var 58,4 og sýrustig pH 6,6.

TAFLA 21a. Tegundasamsetning baktería í sýni 714: 49 klónar, 24 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
714-15-1	Unc. <i>Sphingobacterium</i> (AY862023)	90	α-Proteobacteria	Yellowstone	Spear et al. 2005
714-3-1	Unc. β-proteobacterium (EF417722)	86	β-Proteobacteria	Jarðvegur	Zhou et al. 2008
714-4-1	Ralstonia mannitolilytica (EU839656)	99	β-Proteobacteria	Papaya	Thomas et al. 2008
714-19-1	Unc. bacterium cl IFD_50 (DQ984546)	96	Γ-Proteobacteria	Jarðvegur Taiwan	Tseng et al. 2006
714-10-1	Unc. Acidobacteria (AM902630)	91	Acidobacteria	Hver Austurríki	Weidler et al. 2007
714-11-1	Unc. bacterium cl (FJ206771)	88	Acidobacteria	Hver Yellowstone	Boomer et al. 2008
714-20-1	Unc. bact cl Amb_16S_1877 EF019199	92	Acidobacteria	Jarðvegur	Lesaulnier et al. 2008
714A-8-2	Unc. bacterium cl FCPO549 (EF516035)	92	Acidobacteria	Jarðvegur Kalifornía	Cruz et al. 2007
714-22-1	Unc. Acidobacteria bacterium cl REF-050	94	Acidobacteria	Jarðvegur	George et al. 2007
714-6-4	Unc. bacterium cl (DQ532228)	93	Acidobacteria		Moissl et al. 2007
714-1-1	Chlorogloeopsis sp. (DQ431000)	96	Cyanobacteria	Hver á Grænlandi	Roeselers et al. 2007
714-9-2	Unc. bact cl (AB329659)	94	Cyanobacteria	Örveruþekja	Satoh et al. 2007
714-23-1	Chlorogloeopsis sp. Greenland_5 (DQ431000)	86	Cyanobacteria	Hver Grænland	Roeselers et al. 2007
714-8-2	Unc. Chloroflexi bact cl (AY395384)	80	Chloroflexi??	Jarðvegur	Schoenborn et al. 2003
714-18-1	Unc. bacterium cl S5-20 (EU680443)	88	Chloroflexi? Firmicutes?	Jarðvegur	Zhou et al. 2008
714-5-4	Unc. Thermaceae bact (EF032761)	99	Deinococcus Thermus	Hellir á Hawaii	Brown et al. 2006
714-7-17	Bacterium S119 (AY040675)	98	Deinococcus Thermus	Hver	Dhamwichukorn et al. 2001
714-12-1	Unc. Thermaceae bact (EF032761)	96	Deinococcus Thermus	Hellir á Hawaii	Brown et al. 2006
714-17-1	Unc. bacterium cl PK304 (AY555802)	84	Deinococcus Thermus	Hver Tailand	Kanokratana et al. 2004
714-21-1	Unc. <i>Meiothermus</i> sp. cl PmeaH2OB8 (EU249942)	94	Deinococcus Thermus	Sjór Hawaii	Speck et al. 2007
714-14-1	Bacterium S119 (AY040675)	96	Deinococcus Thermus	Hver	Dhamwichukorn et al. 2001
714-13-1	<i>Bacillus aneurinolyticus</i> (X60645)	99	Firmicutes		Ash et al. 1991
714-2-1	Unc. Firmicutes bact (EF665657)	90	Firmicutes	Jarðvegur	Jangid et al. 2007
714-16-1	Unc. bacterium cl (EF032760)	98	Firmicutes	Hellir á Hawaii	Brown et al. 2006

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 21b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 714: 28 klónar, 3 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
714A-1-1	Unc. archaeon cl KOZ186 (EF156626)	97	Crenarchaeota	Yellowstone	Korf et al. 2006
714A-5-17	Unc. archaeon cl N20aMs90 EU419158	99	Crenarchaeota	Eldfjallajarðvegur Ástralía	Henneberger et al. 2008
714A-6-10	Unc. crenarchaeote cl A01_ARCH1 (DQ450828)	93	Crenarchaeota	Jarðvegur tundra	Costello et al. 2006

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 715 var tekið á svipuðum slóðum og sýni 714 og var einnig jarðvegssýni (mynd 25). Ríkjandi bakteríutegund í þessu sýni er augljós og er af fylkingu *Verrucomicrobia* (tafla 22a), en afar fjarskyld nánasta ættingja sem fundist hefur, eða aðeins 87%. Þess má geta að sama tegund fannst einnig í sýni 713 á Þeistareykjum og einnig í sýni 716 í Gjástykki.

Ríkjandi fornbaktería í þessu sýni er af fylkingu *Crenarchaeota* (tafla 22b). Hér er áreiðanlega um nýja tegund, jafnvel nýja ættkvísl að ræða.



Mynd 25. Sýni 715 var jarðvegssýni. Hitastigið var 66°C og pH 6,9.



Mynd 26. Sýni 716 var tekið úr brennisteinsgufuaugu. Hitastigið var $84,8$ og pH 4,4.

TAFLA 22a. Tegundasamsetning baktería í sýni 715: 55 klónar, 21 tegund

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
715-5-2	Curvibacter gracilis (AB109889)	99	B-Proteobacteria		Ding et al. 2004
715-9-1	Unc. bacterium cl (DQ490002)	98	Aquificae	Hver USA	Navarro et al. 2006
715-3-2	Unc. bacterium cl (DQ490001)	99	Acidobacteria	Hver USA	Navarro et al. 2006
715-6-2	Unc. bacterium cl (FJ012152)	99	Actinobacteria		Silva-Rojas et al. 2008
715-8-1	Leifsonia sp. SBI-1 (AB366295)	99	Actinobacteria	Jarðvegur	Otsuka et al. 2008
715-10-1	Micrococcus sp. (FJ015031)	99	Actinobacteria	Fiskeldi	Porsby et al. 2008
715-12-1	Unc. soil bacterium cl (AY989076)	88	Actinobacteria??	Jarðvegur	Schloss et al 2005
715-17-1	Unc. actinomycete cl (AF467344)	86	Actinobacteria		Reed et al. 2002
715-16-1	Unc. Sphingobacterium (AY862023)	90	Bacteroidetes	Yellowstone	Spear et al. 2005
715-20-1	Unc. bacterium cl (DQ490014)	96	Bacteroidetes	Hver USA	Navarro et al. 2006
715-4-3	Chloroflexi bacterium (AM749769)	96	Chloroflexi	Hverasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
715-7-1	Chloroflexi bacterium	90	Chloroflexi	Hverasvæði Nýja Sjáland	Stott et al. 2008
715-14-1	Unc. bact cl (EU635935)	98	Chloroflexi??	Hver USA	Costa et al. 2008
715-19-1	Unc. bacterium cl (EU635935)	97	Chloroflexi?'	Hver USA	Costa et al. 2008
715-11-1	Unc. Firmicutes bact cl (EF665657)	90	Firmicutes	Jarðvegur	Jangid et al. 2007
715-13-1	Geobacillus sp. (AB362270)	99	Firmicutes	Sjávarset Japan	Kobayashi et al. 2008
715-18-1	Unc. Firmicutes bact cl (EF651630)	91	Firmicutes	Jarðvegur	Coleman et al. 2007
715-15-1	Unc. soil bacterium cl (AY988792)	95	Proteobacteria? Firmicutes?	Jarðvegur	Schloss et al. 2005
715-1-2	Verrucomicrobia bacterium (AM900834)	90	Verrucomicrobia	Súrt umhverfi	Dunfield et al. 2007
715-2-29	Verrucomicrobia bacterium LP2A (AM900834)	87	Verrucomicrobia	Súrt umhverfi	Dunfield et al. 2007
715-21-1	Unc. bacterium cl (EU419170)	89	Verrucomicrobia??	Neðansjávarhver Astrálía	Henneberger et al. 2008

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 22b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 715: 34 klónar, 5 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
715A-3-8	Unc. crenarchaeote cl PNG (EF100632)	98	Crenarchaeota	Setlög, Papua, Nýja Gínea	Meyer-Dombard et al. 2006
715A-4-7	Unc. archaeon cl BW249 (DQ924789)	97	Crenarchaeota	Yellowstone Geyser basin	Korf et al. 2006
715A-5-17	Unc. crenarchaeote cl A01_ARCH1 (DQ450828)	94	Crenarchaeota	Túnðra	Costello et al. 2006
715A-13-1	Unc. archaeon cl G04b_L4_A09	95	Crenarchaeota	Setlag hver Nevada	Costa et al. 2008
715A-15-1	Unc. crenarchaeote cl SUBT-13 (AF361212)	97	Crenarchaeota	Neðansjávarhver Ísland	Marteinsson o.fl. 2001

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Sýni 716 var tekið úr brennisteinsgufuuga í nokkrum bratta á hverasvæðinu í Gjástykki (mynd 26). Sýnið innihélt jarðveg og leðju. Ríkjandi tegund baktería í þessu sýni er sú sama og var ríkjandi í sýni 715, *Verrucomicrobia* tegund fjarskyld (87%) nánasta ættingja (tafla 23a). Aðrar tegundir innihalda fáa fulltrúa og dreifast á ýmsar fylkingar.

TAFLA 23a. Tegundasamsetning baktería í sýni 716: 38 klónar, 2 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
716-1-1	Unc. bact cl 1790a1-26 (AY917316)	92	Firmicutes	Eldfjallasvæði Hawaii	Gomez-Alvarez et al. 2007
716-2-37	<i>Verrucomicrobia</i> bact. LP2A (AM900834)	87	<i>Verrucomicrobium</i>	Hveraleðja Nýja Sjáland	Dunfield et al. 2007

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

TAFLA 23b. Tegundasamsetning fornbaktería í sýni 716: 11 klónar, 4 tegundir

Númer	Nánasti ættingi	Skyldl.%	Fylking	Uppruni	Heimild
A716-1-8	Unc. crenarchaeote (AB243801)	94	Crenarchaeota	Jarðvegur	Sakai et al. 2007
A716-2-1	Unc., thermal soil archaeon cl YNPFFA85 (AF391992)	98	Crenarchaeota	Hverajarðvegur	Botero et al. 2001
A716-3-1	Unc. archaeon cl BSLdp64 (EF558682)	99	Crenarchaeota	Boiling Springs Lake, Lassen volcanic park	Bartles et al. 2007
A716-4-1	<i>Sulfolobus islandicus</i> st U3D (AY247896)	99	Crenarchaeota	Ísland	Whitaker et al. 2003

Númer = sýnanúmer - númer innan sýnis - fjölda raða sem flokkast saman í tegund innan sýnis. Ríkjandi tegund auðkennd í ramma.

Fornbakteríur í þessu sýni voru allar af fylkingu *Crenarchaeota* (tafla 23b). Ríkjandi tegund var náskyld þeirri sem var ríkjandi í sýni 715 og myndar nýja tegund, e.t.v. nýja ættkvísl.

3.3 Dreifing baktería og fornbaktería á fylkingar – samantekt

Í töflu 24 sést hvernig bakteríur í sýnum dreifast á fylkingar hvað varðar fjöldi og hlutföll. Í sýnum úr leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum dreifast tegundir aðallega á nokkrar fylkingar, þ.e. β -, δ - og γ - *proteobakteríur* og *Aquificae*. Sömu sögu er að segja af hraunhólasýnum frá Þeistareykjum, sem sýna annað mynstur en þær fyr nefndu. Sýnin úr Gjástykki sýna svo að mörgu leyti svipað mynstur og hraunhólasýni frá Þeistareykjum. Þar eru aðalfylkingar *Acidobakteríur*, *Aktinobakteríur*, *Chloroflexi*, *Deinococcus-Thermus* og *Verrucomicrobia*.

Fornbakteríudreifingin í sýnum frá Þeistareykjum er sýnd í töflu 25. Dreifingin endurspeglar að nokkru leyti gerð sýna, þ.e. hvort um vökvásýni eða jarðvegssýni er að ræða. Þannig eru ríkjandi tegundir í vatnshverum (sýni 674-689) í öllum tilvikum af fylkingu *Crenarchaeota*. Engar fornbakteríur fundust í hraunhólasýnum frá Þeistareykjum og skýringin að öllum líkindum tiltölulega lágt hitastig í flestum tilvikum og hátt sýrustig (pH 6,7-8,6). Í sýnum úr Gjástykki eru *Crenarchaeota* tegundir allsráðandi. Engar tegundir af fylkingu *Euryarchaeota* fundust í sýnum úr Gjástykki.

TAFLA 24. Dreifing baktería á fylkingar

Fylking	Sýni	674	%	675	%	676	%	677	%	678	%	680	%	681	%	683	%	684	%	685	%	686	%	689	%	710	%	711	%	712	%	713	%	714	%	715	%	716	%				
β-Proteob		42	100					2	4			4	9			32	81	44	94	4	8	2	4							2	4	2	4										
δ-Proteob				2	4	18	43					7	15	2	4																												
γ-Proteob				46	94	18	43	10	22	46	100	16	35	3	6	3	8	2	4										2	4	1	2											
Aquificeae								34	74					4	9			1	3	1	2	44	92	46	96	45	100																
Acidob												2	4	22	47																												
Actinob								1	2					2	4	6	12	2	5																								
Chloroflexi																																											
Deinococc-Thermus																																											
Verru-microbia								1	2																																		
Annað								5	12					11	24	15	31	1	3																								
ALLS		42	100	49	100	42	100	46	100	46	100	46	100	48	100	39	100	47	100	48	100	48	100	45	100	32	100	16	100	48	100	52	100	49	100	55	100	38	100				

Taflan sýnir dreifingu baktería á fylkingar. Fjöldi og hlutföll eru sýnd. Guli liturinn sýnir fylkingu ríkjandi tegunda(r) í sýni. Sýni 674-689 eru úr leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjasvæðinu, 710-713 úr gufuaugum í hrauni á Þeistareykjasvæði og sýni 714-716 eru úr Gjástykki.

