

2070

NINA Rapport

Insektovervåking på Østlandet og i Trøndelag

Rapport fra feltsesong 2021

Jens Åström, Tone Birkemoe, Sondre Dahle, Marie Davey, Torbjørn Ekrem, Anders Endrestøl, Frode Fossøy, Oddvar Hanssen, Arne Laugsand, Arnstein Staverløkk, Anne Sverdrup-Thygeson, Frode Ødegaard



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er NINAs ordinære rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på annet språk når det er hensiktsmessig.

NINA Temahefte

Som navnet angir behandler temaheftene spesielle emner. Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. NINA Temahefte gis vanligvis en populærvitenskapelig form med mer vekt på illustrasjoner enn NINA Rapport.

NINA Fakta

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. Faktaarkene gir en kort framstilling av noen av våre viktigste forskningstema.

Annen publisering

I tillegg til rapporteringen i NINAs egne serier publiserer instituttets ansatte en stor del av sine vitenskapelige resultater i internasjonale journaler, populærfaglige bøker og tidsskrifter.

Insektovervåking på Østlandet og i Trøndelag

Rapport fra feltsesong 2021

Jens Åström

Tone Birkemoe

Sondre Dahle

Marie Davey

Torbjørn Ekrem

Anders Endrestøl

Frode Fossøy

Oddvar Hanssen

Arne Laugsand

Arnstein Staverløkk

Anne Sverdrup-Thygeson

Frode Ødegaard

Åström, J., Birkemoe, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A. & Ødegaard, F. 2022. Insektovervåking på Østlandet og i Trøndelag. Rapport fra felt sesong 2021. NINA Rapport 2070. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, februar 2022

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4855-6

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Jørgen Rosvold

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsssjef Forskningsssjef Signe Nybø (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAKSGIVERS REFERANSE

M-2213 I 2022

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Preben Danielsen

FORSIDEBILDE

Malaisefelle på lokaliteten Skog_19, Vinje. © Arnstein Staverløkk

NØKKEWORD

- Norge
- Østlandet
- Trøndelag
- insekter
- overvåking
- metastrekkoding
- skogsmark
- jordbruksmark

KEY WORDS

- Norway
- Østlandet
- Trøndelag
- insects
- monitoring
- metabarcoding
- forest
- agricultural land

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor
Postboks 5685 Torgarden
7485 Trondheim
Telefon: 73 80 14 00

NINA Oslo
Sognsveien 68
0855 Oslo
Telefon: 73 80 14 00

NINA Tromsø
Postboks 6606 Langnes
9296 Tromsø
Telefon: 77 75 04 00

NINA Lillehammer
Vormstuguvegen 40
2624 Lillehammer
Telefon: 73 80 14 00

NINA Bergen
Thormøhlensgate 55
5006 Bergen
Telefon: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Åström, J., Birkemoe, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A. & Ødegaard, F. 2022. Insektovervåking på Østlandet og i Trøndelag. Rapport fra feltsesong 2021. NINA Rapport 2070. Norsk institutt for naturforskning.

Rapporten beskriver arbeidet med en generell insektovervåking i Norge 2021, finansiert av Miljødirektoratet. Overvåkingen startet opp i økosystemene skog og semi-naturlig mark på Østlandet i 2020, og ble i 2021 utvidet til semi-naturlig mark i Trøndelag. Totalt 50 lokaliteter har blitt undersøkt så langt.

Prosjektet benytter passiv fangst av flyvende insekter ved hjelp av malaisefelleer, supplert med vindusfeller i skog for å øke fangsten av biller. Metoden fanger store mengder med insekter, men total biomasse (ca. 11 kg) er såpass lav at den ikke forventes å påvirke bestandene negativt. Fangstene analyseres ved hjelp av DNA-metastrekkoding. Nøyaktigheten på artsidentifisering med denne metoden varierer mellom artsgrupper, men prosjektet jobber med kontinuerlig utbedring av referansebiblioteket på arter og har i år utvidet bibliotekene med strekkoder fra 538 flere arter.

Overvåkingsprosjektet har så langt funnet minst 16.000 arter på to sesonger. Til sammenligning så er det kjent ca. 19.500 insektarter i Norge og vi antar derfor at overvåkingen på sikt vil tilføye mange nye arter for Norge. Som forventet så ser semi-naturlig mark på Østlandet ut til å være mest artsrik, fulgt av skog på Østlandet og semi-naturlig mark i Trøndelag. Overvåkingen har påvist 110 rødlistede arter og det er funnet rødlistearter i alle lokaliteter. Vi har også funnet en stor mengde arter som ikke er påvist tidligere i Norge, med forbehold om at denne identifisering ikke er manuelt kontrollert. Av disse er 242 trolig nyoppdagede stedegne arter, 20 arter er listet opp i Fremmedartslista til Artsdatabanken. 167 arter er ikke observert i naboland tidligere og bør vurderes som fremmede arter.

Foreløpige analyser viser at ca. 2/3 av variasjonen i biomasse for insekter gjennom sesongen kan forklares gjennom data fra klimaloggere ved fellene. Ved å inkludere data for vegetasjon og landskapskomposisjon fra hver lokalitet så økes forklaringsevnen til nesten 3/4 av variasjonen. Forståelse av slike grunnleggende påvirkningsfaktorer vil gjøre det mulig å vurdere effekter av klimaendringer på biomasse av insekter i lengre tidsserier. Betydningen av de ulike forklaringsvariablene varierte mellom skog og semi-naturlig mark.

Forskjellen i artsforekomster mellom ulike lokaliteter (beta-diversitet) var lavere enn forventet, sammenlignet med en tilfeldig fordeling av arter. En mulig forklaring er at fangst- eller identifiseringsteknikkene som er benyttet her ikke klarer å observere all diversitet som faktisk er på lokalitetene. Dette bør undersøkes nærmere. Forskjellene mellom lokaliteter forklares best gjennom at de har ulike arter, heller enn ulik antall arter, og forskjellene i artsforekomst øker med avstand mellom lokaliteter.

Dette overvåkingsprosjektet vil kunne bidra med verdifull ny kunnskap om endringer i biomasse og artsmangfold av insekter i Norge. Det vil også kunne gi viktig kunnskap om fordelingen av artene omkring i landet, inkludert truede og fremmede arter. Dette gjelder spesielt arter som vi har begrenset kunnskap om eller som er vanskelige å identifisere med tradisjonelle metoder. Overvåkingen er også godt egnet som datakilde for indikatorer av økologisk tilstand for insekter i Norge og vi lister opp flere mulige indikatorer. Det største hinderet for å operasjonalisere disse er at vi mangler kunnskap om verdiene på referansetilstandene i "intakte økosystemer."

Ved en eventuell videre utvidelse av overvåkingsprogrammet så anbefaler vi at det først gjøres en målrettet kartlegging og overvåking av lokaliteter som kan representere "intakte økosystemer" og som kan utgjøre basen for de referansenivåer man trenger for indikatorer for økologisk tilstand. Videre vurderer vi at den mest kostnadseffektive økningen av prosjektet vil være å først utvide til skog i Trøndelag, samt en geografisk utvidelse til Rogaland og Agder fylker.

Jens Åström, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Jens.Astrom@nina.no
Tone Birkemoe, NMBU/MINAPostboks 5003 NMBUNO-1432 Ås., Tone.Birkemoe@nmbu.no
Sondre Dahle, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Sondre.Dahle@nina.no
Marie Davey, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Marie.Davey@nina.no
Torbjørn Ekrem, NTNU VitenskapsmuseetNTNUNO-7491 Trondheim., Torbjorn.Ekrem@ntnu.no
Anders Endrestøl, NINAPostboks endre dette, Anders.Endrestol@nina.no
Frode Fossøy, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Frode.Fossoy@nina.no
Oddvar Hanssen, NINAPostboks 5685 TorgardenNO - 7485 Trondheim., Oddvar.Hanssen@nina.no
Arne Laugsand, NINAPostboks 5685 TorgardenNO - 7485 Trondheim., Arne.Laugsand@nina.no
Arnstein Staverløkk, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Arnstein.Staverlokk@nina.no
Anne Sverdrup-Thygeson, NMBU/MINAPostboks 5003 NMBUNO-1432 Ås., Anne.Sverdrup-Thygeson@nmbu.no
Frode Ødegaard, NTNU VitenskapsmuseetNTNUNO-7491 Trondheim., Frode.Odegaard@ntnu.no

Abstract

Åström, J., Birkemoe, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A. & Ødegaard, F. 2022. Insectmonitoring in Østlandet and Trøndelag. Report from the fieldseason of 2021. NINA Rapport 2070. Norsk institutt for naturforskning.

This report documents the 2021 findings for a general monitoring of insects in Norway that is financed by the Norwegian Environmental Agency. The monitoring program was initiated in 2020 for forest and semi-natural/agricultural ecosystems in Eastern Norway and has been extended in 2021 to include semi-natural/agricultural land in Trøndelag. A total of 50 localities have been inventoried to date.

Monitoring is based on passive trapping of flying insects using malaise traps, supplemented by additional window traps in forest localities to improve capture and detection of beetles. These methods capture large numbers of insects, but the total biomass (ca. 11 kg) is not expected to have negative effects on the local insect populations. The collected insects are identified using DNA-metabarcoding. Success rates for species identification varies between taxonomic groups, and is dependent on having complete reference databases. To improve metabarcoding species identifications, the project is continually improving its reference database and has barcoded an additional 538 Norwegian species in 2021.

Over the course of two monitoring seasons, the project has detected at least 16 000 species. Given that prior to initiating monitoring, there were approximately 19 500 insect species reported in Norway, it is expected that this program will detect many species new to Norway. As expected, semi-natural/agricultural lands in Eastern Norway were the most species-rich ecosystem, followed by forests in Eastern Norway and semi-natural/agricultural lands in Trøndelag. 110 red-listed species have been detected in the monitoring, and at least one red-listed species has been detected in every locality surveyed. A number of species that are not known from Norway are reported here, although not manually confirmed, including 242 that likely represent native species that were previously overlooked, 20 species from the Invasive Species List for Norway, as well as an additional 167 species that are not known to occur in any neighbouring countries to Norway, and should be further evaluated as potential doorknocker species or invasive species.

Preliminary analyses show that ca. 2/3 of the variation in insect biomass throughout the season can be explained by data from the data loggers placed next to each trap. With the inclusion of data on vegetation and landscape composition from each locality, almost 3/4 of biomass variation can be explained. An understanding of these general relationships will help us evaluate the effects of climate change on insect biomass in longer time series. The relative importance of each explanatory variable differed between forests and semi-natural/agricultural lands.

Between-locality differences in biodiversity (beta-diversity) was lower than would be expected with a completely random distribution of species. A possible explanation is that the collection and/or identification methods used here do not adequately capture the entire insect diversity present at each site, and as such should be explored further. Different localities hosted different species, rather than having dissimilar total numbers of species, and the differences in species composition between localities increased with increasing distance between localities.

This monitoring project is already providing key information on changes in biomass and insect diversity in Norway. It is expected to provide valuable insight into the distribution of species throughout the country, including threatened and invasive species, and particularly those for

which we have only limited knowledge of and/or are difficult to identify in traditional morphology-based surveys. This monitoring program will also be a good data-source for the creation of indicators for ecological condition for insect populations in Norway and we provide an overview of a number of possible indicators. Currently, the largest barrier to initiating use of ecological condition indicators for insects is a lack of data from reference localities in “intact ecosystems.”

To further develop this monitoring program, we recommend an initial, directed mapping and monitoring of localities in “intact ecosystems,” which will provide the basis and establish reference values for implementing indicators for the ecological condition of insects. The most cost-effective extension of the breadth of monitoring is to first include forests in Trøndelag, followed by an expansion to monitor sites in Rogaland and Agder.

Jens Åström, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Jens.Astrom@nina.no
Tone Birkemoe, NMBU/MINAPostboks 5003 NMBUNO-1432 Ås., Tone.Birkemoe@nmbu.no
Sondre Dahle, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Sondre.Dahle@nina.no
Marie Davey, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Marie.Davey@nina.no
Torbjørn Ekrem, NTNU VitenskapsmuseetNTNUNO-7491 Trondheim., Torbjorn.Ekrem@ntnu.no
Anders Endrestøl, NINAPostboks endre dette, Anders.Endrestol@nina.no
Frode Fossøy, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Frode.Fossoy@nina.no
Oddvar Hanssen, NINAPostboks 5685 TorgardenNO - 7485 Trondheim., Oddvar.Hanssen@nina.no
Arne Laugsand, NINAPostboks 5685 TorgardenNO - 7485 Trondheim., Arne.Laugsand@nina.no
Arnstein Staverløkk, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Arnstein.Staverlokk@nina.no
Anne Sverdrup-Thygeson, NMBU/MINAPostboks 5003 NMBUNO-1432 Ås., Anne.Sverdrup-Thygeson@nmbu.no
Frode Ødegaard, NTNU VitenskapsmuseetNTNUNO-7491 Trondheim., Frode.Odegaard@ntnu.no

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	5
Innhold	7
Forord	8
1 Innledning	9
2 Lokalteter	10
2.1 Utvalg av lokaliteter	11
2.2 Landskapskomposisjon for lokaliteter	12
2.3 Eksempelkart	13
3 Felletømminger	16
4 Identifisering av arter med DNA-metastrekkoding	18
4.1 Forbehandling av prøvene	18
4.2 DNA-ekstraksjon	19
4.3 Etterbehandling og lagring av felleprøver	19
4.4 DNA-amplifisering og sekvensering	19
4.5 Bioinformatikk	19
4.6 Kvalitetssikring av DNA-basert identifisering av arter	19
4.7 Horisontskanning og identifisering av nye arter for Norge	20
4.8 Sannsynlighet for klassifisering til artsnivå	24
4.9 Sekvenseringsdybde og antall arter påvist med DNA-metastrekkoding	24
4.10 Sammenligning mellom DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse	25
5 Referansestrekkoder for norske insekter	28
5.1 Komplementering av DNA-strekkoder fra vitenskapelige samlinger	28
5.2 Komplementering av DNA-strekkoder fra offentlige referansebaser og bulk prøver ..	28
6 ANO-registreringer	29
7 Skogsregistreringer	31
8 Loggerdata	33
9 Individantall	36
10 Diversitet	39
10.1 Oppdeling av biodiversitet i α , β , γ -komponenter	41

10.2	Kilder til β -diversitet	41
10.3	Forskjeller i diversitet i forhold til geografisk avstand	42
10.4	Genetisk diversitet – variasjon innen arter	45
11	Tidstrender	48
11.1	Biomasse	48
11.2	Variasjon i biomasse mellom lokaliteter	50
11.3	Diversitet	54
11.4	Variasjon i artsantall mellom lokaliteter	56
11.5	Pollinatorer	60
12	Funn av rødlistede arter	62
13	Funn av fremmede arter	68
14	Forklaringsevnen til innsamlede variabler	72
14.1	Hva skal man modellere?	72
14.1.1	Forhold mellom biomasse, artsantall og diversitetsindeks	72
14.2	Effekt av værforhold på biomasse av insekter	75
14.3	Effekt av andre miljøvariabler på biomasse	76
14.3.1	ANO-kartlegging og landsskogstaksering	76
14.3.2	Arealtyper i AR5	77
14.3.3	Skog i AR5	79
14.3.4	Romlig komposisjon	80
14.3.5	Lineære element	81
14.3.6	Modellering	83
14.3.7	Forklaringsevne for biomasse i Skogslokaliteter	83
14.3.8	Forklaringsevne for biomasse i Semi-naturlige lokaliteter	84
14.4	Forklaringer av artssamfunn	86
14.5	Oppsummering forklaringsvariabler	88
15	Indikatorer	89
15.1	Biologisk mangfold representert ved økosystemenes genetiske mangfold, artssammensetning og artsutskifting	90
15.2	Fordeling av biomasse mellom ulike trofiske nivåer	94
15.3	Fordeling av trekk hos insekter	96
15.4	Oppsummering indikatorer	98

16 Kostnader og fortsettelse av overvåkingen	99
16.1 Oppdatert budsjett for overvåking i skog og semi-naturlig mark på Østlandet.	99
16.2 Utvidelse av dagens overvåking	99
16.3 Prioritering for neste skritt, inkludert nye økosystemer og referanseområder	101
17 Dataleveranse til GBIF og dokumentasjon av analyser	103
18 Vedlegg 1. Funn av arter på fremmedartslista	104
19 Vedlegg 2. Funn av arter observert i andre Fennoskandiske land	105
20 Vedlegg 3. Funn av arter ikke observert i andre Fennoskandiske land	110
21 Referanser	113

Forord

Norsk institutt for naturforskning ble i mai forrige år tildelt prosjektet "Regional overvåking av insekter i 2021" av Miljødirektoratet. Prosjektet bygger videre på en generell terrestrisk insekt-overvåking som ble startet opp i 2020, etter førarbeid i 2018 og 2019.