TAFLA 25. Dreifing fornbaktería á fylkingar

Fylking	Sýni	674	%	675	%	676	%	677	%	678	%	681	%	682	%	686	%	687	%	689	%	714	%	715	%	716	%								
Crenarchaeota		41	100	13	30	20	43	4	19	2	4	68	100	34	100	3	25	25	100	37	100	28	100	34	100	11	100								
Euryarchaeota				31	70	26	57	17	81	43	96					9	75																		
ALLS		41	100	44	100	46	100	21	100	45	100	68	100	34	100	12	100	25	100	37	100	28	100	34	100	11	100								

Taflan sýnir dreifingu fornbaktería á fylkingar. Fjöldi og hlutföll eru sýnd. Guli liturinn sýnir fylkingu ríkjandi tegund(a) í sýni. Sýni 674-689 eru úr leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum. Sýni 714-716 eru úr Gjástykki.

3.4 Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería og fornbaktería

Í töflu 26 sjást ýmsar tölulegar upplýsingar um sýnin, m.a. mat á líffræðilegum fjölbreytileika (Curtis o.fl. 2002). Eins og sjá má er áreiðanleiki greiningarinnar (C) mjög góður og í flestum tilvikum yfir 90 og í aðeins örfáum tilvikum undir 80. Líffræðilegur fjölbreytileiki (Nt/Nmax) er lágur í flestum tilvikum sem er dæmigert fyrir jaðarvistkerfi sem er oftast á bilinu 1-3. Undantekningar eru þó á þessu í örfáum tilvikum, t.d. í sýni 680 og 681, en það síðarnefnda kemur nokkuð á óvart þar sem hitastig er hátt og sýrustig lágt. Skýring hér kann þó að vera að tveimur sýnum úr sama hver var blandað saman, þ.e. vökvásýni og sýni af yfirborðsbrák. Sýni sem greind voru úr gufuauugum í hraunhólum á Þeistareykjaskvæði (710-713) sýna almennt tiltölulega há gildi en þarna er umhverfisþrýstingur minni en áður þar sem sýrustigið er hér hærra og í kringum hlutlaust pH. Þarna geta því fleiri tegundir þrifist. Erfðagreiningar á bakteríum úr Gjástykki sýna nokkuð sannfærandi gildi fyrir jaðarvistkerfi almennt ($Nt/Nmax = 1-3$).

TAFLA 26. Líffræðilegur fjölbreytileiki baktería í sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki

Sýni	T°C	pH	Nt	S	N1	C	Nmax	Nt/Nmax
674	87	4.1	42	3	0	100	22	1.9
675	52	2.7	49	14	5	90	23	2.1
676	54	3.1	42	13	9	79	15	2.8
677	56-83	3.8	46	6	4	91	33	1.4
678	62	1.9	46	10	8	83	36	1.3
680	55	2.3	46	17	7	85	9	5.1
681	90	2.7	48	32	23	52	6	8
683	89	3.1	39	8	4	90	19	2.1
684	92	3.4	47	5	1	98	25	1.9
685	60-72	2.9	48	4	0	100	42	1.1
686	33	2.8	48	3	2	96	46	1.04
689	45-47	3.4	45	1	0	100	45	1
710	84	8.6	32	9	4	88	9	3.6
711	61-63	7.2	16	12	9	44	3	5.3
712	55	8	48	15	10	79	15	3.2
713	45	6.7	52	20	11	79	10	5.2
714	58	6.6	49	24	18	63	17	2.9
715	66	6.9	55	21	15	73	29	1.9
716	85	4.4	38	2	1	97	37	1.03

Skýringar:

Nt gefur heildarfjölda klóna í sýni; S gefur tegundarfjölda; 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 gott og gilt); Nmax er fjöldi fulltrúa í fjölmennustu tegundinni og útreiknað Nt/Nmax gefur svo áætlaðan líffræðilegan fjölbreytileika í sýninu.

Í töflu 27 sjást sambærilegar upplýsingar fyrir fornbakteríur. Það vekur athygli að áreiðanleikastuðullinn er hærri og oftast á bilinu 90-100, enda um færri tegundir að ræða. Líffræðilegur fjölbreytileiki er almennt lægri en sambærileg gildi fyrir bakteríur í töflu 26. Þarna eru ríkjandi tegundir (Nmax) meira afgerandi, þ.e. innihalda oft >50% greindra klóna (Nt), þannig að útreiknað hlutfall Nt/Nmax verður lágt.

TAFLA 27. Líffræðilegur fjölbreytileiki fornbaktería á Þeistareykjum og í Gjástykki

Sýni	T°C	pH	Nt	S	N1	C	Nmax	Nt/Nmax
674A	87	4.1	40	5	3	92	35	1.1
675A	52	2.7	44	4	2	95	29	1.5
676A	54	3.1	46	5	2	96	22	2.1
677A	56-83	3.8	21	4	2	90	16	1.3
678A	62	1.9	45	2	1	98	43	1.1
681A	90	2.7	68	7	5	93	47	1.5
682A	96	3.1	34	4	2	94	27	1.3
686A	33	2.8	12	4	1	92	6	2
687A	83	2.8	25	5	2	92	15	1.7
689A	45-47	3.4	37	3	2	95	35	1.1
714A	58	6.6	28	3	1	96	17	1.6
715A	66	6.9	34	5	2	94	17	2
716A	85	4.4	11	4	3	73	8	1.4

Skýringar við töflu: Nt gefur heildarfjölda klóna í sýni; S gefur tegundarfjölda; N1 fjöldu tegunda sem innihalda aðeins einn fulltrúa; C ($C = 1 - (N1/Nt)$) gefur mat á áreiðanleika greiningarinnar á bilinu 0-100 (80-100 telst gott og gilt); Nmax er fjöldi fulltrúa í fjölmennustu tegundinni og útreiknað Nt/Nmax gefur áætlaðan líffræðilegan fjölbreytileika í sýninu.

3.5 Skyldleikatré

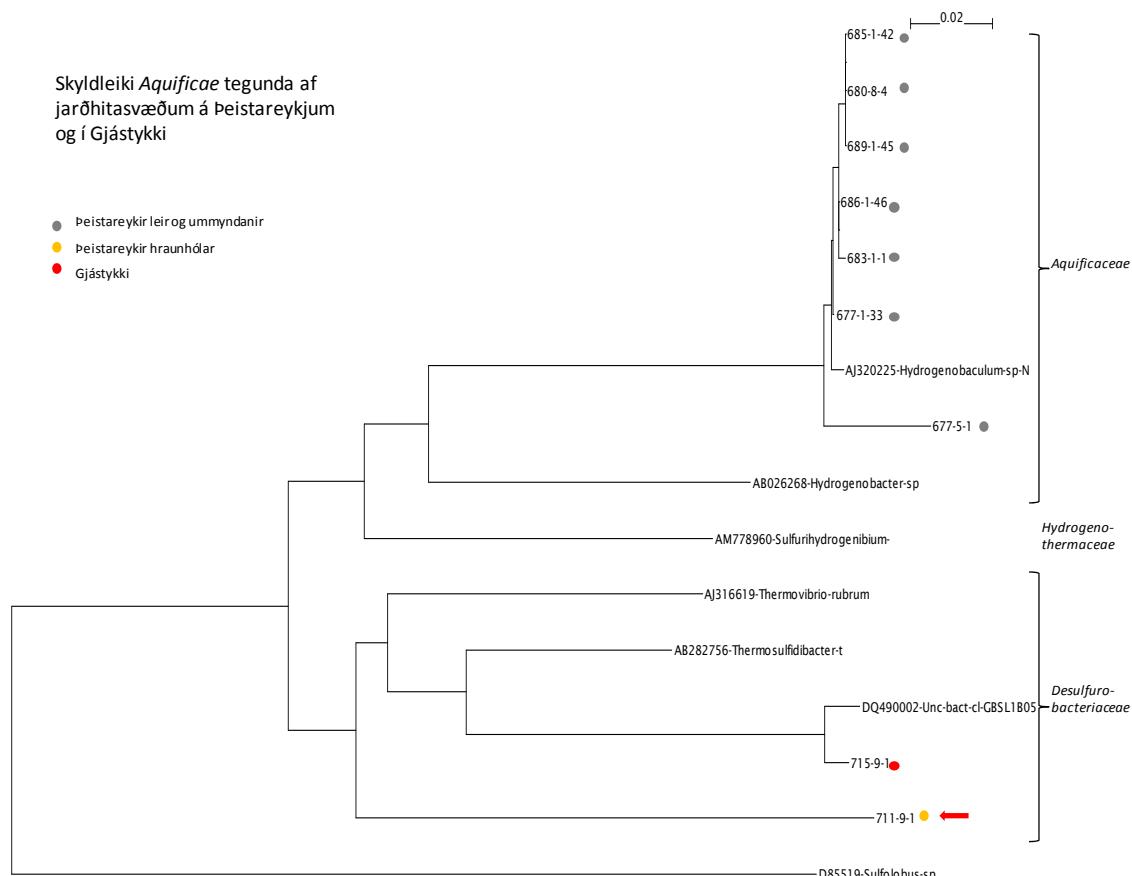
Skyldeikatrén sem hér fara á eftir byggjast á samanburði og samröðun DNA raða (u.p.b. 500-600bp) sem fengust úr raðgreiningum á sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Sama svæði innan 16S rRNA gensins er samraðað í tólvu og skyldeikatré reiknað. Á þennan hátt má sjá skyldleika tegunda í mismunandi sýnum og jafnframt skyldleika við þekktar tegundir sem eiga sér 16S röð í Genbank. Skyldleikatré voru búin til fyrir átta fylkingar baktería sem virtust algengastar í sýnum. Þessar fylkingar voru: *Aquificae*, β -Proteobakeríur, γ -Proteo-bakteríur, *Acidobakteríur*, *Actinobakteríur*, *Chloroflexi*, *Deinococcus-Thermus* og *Verruco-microbium*. Skyldleikatré voru jafnframt búin til fyrir tvær aðalfylkingar fornbaktería en þær virtust algengar í sýnum, þ.e. *Crenarchaeota* og *Euryarchaeota*.

Þar sem um fjölmörg sýni var að ræða var ákveðið að flokka þau eftir uppruna í þrjá hópa, þ.e. leirhveri, jarðvegs- og yfirborðsummyndanir á Þeistareykjum; gufuaugu í hrauni á Þeistareykjum og hveri í Gjástykki. Þessi flokkun er sýnd með lit í skyldleikatrjánum. Rauðar örvar eru notaðar til að auðkenna það sem þykir markvert, þ.e. áður óþekktar tegundir eða ættkvíslir.

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 þessarar fylkingar eru undantekningarálaust frumbjarga. Þær eru algengar í hverum og nýta H₂ og H₂S í orkuvinnslu og geta bundið ólifrænt kolefni úr CO₂. Þær mynda því oft grunninn fyrir tilvist annarra ófrumbjarga tegunda.

Mynd 27 sýnir skyldleikatré *Aquificae* úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Efsta grein trésins sýnir tegundir af ættkvísl *Hydrogenobaculum* sem eru mjög algengar í vatnsmíklum leirhverum. Allar greinar innan ættkvíslarinnar eru merktar með gráum deplum og eiga því uppruna í leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum. Neðar í trénu sjást tvær stakar tegundir sem fundust annars vegar í Gjástykki og hins vegar í gufuauge í hrauni að Þeistareykjum. Sú síðarnefnda (711-9-1) á sér engan náskyldan ættingja svo vitað sé og er því ný tegund eða ættkvísl auðkennd með ör. Hin fyrrnefnda (715-9-1) á sér einungis óræktaðan ættingja á nálægri grein.

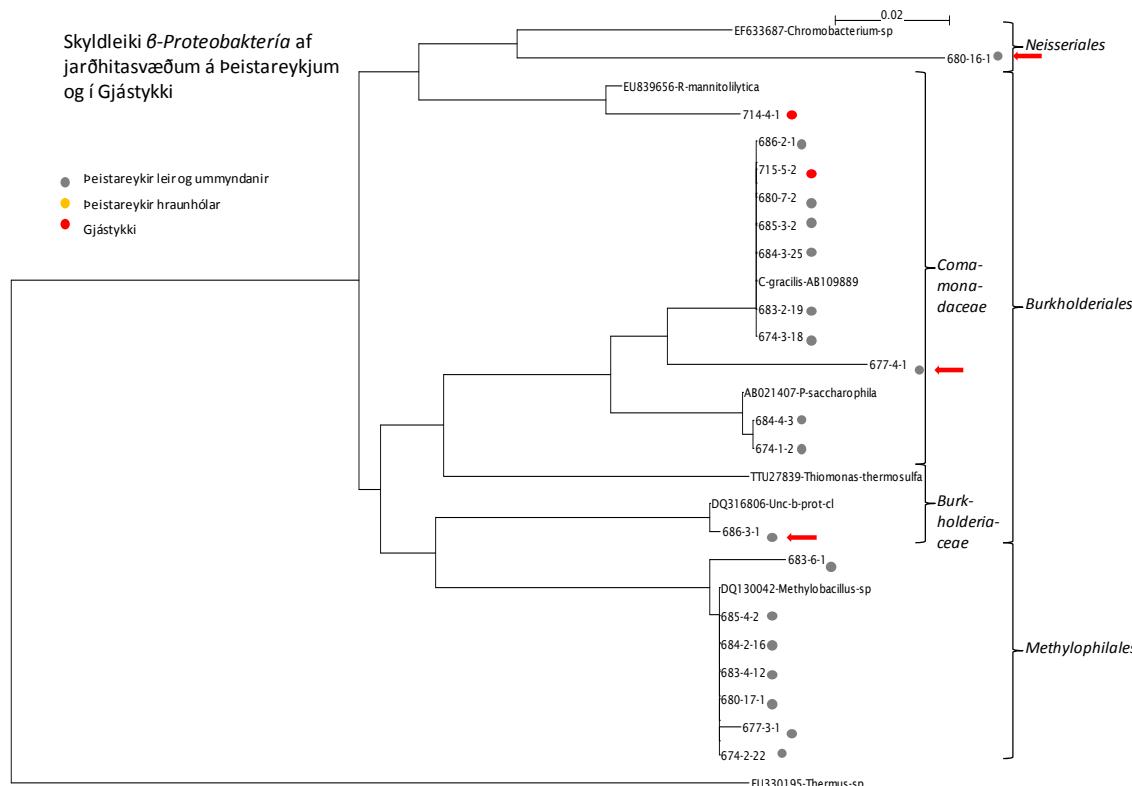


Mynd 27. Skyldleikatré *Aquificae*, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Sulfolobus* tegund (fornbaktería) var notuð sem útröð.

3.5.2 β -proteobakteríur

β -proteobakteríur eru undirfylking innan fylkingar *Proteobaktería*, sem er gríðarlega sundurleitur og stór hópur, bæði hvað varðar lífsferla, lífsskilyrði og lífform.

Mynd 28 sýnir skyldleikatré β -*Proteobaktería* úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Eins og sjá má eru langflestir fulltrúar þessarar fylkingar úr leirhverum og yfirborðs-ummyndunum á Þeistareykjum (sýni 674-709). Engin β -*Proteobaktería* fannst í hraunhólum á Þeistareykjum, en örfáar í Gjástykki (sýni 714-716). Allflestir deilast á tvær tegundir, annars vegar innan flokks *Burkholderiales* (*C.gracilis*) og hins vegar innan flokks *Methylophilales*. Sama tegund finnst á Þeistareykjum og Gjástykki en Peistareykjategundir einoka neðri greinina. Það vekur athygli að engin tegundanna sem fannst sýnir skyldleika við *Thiomonas* eins og búast hefði mátt við, en *Thiomonas* tegundir hafa fundist í hverum viða um land þar sem þær nýta sér ýmis brennisteinssambönd. Nokkrar stakar greinar sjást í trénu, en með aðeins einn fulltrúa, þannig að gera má ráð fyrir að þær skipti ekki höfuðmáli hér.



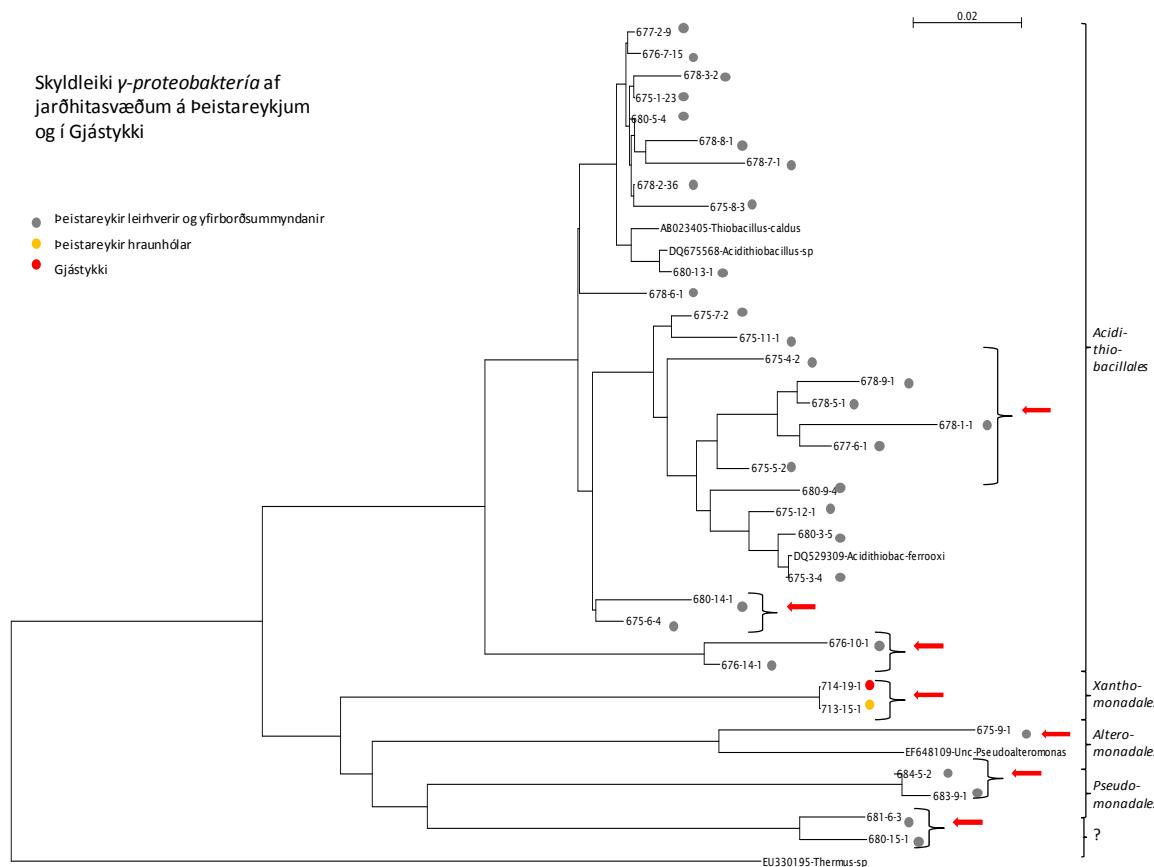
Mynd 28. Skyldleikatré β -*Proteobaktería*, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund varnotuð sem útröð.

3.5.3 γ -proteobakteríur

γ -proteobakteríur mynda aðra undirfylkingu *Proteobaktería*. Innan þessa hóps eru flokkar sem eru algengir í hverum, m.a. *Acidithiobacillales*.

Efsta grein trésins á mynd 29 sýnir *Thiobacillus* og *Acidithiobacillus* tegundir sem fundust í leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum (gráir deplar). Neðar, innan sama flokks eru greinar sem innihalda nokkrar tegundir sem mynda áður óþekktar ættkvíslir innan flokks *Acidithiobacillales* (rauðar örvar). Þessar tegundir nýta brennistein og eru sýrukærar. Það kemur því ekki á óvart að tegundir úr súrum leirhverum og yfirborðsummyndunum skuli eiga þarna eins margra fulltrúa og raun ber vitni.

Neðar í trénu sjást svo tegundir af öðrum flokkum γ -proteobaktería sem eru upprunar úr gufuaugum í hrauni á Þeistareykjum og úr Gjástykkii auðkenndar með gulum og rauðum deplum. Neðst er grein sem illa gekk að staðsetja og er að öllum líkindum á næsta flokkunarstigi, þ.e. ný ætt.

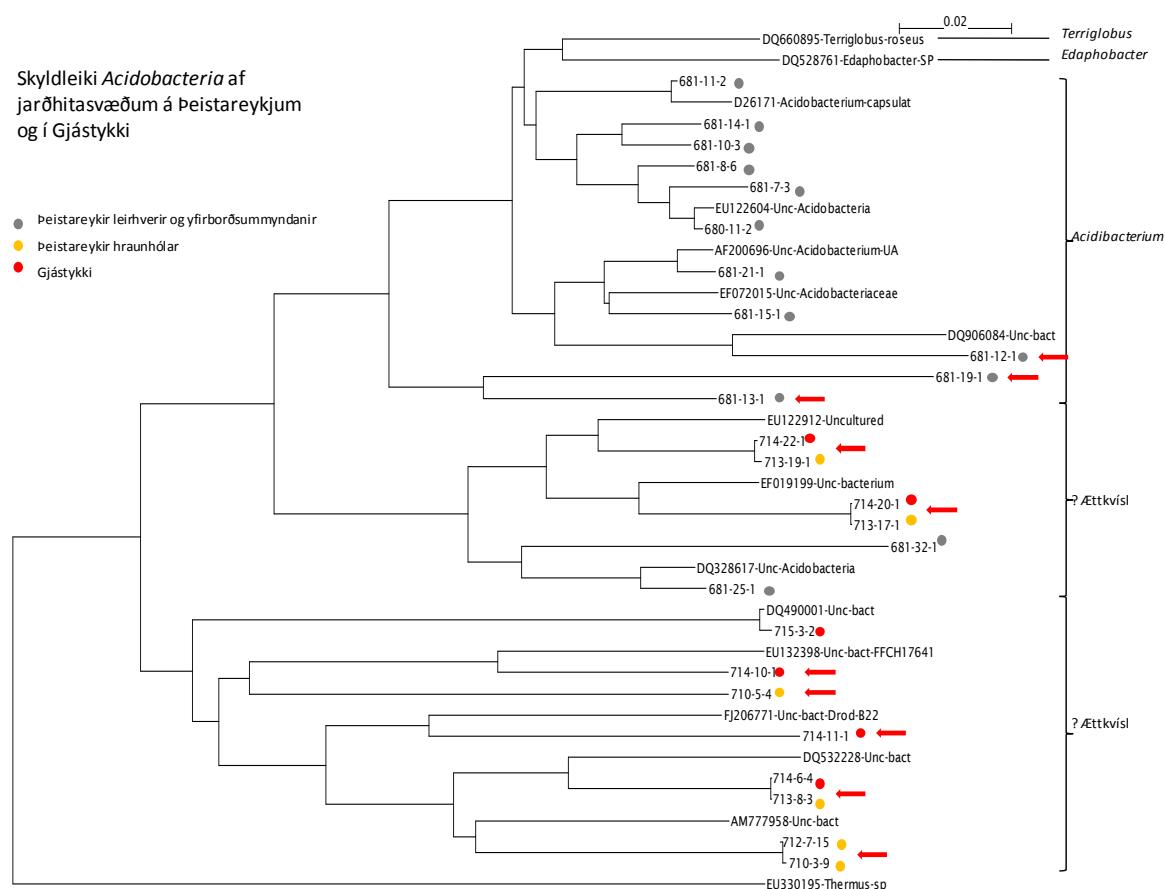


Mynd 29. Skyldleikatré γ -Proteobaktería, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykkii. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund var notuð sem útröð.

3.5.4 Acidobakteríur

Fylking Acidobaktería er tiltölulega nýuppgötvuð og er ekki vel skilgreind. Tegundir innan hennar hafa þó fundist í ýmiss konar vistkerfum víða um heim. Tegundirnar eru fjölbreyttar hvað varðar efnaskipti og er fylkingin talin gegna mikilvægu vistfræðilegu hlutverki. Mest af upplýsingum um Acidobakteríur eru byggðar á DNA raðgreiningum þar sem afar illa hefur gengið að rækta þær. Nú nýverið tókst þó að rækta fleiri fulltrúa innan fylkingarinnar (Stott o.fl. 2008). Tegundir af fylkingu Acidobaktería eru algengar í hverum, sérstaklega þar sem sýrustig er lágt. Hópar innan þessarar fylkingar eru einnig algengir í jarðvegssýnum.

Á mynd 30 sjást *Acidobacteriur* sem fundust í sýnum. Ofarlega sést *Acidibacterium* ættkvíslin sem inniheldur aðallega tegundir sem fundust í súrum leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum. Neðar eru svo hópar sem mynda ákveðnar greinar í trénu, en er ekki hægt að tengja ákveðnum ættkvíslum. Tegundirnar eru einkum úr gufuaugum á Þeistareykjum og úr hverum í Gjástykki. Það vekur athygli að fulltrúar upprunnir frá þessum tveimur aðskildu hverasvæðum eru oft sömu tegundar.



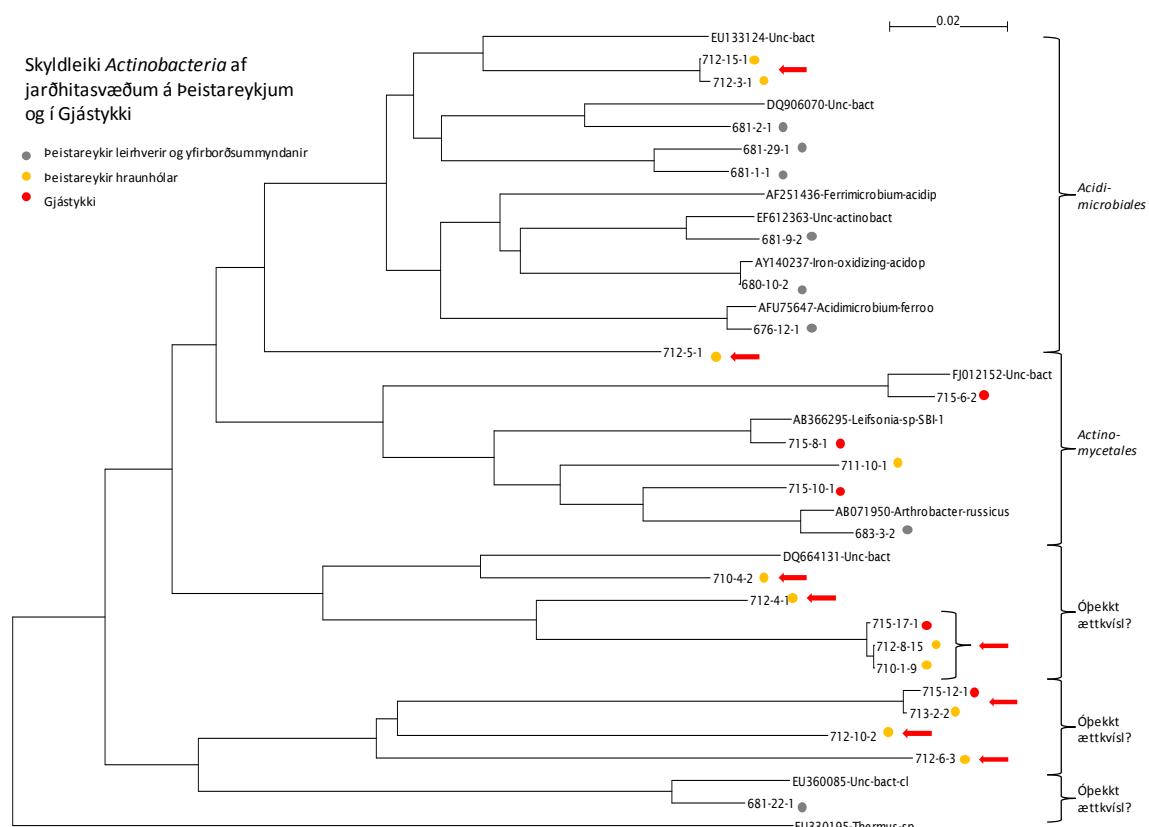
Mynd 30. Skyldleikatré Acidobaktería, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund var notuð sem útröð.