Hovedformålet for overvåkingen er å skaffe kunnskap om regional status og endringer i insektsmangfoldet i de terrestriske økosystemene skog og semi-naturlig mark. I tillegg bidrar prosjektet til en økt kunnskap om forekomsten av enkelte insekter og påvirkningen av noen grunnleggende påvirkningsfaktorer for deres utbredelse.

Vi vil takke alle grunneiere som har gitt tillatelse for kartlegging av insekter på deres eiendom, og som har vært behjelpelige med å gjerde inn fellene for å beskytte mot beitedyr. Vi arbeider på å ta frem en innsynsløsning der de kan gå inn å se hvilke insekter som er blitt funnet på sine respektive marker. Vi vil også takke feltpersonellen som har jobbet med innsamling av felleprøver og kartlegging av den lokale floraen kring insektfellene. Her har John Gunnar Dokk, Torbjørn Havnås, Lise Tingstad og Heidi Myklebost gjort den store jobben. På lab har vi hatt hjelp av Jacob Gastinger og Hege Brandsegg for prosessering av felleprøvene. Anette Ljosdal Havmo og Jørgen Rosvold har hjulpet til med økonomi og administrasjon.

Vi takker også vår kontaktperson på Miljødirektoratet Preben Danielsen for gott samarbeid gjennom prosjektet.

Trondheim, 29.01.2022

Jens Åström

1 Innledning

Året 2021 var andre året i en planlagt kontinuerlig generell insektovervåking i Norge. På samme måte som oppstartsåret 2020, ble det valgt ut 20 nye overvåkingslokaliteter på Østlandet, halvparten i skog, og halvparten i semi-naturlig mark. I tillegg ble det i 2021 startet opp overvåking også i Trøndelag, med 10 lokaliteter i semi-naturlig mark. Overvåkingsopplegget bygger på at man gjenbesøker samme lokalitet etter 5 år, og at man dermed overvåker 50 lokaliteter per habitatstype og region i et fullt omdrev. En utvidelse av opplegget er mulig i fremtiden, både til andre regioner og til andre habitatstyper. Betydningen av prosjektet og kunnskapsmangelen om insekter i Norge er beskrevet i Åström et al. (2019).

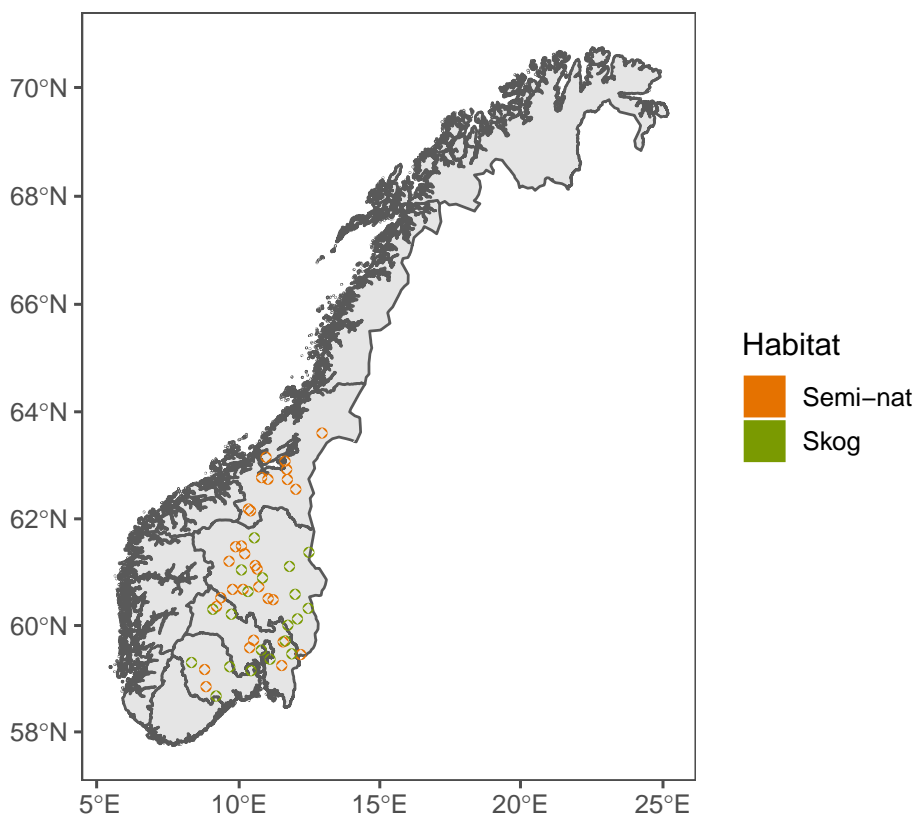
Insektene ble innsamlet ved bruk av malaisefelleer i alle lokaliteter. I tillegg ble det benyttet vindusfeller i skogslokalitetene. Malaisefellene fanger bredt over alle flygende insekter, men fanger spesielt mye av tovinger og veps. Vindusfellene fanger et mindre antall insekter, men er særlig rettet mot biller. Identifiseringen av insektene ble gjort ved hjelp av DNA-metastrekkoding etter en "soft-lysing" protokoll av fellmaterialet, som til stor del bevarer materialet og muliggjør manuell etterkontroll av enkeltindivider.

Insekter er en svært stor organismegruppe, både når det gjelder individ- og artsantall. En generell overvåking vil aldri klare å finne alle arter i en habitattype, og sjelden alle arter i en lokalitet. Insektsamfunn har ofte en svært lang "hale" av sjeldne arter, som ofte bare utgjør enkeltfunn i det innsamlede materialet. Hvis innsamlingsinnsatsen økes, forskyves ofte bare denne halen lengre bort, slik at man finner nye sjeldne arter kun som enkeltfunn. Ambisjonen er derfor ikke å bli heldekkende, der man klarer å observere alle arter, men å finne et godt avveid nivå med tanke på bredde og dybde av overvåkingen. Både fangstmetodikken og identifiseringsmetodikken gir også noen skjevheter, der visse artsgrupper går i fellene oftere en andre, og noen artsgrupper identifiseres oftere enn andre grupper. Her står man ovenfor flere tekniske valg, som alle kan påvirke datamaterialet noe. Det er derfor en fordel å holde innsamlings og identifiseringsmetodikken så konstant som mulig over tid, for å forenkle en sammenligning av dataene over tid.

Vi har i 2021 gått over til å bruke en ny generasjon av sekvenseringsmaskin (Illumina Nova-Seq), som leser langt flere DNA-kopier i prøvene en sekvenseringsmaskinen som ble brukt i 2020 (Illumina MiSeq). Vi har også tatt i bruk en kortere (eller svakere) lyseringsmetodikk for å isolere DNA fra prøvene, som vi mener skal forbedre deteksjonen av små individer og bevare dem i bedre tilstand for lagring og senere morfologiske analyser. Vi vil forsøke å bruke denne metoden som en standard i kommende år, men må også være åpne for at dette er et fagfelt med rask teknisk utvikling. Vi tømmer fellene annenhver uke, med ambisjon om å dekke inn hoveddelen av flyvesesongen (fra april til oktober) og bruker samme felletyper mellom år.

Til tross for utfordringene med å samle inn insekter som beskrevet ovenfor, samler metodikken vår inn en svært stor diversitet av insekter. Fra de 20 lokalitetene på Østlandet i 2020 har vi per idag detektert 12354 arter. Fra de totalt 30 lokalitetene i 2021 ble det detektert 13107 arter, i en noe forkortet sesong. Det totale artsantallet i begge årene er vanskelig å beregne eksakt på dette tidspunktet, da vi ikke har fått samkjørt analysen av genetiske grupper som ikke kunne bestemmes til art mellom år. Men det totale antallet insektarter i prosjektet så langt er i de minste 16718. Dette kan sammenlignes med det totale antallet kjente insektarter i Norge fra tidligere på omtrent 19 500 arter.

Årets rapport inneholder en oppsummering av hvordan landskapskomposisjonen for de to habitatstypene overlapper og skiller seg fra hverandre, samt eksempelkart på variasjonen i lokaliteter. Vi viser et generelt bilde over insektfunnene i de ulike lokalitetene over tid. Vi viser



Figur 1: Overvåkingslokaliteter i perioden 2020-2021.

også en oversikt over miljøvariablene vi samler inn i felt, og som vi har tilgang til via offentlige kilder, samt undersøker forklaringsevnen til disse for variasjonen i insektsamfunn. Vi estimerer totalt artsantall for de regioner og habitater vi har undersøkt, og ser nærmere på hvordan diversiteten fordeler seg mellom lokaliteter. Vi oppsummerer videre funn av rødlistede og fremmede arter, samt arter vi ikke har observert i Norge tidligere. Til sist undersøker vi mulighetene for å utvikle indikatorer for insekter i skog og semi-naturlig mark og foreslår potensielle fremtidige indikatorer.

2 Lokaliteter

Feltarbeidet i 2021 på Østlandet foregikk i skog og semi-naturlig mark på samme skala som i 2020, med 10 lokaliteter i hver økosystemtype (Åström et al. 2020b). I tillegg ble overvåkingen utvidet til å også inkludere semi-naturlig mark i Trøndelag, med 10 lokaliteter (Figur 1). Opplegget følger den generelle planen beskrevet i Åström et al. (2019), med en forskjøvet design, der man velger nye lokaliteter de første 5 årene, for så å starte med gjenbesøk i lokalitetene i år 6. Første gjenbesøk på Østlandet blir da i 2025, og andre gjenbesøk i 2030. Dette rulleringskjemaet er koordinert med omdrevet i ANO-kartleggingen.

2.1 Utvalg av lokaliteter

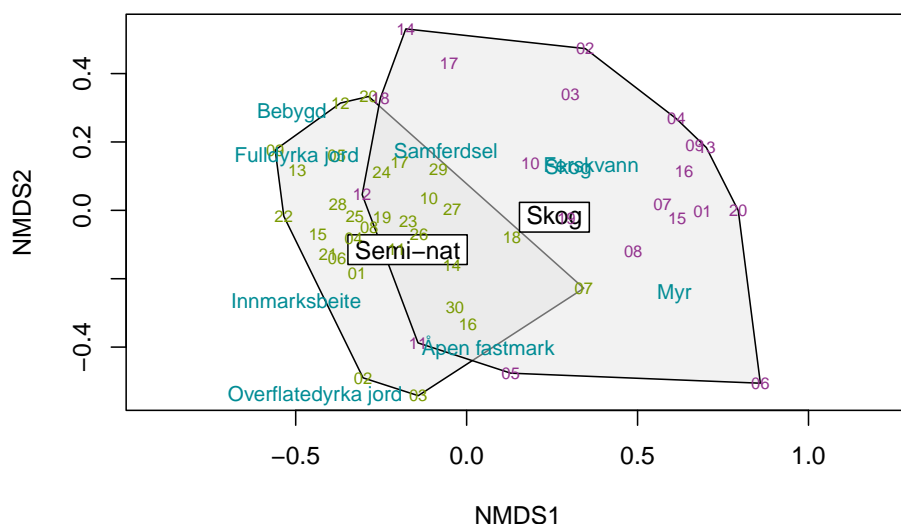
Så langt i overvåkingen er alle lokaliteter valgt fra et tilfeldig utvalg som utgjør basen for en landsdekkende ANO-kartlegging. Disse lokalitetene er definert etter SSB sitt 500x500m store landsdekkende grid og kan dermed koples sammen med diverse nasjonal statistikk.

Lokalitetene ble i 2021 utvalgt etter samme metode som i 2020. For skogslokalitetene betyr det at vi utgikk fra det tilfeldige utvalget i den årlige ANO-kartleggingen, for å kunne sammenligne med en full ANO-kartlegging på en kostnadseffektiv måte. Blant disse kandidatlokalitetene valgte vi manuelt ut 10 ruter på Østlandet som inneholdt mer enn 50% skog (etter arealtype i AR5) og som hadde en så stor geografisk spredning over området som mulig. Dette er for å dekke inn variasjonen i regionen så bra som mulig hvert år. Denne metoden ser ut til å fungere bra for skog, og dekker en stor variasjon i skogstyper og høydenivåer. Da utvalget er ganske nært tilfeldig i et romlig aspekt, havner mange av skogslokalitetene på Østlandet i nokså høylent mark med en betydelig andel bjørkeskog.

For de semi-naturlige lokalitetene er utvalget mer utfordrende. Som tidligere bruker vi en bredere definisjon av semi-naturlig mark enn hva som brukes for semi-naturlige naturtyper i for eksempel NiN. Dette blir gjort for å ikke snevre inn overvåkingen til naturtyper som nå har blitt svært sjeldne og er lite representative for de generelle insektforekomstene i Norge. Alle de 5 semi-naturlige naturtypene i NiN er også rødlistet. Vi prøver istedenfor å velge ut områder i jordbrukslandskapet som ikke preges for mye av intensiv produksjon. Her var vi, i likhet med 2020, nødt til å velge ut fra 10 000 ruter reserveutvalget til ANO, for å kunne treffe mange nok ruter som kan karakteriseres som semi-naturlig mark. Vi brukte kriteriene at rutene skulle inneholde minst 20 % overflatedyrka mark eller innmarksbeite tilsammen, og minst 30 % fulldyrka mark, overflatedyrka mark eller innmarksbeite tilsammen. For å utelukke de mer intensivt dyrkede arealene, forkastet vi ruter som inneholdt mer enn 50 % fulldyrka mark. Denne noe kompliserte utvalgsprosedyren er et resultat av metodisk uttesting og dialog med oppdragsgiver. Av dette utvalget trekte vi 10 tilfeldige ruter på Østlandet og 10 fra Trøndelag. Kartgrunnlaget var også her arealtype i AR5. Vi mener det er en god idé å utvide utvalget til å også inkludere de mer intensivt dyrkede arealene, da dette utgjør en betydelig del av jordbrukslandskapet i Norge, og at det der også kan forventes en særdeles høy menneskelig påvirkning på insekter.

2.2 Landskapskomposisjon for lokaliteter

Mange av lokalitetene er relativt heterogene i sin komposisjon, og særlig det omkringliggende landskapet rundt de 500x500m store rutene. Dette er spesielt tydelig i semi-naturlige lokaliteter, da jordbrukslandskapet i Norge generelt er så småskala at landskapene inneholder flere typer av habitater. Både skog og semi-naturlige lokaliteter inneholder derfor ofte både skog og dyrket mark. Utvalgsprosedyren leder likevel til at landskapet rundt lokalitetene kan deles opp i typiske grupper der habitattypene klart skiller seg fra hverandre. Figur 2 viser en NMDS-ordinasjon av variasjonen av landskapskomposisjon for de to habitattypene. Ordinasjonen er basert på totalt arealdekke av hver arealtype i AR5, innen en 1 km stor bufferradius rundt sentrum av lokalitetene. Polygonene i figuren ringer inn de to habitattypene, og tallene viser posisjonen for enkelte lokaliteter (i nummerorden). De fleste skogslokaliteter ligger langt til høyre i NMDS-akse 1, hvilket preges av (relativt) stor andel skog, vann og myr, mens noen ligger nærmere semi-naturlig mark, da disse skogshabitatene ligger innesprengt i kulturlandskap. Lokalitetene i semi-naturlig mark fordeler seg mer jevnt innenfor et mindre areal i plottet og preges av relativt store innslag av innmarksbeite, fulldyrka mark, overflatedyrka mark og åpen fastmark.



Figur 2: NMDS over variasjonen i landskapskomposisjon i en sirkel med 1km radius rundt lokalitetene (arealtype i AR5). Siffrer i grønt viser semi-naturlige lokaliteter og siffrer i lilla viser lokaliteter i skog.

2.3 Eksempelkart

Landskapets karakter kan tydeliggjøres gjennom noen eksempelkart på landskapskomposisjonen i hvert økosystem. Vi viser her de 4 “ytterkanter” på landskapskomposisjon for hver habitatstype, dvs hjørnene på NMDS-ordinasjonen i Figur 2.

Figur 3 viser variasjonen i landskapene rundt semi-naturlig mark. Semi-nat_07 ligger lengst til høyre på NMDS-akse 1 i Figur 2, som karakteriseres av minst mengde fulldyrka jord og en relativt stor mengde skog og myr. Semi-nat_22 er den semi-naturlige lokaliteten lengst til venstre på NMDS-akse 1, som karakteriseres av mye fulldyrka jord og lite åpen fastmark. Semi-nat_20 ligger høyest opp på NMDS-akse 2, som karakteriseres av mer bebyggelse og veier. Til sist ligger Semi-nat_03 lengst ned på NMDS-akse 2, og som karakteriseres av høy andel overflatedyrka mark og lite bebyggelse.

Figur 4 viser variasjonen i landskapene rundt skog. Skog_20 ligger nest lengst til høyre på NMDS-akse 1 og som representerer et skogslandskap med relativt mye myr. Skog_12 ligger lengst til venstre på NMDS-akse 1 og representerer et landskap med relativt mye dyrket mark av varierende karakter. Skog_14 ligger høyest opp på NMDS-akse 2 og representerer et mer homogent landskap med relativt mye fulldyrka mark og bebyggelse. Til sist ligger Skog_05 lengst ned på NMDS-akse 2 og som representerer et landskap med mye åpen fastmark.

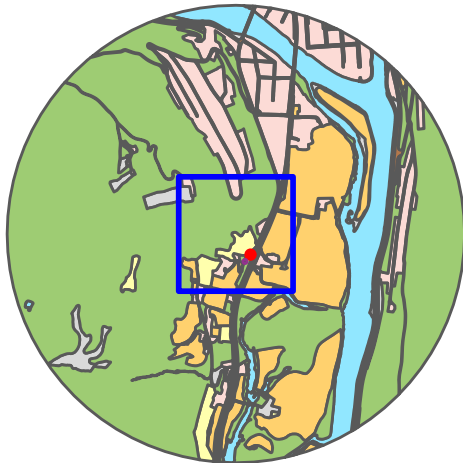
Semi-nat_07



Semi-nat_22



Semi-nat_20

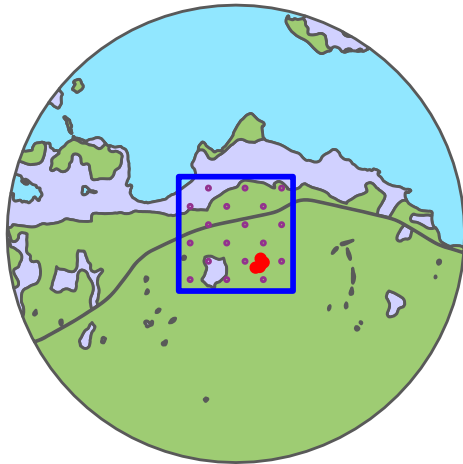


Semi-nat_03

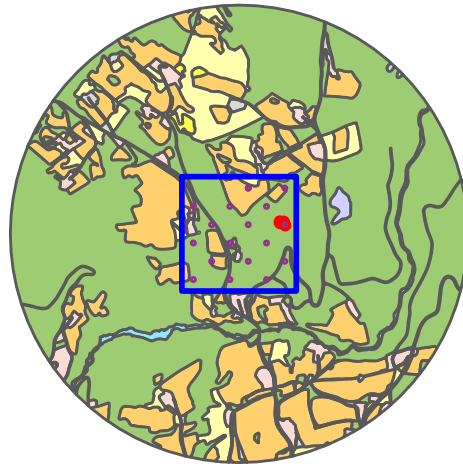


Figur 3: Eksempel på variasjonen i landskapskomposisjon (arealtype i AR5) i semi-naturlig mark innen en 1 km buffer, SSB 500x500m grid i blått, felleplassering i rødt og de kartlagte ANO-sirklene i lilla.

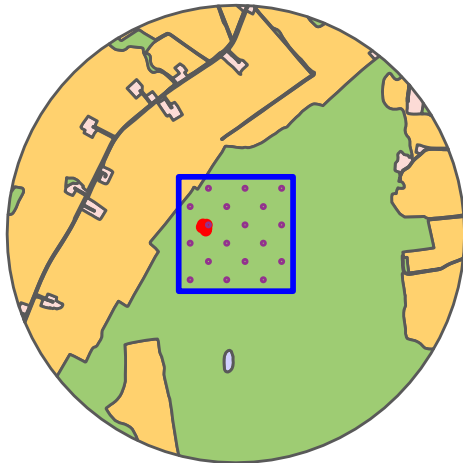
Skog_20



Skog_12



Skog_14



Skog_05



Figur 4: Eksempel på variasjonen i landskapskomposisjon (arealtype i AR5) i skogsmark innen en 1 km buffer, SSB 500x500m grid i blått, felleplassering i rødt og de kartlagte ANO-sirklene i lilla.

3 Felletømminger

Datainnsamlingen i 2021 ble forkortet på grunn av sein utlysning av prosjektet men ble satt igang så fort som mulig etter kontraktsinngåelse. Datainnsamlingen kom derfor igang under toppen av flyveaktiviteten for mange lokaliteter og vi mangler dermed data fra våren 2021. Målet er ellers å fange hele den dominerende flyveperioden, og samle inn data fra april til oktober, gitt lokale variasjoner i vær og snøforhold.

Fellene ble tømt annenhver uke av tre team, basert henholdsvis i Oslo, Lillehammer og Trondheim. Vi prøvde mest mulig å holde oss til en tømmeperiode på eksakt 2 uker, men antallet dager varierte noe på grunn av praktiske årsaker. En tømmeperiode i noen lokaliteter ble utvidet til 4 uker på grunn av sykdom hos feltpersonal. I en lokalitet hadde vi uventede problemer med tilgang til bomnøkkel under sommeren og denne fellen ble derfor tømt mindre hyppig. Til sist hadde vi beiteskader på fellen i en lokalitet hvilket forkortet sesongen på den lokaliteten. I øvrig foregikk felletømmingen bra. Vi opplever at opplegget med to team der de kjører innom flere lokaliteter på samme dag er en effektiv måte å drifte fellene på. Det nøyaktige antallet felledager for hver tømning er notert og kan brukes i analyser for å standardisere funnene. Tabell 1 oppsummerer antallet felletømminger og totalt tidsspenn for hver lokalitet i 2021. Tabell 2 viser det totale antallet felleprøver som ble samlet inn gjennom 2021.

Noen kan lure på om det er en god idé å samle inn insekter, da man samtidig kan høre i media at det går dårlig med dem. Malaisefeller er effektive og samler inn en relativt stor mengde insekter med liten arbeidsinnsats. Men de samler så kalt passivt da de ikke lokker insektene til fellene, uten bare fanger de insekter som selve flyger inn i teltene. Derfor utgjør mengdene vi samler inn en svært liten del av den totale mengden insekter på en lokalitet. Det er vanskelig å nøyaktig hvite hvor mye insekter det finnes på en plass, men noen studier har prøvd gjennom å samle inn alle insekter på en begrenset areal, og oppskalere tallene til større områder. Disse beregninger pleier å uttrykke den totale biomassen insekter, på et areal tilsvarende størrelsen på våre lokaliteter (500x500 m) i antall tonn (Åström and May 2019). Sammenlagt på alle lokaliteter har vi under 2020-2021 samlet inn ca 11 kg insekter, målt i avrunnen våtvekt. Vi vurderer derfor at innsamlingen vi gjør har en svært liten effekt på de lokale populasjonene hos insektene.

Tabell 1: Antall felletømminger per lokalitet i 2021.

Lokalitet	Antall felletømminger	Start prøvetaking	Slutt prøvetaking
Semi-nat_11	7	2021-06-23	2021-10-05
Semi-nat_12	7	2021-06-24	2021-10-05
Semi-nat_13	6	2021-06-21	2021-10-06
Semi-nat_14	7	2021-06-25	2021-10-04
Semi-nat_15	7	2021-06-23	2021-10-04
Semi-nat_16	7	2021-06-23	2021-10-04
Semi-nat_17	8	2021-06-21	2021-10-13
Semi-nat_18	8	2021-06-22	2021-10-13
Semi-nat_19	8	2021-06-22	2021-10-13
Semi-nat_20	8	2021-06-22	2021-10-13
Semi-nat_21	7	2021-06-29	2021-10-18
Semi-nat_22	7	2021-06-29	2021-10-18
Semi-nat_23	5	2021-06-30	2021-09-09
Semi-nat_24	7	2021-06-30	2021-10-12
Semi-nat_25	7	2021-06-30	2021-10-14
Semi-nat_26	7	2021-07-01	2021-10-12
Semi-nat_27	7	2021-07-02	2021-10-13
Semi-nat_28	8	2021-07-02	2021-10-14
Semi-nat_29	7	2021-07-03	2021-10-14
Semi-nat_30	7	2021-07-02	2021-10-08
Skog_11	5	2021-06-10	2021-10-04
Skog_12	9	2021-06-10	2021-10-13
Skog_13	8	2021-06-09	2021-10-04
Skog_14	6	2021-06-21	2021-10-06
Skog_15	9	2021-06-11	2021-10-12
Skog_16	9	2021-06-11	2021-10-12
Skog_17	7	2021-06-17	2021-10-06
Skog_18	8	2021-06-09	2021-10-05
Skog_19	8	2021-06-08	2021-10-05
Skog_20	9	2021-06-07	2021-10-12

Tabell 2: Antall prosesserte prøver i 2021. De 4 vindusfelleprøvene i hver tømmerunde på en plass ble slått sammen og metastrekkodet sammen.

Fellestype	Antall prosesserte felleprøver
Malaisefelle	219
Vindusfelle	307

4 Identifisering av arter med DNA-metastrekkoding

Vi følger protokollen med en lett lysering av insektene for ekstraksjon av DNA som vi har utviklet gjennom flere år (Åström et al. 2020a, 2020b). Dette metoden medfører at vi kan bevare insektene for morfologiske analyser i etterkant, og dermed kan sjekke DNA-baserte funn av interessante arter samt identifisere taksa som mangler i referansebibliotekene.

NINA har en pågående prosjektdialog og regelmessige møter med svenske forskere som også jobber med DNA-metastrekkoding av malaisefelleer, og vi har gjennom det siste året gjort en del endringer i protokollen som følge av dette. Denne dialogen er svært nyttig og vi ønsker på sikt å harmonisere protokollene på tvers av landene for å kunne muliggjøre en sammenligning av data for hele Skandinavia. Vi har gjennom vinteren gjort en hel del tester av ulike faktorer og deretter kommet frem til en spesifikk protokoll som vi har brukt for samtlige prøver for 2021. Følgende faktorer er endret fra 2020 til 2021:

- Forbehandling av prøvene: vi har tidligere tørket prøvene i varmeskap over natten etter fjerning av etanol. Dette tar mye ekstra tid og vi har i 2021 satt prøvene til avrenning i kun 35 minutter før videre lysering av prøvene.
- Lyseringstid: vi har tidligere lysert prøvene over natt, men har i 2021 kun lysert prøvene i 3.5 timer. En for lang lyseringstid vil kunne føre til dominans av myke arter som blir helt oppløst, og arter som for eksempel biller med harde eksoskjellletter kan derfor være vanskeligere å oppdage. En kortere lyseringstid vil også bevare myke arter bedre og gjøre morfologiske analyser i etterkant lettere.
- Sammenslåing av vindusprøver: Vi slår i år sammen de 4 vindusprøvene fra hver tømmerunde i skogslokalitetene, da fangstene er så små at vi uten problem kan strekkode hele materialet til sammen. I øvrig skjer behandlingen likt prøvene fra malaisiefellene.
- Antall PCR-sykluser: en PCR-analyse følger en logaritmisk økning av DNA-mengde og vi ønsker å avslutte analysen i den bratteste fasen av vekstkurven. Vi har tidligere fulgt standard protokoller med 35 PCR-sykluser, men ved å teste malaisefellee-prøver ved hjelp av qPCR har vi kommet frem til at 22 PCR-sykluser er optimalt for denne typen prøver.
- Sekvenseringsmaskin: vi har i 2021 valgt å kun kjøre prøvene på en Illumina NovaSeq maskin som gir ca. 800 millioner DNA-sekvenser per kjøring, mens vi tidligere har kjørt prøvene på en Illumina MiSeq maskin som gir ca. 10 millioner DNA-sekvenser. Dette gir oss en høyere oppløsning og mest sannsynlig påvisning av flere arter per prøve.
- Bioinformatikk: vi gjør nå flere dobbeltsjekker av artsbestemmelsene for å kunne si noe om hvor sikre vi er på artsidentiteten til hver DNA-sekvens.

4.1 Forbehandling av prøvene

Forbehandling består i å måle etanolkonsentrasjon, sile av etanolen og veie prøvene før lysering og ekstraksjon av DNA. Vi har i tidligere år målt både våtvekt og tørrvekt av prøveflaskene, men etter en del modifiseringer av protokollen i 2021 måler vi nå bare (avrunnen) våtvekt. Vi har også i 2021 tilsatt ekstra arter som en positiv kontroll (spiking). Vi har tilsatt 3 melormer (*Tenebrio molitor*), 3 sirisser (*Gryllus assimilis*) og 3 frøbiller (*Callosobruchus maculatus*) i samtlige prøver i 2021, for å kunne evaluere protokollen vi bruker og muligens si noe om relativ biomasse av ulike arter mellom prøvene på sikt. Etanolen ble silt av manuelt gjennom en 250 µm filterduk før flasken ble plassert opp ned i en trakt for videre avrenning i 35 minutter (skal etter det ikke dryppe oftere enn 1 gang per 20 sekunder). Den brukte filterduken ble deretter klippet opp og lagt med i prøven for å få med eventuelle insektdeler som festet seg i duken. Ny filterduk ble anvendt for hver prøve og filterkork ble kloret for å unngå kontaminering mellom prøver. Etter siling ble flaskene veid med kork for våtvekt av innsamlet materiale.

4.2 DNA-ekstraksjon

Felleprøvene ble lysert ved å tilsette ATL-buffer og proteinase-K (100mL ATL = 1mL proteinase-K) i tilpasset volum, slik at alle insektene ble dekket av bufferløsningen. Mens prøvene ble inkubert over natt med risting (120 RPM) på 56°C i 2020, valgte vi i år å kun inkubere i 3.5 timer. Vi tror at en kortere lysering gir mindre dominans av DNA fra myke arter, og i sum påvisning av flere sjeldne arter. Til sist ble 200 µL av bufferløsningen brukt i en DNA-ekstraksjon ved hjelp av et Blood & Tissue Kit (Qiagen).

4.3 Etterbehandling og lagring av felleprøver

For å stoppe lyseringsprosessen i felleprøvene og bevare materialet bedre ved lagring, ble flaskene tømt for bufferløsning, fylt med vann og silt to til tre ganger med 500 µm sileduk for å fjerne det meste av buffer-løsningen. Deretter ble flaskene fylt med samme etanol som først ble silt av (under forarbeid), eventuelt med påfyll for å nå minimum 90% etanol, og satt på lager. Løsning med ATL-buffer/proteinase K/skyllevann ble samlet opp i spesialbeholdere og sendt til avfallshåndtering.