3.5.5 Aktinobakteríur

Aktinobakteríur gegna mikilvægu hlutverki við niðurbrot á lífrænum efnum og stórsameindum eins og sellulosa, hemisellulosa, lignini og kítíni og losa út ólífraen næringarefni. Ættbálkurinn *Aktinomycetales* inniheldur ýmsar tegundir sem eru þekktar fyrir framleiðslu á lyfjavirkum efnum (mycolic acids). Tegundir *Aktinobaktería* eru fjölbreyttar og finnast víða og er m.a. algengar í jarðvegi.

Í trénu sjást aðeins tveir þekktir ættbálkar, þ.e. *Acidimicrobiales*, og *Aktinomycetales*. Efsta grein trésins inniheldur tegundir af *Acidimicrobiales*. Þetta eru sýrukærar tegundir, enda koma tegundirnar í trénu fyrst og fremst úr leirhverum og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum þar sem pH er lágt. Svo virðist sem sýni 712 úr gufuauge í hrauni á Þeistareykjum hafi að geyma sérstakar tegundir m.a. innan *Acidimicrobiales*. Tegundir sem heyra undir aðra ættbálka koma aðallega úr gufuaugum í hrauni á Þeistareykjum og úr Gjástykkji.

Óvenju mikið er um áður óþekktar tegundir eða ættkvíslir í þessu tré, og væri vert að kanna nánar hvort hægt er að einangra og rækta úr sýnum af þessum svæðum.

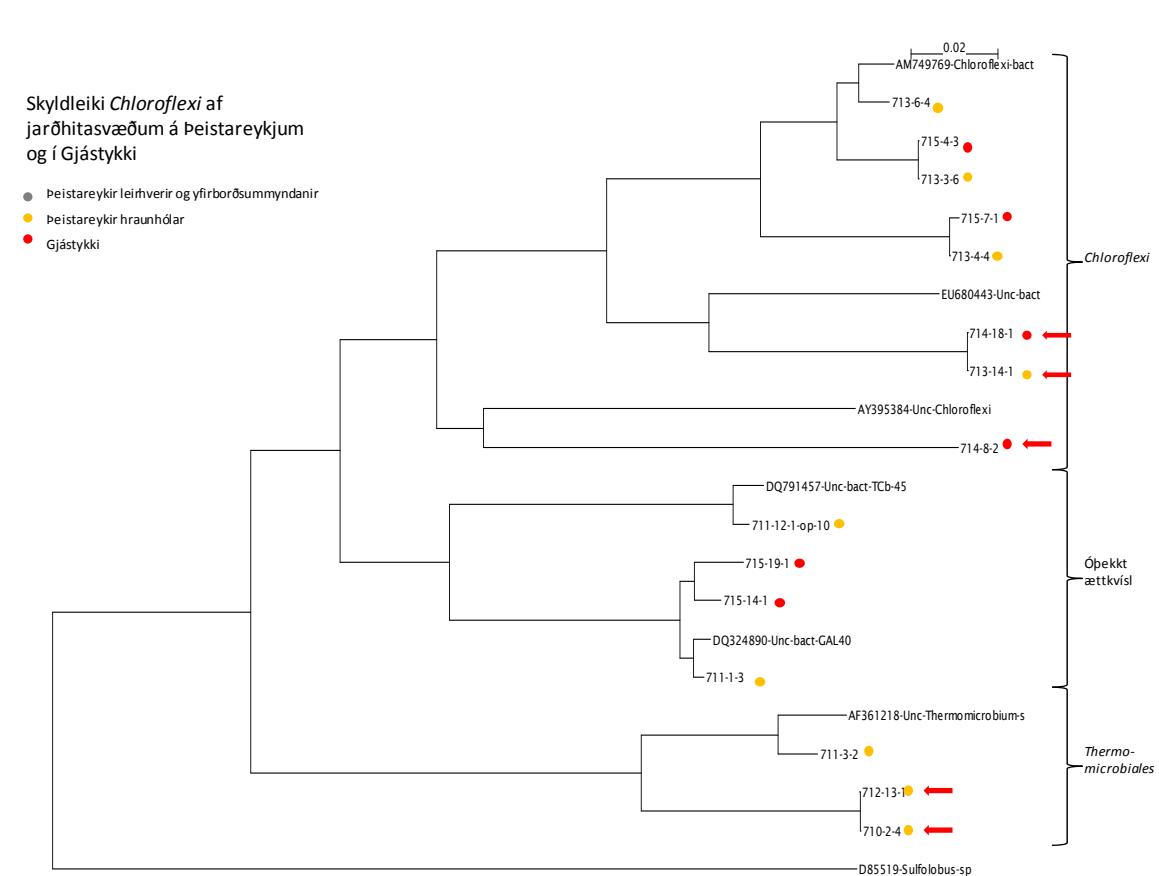


Mynd 30. Skyldleikatré *Actinobaktería*, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykkji. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund var notuð sem útröð.

3.5.6 Chloroflexi

Innan *Chloroflexi* fylkingarinnar eru vel þekktar hverabakteríur. Þetta á sérstaklega við um *Chloroflexus* tegundir sem eru vel sýnilegar þar sem þær mynda þetta langa appelsínugula þræði í vatnshverum. Margar eru ljóstillífandi.

Í trénu á mynd 31 sést að allar *Chloroflexi* tegundirnar sem fundust í sýnum koma úr hrauninu við Þeistareyki og úr hverum í Gjástykki. Skýringin er að öllum líkindum að sýrustig í leirhverum og yfirborðsummyndunum er of lágt fyrir þennan hóp. Það vekur einnig athygli að þó nokkrar nýjar tegundir (rauðar örvar) eru þarna á ferð og finnast oft bæði í hrauni á Þeistareykjum og í Gjástykki. Ekki tekst að flokka einn hópinn til ættkvíslar. Þessi hópur inniheldur einnig tvær óræktaðar tegundir. Að öllum líkindum er um nýja ættkvísl að ræða. Neðst, innan *Thermomicrobiales* ættbálksins er tegund sem finnst einungis á Þeistareykjum. Þetta er áreiðanlega ný tegund og afar áhugaverð þar sem aðeins ein tegund *Thermobacteriales* hefur verið ræktuð, þ.e. *Thermomicrobium roseum*.

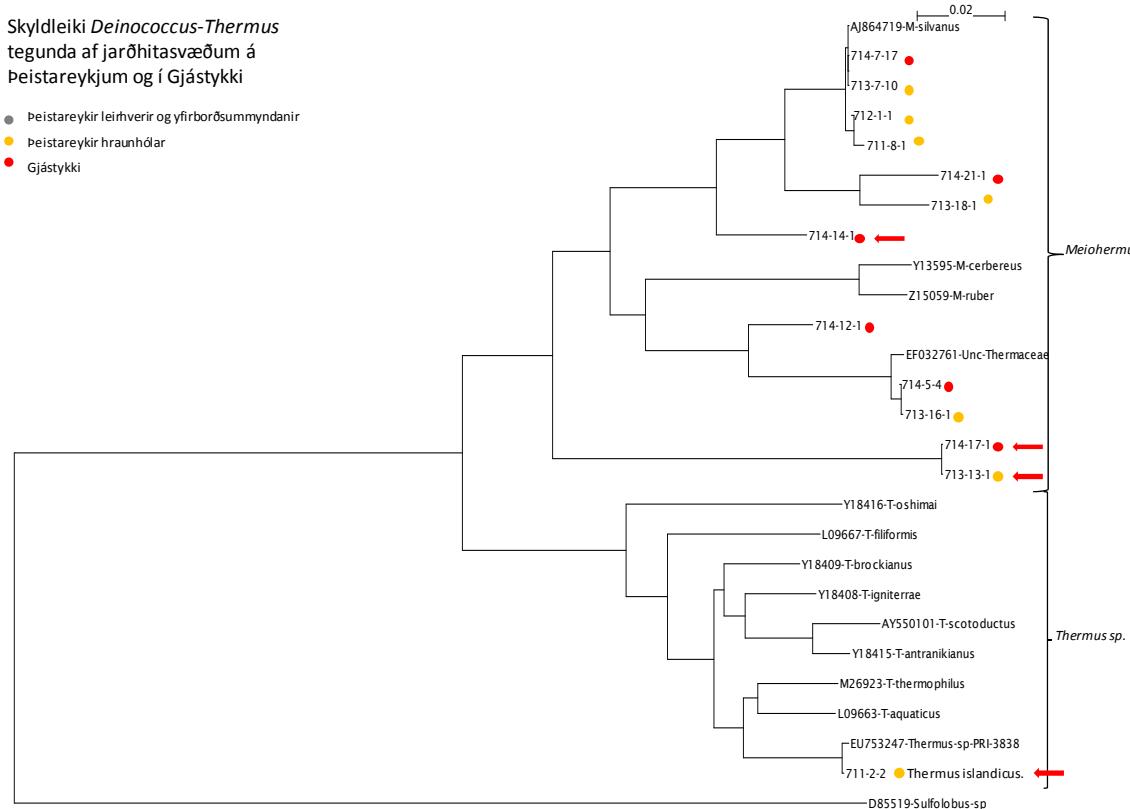


Mynd 31. Skyldleikatré *Chloroflexi*, byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Sulfolobus* tegund (fornbaktería) var notuð sem útröð.

3.5.7 *Deinococcus – Thermus*

Thermus aquaticus er fyrsta hverabakterían sem var lýst. Það voru Thomas Brock og félagar sem áttu heiðurinn af því á áttunda áratug síðustu aldar. Þó nokkrar *Thermus* tegundir hafa fundist síðar, víða um heim. Sumar þeirra hafa eingöngu fundist á einum stað s.s. *T.aquaticus* í Yellowstone í Bandaríkjum, en aðrar finnast víða. Flestar *Thermus* tegundir hafa fundist á hverasvæðum á Íslandi. Ein tegund, *T.islandicus* var einangruð og ræktuð úr hver á Torfajökulssvæði og henni lýst í tímaritsgrein (Björnsdóttir o.fl. 2008).

Í trénu á mynd 32 sést að allar tegundirnar sem fundust í sýnum eiga uppruna í gufuaugum í hrauni á Þeistareykjum, eða í hverum í Gjástykki. Flestar flokkast til *Meiothermus* ættkvíslarinnar, hún inniheldur almennt tegundir sem þola ekki eins hátt hitastig og tegundir innan *Thermus* ættkvíslarinnar. Neðsta greinin innan *Meiothermus* vekur athygli þar sem þar sem hún er stök og ættfræðilega fjarskyld næstu tegund. Hér er nokkuð ljóst að ný tegund er á ferðinni. Innan *Thermus* ættkvíslarinnar má svo sjá *T.islandicus* sem hefur fundist á nokkrum hverasvæðum á Íslandi.

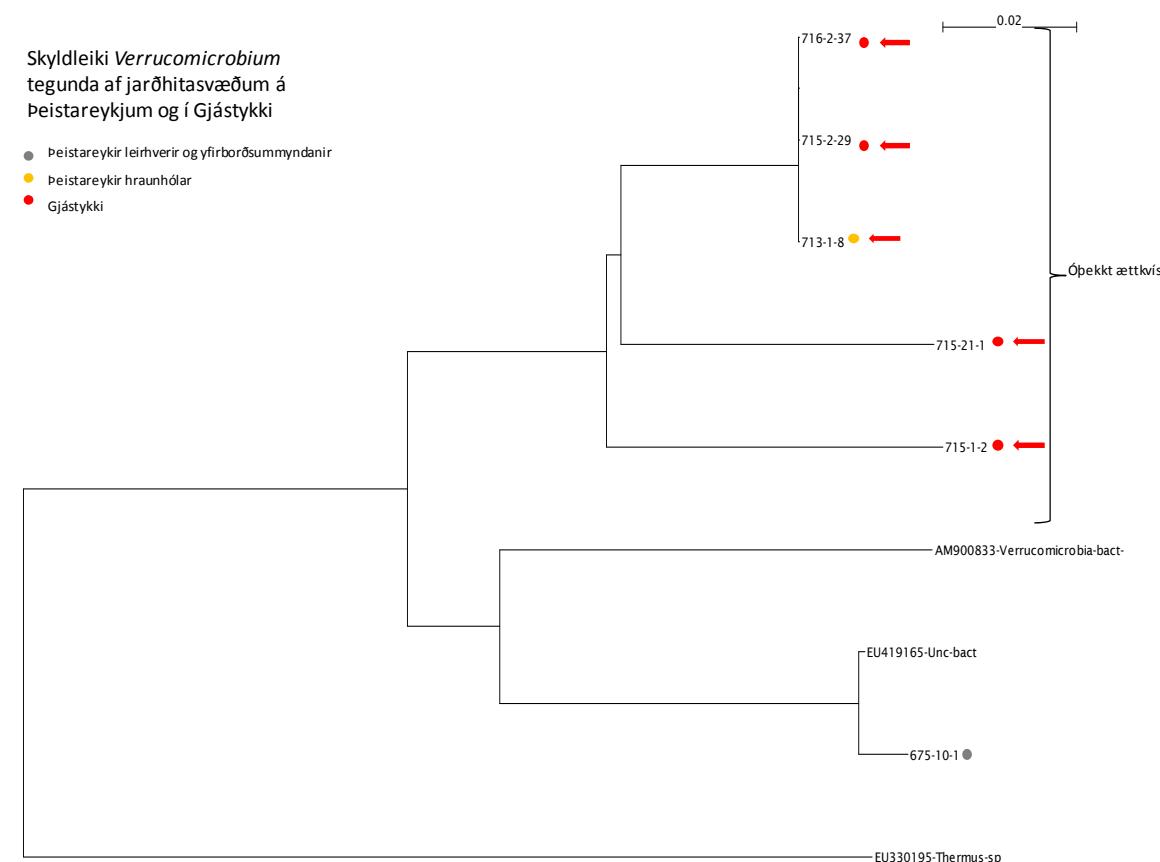


Mynd 32. Skyldleikatré *Deinococcus-Thermus* byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Rauð ör neðst sýnir *Thermus islandicus*. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundar-skilgreiningar (98%). *Sulfulobus* tegund (fornbaktería) var notuð sem útröð.

3.5.8 *Verrucomicrobia*

Verrucomicrobia fylkingunni var lýst tiltölulega nýlega. Tegundir innan hennar eru algengar í jarðvegi þar sem þær stuðla m.a. að niðurbroti stórsameinda. *Verrucomicrobia* tegundir eru taldar framleiða líftæknilega áhugaverð ensím og e.t.v. lyfjavirk efni. Aðeins örfaar tegundir hafa þó verið ræktaðar.

Í sýnum 715 og 716 úr Gjástykki voru *Verrucomicrobium* tegundir ríkjandi og mynda efstu greinina í trénu á mynd 33. Sama tegund finnast einnig í sýni 713 úr gufuauge í hrauni við Þeistareyki. Fleiri nýjar tegundir finnast einnig í sýni 715 (715-21-1 og 715-1-2). Ofangreindar tegundir mynda áður óþekkta ættkvísl. Aðeins ein *Verrucomicrobium* tegund greindist í sýnum úr leirhverum á Þeistareykjum, þ.e. úr sýni 675, en sama tegund fannst í jarðvegi í Yellowstone nýverið (Henneberger o.fl. 2008).

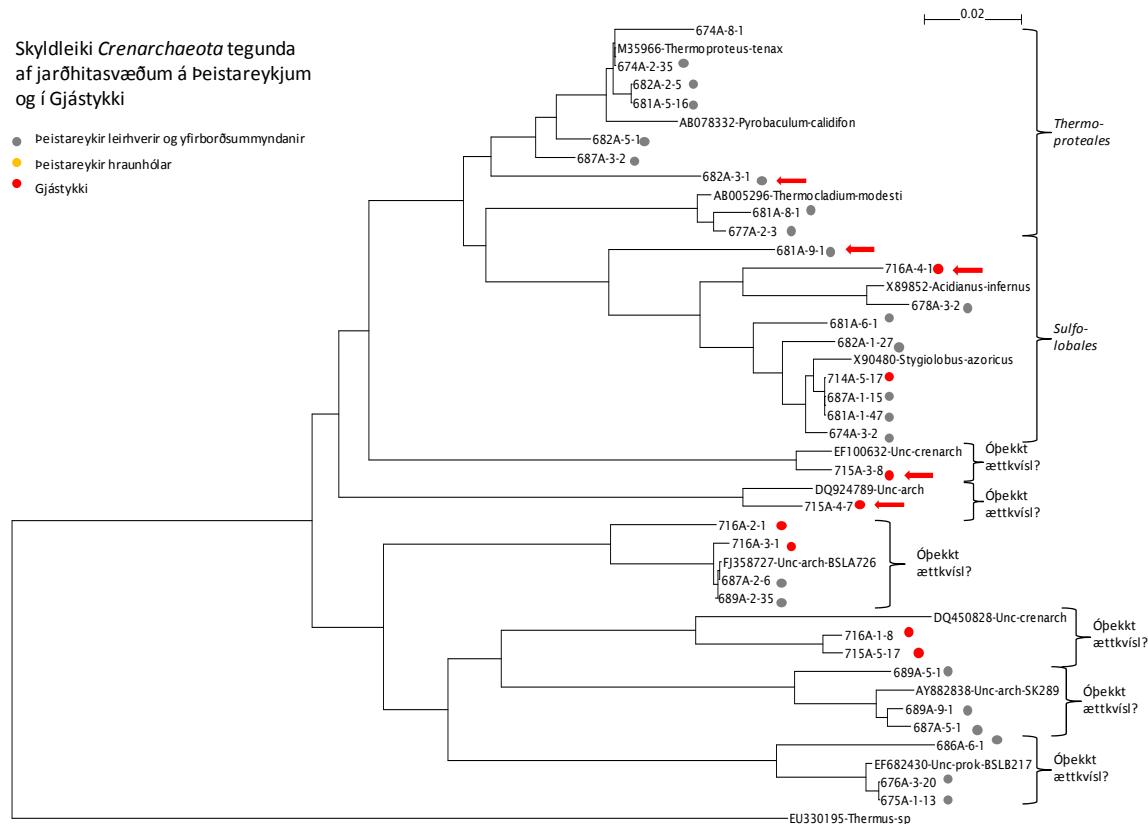


Mynd 33. Skyldleikatré *Verrucomicrobia* byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund var notuð sem útröð.

3.5.9 Crenarchaeota

Crenarchaeota hópurinn er talinn innihalda elstu lífsform jarðarinnar. Innan ríkis *Crenarchaeota*, innan fornbaktería eru hitakærustu örverur sem þekkast og hafa flestar fundist eða verið einangraðar úr hverum á jörðu eða neðansjávar. Þær vaxa oft við 80-100°C. Margar tegundir lifa einnig við mjög súrar aðstæður (pH 1-2). Um 15 ættkvíslir eru þekktar. Margar tegundir þola þó lægra hitastig, en ekki hefur tekist að einangra þær enn og er því lítið vitað um eiginleika þeirra. Innan *Crenarchaeota* finnast fjölbreyttar tegundir frumbjarga og ófrumbjarga, loftháðar og loftfælnar tegundir. Margar nýta brennistein- eða brennisteinssambönd 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 nítrati. Aðrar nýta lífræn efni sér til vaxtar og viðhalds.

Tréð á mynd 34 sýnir bæði þekkta og óþekkta hópa innan *Crenarchaeota*. Í efri hlutanum eru þekktir ættbálkar *Thermoproteales* og *Sulfolobales*. Tegundirnar sem voru greindar í sýnum sem tekin voru við hæstu hitastigin eru innan þessara ættbálka. Í neðri greinum trésins eru svo lítt þekktar greinar sem innihalda tegundir úr sýnum sem tekin voru við hærra hitastig. Engin *Crenarchaeota* tegund fannst í sýnum úr gufuopum í hrauni á Þeistareykjum.

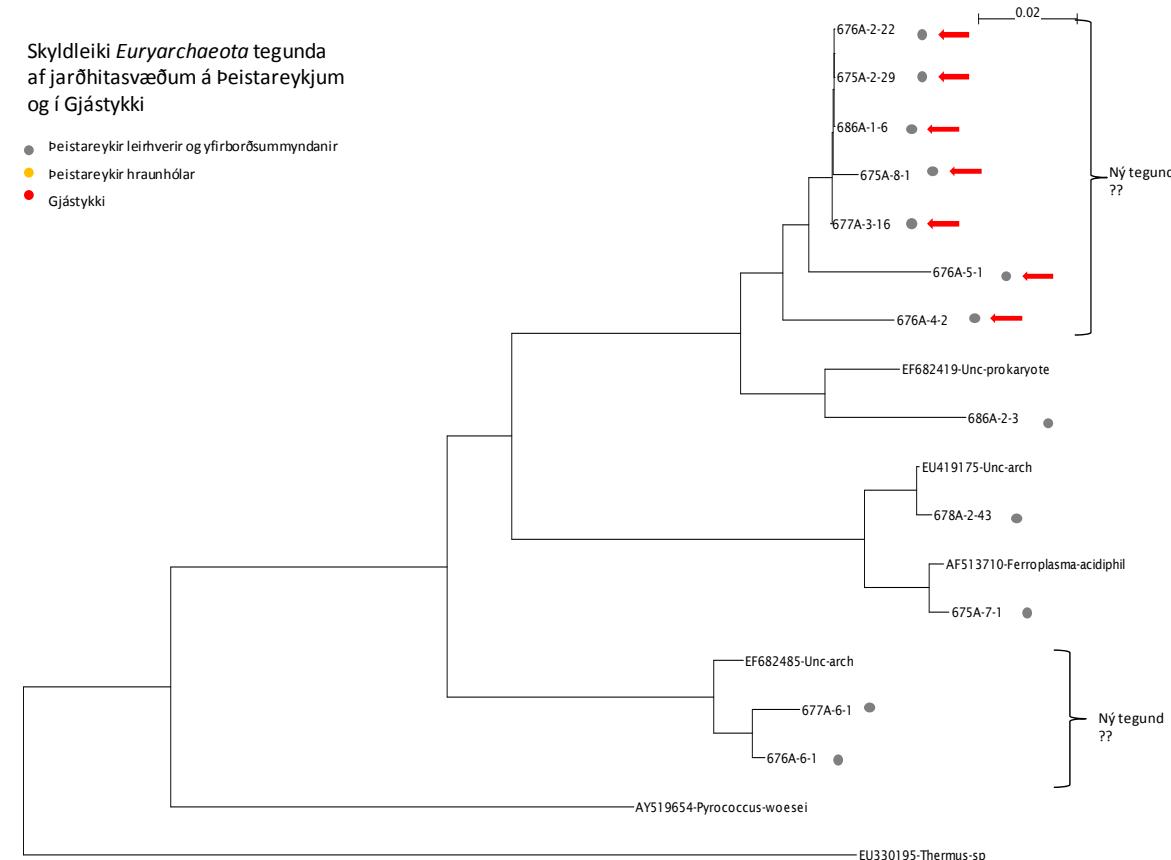


Mynd 34. Skyldleikatré *Crenarchaeota* byggt á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund var notuð sem útröð.

3.5.10 *Euryarchaeota*

Innan þessa hóps fornbaktería eru m.a. halobakteríur (mjög saltkærar tegundir) metanogens (metan-myndandi tegundir) og hitakærir hópar.

Euryarchaeota tegundirnar sem fundust í sýnum voru allar úr keimlíkum sýnum úr yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum. Engin þeirra kom úr sýnum úr leirhverum eða gufuopum í hrauni á Þeistareykjum. Engin *Euryarchaeota* fannst heldur í Gjástykki. Efsta grein trésins á mynd 35 sýnir nýja tegund sem finnst í nokkrum hverum á Þeistareykjum. Skyldasta tegundin hefur ekki verið ræktuð, en 16S rRNA genið (EF682419) fannst í stærsta hver Bandaríkjanna í þjóðgarði í Kaliforníu (Wilson o.fl. 2008). Ekki er þó um sömu tegund að ræða.



Mynd 35. Skyldleikatré *Euryarchaeota* byggð á samröðun 16S rRNA genaraða úr sýnum frá Þeistareykjum og Gjástykki. Litadeplar gefa til kynna uppruna tegundanna og rauðar örvar sýna áður óþekktar tegundir, eða ættkvíslir. Stikan efst sýnir 2% fjarlægð í skyldleika, þ.e. efri mörk tegundarskilgreiningar (98%). *Thermus* tegund var notuð sem útröð.

3.6 Frumefnamælingar

Niðurstöður úr frumefnamælingum nýtast ekki sem skyldi í þessari rannsókn. Slíkar mælingar voru gerðar á þremur sýnum og var ætlunin að skoða niðurstöðurnar í ljósi niðurstaðna úr erfðagreiningum á þeim. Úr sýni 674 fengust bæði bakteríur og fornbakteríur, úr sýni 687 fengust einungis fornbakteríur, úr sýni 690 fengust hvorki bakteríur né fornbakteríur. Ekki er því tilefni til samanburðar nema á milli sýna 674 og 687 sem bæði gáfu fornbakteríur. Séu tegundirnar úr þessum tveimur sýnum skoðaðar (töflur 3b og 15) sjást sömu tegundir fornbaktería (báðar innan fylkingar *Crenarchaeota*). Munurinn á styrk einstakra efna í þessum tveimur sýnum er hins vegar hverfandi. Það er einna helst munur á styrk járns sem er umtalsvert lægri í sýni 674. Styrkur á arsen er hins vegar mun hærri í sýni 674 en í sýni 687.

Þegar niðurstöður frumefnamælinga úr þremur sýnum eru skoðaðar kemur í ljós að styrkur magnesíums (Mg) er umtalsvert hærri í sýni 674 en í hinum tveimur. Styrkur brennisteins (S) er tvöfalt hærri í sýni 690 en í sýni 674. Styrkur mangans (Mn) er langhæstur í sýni 674. Styrkur járns (Fe) er langhæstur í sýni 690. Styrkur arsens (As) er langhæstur í sýni 674.

4. SAMANTEKT

Alls voru tekin 27 sýni úr leir, vökva, jarðvegi, yfirborðsummyndunum og gufuopum á hverasvæðum á Þeistareykjum og í Gjástykki. Hitastig og sýrustig voru mjög breytileg eða á bilinu 33-96°C og pH 1.9-8,6. Tegundasamsetning örvera í sýnum og tegundahlutföll þeirra voru ákvörðuð með kjarnsýrumögnun og raðgreiningu á 16S rRNA geni þeirra. Mögnun og raðgreining með bakteríuvísum tókst í 19 sýnum af 27 og með fornbakteríuvísum í 13 sýnum af 27. Alls tókst að greina í 21 sýni af 27 sem teljast góðar heimtur.

Raðirnar sem fengust með bakteríu- og fornbakteríuvísum voru flokkaðar til tegunda miðað við 98% skyldleikamörk og síðan bornar saman við raðir í Genbank til að leita nánustu ættingja. Í ljós kom að í sýnum sem tekin voru á jarðhitasvæðunum á Þeistareykjum, þ.e. úr leirhverum, jarðvegi og yfirborðsummyndunum voru bakteríufylkingar β -, δ -, og γ -proteobaktería algengastar ásamt *Aquificae*. Þarna voru einkum á ferðinni sýrukærar tegundir og/eða frumbjarga tegundir sem geta nýtt sér brennisteins- og járnsambönd og bundið CO₂. Sýrustigið á þessum sýnatökustöðum var lágt eða á bilinu pH 1,9-4,7.