4.4 DNA-amplifisering og sekvensering

En del av det mitokondrielle genet COI ble oppkopierte (amplifisert) ved hjelp av primerne BF3-BR2 (Elbrecht et al. 2019) i en standard to-trinns Illumina protokoll. Første PCR (polymerase chain reaction) inkluderte primere med «overhang adaptor»-sekvenser, mens Illumina-indeks ble tilsatt i den andre PCR-kjøringen. PCR-produktene ble kvalitetssikret på en Tape Station (Agilent 4200) og renses med kuler (MAG-BIND RXN PURE PLUS) etter hver PCR. Etter uttesting av antall PCR-sykler i en qPCR-analyse, besluttet vi å redusere antallet sykluser fra 35 til 22. Vi tror at dette vil gjøre det lettere å påvise sjeldne arter samt at den relative mengden av DNA-sekvenser fra hver art blir mer korrekt. Til slutt ble prøvene normalisert og slått sammen til et bibliotek for sekvensering. Mens bibliotekene stort sett ble sekvensert på en Illumina MiSeq maskin ved NTNU Genomics Core Facility (GFC) i Trondheim i 2020, ble alle prøvene sekvensert på en Illumina NovaSeq maskin ved Norwegian Sequencing Centre (NSC) i Oslo i 2021. NovaSeq gir hele 800 millioner DNA-sekvenser sammenlignet med kun 10 millioner DNA-sekvenser fra MiSeq. Dette gir en bedre oppløsning på dataene, og høyere sannsynlighet for å oppdage sjeldne arter.

4.5 Bioinformatikk

Primerne ble fjernet med programmet cutadapt v. 1.9.1, og DNA-sekvensene ble deretter filtrert, kvalitetssikret og feilrettet med programmet dada2 (Callahan et al. 2016) for å generere ASV-er (Amplicon Sequence Variants). ASV-er er de kvalitetssikrede DNA-sekvensene vi bruker for å skille arter, men også for å se på genetisk variasjon innen arter. For å klassifisere ASV-ene til arter, brukte vi programmet RDP-Classifer, som er en «Bayesisk sannsynlighetsestimator» (Wang et al. 2007). I stedet for å kun bruke en overordnet likhet (identity) mellom en ASV fra våre data og en referanse-DNA-sekvens i Genbank, bruker denne metoden en trent («trained») database som gir en sannsynlighet for at en ASV tilhører en viss art/slekt/familie osv. Vi bruker en slik trent database for COI utviklet ved NINA. Den er basert på en insektdatabase laget av Porter and Hajibabaei (2018) med hovedfokus på nordamerikanske arter, men vi har lagt til COI-sekvenser for over 4061 norske referansearter.

4.6 Kvalitetssikring av DNA-basert identifisering av arter

Med store datasett generert fra DNA-metastrekkoding er det en stor utfordring å kvalitetssikre artslistene. Falske positiver, påvisning av en art som egentlig ikke finnes i prøven, og

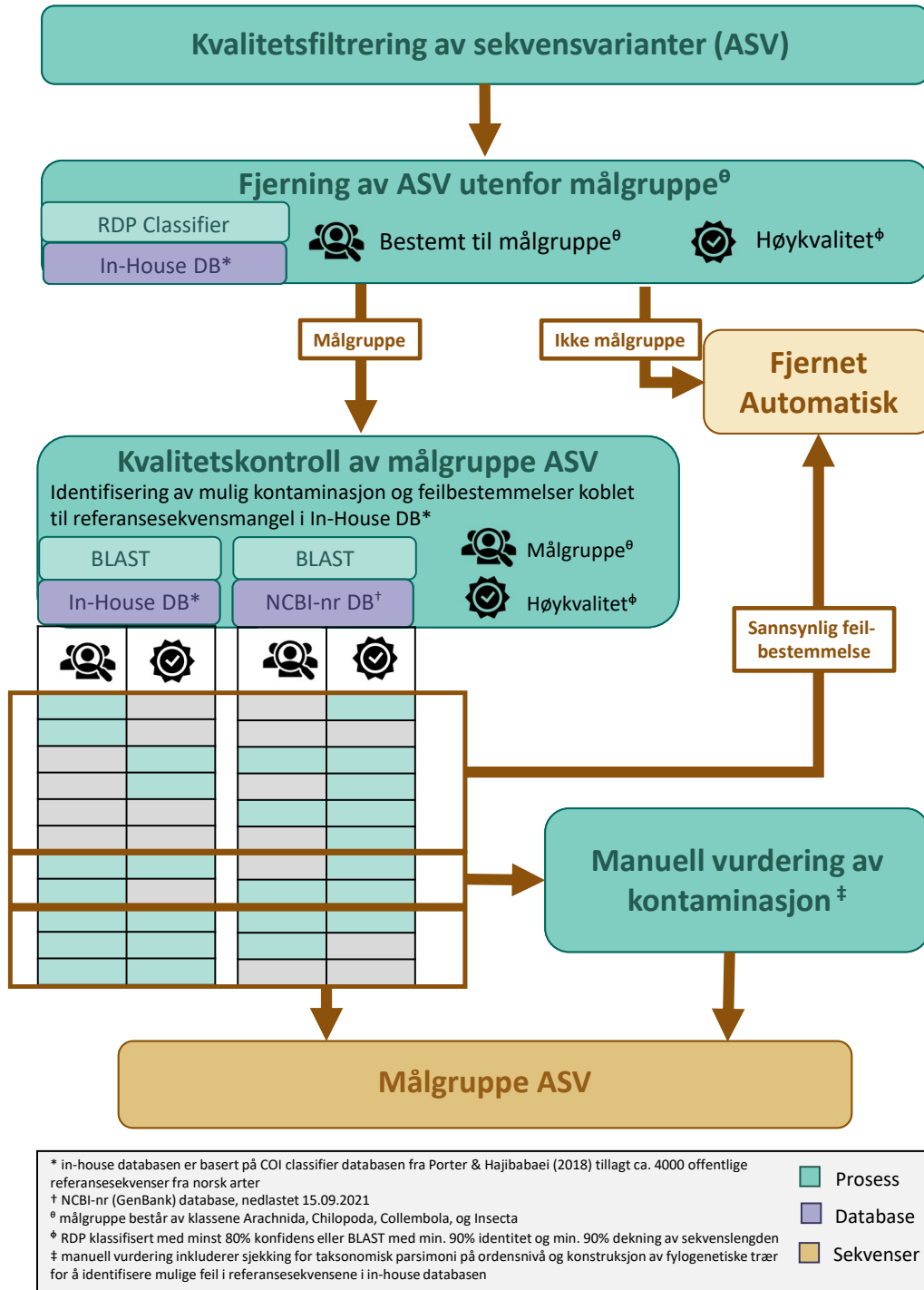
som ofte er feilbestemmelser koblet til database feil og mangler, er generelt en utfordring med datasett fra DNA-metastrekkoding. Vi har derfor utviklet et flytskjema for hvordan vi har klassifisert og kvalitetssikret dataene (Figur 5), og beskrevet dette nærmere her.

Alle DNA-sekvensene ble først filtrert, kvalitetssikret, og feilrettet for å unngå støy i dataene og unngå et kunstig høyt estimat av arter og genotyper. Selv om vi bruker primere som stort sett amplifiserer DNA fra rekken leddyr (Arthropoda), kan det forekomme amplifisering av små mengder av DNA fra andre organismer. Ved bruk av RDP classifier og vår in-house database fjernet vi først alle ASV-ene som ikke ble klassifisert til målgruppene (Klasse Arachnida, Chilopoda, Collembola og Insecta). Alle offentlig sekvensdatabaser er ufullstendige og mangler referansesekvenser for en god del organismer. I tillegg inneholder de en del sekvenser som er feilbestemt, og dermed har feil artsnavn koplet til en viss referanse-sekvens. Videre kvalitetssikret vi mulige feilbestemmelser til målgruppene koblet til manglende referansesekvenser ved hjelp av BLAST mot Genbank (NCBI-nr databasen). I tillegg gjorde vi en manuell vurdering av ASV'ene som pekte på feilbestemte referansesekvenser i databasen og fjernet de som ikke tilhørte målgruppene.

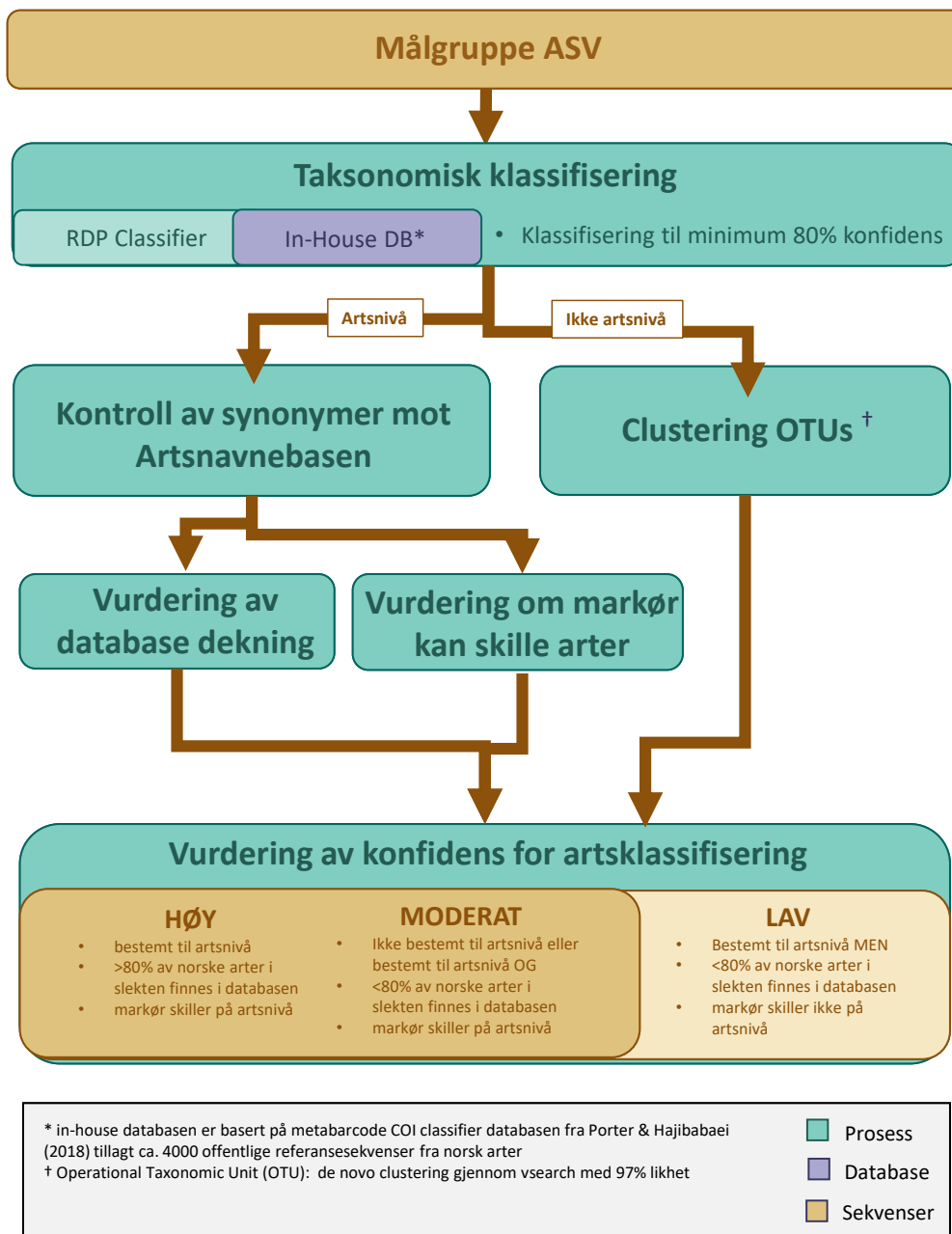
Fra RDP-Classifiser har vi laget en artsliste basert på målgruppe sekvensene og vår in-house referansedatabase. Men siden denne databasen ikke er komplett verken for norske eller ikke-norske arter, må vi gjøre en del vurderinger for å si noen om hvor godt et artstreff er, og dette kaller vi arts-konfidens og angir denne som høy, moderat eller lav (Figur 6). Arter som vurderes til lav arts-konfidens, har vi utelatt fra den videre arbeidsflyten som er avhengig av arts-identitet (f.eks. identifisering av rødlistede og fremmede arter, horizon scanning for potensielt fremmede arter eller nye arter for Norge).

4.7 Horisontskanning og identifisering av nye arter for Norge

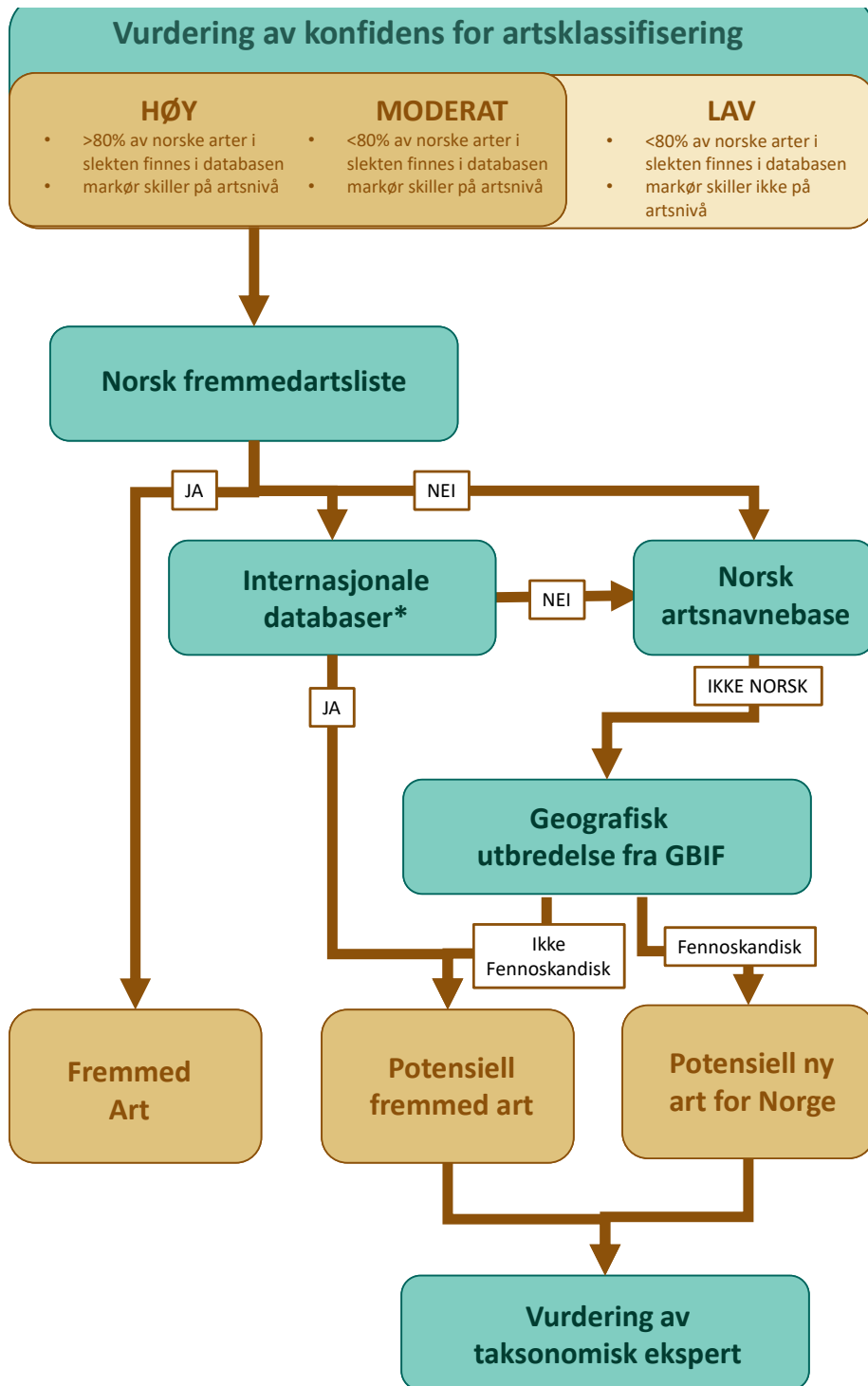
Med storskala artsinventaring har vi mulighet til å overvåke det kjente artsmangfoldet i Norge, deriblant rødlistede og fremmede arter, men oppdager også nye arter som ikke har vært påvist i Norge tidligere. Listen av arter med høy og moderat arts-konfidens har vi kryss-sjekket mot Norsk rødliste fra 2021 og fremmedartslisten fra 2018. Ved bruk av Artsnavnebasen, GBIF, og flere internasjonale databaser av fremmede arter i europeiske land (DAISIE-partners 2008; Saul et al. 2017; Roy et al. 2019; Wikipedia contributors 2019) har vi opprettet en liste over arter som er påvist tidligere i Fennoskandia, men ikke i Norge, og en liste over arter som ikke er funnet i Fennoskandia tidligere (Figur 7).



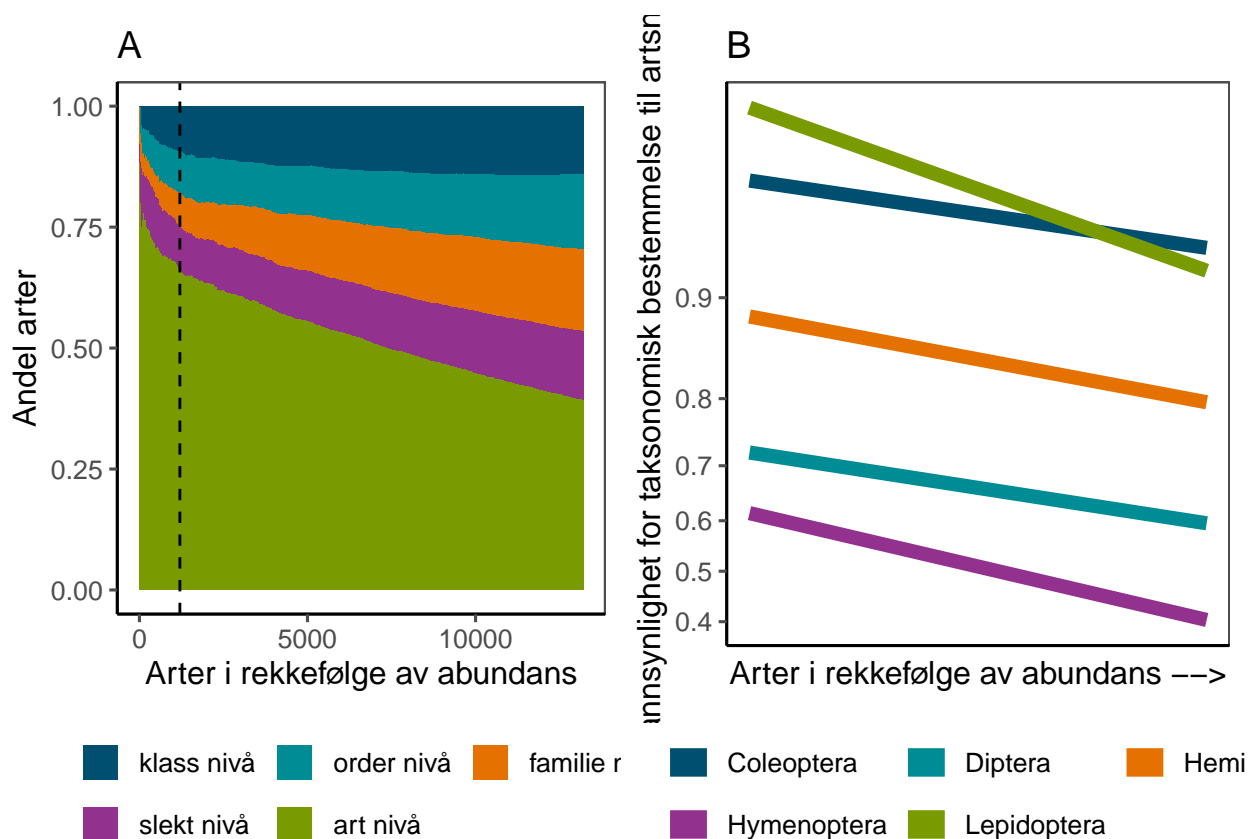
Figur 5: Flytskjema for identifisering av målgruppe sekvensene og kvalitetssikring av vår referansedatabase for kontaminasjon og referansesekvensmangel.



Figur 6: Flytskjema for klassifisering og kvalitetssikring av arter basert på DNA-metastrekkoding. Arter med lav arts-konfidens er ikke tatt med i den videre arbeidsflyten som avhenger av artsidentitet.



Figur 7: Flytskjema for horizon scanning for fremmede arter og nye arter for Norge. *I tillegg til å kryssjekke arter mot den norske fremmedartslista har vi også kryssjekkert artsfunn i dette prosjektet mot databasene Daisie, Saul Pathways, Roy og List of Union Concern. Arter som er listet i en av disse databasene, er antatt å være fremmede arter i et eller flere land i Europa. Vi fant ingen arter listet i Roy et al. eller List of Union Concern i dette prosjektet.



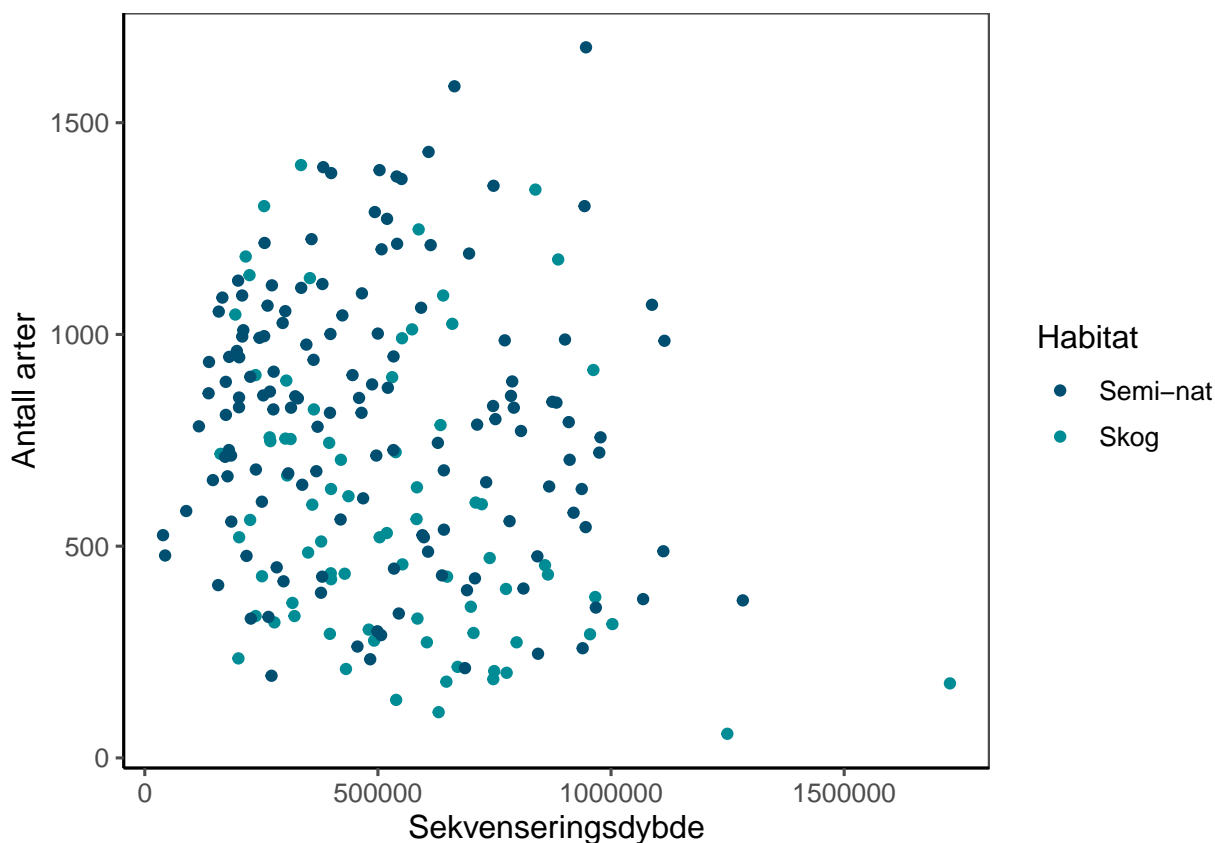
Figur 8: Modellering av sannsynligheten for klassifisering til artsnivå (y-aksen) i forhold til hvor mange DNA-kopier vi finner fra arten (x-aksen). Til venstre på figurene er arter med veldig mange DNA-kopier (vanlige arter), mens til høyre er arter med få DNA-kopier (sjeldne arter). A) Totalt antall arter påvist i 2021, der x-aksen viser artsantall og B) fem utvalgte ordener som viser forskjellen mellom ulike grupper av insekter.

4.8 Sannsynlighet for klassifisering til artsnivå

Andelen av DNA-kopier som vi kan bestemme til art varierer svært mye mellom ulike ordener og vi finner også en sterk effekt av hvor mange DNA-kopier vi har fra hver art (Figur 8). Den vertikale streken i Figur 8A viser når vi ser på 90 % av alle DNA-kopier i datasettet (til venstre for streken). Av disse artene bestemmer vi ca. 70 % til art. Men vi ser også at 90 % av DNA-kopiene representerer en liten andel av artene vi påviser (1204 arter), og de aller fleste artene i datasettet finnes til høyre for denne streken. Til sist viser de nedadgående horisontale kurvene at vi har mindre sannsynlighet for å bestemme en DNA-kopi til art jo sjeldnere denne kopien er i datasettet. Dette tolker vi som at vi har DNA-referanser fra de mest vanlige artene i referansedatabasene våre, men ikke i like stor grad fra de mer sjeldne artene. Fra Figur 8B ser vi store forskjeller mellom ulike ordener, og sannsynligheten for artsbestemmelse av biller (Coleoptera) og sommerfugler (Lepidoptera) er svært god, mens den er lav for tovinger (Diptera) og vepser (Hymenoptera). Dette stemmer godt med hva vi vet om dekning i referansedatabasene våre. De to sistnevnte gruppene er også svært artsrike, og dermed blir andelen av referansesekvenser ofte lavere.

4.9 Sekvenseringsdybde og antall arter påvist med DNA-metastrekkoding

I tidligere år har vi funnet en positiv sammenheng mellom antall DNA-kopier (sekvenseringsdybde) per prøve og antall arter vi finner i prøven. Dette betyr at vi ikke kan være sikre på

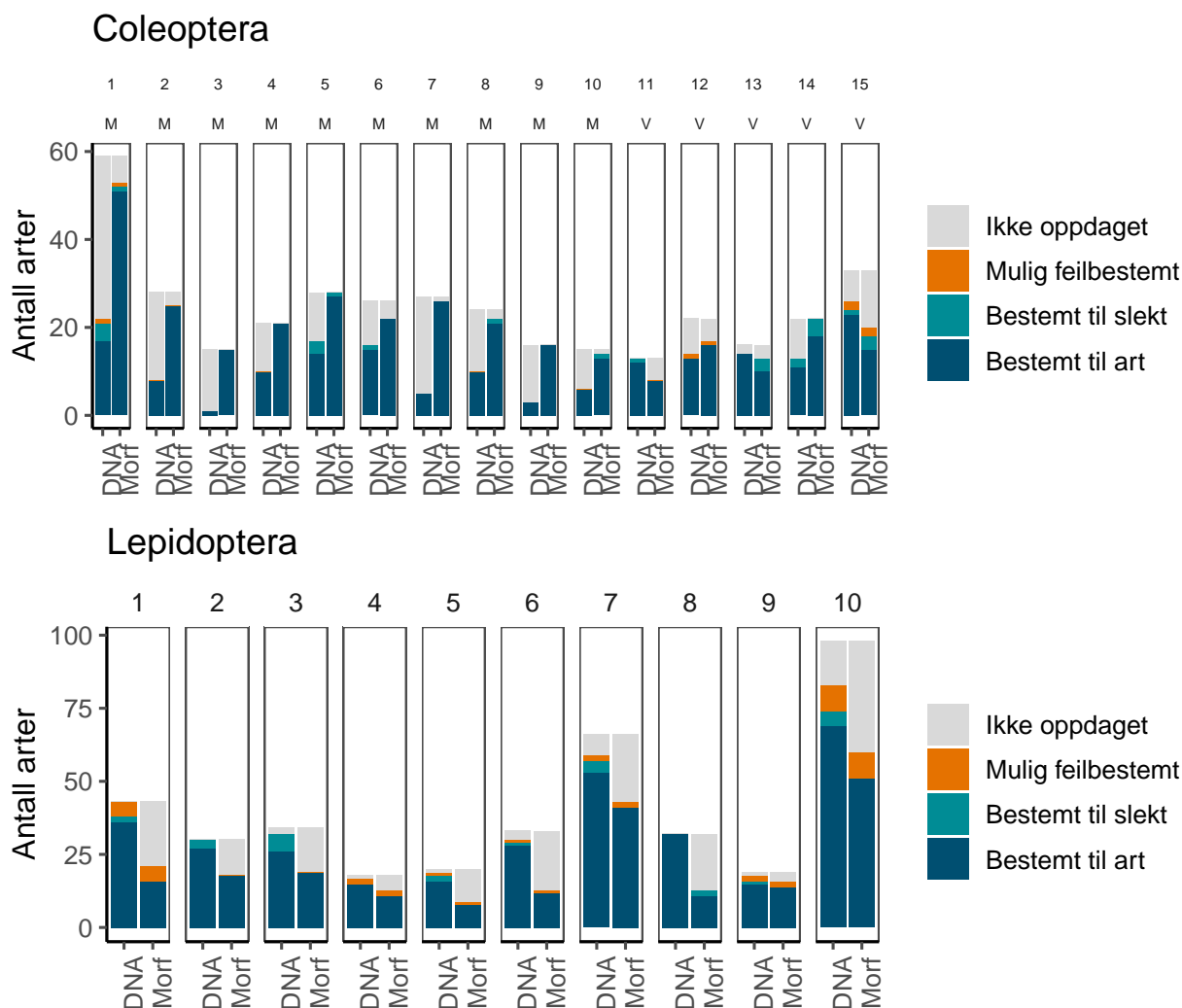


Figur 9: Sammenhengen mellom antall DNA-kopier (sekvenseringsdybde) per prøve på x-aksen og antall arter påvist i den samme prøven på y-aksen.

det totale artsantallet for prøver med få DNA-kopier. For 2021 har vi gjort en del endringer i labprotokollene og gått over til en ny sekvenseringsmaskin som gir et mye større utbytte av DNA-kopier. Vi finner nå ingen sammenheng mellom antall DNA-kopier og antall arter (Figur 9), og vi har derfor lyktes med å rette opp i dette problemet.