Í gufuopum í hraunhlóum á Þeistareykjum þar sem sýrustigið var ívið hærra (pH 6,7-8,6) voru tegundir af fylkingum *Acidobaktería*, *Actinobaktería*, frumbjarga *Chloroflexi* og *Deinococcus-Thermus* áberandi. Í sýnum úr hverum í Gjástykki (pH 4,4-6,9) var *Deinococcus-Thermus* fylkingin áberandi og einnig *Verrucomicrobium* fylkingin. Tegundir innan allra ofangreindra hópa finnast oft í hverum. Margar þessara tegunda eru öflugar við að brjóta niður stórsameindir í umhverfinu og losa út ólifræn efni. Töluverð samsvörun var á milli tegunda úr gufuugum í hrauni á Þeistareykjum og úr hverum í Gjástykki. Einig vakti það athygli hve margar nýjar tegundir fundust í þessum sýnum og einnig nýjar ættkvíslir.

Fornbakteríur fundust einkum á súrum svæðum á Þeistareykjum, þ.e. leirhverum, yfirborðsummyndunum og brennisteinsþúfum. Þær fundust einnig í öllum sýnum úr Gjástykki. Þarna var oft um að ræða sömu eða náskyldar tegundir ættbálka *Thermoproteales* og *Sulfobolales* innan fylkingar *Crenarchaeota*. Margar nýjar tegundir, eða nýjar ættkvíslir fundust einnig innan *Crenarchaeota*. Tegundir sem flokkast undir hinn aðalhóp fornbaktería þ.e. *Euryarchaeota* voru alfarið bundnar við sýni sem komu úr yfirborðsummyndunum eða súrum jarðvegi. Þessar tegundir nýta sér oft vetni eða brennistein og brennisteinssambönd og eru frumbjarga. Þarna fundust einnig nýjar tegundir og nýjar ættkvíslir. Engar fornbakteríur fundust úr sýnum úr gufuugum í hrauni við Þeistareyki, enda finnast þær almennt ekki við hærri sýrustig.

Skyldleiki baktería við nánasta ættingja í Genbank er almennt hár ($\geq 95\%$) í sýnum sem tekin voru úr leirhverum, jarðvegi og yfirborðsummyndunum á Þeistareykjum. Nánasti ættinginn er þó alls ekki alltaf baktería sem hefur verið einangruð og ræktuð, heldur oft aðeins röð úr sýni, sem fengist hefur á sama hátt og hér var gert. Sama á við hvað varðar skyldleika fornbaktería af þessu svæði.

Annað var uppi á teningnum í jarðvegssýnum sýnum úr gufuugum á Þeistareykjum. Þar er skyldleikaprósantan við bakteríur í Genbank almennt mun lægri og oft um og undir 90%. Sem fyrr segir fundust engar fornbakteríur úr þessum sýnum.

Í sýnum úr Gjástykki fékkst tiltölulega lág skyldleikaprósenta hvað varðar bakteríurnar. Hins vegar sýndu fornbakteríur almennt tiltölulega háa skyldleikaprósentu við nánasta ættingja í Genbank, með undantekningum þó. Ívið lægri gildi fengust þó almennt innan fylkingar *Euryarchaeota* en fylkingar *Crenarchaeota*.

Líffræðilegur fjölbreytileiki er almennt lágur í jaðarvistkerfum. Þar er oftast um að ræða eina ríkjandi tegund og síðan nokkrar aðrar tegundir sem dreifast á nokkrar fylkingar og innihalda oft aðeins einn eða fáa fulltrúa. Þetta á við um allflest sýnin sem hér voru til skoðunar. Þar liggar líffræðilegur fjölbreytileiki baktería í flestum tilvikum á bilinu 1-3 með örfáum undantekningum þó. Líffræðilegur fjölbreytileiki fornbaktería er aðeins lægri, eða á bilinu 1-2. Áreiðanleikamat á greiningum úr sýnum var oftast um og yfir 80% og telst því vel viðunandi.

Í heild má segja að verkefnið hafi gengið vel. Það sem kom einkum á óvart var sérstaða vistkerfa í hverum á Þeistareykjum og í Gjástykki sem sést best á því að tíðni áður óþekktra tegunda er afar há og skyldleikaprósentan lág. Þarna eru fjölmargar tegundir sem fýsilegt væri að reyna að rækta.

5. HEIMILDIR

Ackerman,G.G., Macur,R.E., Korf,S.E., Taylor,W.P., Kozubal,M.A. and Inskeep,W.P. 2005. Geochemical and bioenergetic variability across geothermal systems in Yellowstone National Park

Akob,D.M., Mills,H.J. and Kostka,J.E. 2007. Metabolically active microbial communities in uranium-contaminated subsurface sediments. FEMS Microbiol. Ecol. 59 (1), 95-107

Alfreider,A., Vogt,C. and Babel,W. 2002. Microbial diversity in an in situ reactor system treating monochlorobenzene contaminated groundwater as revealed by 16S ribosomal DNA analysis, Syst. Appl. Microbiol. 25 (2), 232-240

Allen,J.P., Atekwana,E.A., Atekwana,E.A., Duris,J.W., Werkema,D.D. and Rossbach,S. 2007. The microbial community structure in petroleum-contaminated sediments corresponds to geophysical signatures. Appl. Environ. Microbiol. 73 (9), 2860-2870

Ash,C., Farrow,J.A.E., Wallbanks,S. and Collins,M.D.1991. Phylogenetic heterogeneity of the genus bacillus revealed by comparative analysis of small subunit ribosomal RNA sequences. Lett. Appl. Microbiol. 13, 202-206

Barns,S.M., Cain,E.C., Sommerville,L. and Kuske,C.R. 2007. Acidobacteria phylum sequences in uranium contaminated subsurface sediments greatly expand the known diversity within the phylum. Appl. Environ. Microbiol. 73 (9), 3113-3116

Bartles,A.N., Siering,P.L. and Wilson,M.S. 2007. Prokaryotic Diversity of Boiling Springs Lake, Lassen Volcanic National Park. Unpublished

Bjornsdottir,S.H., Petursdottir,S.K., Hreggvidsson,G.O., Skirnisdottir,S., Hjorleifsdottir,S., Arnfinnsson,J. And Kristjansson,J.K. 2008. Thermus islandicus, sp. nov., a mixotrophic sulfur-oxidizing member of the genus Thermus. (IJSEM Í prentun.)

Blank,C.E., Cady,S.L. and Pace,N.R. 2002. Microbial Composition of Near-Boiling Silica-Depositing Thermal Springs throughout Yellowstone National Park. Appl. Environ. Microbiol. 68 (10), 5123-5135

Boomer,S.M., Noll,K.L., Geesey,G.G. and Dutton,B.E. 2008. Formation of Multilayered Photosynthetic Biofilms in an Alkaline Thermal Spring in Yellowstone National Park, WY, USA. Unpublished

Botero,L.M., Burr,M.D., Willits,D., Elkins,J.G., Inskeep,W.P. and McDermott,T.R. 2001. Prokaryote diversity in an extreme thermal soil. Unpublished

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 (11), 764-769

Brown,M.V., Bissett,A., Foster,J.S., Taylor,K. and Donachie,S.P. 2006. Microbial diversity in a Hawaiian lava cave microbial mat. Unpublished. Direct Submission

Cao,L., Yin,H., Wang,J. and Liu,X.Direct Submission OCT-2007

Chan,O.C., Yang,X., Fu,Y., Feng,Z., Sha,L., Casper,P. and Zou,X. 2006. 16S rRNA gene analyses of bacterial community structures in the soils of evergreen broad-leaved forests in south-west China. FEMS Microbiol. Ecol. 58 (2), 247-259

Chao,W.L. and Ho,P.J. 2005. Composition of the Microbial Communities of Different Hot Springs in Taiwan. Unpublished

Chen,X.B., Su,Y.R., He,X.Y., Wei,W.X. and Wei,Y.W. 2008. The bacterial community of natural restoration land in Karst region. Unpublished

Chen,Z.W., Liu,Y.Y., Wu,J.F., She,Q., Jiang,C.Y. and Liu,S.J. 2007. Novel bacterial sulfur oxygenase reductases from bioreactors treating gold-bearing concentrates. Appl. Microbiol. Biotechnol. 74 (3), 688-698

Chen,B., Liu,X. and Wen,J. 2008. Effects of pH on the bacteria diversity during bioleaching of pyrite in a stirred tank. Unpublished

Chen,B., Liu,X. and Wen,J. 2008. Evolution of bacteria community in a low-grade copper sulphide bioleaching heap. Unpublished

Coleman,D.C., Jangid,K. and Whitman,W.B. 2007. The composition of AUVE communities from Australian Vertisol. Unpublished

Costa,K.C., Navarro,J.B., Zhang,C., Shock,E.L., Soukup,D. And Hedlund,B.P. 2008. Microbiology and geochemistry of great boiling and mud hot springs. Unpublished

Costello,E.K. and Schmidt,S.K. 2006. Microbial diversity in alpine tundra wet meadow soil: novel Chloroflexi from a cold, water-saturated environment. *Environ. Microbiol.* 8 (8), 1471-1486

Cruz,K., Suttle,K.B., Brodie,E.L., Andersen,G.L. and Banfield,J.F. 2007. Effects of five years of increased precipitation on soil microbial communities in a California grassland. Unpublished

Curtis, T.P., Sloan, W.T., Scannell, J.W. 2002. Estimating prokaryotic diversity and its limits. *PNAS* 99:10494-10499.

Dai,Z. and Liu,X. 2006. Bacterial community composition of acid mine drainage in DongChuan copper pyrites, PRC, determined by 16S rRNA gene. Unpublished

De Wulf-Durand,P., Bryant,L.J. and Sly,L.I. 1997. PCR-mediated detection of acidophilic, bioleaching-associated Bacteria. *Appl. Environ. Microbiol.* 63 (7), 2944-2948 (1997)

Dhamwichukorn,S. and Bagley,S.T. 2001. Characterization of thermophilic methanol-utilizing bacteria. Unpublished

Diaby,N., Dold,B., Pfeifer,H.-R., Holliger,C., Johnson,D.B. and Hallberg,K.B. 2007. Microbial communities in a porphyry copper tailings impoundment and their impact on the geochemical dynamics of the mine waste. *Environ. Microbiol.* 9 (2), 298-307

D'Imperio,S., Lehr,C.R., Oduro,H., Druschel,G., Kuhl,M. and McDermott,T.R. 2008. Relative importance of H₂ and H₂S as energy sources for primary production in geothermal springs. *Appl. Environ. Microbiol.* 74 (18), 5802-5808

Ding,L. and Yokota,A. 2004. Proposals of *Curvibacter gracilis* gen. nov., sp. nov. And *Herbaspirillum putei* sp. nov. for bacterial strains isolated from well water and reclassification of [Pseudomonas] *huttiensis*, [Pseudomonas] *lanceolata*, [Aquaspirillum] *delicatum* and [Aquaspirillum] *autotrophicum* as *Herbaspirillum huttiense* comb.nov., *Curvibacter lanceolatus* comb. nov., *Curvibacter delicatus* comb. nov. and *Herbaspirillum autotrophicum* comb. Nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 54 (PT 6), 2223-2230

Dorador,C., Vila,I., Witzel,K.-P. and Imhoff,J.F. 2007. Unique microbial communities in contrasting aquatic environments of the high altitude Andean Altiplano (northern Chile). Unpublished

Dunfield,P.F., Yuryev,A., Senin,P., Smirnova,A.V., Stott,M.B., Hou,S., Ly,B., Saw,J.H., Zhou,Z., Ren,Y., Wang,J., Mountain,B.W., Crowe,M.A., Weatherby,T.M., Bodelier,P.L., Liesack,W., Feng,L., Wang,L. and Alam,M.. 2007. Methane oxidation by an extremely acidophilic bacterium of the phylum Verrucomicrobia. *Nature* 450 (7171), 879-882

Eder,W. and Huber,R.2002. New isolates and physiological properties of the Aquificales and description of *Thermocrinis albus* sp. nov. *Extremophiles* 6 (4), 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., Spain,A.M., Sheik,C., Najar,F.Z., Sukharnikov,L.O., Roe,B.A., Davis,J.P., Schloss,P.D., Bailey,V.L. and Krumholz,L.R. 2008. Novelty and uniqueness patterns of rare members of the soil Biosphere. *Appl. Environ. Microbiol.* 74 (17), 5422-5428

Ferrera,I., Longhorn,S., Liu,Y., Preston,D., Banta,A.B. and Reysenbach,A.L. 2006. Diversity of 16S rRNA gene, ITS region and *aclB* gene of the Aquificales. Unpublished

Fu,B. and Zhou,H.B. 2006. Bioleaching of sulphide ore by mixed cultures. 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 (8), 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 (8), 601-614

Garrido,P., Gonzalez-Toril,E., Garcia-Moyano,A., Moreno-Paz,M., Amils,R. and Parro,V. 2008. An oligonucleotide prokaryotic acidophile microarray: its validation and its use to monitor seasonal variations in extreme acidic environments with total environmental RNA. *Environ. Microbiol.* 10 (4), 836-850

George,I., Liles,M.R., Hartmann,M., Ludwig,W., Goodman,R.M. and Agathos,S.N. 2007. Changes in soil Acidobacteria communities after 2,4,6-trinitrotoluene contamination. Unpublished

Gomez-Alvarez,V. and Nusslein,K. 2006. Microbial diversity across a recently impacted geothermal soil in the Kilauea Hawaiian volcano park. Unpublished

Gomez-Alvarez,V., King,G.M. and Nusslein,K. 2007. Comparative bacterial diversity in recent Hawaiian volcanic deposits of different ages. *FEMS Microbiol. Ecol.* 60 (1), 60-73

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

Hall,J.R., Mitchell,K.R., Jackson-Weaver,O., Kooser,A.S., Cron,B.R., Crossey,L.J. and Takacs-Vesbach,C.D. 2008. Molecular characterization of the diversity and distribution of a thermal spring microbial community by using rRNA and metabolic genes. *Appl. Environ. Microbiol.* 74 (15), 4910-4922

Hao,C. 2005. Phylogeny of microorganisms populating an acid sediment at an extreme acid mine drainage site. 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 (4), 444-450

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

Heinzel,E., Hedrich,S., Janneck,E., Glombitza,F., Seifert,J. And Schloemann,M. 2007. Diversity of bacteria in a pilot plant for the treatment of mine water by biological ferrous iron oxidation. 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

Hirayama,H., Takai,K., Inagaki,F., Yamato,Y., Suzuki,M., Nealson,K.H. and Horikoshi,K. 2005. Bacterial community shift along a subsurface geothermal water stream in a Japanese gold mine. *Extremophiles* 9 (2), 169-184

Holmes,A.J., Bowyer,J., Holley,M.P., O'Donoghue,M., Montgomery,M. and Gillings,M.R. 2000. Diverse, yet-to-be-cultured members of the Rubrobacter subdivision of the Actinobacteria are widespread in Australian arid soils. *FEMS Microbiol. Ecol.* 33 (2), 111-120

Hou,S., Makarova,K.S., Saw,J.H., Senin,P., Ly,B.V., Zhou,Z., Ren,Y., Wang,J., Galperin,M.Y., Omelchenko,M.V., Wolf,Y.I., Yutin,N., Koonin,E.V., Stott,M.B., Mountain,B.W., Crowe,M.A.,

Smirnova,A.V., Dunfield,P.F., Feng,L., Wang,L. and Alam,M. 2008 Complete genome sequence of the extremely acidophilic methanotroph isolate V4, 'Methylacidiphilum infernorum', a representative of the bacterial phylum Verrucomicrobia. Biol. Direct 3 (1), 26

Hugenholtz,P., Pitulle,C., Hershberger,K.L. and Pace,N.R. 1998. Novel division level bacterial diversity in a Yellowstone hot spring. J. Bacteriol. 180 (2), 366-376

Huo,Q., Liu,X. and Liu,X. 2006. Microbial composition of the sediment at the bottom of an AMD pool. Unpublished

Huo,Q., Liu,X., Liu,X. and Qiu,G. 2006. Molecular Diversity in Acid Mine Drainage of Tong Lushan Copper Mine, China. Unpublished

Im,W. and Yokota,A. 2003. Resequencing of *sphingobacterium multivorum*. Published Only in Database

Inagaki,F., Takai,K., Hirayama,H., Yamato,Y., Nealson,K.H. and Horikoshi,K. 2003. Distribution and phylogenetic diversity of the subsurface microbial community in a Japanese epithermal gold mine. Extremophiles 7 (4), 307-317

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 PT 3, 879-887

Jackson,C.R., Yule,C.M. and Liew,K.C. 2008. Structural and functional changes with depth in microbial communities in tropical peat swamp forest sediments from Malaysia. Unpublished

Jangid,K., Williams,M.A., Franzluebbers,A.J., Sanderlin,J.S., Reeves,J.H., Jenkins,M.B., Endale,D.M., Coleman,D.C. and Whitman,W.B. 2008. Relative impacts of land-use, management intensity and fertilization upon soil microbial community structure in agricultural systems. Soil Biol. Biochem. 40 (11), 2843-2853

Jangid,K., Williams,M.A., Franzluebbers,A., Jenkins,M., Coleman,D.C. and Whitman,W.B. 2006. Soil bacterial community composition and diversity as affected by animal manure application in pasture and cropping systems of the Southern Piedmont USA. 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., Bacelar-Nicolau,P., Okibe,N., Swift,A. And Hallberg,K.B. 2007. Characteristics of *Ferrimicrobium acidiphilum* gen. nov., sp. nov., and *Ferrithrix thermotolerans* gen. nov., sp. nov.: heterotrophic iron-oxidizing, extremely acidophilic Actinobacteria. Unpublished

Johnson,D.B., Okibe,N. and Roberto,F.F. 2007. Novel thermo-acidophilic bacteria isolated from geothermal sites in Yellowstone National Park: physiological and phylogenetic characteristics. Arch. Microbiol. 180 (1), 60-68

Juottonen,H., Tuittila,E.S., Juutinen,S., Fritze,H. and Yrjala,K. 2008. Seasonality of rDNA- and rRNA-derived archaeal communities and methanogenic potential in a boreal mire. ISME J 2 (11), 1157-1168

Kaksonen,A.H., Plumb,J.J., Robertson,W.J., Spring,S., Schumann,P., Franzmann,P.D. and Puhakka,J.A. 2006. Novel thermophilic sulfate-reducing bacteria from a geothermally active underground mine in Japan. Appl. Environ. Microbiol. 72 (5), 3759-3762

Kamimura,K., Okayama,T., Murakami,K. and Sugio,T. 1999. Isolation and characterization of a moderately thermophilic sulfur-oxidizing bacterium. Microbios 99, 7-18

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

Kishimoto,N., Kosako,Y., Wakao,N., Tano,T. and Hiraishi,A. 1995. Transfer of *Acidiphilum facilis* and *Acidiphilum aminolytica* to the genus *Acidocella* gen. nov., and emendation of the genus *Acidiphilum*. Syst. Appl. Microbiol. 18, 85-91

Kobayashi,T., Koide,O., Mori,K., Shimamura,S., Matsuura,T., Miura,T., Takaki,Y., Morono,Y., Nunoura,T., Imachi,H., Inagaki,F., Takai,K. and Horikoshi,K. 2008. Phylogenetic and enzymatic diversity of deep subseafloor aerobic microorganisms in organics- and methane-rich sediments off Shimokita Peninsula. *Extremophiles* 12 (4), 519-527

Korf,S.E., Macur,R.E., Taylor,W.P., Kozubal,M.A., Ackerman,G.,Masur,D. and Inskeep,W.P. 2005. Geochemical Controls on Microbial Population Distribution at Rainbow and Joseph's Coat Hot Springs in Yellowstone National Park. Unpublished

Korf,S.E., Inskeep,W.P., Macur,R.E., Kozubal,M.A., Taylor,W.P. and Nagy,A. 2006. Microbial Population Distribution at Norris Geyser Basin in Yellowstone National Park. Unpublished

Korf,S.E., Nagy,A.M., Macur,R.E., Kozubal,M.A., Taylor,W.P., Inskeep,W.P., Ackerman,G. and Masur,D. 2006. Geochemical Controls on Microbial Population Distribution at Rainbow and Joseph's Coat Hot Springs in Yellowstone National Park. Unpublished

Kormas,K.Ar., Pachiadaki,M. and Neofitou,C. 2008. Bacterial diversity of the Trikala City, Greece, drinking water System. Unpublished

Leinfelder,W., Jarsch,M. and Bock,A. 1985. The phylogenetic position of the sulfur-dependent archaeabacterium *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 (4), 926-941 (2008)

Li,Y., Kawamura,Y., Fujiwara,N., Naka,T., Liu,H., Huang,X., Kobayashi,K. and Ezaki,T. 2004. *Rothia aeria* sp. nov., *Rhodococcus baikonurensis* sp. nov. And *Arthrobacter russicus* sp. nov., isolated from air in the Russian space laboratory Mir. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 54 (PT 3), 827-835

Liu,X., Chen,B. and Wen,J. 2008. Dominance of *Acidithiobacillus* sp. in a low-grade copper bioleaching heap. Unpublished

Lu,X., Yang,L., Zhou,M., Francois,F., Peek,R.M. Jr., Blaser,M.J. and Pei,Z. 2006. Bacterial biota in normal and diseased distal esophagus. Unpublished

Lucas,S., Copeland,A., Lapidus,A., Glavina del Rio,T., Dalin,E., Tice,H., Bruce,D., Goodwin,L., Pitluck,S., Sims,D., Brettin,T., Detter,J.C., Han,C., Kuske,C.R., Larimer,F., Land,M., Hauser,L., Kyrpides,N., Lykidis,A. and Borole,A.P. 2008. Complete sequence of *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 53993. Unpublished

Maid,U. and Zetsche,K. 1990. Nucleotide sequence of the plastid 16S rRNA gene of the red alga *Cyanidium caldarium*. *Nucleic Acids Res.* 18 (13), 3996

Marteinsson,V.T., Hauksdottir,S., Hobel,C.F., Kristmannsdottir,H.,Hreggvidsson,G.O. and Kristjansson,J.K. 2001. Phylogenetic diversity analysis of subterranean hot springs in Iceland. *Appl. Environ. Microbiol.* 67 (9), 4242-4248

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

Meyer-Dombard,D.R. and Amend,J.P. 2006. Prokaryotic Populations in Heated, Arsenic-Rich Sediments of a Shallow Submarine Hydrothermal System, Ambitle Island, Papua New Guinea. Unpublished

Miranda,P.R.O., Silva,A., Barauna,R.A., Gracas,D.A., Ghilardi,R. Jr., Spino,D.P., Lorenzo,V. and Schneider,M.P.C. 2008. Molecular phylogenetic diversity of Archaea and Bacteria from Tucurui hydropower plant reservoir, Brazilian Amazon. Unpublished

Mirete,S., Gonzalez de Figueras,C. and Gonzalez-Pastor,J.E. 2006. Novel nickel resistance genes isolated from the metagenome of the Tinto River rhizosphere. Unpublished

Moissl,C., Osman,S., La Duc,M.T., Dekas,A., Brodie,E., DeSantis,T. and Venkateswaran,K. 2007. Molecular bacterial community analysis of clean rooms where spacecraft are assembled. FEMS Microbiol. Ecol. 61 (3), 509-521

Navarro,J.B. and Hedlund,B.P. 2006. Microbial diversity of Great Boiling Spring. Unpublished

Nemergut,D.R., Townsend,A.R., Sattin,S.R., Freeman,K.R., Fierer,N., Neff,J.C., Bowman,W.D., Schadt,C.W., Weintraub,M.N. and Schmidt,S.K. 2008. The effects of chronic nitrogen fertilization on alpine tundra soil microbial communities: implications for carbon and nitrogen cycling Environ. Microbiol. 10 (11), 3093-3105

Niederberger,T.D., Ronimus,R.S. and Morgan,H.W. 2008. The microbial ecology of a high-temperature near-neutral spring situated in Rotorua, New Zealand. Microbiol. Res. 163 (5), 594-603

Otsuka,S., Sudiana,I., Komori,A., Isobe,K., Deguchi,S., Nishiyama,M., Shimizu,H. and Senoo,K. 2008. Community Structure of Soil Bacteria in a Tropical Rainforest Several Years After Fire. Microbes Environ. 23, 49-56

Penn,K., Wu,D., Eisen,J. and Ward,N. Direct Submission. 09-FEB-2006

Porsby,C.H., Nielsen,K.F. and Gram,L. 2008. Phaeobacter and Ruegeria species of the Roseobacter clade colonize separate niches in a turbot (*Scophthalmus maximus*) rearing farm and antagonize *Vibrio anguillarum* under different growth conditions. Unpublished

Radajewski,S., Ineson,P., Parekh,N.R. and Murrell,J.C. 2000. Stable-isotope probing as a tool in microbial ecology. Nature 403 (6770), 646-649

Reed,D.L. and Hafner,M.S. 2002. Phylogenetic analysis of bacterial communities associated with ectoparasitic chewing lice of pocket gophers: a culture-independent approach. Microb. Ecol. 44 (1), 78-93

Reysenbach,A.L., Wickham,G.S. and Pace,N.R. 1994. Phylogenetic analysis of the hyperthermophilic pink filament community in Octopus Spring, Yellowstone National Park. Appl. Environ. Microbiol. 60 (6), 2113-2119

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 (1), 26-38

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 cl cluster rice cluster I Appl. Environ. Microbiol. 73 (13), 4326-4331

Satoh,H., Miura,Y., Tsushima,I. and Okabe,S. 2007. Layered structure of bacterial and archaeal communities and their in situ activities in anaerobic granules. Appl. Environ. Microbiol. 73 (22), 7300-7307 (2007)

Schloss,P.D. and Handelsman,J. 2005. The last word: toward a sample based census of bacteria in soil. Unpublished

Schoenborn,L., Sait,M., Hugenholtz,P. and Janssen,P.H. 2003. Major groups of bacteria in a pasture soil. Unpublished

Selvam,A., Tsai,S.-H. and Yang,S.-S. 2007. Microbial ecology and bacterial community composition of spruce, hemlock and grassland soils in Tatachia forest of Taiwan. Unpublished

Siegesmund,M.A., Johansen,J.R. and Friedl,T. 2007. Direct Submission

Siering,P.L. and Wilson,M.S. 2004. Geochemical and biological diversity in acidic hot springs in Lassen Volcanic National Park. Unpublished

Silva-Rojas,H.V. and Zelaya-Molina,L.X. 2008. Unc. gram positive bacteria interfering in detection of phytoplasma by PCR using universal ribosomal RNA phytoplasmic primers. 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 (7), 2555-2560

Speck,M.D., Donachie,S.P. and Davy,S.K. 2007. A polyphasic description of bacteria diversity in Pocillopora meandrina at Palmyra Atoll. Unpublished

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 (8), 2030-2041

Thomas,P. and Kumari,S. 2008. Latex exudates mimicking inconspicuous endophytic bacteria isolated from shoot-bud cultures of papaya in vitro. Unpublished

Tiago,I. and Verissimo,A.2007. Phylogenetic diversity in a nonsaline alkaline environment. Influence of pore-size filters in the determination of the community structure. Unpublished

Tomczyk-Zak,K. 2008. Rock biofilm from a gold mine with unusually high microbial diversity. Unpublished

Tseng,I.-C., Lin,H.-M., Wu,J.-H., Wu,W.-L. and Chang,C.-Y. 2006. Direct Submission to Genbank

Upchurch,R.A., Tarlera,S. and Whitman,W.B. 2006. Comparison of Bacterial Communities and Diversity of Soil from Three Sites at an Experimental Rice Station. Unpublished

Vaishampayan,P.A., Ghosh,S., Osman,S. and Venkateswaran,K. 2008. Molecular Microbial Burden and Community Analyses of Phoenix Spacecraft Assembly. Unpublished