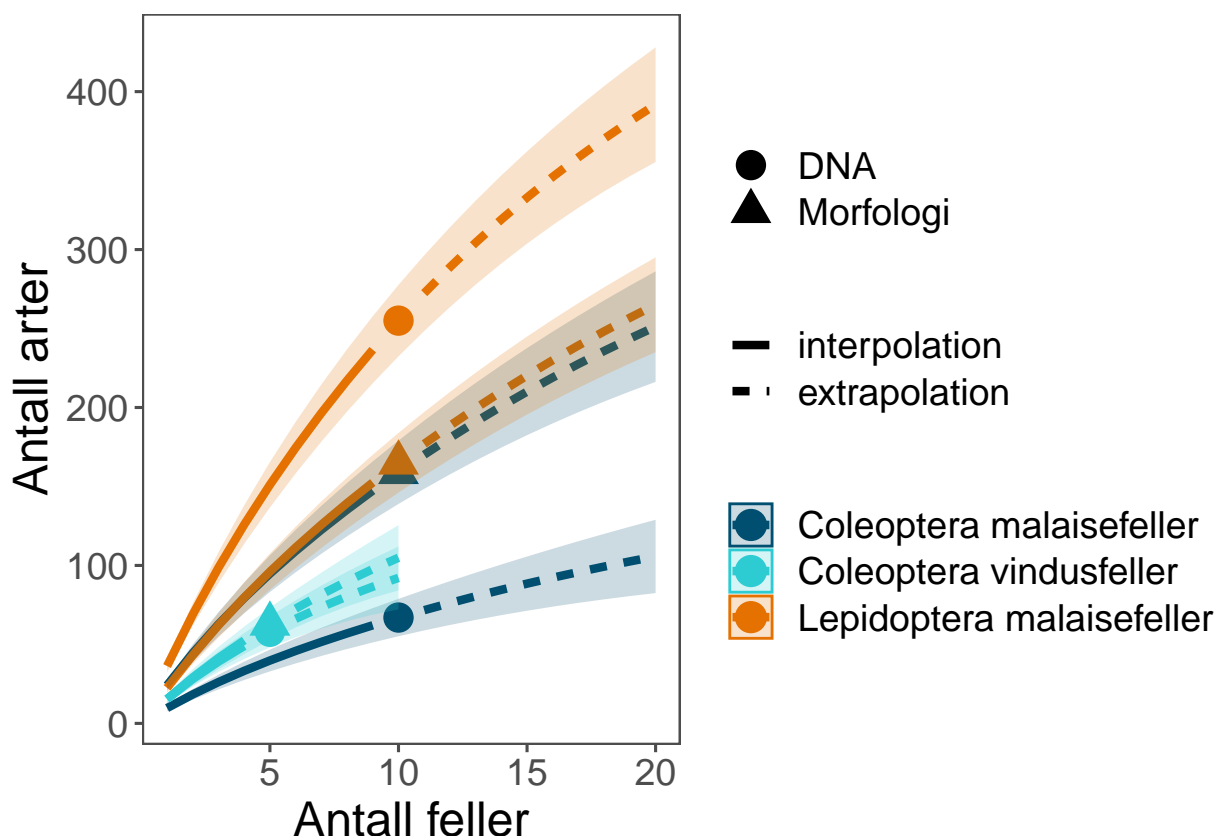
4.10 Sammenligning mellom DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse

For å gjøre en vurdering av DNA-basert artsbestemmelse ble 10 malaisefelleprøver gjennomgått for morfologisk artsbestemmelse av taksonomiske eksperter på biller og sommerfugler. I tillegg ble vindusfelleprøver fra 5 tømningstilfeller (å 4 vindusfeller hver) gjennomgått av en taksonomisk ekspert på biller. Vi har gjennom det siste året gjort en god del endringer i protokollen både når det gjelder ekstraksjon av DNA fra malaisefellene (f.eks. kortere lyseringstid), hvordan vi setter opp biblioteket (f.eks. færre PCR-sykler) og endret sekvenseringsmaskin (NovaSeq i stedet for MiSeq). Resultatene vi får er imidlertid relativt like tidligere år. Vi finner færre biller, men flere sommerfugler med DNA-basert sammenlignet med morfologisk artsbestemmelse (Figur 10,11). Selv om vi finne færre biller med DNA-metastrekkoding enn morfologi, er mønstrene litt forskjellig mellom felletypene. DNA-metastrekkoding og morfologi finner relativt like mange biller i vindusfellene. Disse prøvene har ofte få individer og lav biomasse sammenlignet med malaisefelleprøvene som kan ha hundrevis av individer. I malaisefelleprøvene finner vi langt færre biller med DNA-metastrekkoding enn med morfologi (Figur 11), noe som peker på at komplekse prøver med mange individer og arter reduserer deteksjonssannsynligheten for enkelte artsgrupper ved DNA-metastrekkoding. Vi ser fra dataene at vi finner færre biller med DNA-metastrekkoding i prøver der vi finner få biller relativt til sommerfugler

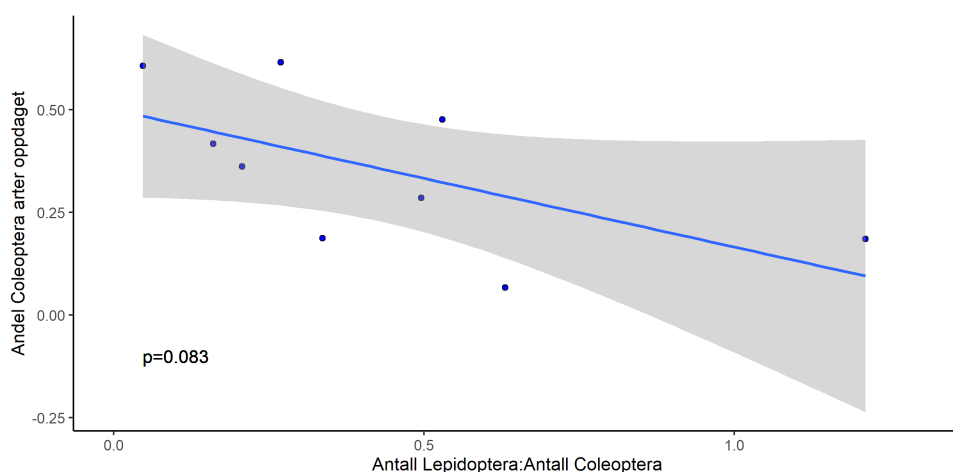


Figur 10: Sammenligning av antall arter påvist for DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse for biller (Coleoptera) og sommerfugler (Lepidoptera) fanget av malaise feller (M) og vindusfeller (V).

(Figur 12). En mulig forklaring er at myke arter som sommerfugler avgir mer DNA ved lysering enn harde arter som biller, og dermed gjør det vanskeligere å påvise biller. Dette var også grunnen til at vi valgte å redusere lyseringstiden i år sammenlignet med tidligere år, men dette ser ikke ut til å ha kompensert fullt ut for denne skeivheten i DNA-dataens representativitet for disse artsgruppene.



Figur 11: Artsakkumulasjonskurver for biller og sommerfugler fra malaise og vindusfeller ved bruk av morfologiske og DNA bestemmelser metoder. Notere at hver av vindusfellene egentlig er 4 feller slått sammen, slik at de tilsammen er 20 st.



Figur 12: Korrelasjon mellom andel sommerfugler i forhold til antall biller på x-aksen og hvor stor andel av biller DNA-basert artsbestemmelse påviste i forhold til morfologisk artsbestemmelse

5 Referansestrekkekoder for norske insekter

Prosjektet har hatt som mål å komplementere referansebiblioteket for norske insekter med DNA-strekkekoder for 500 individer fra minst 125 arter. I tillegg ønsket vi å undersøke mulighetene for å ekstrahere DNA og generere strekkoder fra individer hentet fra bulk prøver brukt til DNA-metastrekkekoding. Tanken bak dette forsøket var at det kunne være en effektiv måte å finne materiale av arter som en ikke har klart å klassifisere med metastrekkekodingen.

5.1 Komplementering av DNA-strekkekoder fra vitenskapelige samlinger

Den mest effektive måten å fylle hull i referansebiblioteket på, er å søke identifiserte individer fra dårlig representerte artsgrupper i vitenskapelige samlinger og generere DNA strekkoder fra disse. Vi sammenlignet oversikter over kjente arter i Norge (Artsnavnebasen, Artsdatabanken 2015) med arter representert fra Norge i Barcode of Life Data Systems (BOLD) . På bakgrunn av dette ble 1142 individer fra 538 arter i ordnede Coleoptera (687 prøver, 351 arter), Diptera (77 prøver, 25 arter), Hymenoptera (202 prøver, 83 arter) og Lepidoptera (176 prøver, 79 arter) plukket ut og sendt til NorBOLs samarbeidspartner Centre for Biodiversity Genomics i Guelph. Alle data er samlet i datasettet DS-ENTONOR3 «Filling gaps in the Norwegian insect reference library 2021» som vil bli offentlig tilgjengelig så snart alle resultater er kvalitetssikret. Hovedårsakene til at antallet innsendte prøver ble større enn planlagt i 2021, var at 285 individer fra prosjektet i 2020 måtte prøvetas på ny for å erstatte en forsendelse som ble rotet bort av UPS, og at tre amatørentomologer har bidratt med rundt 400 prøver av arter som de er spesialister på.

På grunn av forsinkelser i Guelph forårsaket av pandemien er det ikke generert sekvenser for alle innsendte prøver enda, men foreløpige resultater viser høyere suksessrate enn tidligere og ligger nå på rundt 89%. Vi forventer resultater fra de resterende prøvene i løpet av januar/februar 2022.

5.2 Komplementering av DNA-strekkekoder fra offentlige referansebasen og bulk prøver

Det ble plukket ut 10 bulkprøver for å undersøke mulighetene for komplementering av referansebiblioteket med individer fra prøven som ikke kunne tilordnes til art. Som en del av prosessen ble uidentifiserte ASVer fra Coleoptera, Hymenoptera og Diptera fra en av prøvene (malaisefelleen i Skog 2 i tømmerunde 2, 2020) gjennomgått i detalj og sammenlignet med tilgjengelige sekvenser i BOLD. Femtisyv prosent (107/187) av de uidentifiserte ASVenene kunne tilegnes et artsnavn på denne måten og reduserte antall uidentifiserte ASVer i prøven fra 31% til 13%.

Øvelsen ble bare gjort for en av prøvene og er nødvendigvis ikke representativ for hele datasettet, men den viser hvor betydningsfullt referansebiblioteket er for sammenligning av resultater over tid og viktigheten av å oppdatere referansedatabasen for metastrekkekoding av insektprøver med høy diversitet. Manuell oppdatering av referansedatabasen er svært tidkrevende og det må derfor utvikles bioinformatiske protokoller som semi-automatisk kan høste kvalitetssikrede data fra BOLD og NCBI GenBank og inkludere disse i nasjonalt, regionalt eller lokalt tilpassede referansebasen.

Det viste seg å være svært tidkrevende å sortere ut individer som ikke har blitt identifisert gjennom metastrekkekoding av store bulkprøver fordi de uidentifiserte DNA-kopiene som regel tilhører artsrike grupper og fordi de genetisk ofte bare kan tilordnes ordens- eller familienivå. På mange måter vil det derfor ikke være som å lete etter nåla i høystakken, men som å lete etter en ukjent sysak i stedet. I tilfeller der sekvensene fra metastrekkekodingen kan tilegnes

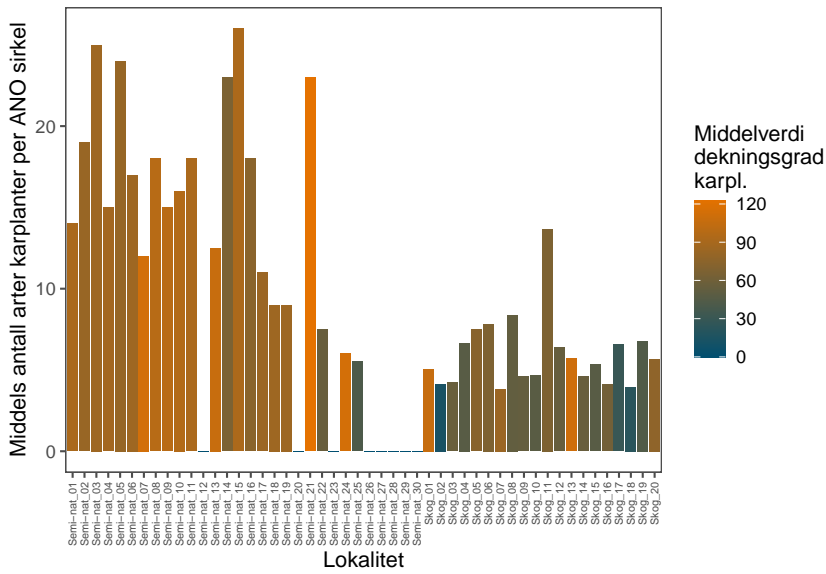
en slekt, men ikke art, vil arbeidet være lettere selv om det allikevel vil kreve høy taksonomisk kompetanse og betydelig med tid for å finne et eksemplar av den uidentifiserte arten i en bulkprøve med mange hundre, og ofte flere tusen individer. Som et «proof of concept» har vi allikevel valgt ut 50 insekter av ulik størrelse fra fem analyserte bulkprøver og foretatt annengangs ekstraksjon, pcr og ekstraksjon fra disse for å se om materialet er egnet for generering av utvetydige referansesekvenser. Resultatene er forsinket, men forventes å være klare i begynnelsen av februar og vil være med på å avgjøre strategi for videre utvikling av referansebiblioteket.

6 ANO-registreringer

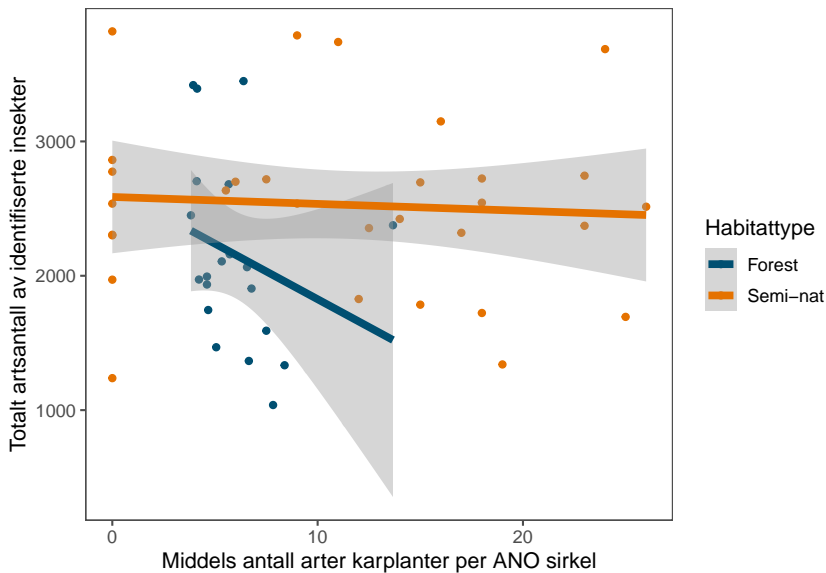
Lokalitetene i skog ble som tidligere år ANO-kartlagt innen den regulære ANO-kartleggingen. I disse lokalitetene har vi derfor som regel data fra 18 sirkler á 250 m^2 i hver rute. I år ble tilfeldigvis lokaliteten vi manglet ANO-kartlegging fra i 2020 (Skog_1) kartlagt, slik at vi nå har et komplett datasett. Vi vurderer at floraen i ruten ikke varierer mer fra år til år enn at data skal kunne brukes for insektfunnene i 2020. I semi-naturlig mark ble det som i 2020 kartlagt én ANO-sirkel på 250 m^2 i hver rute. Vi valgte her ANO-punktet som lå nærmest fellene og som samtidig representerte hele ruten best. I år ble ANO-appen (Tilrettelagt skjema i Survey123) brukt for all ANO-registrering, og dataene ble levert fra Miljødirektoratet og lagt inn i vår database for sammenkobling med insektdataene.

En sentral måling i ANO-kartleggingen er dekningsgrad og antall karplanter innenfor ANO-rutene (1 m^2). Figur 13 viser variasjonen i disse målingene for overvåkingslokalitetene. Semi-naturlig mark har generelt høyere artsantall og dekningsgrad av karplanter, men flere semi-naturlige lokaliteter, særlig lokalitetene i Trøndelag, har svært få karplanter da flere ruter tilfeldigvis faller på dyrket mark. ANO-ruter som faller innenfor dyrket mark registreres som 'Sterkt endret mark' og der foretas ikke en videre artsinventering i noen 1 m^2 -rute. Det bør vurderes om man skal gå over til en full ANO-kartlegging for semi-naturlige lokaliteter for å unngå slike registreringer og generelt minke støyen i ANO-dataene.

Figur 14 viser sammenhengen mellom antallet arter av karplanter innenfor ANO-rutene og antallet arter av insekter som er observert på lokalitetene. Vi ser ikke noen direkte sammenheng mellom variablene i denne figuren, som ikke kontrollerer for kovariater, men undersøker effekten mer i detalj i kapittel 15.



Figur 13: Dekningsgrad og artantall av karplanter i ANO-kartlegging i overvåkingslokalitetene. For skogshabitat der en full ANO-kartlegging gjennomførtes viser vi gjennomsnittsverdier fra de 18 rutene som ble målt. Dekningsgrader på over 100 % er mulig fordi man registrerer dekning på flere høydelag i vegetasjonen.