Van Horn,D.J., Hall,J.R., Loker,E.S., Adema,C.M., Mitchell,K.R. and Takacs-Vesbach,C.D. 2008. Gut Microbial Community Composition and Variability in Three Planorbid Snail Species. Unpublished

Vasanthakumar,A., Handelsman,J., Schloss,P.D. and Raffa,K.F.2007.Gut microbiota of an invasive wood-boring beetle, the emerald ash borer: community composition and structure across different life stages. Unpublished

Wakeman,K.D., Auvinen,H. and Johnson,D.B. 2007. Microbiological and geochemical dynamics in simulated heap leaching of a polymetallic sulfide ore. Unpublished

Wan,M., Yang,Y. and Qiu,G. Direct Submission. 2006

Wang,Z., Zhang,Y. and Yang,M. 2007. Bacterial community dynamics of aerobic activated sludge during different produced water treatment. Unpublished

Wang,X., Zhu,Y., Yang,J. and Chen,X. 2008. Phylogenetic diversity of dissimilatory ferric iron reducers in arsenic contaminated paddy soil of Hunan, south China. Unpublished

Watling,H.R., Keeling,S.E., Perrot,F.A., Sheirs,D.W., Palmer,M.-L. and Watkin,E.L.J. 2008. The Bioleaching Capabilities of Sulfur- or Iron-oxidizing Moderate Thermophiles from a Spent Copper Sulfide Heap. Unpublished

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

Whitaker,R.J., Grogan,D.W. and Taylor,J.W. 2003. Geographic barriers isolate endemic populations of hyperthermophilic archaea. Science 301 (5635), 976-978 (2003)

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. 56 (2), 292-305

Yan,X., Mao,Y., Xu,Z.M., Feng,X., Liu,Y., Liu,B., Zhang,X. And Zhao,L. 2006. Microbial community of A2 reactor in a lab-scale A1-A2-O fixed biofilm system for coking wastewater treatment without effluent recirculation. 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 (4), 302-311

Yin,H., Liu,X., Wang,D. and Qiu,G. 2006. Unpublished

Yip,A., White,C., Wardman,C., Wilson,M. and Siering,P. 2008. Direct Submission OCT-2008

Yoshida,H., Yamamoto,K., Amano,Y., Takeuchi,M., Naganuma,T. and Matsuoka,K. 2006. Biogenic Fe-oxyhydroxides nodules (takashikozo) encrusted iron-oxide bacteria in reducing sediments. Unpublished

Zeng,W., Zhou,H. and Qiu,G. 2007. Bioleaching of chalcopyrite with a moderately thermophilic culture in a stirred tank reactor. Unpublished

Zhou,H., Yang,T. and Li,D. 2008. Phylogenetic diversity of unculturable bacteria in forest soil of Gaoligong Mountains, Yunnan. Unpublished

Zhou,J.P., Zou,C.S., Gu,Y.Q., Mo,M.H. and Zhang,K.Q. 2007. Fungistasis. Unpublished

Orlygsson,J. and Baldursson,S.R. 2006. Characterization of a new saccharolytic, anaerobic, thermophilic bacterium, *Thermoanaerobacter islandicum* sp. nov., from hot spring in Iceland. Unpublished

VIÐAUKI - FRUMEFNAMÆLINGAR

Frumefnamælingar, þar sem styrkur 72 frumefna var áætlaður, var gerður á 3 vökvasýnum frá Þeistareykjum og kranavatn haft til samanburðar. Skekkjumörk miðast við 25%. Niðurstöður úr þessum mælingum fylgja í töflum hér á eftir.

TAFLA 3. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 674

Water (code:674)			MATÍS tap water		Water (code:674)			MATÍS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	1,1	µg/l	50,0	ng/l	Sn	10,8	ng/l	3,6	ng/l
Be	93,7	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	7,4	ng/l	3,9	ng/l
B	3,0	µg/l	2,9	µg/l	Te	<21	ng/l	<21	ng/l
C	24,7	mg/l	8,9	mg/l	I	603	ng/l	243	ng/l
Na	1,3	mg/l	4,7	mg/l	Cs	10,0	ng/l	0,9	ng/l
Mg	23,0	mg/l	363	µg/l	Ba	21,7	µg/l	56,3	ng/l
Al	530	µg/l	7,3	µg/l	La	660	ng/l	4,6	ng/l
P	71,7	µg/l	7,8	µg/l	Ce	1,6	µg/l	1,6	ng/l
S	20,0	mg/l	1,0	mg/l	Pr	253	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	0,8	mg/l	2,2	mg/l	Nd	1,7	µg/l	<1,6	ng/l
K	75,3	µg/l	70,7	µg/l	Sm	530	ng/l	<2	ng/l
Sc	6,5	µg/l	0,7	µg/l	Eu	213	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	4,2	µg/l	420	ng/l	Gd	710	ng/l	<1,8	ng/l
V	6,5	µg/l	5,5	µg/l	Tb	130	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	373	µg/l	0,3	µg/l	Dy	897	ng/l	<1,2	ng/l
Fe	317	µg/l	17,0	µg/l	Ho	170	ng/l	<0,32	ng/l
Co	5,1	µg/l	8,4	ng/l	Er	493	ng/l	<0,96	ng/l
Ni	12,0	µg/l	90,0	ng/l	Tm	68,7	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	737	ng/l	133	ng/l	Yb	423	ng/l	<1,4	ng/l
Zn	18,0	µg/l	14,0	µg/l	Lu	66,0	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	913	ng/l	113	ng/l	Hf	5,4	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	147	ng/l	26,0	ng/l	Ta	1,3	ng/l	<0,38	ng/l
As	827	ng/l	26,3	ng/l	W	5,7	ng/l	12,7	ng/l
Se	497	ng/l	207	ng/l	Re	<3,1	ng/l	<1	ng/l
Br	2,9	µg/l	15,3	µg/l	Os	<2,2	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	0,7	µg/l	183	ng/l	Ir	<2,3	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	15,7	µg/l	1,5	µg/l	Pt	<6,3	ng/l	<2,1	ng/l
Y	3,6	µg/l	0,4	ng/l	Au	<4,1	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	8,6	ng/l	1,6	ng/l	Hg	<15	ng/l	<5,0	ng/l
Nb	<1,1	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	<1,9	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	15,3	ng/l	28,7	ng/l	Pb	103	ng/l	18,7	ng/l
Ru	<1,9	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	2,6	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	1,4	ng/l	<0,3	ng/l	Th	<1,5	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	94,7	ng/l	2,3	ng/l	U	15,3	ng/l	7,7	ng/l
Ag	367	ng/l	130	ng/l	Si	25,7	mg/l	2,4	mg/l
Cd	24,0	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	4,8	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: Se,Pd,Ta,W in the sample 674 reported as oxide, Hf& Sn as dimer, and Zr as hydride.

Ni & Se in the Matís tap water reported as oxide. SR, Reykjavík. 18th. of August 2008.

TAFLA 4. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 687

Water (code:687)			MATÍS tap water		Water (code:687)			MATÍS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	1,2	µg/l	50,0	ng/l	Sn	29,0	ng/l	3,6	ng/l
Be	223	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	11,7	ng/l	3,9	ng/l
B	4,4	µg/l	2,9	µg/l	Te	<120	ng/l	<21	ng/l
C	27,7	mg/l	8,9	mg/l	I	1,7	µg/l	243	ng/l
Na	1,6	mg/l	4,7	mg/l	Cs	18,3	ng/l	0,9	ng/l
Mg	8,9	mg/l	363	µg/l	Ba	13,0	µg/l	56,3	ng/l
Al	4,9	mg/l	7,3	µg/l	La	1,2	µg/l	4,6	ng/l
P	120	µg/l	7,8	µg/l	Ce	3,5	µg/l	1,6	ng/l
S	34,7	mg/l	1,0	mg/l	Pr	563	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	0,9	mg/l	2,2	mg/l	Nd	3,7	µg/l	<1,6	ng/l
K	110	µg/l	70,7	µg/l	Sm	1,1	µg/l	<2	ng/l
Sc	7,9	µg/l	0,7	µg/l	Eu	430	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	5,6	µg/l	420	ng/l	Gd	1,3	µg/l	<1,8	ng/l
V	30,7	µg/l	5,5	µg/l	Tb	250	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	243	µg/l	0,3	µg/l	Dy	1,7	µg/l	<1,2	ng/l
Fe	5,1	mg/l	17,0	µg/l	Ho	320	ng/l	<0,32	ng/l
Co	317	ng/l	8,4	ng/l	Er	900	ng/l	<0,96	ng/l
Ni	1,7	µg/l	90,0	ng/l	Tm	133	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	453	ng/l	133	ng/l	Yb	780	ng/l	<1,4	ng/l
Zn	15,7	µg/l	14,0	µg/l	Lu	120	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	620	ng/l	113	ng/l	Hf	15,3	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	1,1	µg/l	26,0	ng/l	Ta	2,5	ng/l	<0,38	ng/l
As	101	ng/l	26,3	ng/l	W	12,0	ng/l	12,7	ng/l
Se	1,0	µg/l	207	ng/l	Re	<5,3	ng/l	<1	ng/l
Br	12,7	µg/l	15,3	µg/l	Os	<13	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	957	ng/l	183	ng/l	Ir	<4,7	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	15,7	µg/l	1,5	µg/l	Pt	87	ng/l	<2,1	ng/l
Y	6,5	µg/l	0,4	ng/l	Au	<6,8	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	91,3	ng/l	1,6	ng/l	Hg	<30	ng/l	<5,0	ng/l
Nb	<2,2	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	<3,9	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	18,5	ng/l	28,7	ng/l	Pb	90,3	ng/l	18,7	ng/l
Ru	<11	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	4,4	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	<2,1	ng/l	<0,3	ng/l	Th	<3	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	140	ng/l	2,3	ng/l	U	34,7	ng/l	7,7	ng/l
Ag	730	ng/l	130	ng/l	Si	30,3	mg/l	2,4	mg/l
Cd	<22	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	5,3	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,Pd in the sample 687 reported as oxide, Hf as dimer, and Zr as hydride. Ni & Se in the Matís tap water reported as oxide. SR, Reykjavík. 18th. of August 2008.

TAFLA 5. Niðurstöður frumefnamælinga úr sýni 690

Water (code:690)			MATÍS tap water		Water (code:690)			MATÍS tap water	
Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**	Element	Conc.*	Unit**	Conc.*	Unit**
Li	2,2	µg/l	50,0	ng/l	Sn	39,0	ng/l	3,6	ng/l
Be	353	ng/l	<2,8	ng/l	Sb	18,3	ng/l	3,9	ng/l
B	6,8	µg/l	2,9	µg/l	Te	<43	ng/l	<21	ng/l
C	33,0	mg/l	8,9	mg/l	I	2,0	µg/l	243	ng/l
Na	4,1	mg/l	4,7	mg/l	Cs	41,3	ng/l	0,9	ng/l
Mg	8,6	mg/l	363	µg/l	Ba	13,0	µg/l	56,3	ng/l
Al	4,4	mg/l	7,3	µg/l	La	407	ng/l	4,6	ng/l
P	277	µg/l	7,8	µg/l	Ce	1,1	µg/l	1,6	ng/l
S	43,7	mg/l	1,0	mg/l	Pr	213	ng/l	<0,28	ng/l
Cl	1,2	mg/l	2,2	mg/l	Nd	1,7	µg/l	<1,6	ng/l
K	347	µg/l	70,7	µg/l	Sm	723	ng/l	<2	ng/l
Sc	15,3	µg/l	0,7	µg/l	Eu	300	ng/l	<0,56	ng/l
Ti	9,1	µg/l	420	ng/l	Gd	1,1	µg/l	<1,8	ng/l
V	193	µg/l	5,5	µg/l	Tb	250	ng/l	<0,3	ng/l
Mn	180	µg/l	0,3	µg/l	Dy	1,9	µg/l	<1,2	ng/l
Fe	11,0	mg/l	17,0	µg/l	Ho	413	ng/l	<0,32	ng/l
Co	470	ng/l	8,4	ng/l	Er	1,3	µg/l	<0,96	ng/l
Ni	1,4	µg/l	90,0	ng/l	Tm	197	ng/l	<0,32	ng/l
Cu	4,6	µg/l	133	ng/l	Yb	1,2	µg/l	<1,4	ng/l
Zn	19,7	µg/l	14,0	µg/l	Lu	183	ng/l	<0,33	ng/l
Ga	750	ng/l	113	ng/l	Hf	<2,4	ng/l	<1,2	ng/l
Ge	2,6	µg/l	26,0	ng/l	Ta	<3,8	ng/l	<0,38	ng/l
As	88,7	ng/l	26,3	ng/l	W	18,0	ng/l	12,7	ng/l
Se	1,6	µg/l	207	ng/l	Re	<2,1	ng/l	<1	ng/l
Br	7,4	µg/l	15,3	µg/l	Os	<13	ng/l	<2,2	ng/l
Rb	2,4	µg/l	183	ng/l	Ir	<4,7	ng/l	<0,79	ng/l
Sr	12,0	µg/l	1,5	µg/l	Pt	<21	ng/l	<2,1	ng/l
Y	8,6	µg/l	0,4	ng/l	Au	<13	ng/l	<1,3	ng/l
Zr	67,0	ng/l	1,6	ng/l	Hg	<50	ng/l	<5,0	ng/l
Nb	<3,6	ng/l	<0,4	ng/l	Tl	<6,5	ng/l	<0,65	ng/l
Mo	27,7	ng/l	28,7	ng/l	Pb	507	ng/l	18,7	ng/l
Ru	<11	ng/l	<1,9	ng/l	Bi	8,7	ng/l	<0,59	ng/l
Rh	<3,5	ng/l	<0,3	ng/l	Th	28,0	ng/l	<0,5	ng/l
Pd	180	ng/l	2,3	ng/l	U	38,3	ng/l	7,7	ng/l
Ag	1,2	µg/l	130	ng/l	Si	51,3	mg/l	2,4	mg/l
Cd	<22	ng/l	<3,7	ng/l	Ca	6,0	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)**.