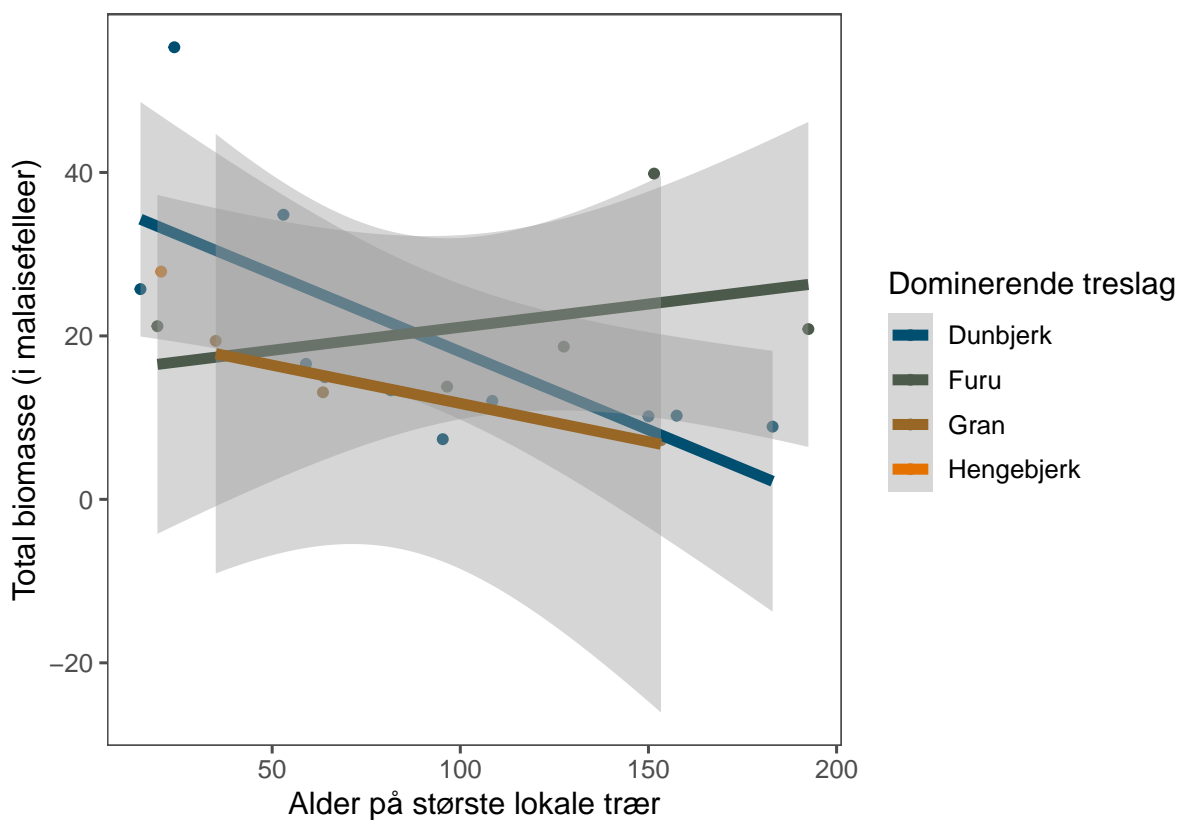


Figur 14: Relasjon mellom artsantall insekter og artsantall karplanter i ANO-sirkel, fordelt på habitatstype. Insektdata kommer fra 1 malaisefelle i semi-naturlig mark og 1 malaisefelle og 4 vindusfeller i skog.

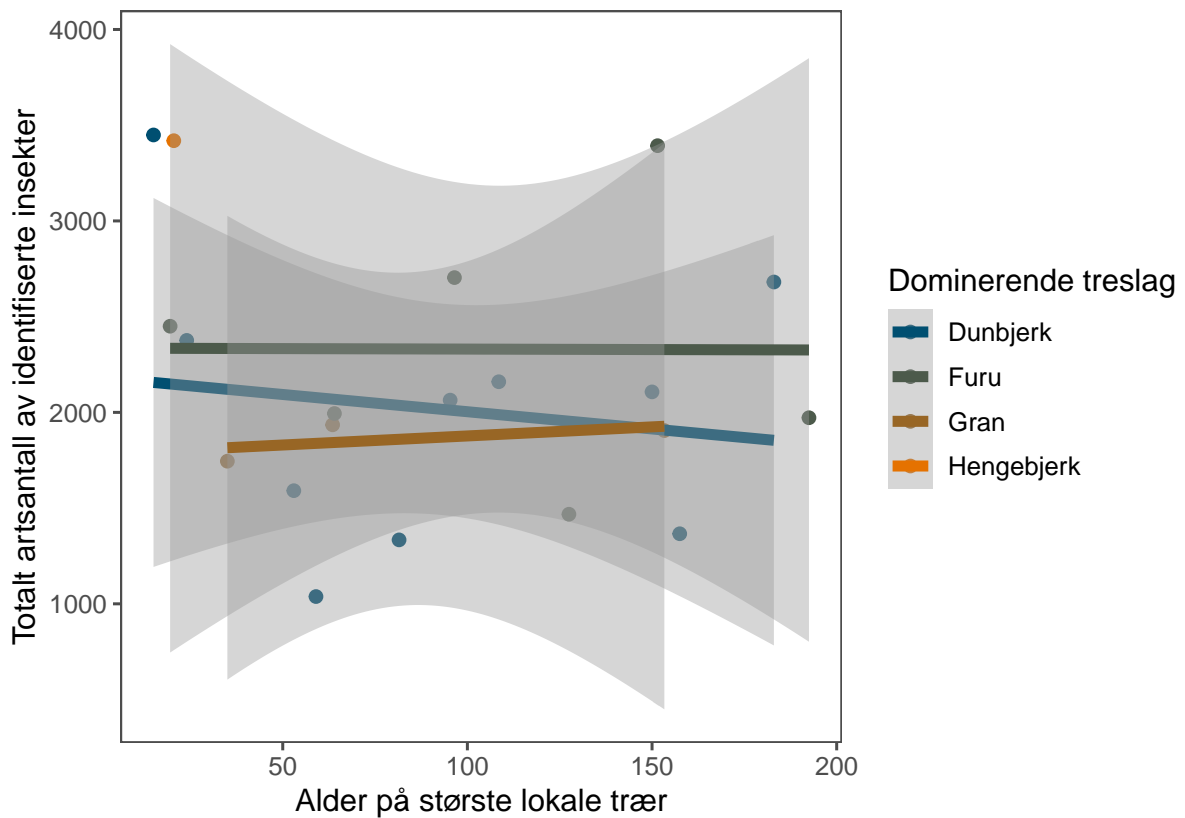
7 Skogsregistreringer

På skogslokalitetene er også en forenklet landsskogstaksering gjennomført (Ørka et al. 2019), etter samme metode som i 2020 (Åström et al. 2020b). Her velger vi den av ANO-sirklene på 250 m^2 som var nærmest insektfellene og som gjenspeiler skogstypen godt i hele ruten. Landsskogsmålingene ble som øvrig i ANO målt inn med høypresisjons-GPS med en typisk nøyaktighet på mellom $1\text{--}5\text{ cm}^3$ og i verste fall under 1 m^3 . Landsskogstakseringen ble foretatt av samme personell som den øvrige ANO-kartleggingen. Generelt ble dette feltarbeidet gjennomført mer kostnadseffektivt i 2021 enn i 2020.

Den forenklete landsskogstakseringen har lignende problemer med representativitet og støy som ANO-kartleggingen i semi-naturlig mark, nemlig at man observerer kun et areal på 250 m^2 . I tillegg har noen målinger av trealder blitt foretatt på trær som kan være "outliers" ved at de er betydelig eldre enn den dominerende skogstypen. Det er derfor ikke sikkert at de høyeste alderne i Figur 15 gjenspeiler alderen i den generelle bestanden. Vi ser heller ikke noe tydelig mønster av målt skogalder og antall arter (Figur 16), når vi ikke tar høyde for andre kovariater, men ser effekten av målt skogalder på biomasse i kapittel 15.



Figur 15: Sammenheng mellom målt alder på skogsbestand og gjennomsnittlig biomasse innsamlet insekter per felletømning (våtvekt i g). Data fra biomasse kommer kun fra 1 malaisefelle per tømme tilfelle per lokalitet.



Figur 16: Sammenheng mellom målt alder på skogsbestand og totalt antall identifiserte arter. Insektdata kommer fra 1 malaisefelle og 4 vindusfeller i hver skogslokalitet.

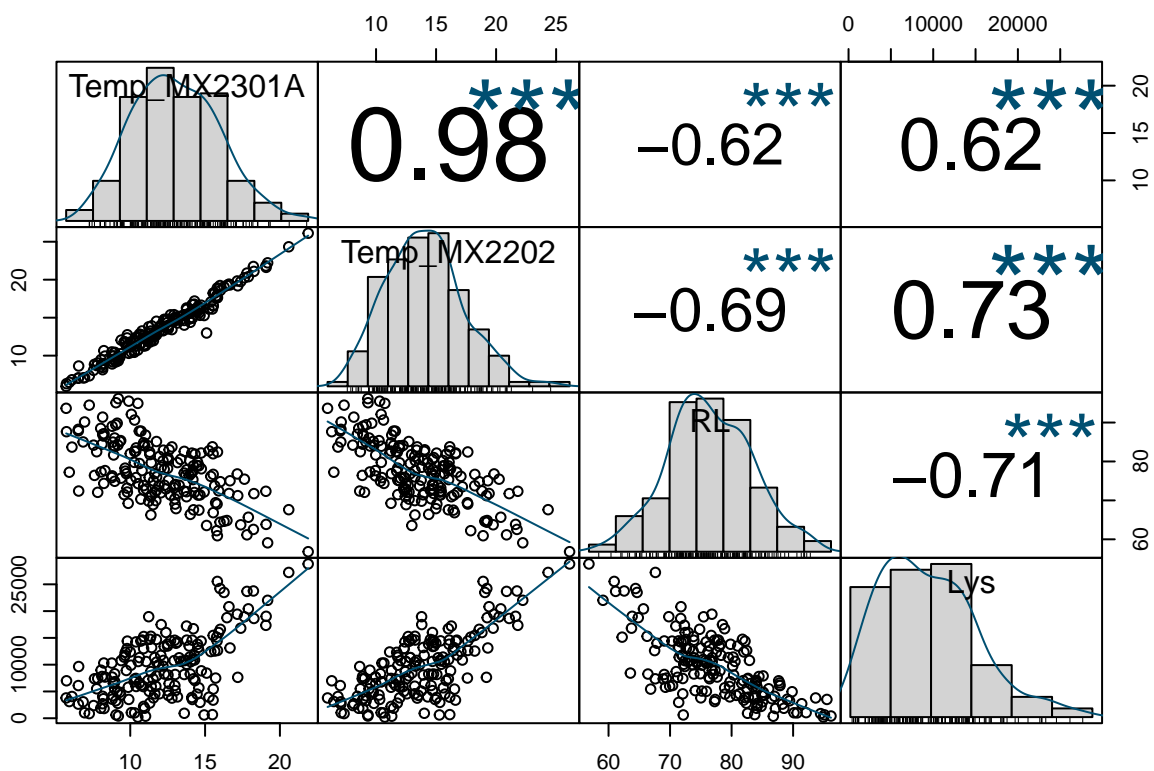


Figur 17: Temperatur og luftfuktighetsmåler av typen Hobo MX2301A (venstre) og temperatur og lysmåler av typen Hobo MX2202 (høyre). MX2301A er plassert i skygge og begge tømmes med blåtann til en skyløsning.

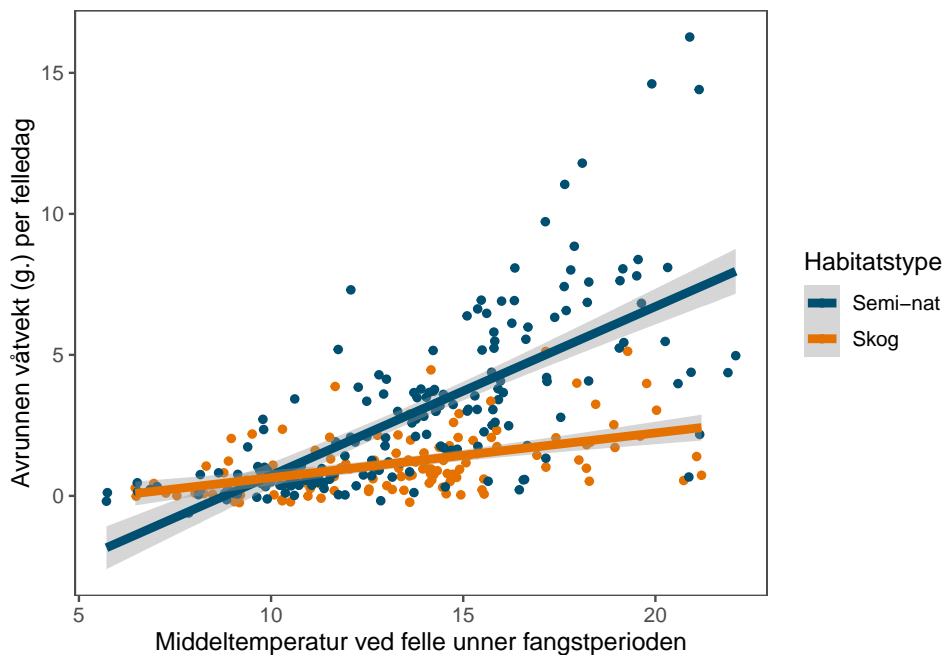
8 Loggerdata

Vi registrerte de lokale værforholdene med to typer av automatiske loggere plassert ved fellene (Figur 17). Gjennom dem får vi hyppige data på temperatur både i skygge og sol, luftfuktighet og mengden sollys. Hyppige målinger er bra for å analysere variasjonen i verdiene, og om kan fungere som en proxy for uvær og nedbør.

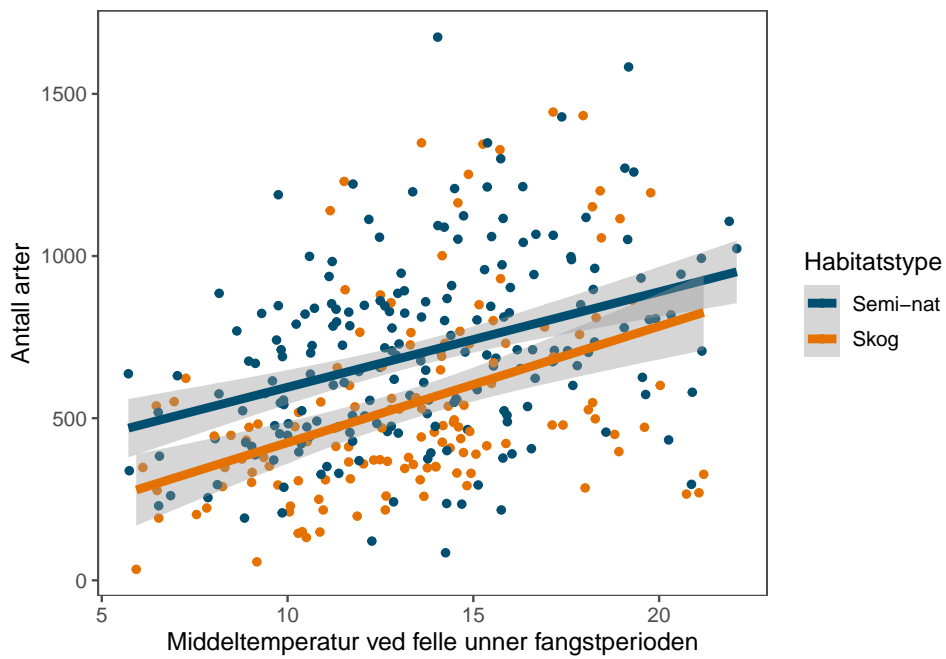
Figur 18 viser samvariasjonen mellom de ulike datatypene loggerne måler ved fellene. Figur 19 viser sammenhengen mellom den innsamlede biomassen per felledøgn i malaisefellene, og middeltemperaturen ved fellene under fangstperioden. Både semi-naturlige og skogshabitat oppviser en tydelig positiv sammenheng, der effekten av temperatur er høyere i semi-naturlig mark. Figur 20 viser tilsvarende sammenheng mellom temperatur og det totale antallet arter som er observert i en felleperiode. Også dette viser et tydelig positiv sammenheng, men her er forholdet mer likt mellom de to økosystemene. Mer inngående modellering av temperaturdata finnes i seksjon 14.2.



Figur 18: Korrelasjonsplot over loggerdata. Relativ luftfuktighet (%) måles av loggermodell MX2301A og lys (lux) av loggermodell MX2202. MX2301A er montert under en lysskjerm og reagerer ikke like hyppig på sollys som en uskjermete loggeren MX2202 som også måler lys.



Figur 19: Sammenheng mellom temperatur og innsamlet biomasse per fangstperiode i malaisefelleer.



Figur 20: Sammenheng mellom temperatur og mengde arter innsamlet per fangstperiode i malisefelleer.

9 Individantall

DNA-metastrekkoding av fellematerialet gjør det mulig å håndtere prøvemengder på et helt annet nivå enn hva man ville klart med tradisjonell morfologisk identifisering (Åström et al. 2020a). I det Svenska Malaisfällprosjektet har man for eksempel brukt 15 år på å manuelt sortere og identifisere 4000 arter (1% av individer) av prøvene de samlet inn gjennom 3 år. Men metastrekkoding kommer også med sine ulemper, der den fremste er at man ikke kan måle antall individer. For det første avgir artene ulike mengder DNA til væsken vi analyserer. Det samme problemet finnes også dersom man knuser prøvene til en "insektsuppe" istedenfor lyseringsmetoden vi har valgt å bruke her. Selv om det i prinsippet kan være mulig å undersøke hvor mye DNA hver art avgir til prøven er det en formidabel arbeidsoppgave, med tanke på den enorme diversiteten hos insektene.

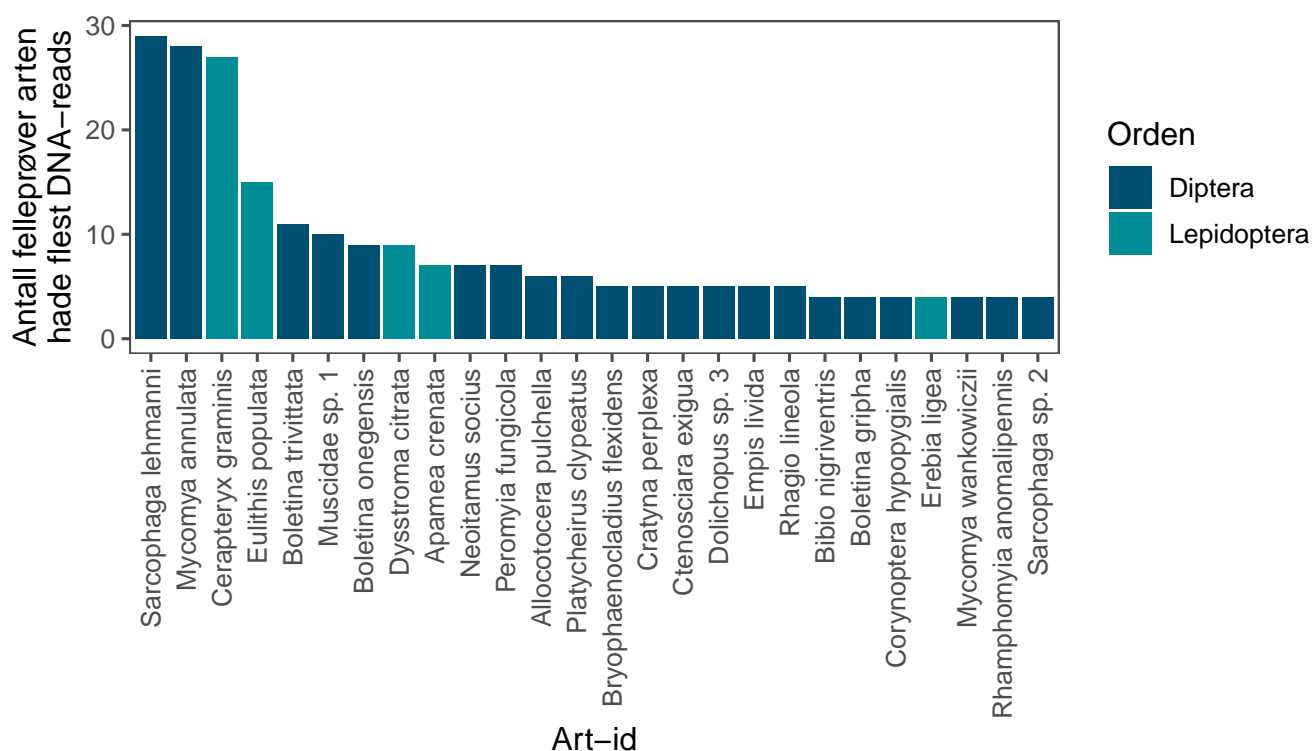
Det andre fundamentale problemet er at mengden DNA-kopier for en gitt art ikke enkelt kan sammenlignes mellom prøver. Den største grunnen til det er at den totale mengden DNA i en prøve standardiseres til en gitt mengde før den analyseres. En felle med 100 individer går altså inn i metastrekkodingen med like mye DNA, som en felle med 10 000 individer. Mengden DNA for en enkelt art må derfor standardiseres på en eller annen måte, før den kan sammenlignes mellom prøver.

Vi tester derfor å tilsette en kjent mengde individer ("spiking") fra arter som vi vet ikke forekommer vilt i Norge, for å se hvor mange DNA-kopier fra dem som plukkes opp via metastrekkodingen. Prinsippet er at man kan standardisere antall DNA-kopier fra de andre artene ved å skalere mot resultatet fra "spiking-artene." Dette er noe som krever mer uttesting før vi vet hvor bra det vil fungere.

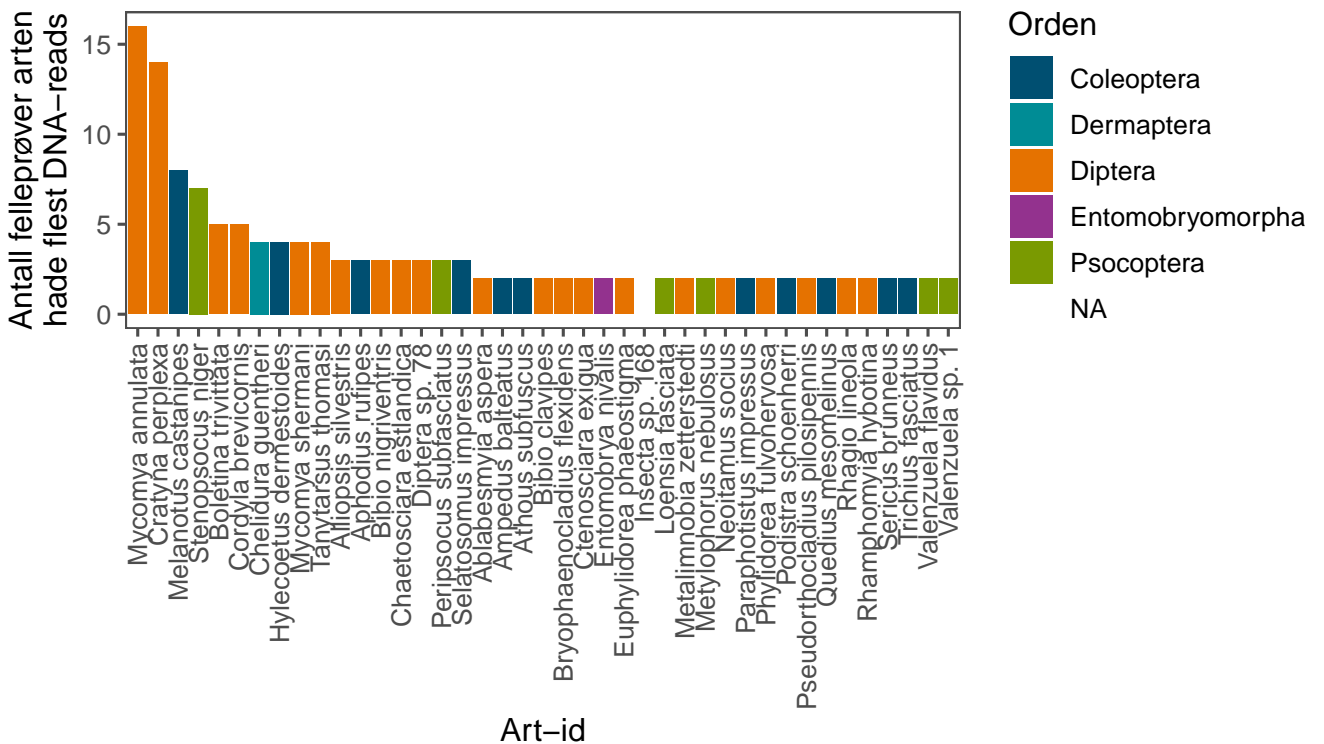
En alternativ, men rudimentær måte å standardisere mengden DNA mellom prøver, er å rangere artene i rekkefølge, etter relativ mengde DNA de har i hver prøve. Dette er ikke et substitutt for individantall, men kan være en måte å følge med på forandringer i relative antall hos ulike arter. I Figur 21 viser vi de artene som flest ganger dominerte mengden DNA i malaisfelleprøvene. Vi ser her på malaisfeller og vindusfeller separat, da disse skiller seg mye både i forhold til hvilke taksa de fanger opp, og i den totale mengden individer. Det insektet som dominerte flest malaisfelleprøver i relativ DNA-mengde var kjøttfluen *Sarcophaga lehmanni*, hvis larver lever på meitemark (Rognes 1986). Den er vanskelig å skille med tradisjonell identifisering fra *Sarcophaga carnaris*, som er godt representert i Artskart. *Sarcophaga lehmanni* har ikke noen funn registrert i Artskart.

Vi kan gjenta samme øvelse med vindusfellene i skog. Til tross for at disse fellene først og fremst er inkludert for å fange biller (Coleoptera), ser vi at andre insektordener ofte dominerer mengden DNA i prøvene (Figur 22). Vindusfeller fanger generelt så få individer at det kreves svært store prøvemengder for at det skal gi mening å analysere antall (eller mengder DNA).

DNA-metastrekkoding resultatene fra vindusfellene fanger overraskende mange arter sammenlignet med de få individene vi faktisk kan observere gjennom morfologiske analyser. Vindusfellene er åpne og alt av blader, barnåler, støv og løsmateriale som blåser forbi vil kunne ende opp i fellene. Vi tror derfor at det store antallet arter påvist med DNA-metastrekkoding skyldes rester av DNA fra andre kilder enn individene som faktisk blir fanget. I tillegg vil predatorer kunne bidra med DNA fra andre insektarter som de har spist, og som dermed heller ikke kan observeres i fellene (dette gjelder også for malaisfeller). Dette betyr at DNA-metastrekkoding vil påvise mange flere arter enn det som kan observeres, men vi antar da at dette er arter som faktisk finnes i miljøet, og som derfor representerer ekte biodiversitet for den aktuelle lokaliteten.



Figur 21: De arter som oftest dominerte Malaise-felleprøvene i mengde DNA-reads. Kun de arter som dominerte prøvene 4 eller fler ganger vises. NB at *Sarcophaga lehmanni* er kjent fra Norge tidligere (Knut Rognes), men ikke registrert i Artskart. Arter merket med sp.x er arter som ikke har match i referansebiblioteket men der man kan knytte dem til en høyere taksonomisk nivå.



Figur 22: De arter som oftest dominerte vindusfelleprøvene i mengde DNA-reads. Kun de arter som dominerte prøvene 2 eller fler ganger vises. Notere at *Selatosomus impressus* er synonym for *Paraphotistus impressus*, noe som tyder på at denne art er registrert under begge navn i referansebibliotekene.

10 Diversitet

Der DNA-metastrekkoding er dårlig på å telle antall individer er den desto bedre på å identifisere mange arter i store prøvemengder. Men insektsamfunn er så hyperdiverse at dette prosjektet ikke vil kunne observere alle arter av insekter i Norge, og det er heller ikke tanken. Vi samler ikke alle habitatstyper og ikke alle substrater i hvert habitat. Vi samler heller ikke nok for å finne arter som er tilstede i hvert substrat. Ufordringene med dette er tidligere beskrevet i Åström et al. (2020a), der vi ender opp med et opplegg som ikke er tiltenkt å kartlegge alle arter, men å overvåke forekomsten av så mange arter som mulig. Likevel samler vi nok for å fange opp en stor diversitet i fellene, der svært mange av artene forekommer bare et fåtall ganger i en lokalitet, og bare i noen lokaliteter. Dette er karakteristisk for slike overvåkingsopplegg av insekter, og skiller seg fra overvåking av mindre diverse systemer.

Tabell 3: Totalt antall identifiserte taksa fra overvåkingen i 2020-2021.

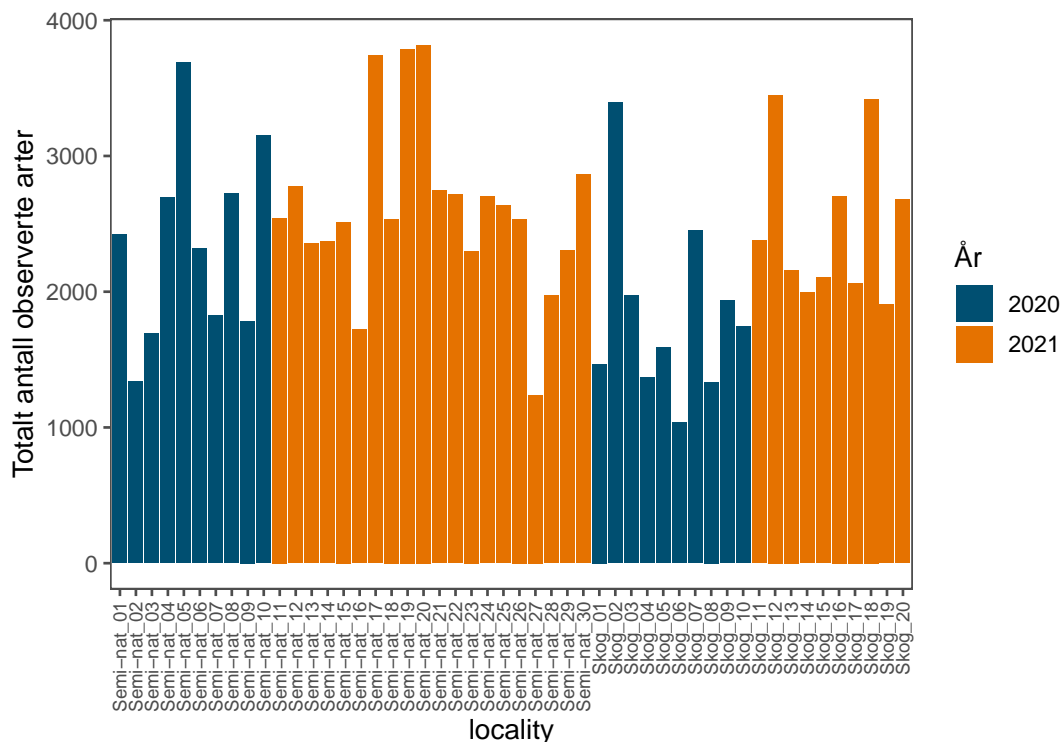
År	Habitat-type	Region	Antall arter
2020	Skog	Østlandet	7825
2020	Semi-nat	Østlandet	9325
2021	Skog	Østlandet	8340
2021	Semi-nat	Østlandet	9384
2021	Semi-nat	Trøndelag	7103
Alle	Alle	Alle	16718

Tabell 3 oppsummerer den totale mengden taksa vi har observert i hver region og habitattype frem til idag. Notere at "taksa" her betyr DNA-kopier som har blitt klassifisert som unike arter, selv om vi ikke kan koble alle disse DNA-kopiene til rett artsnavn. Den bioinformatiske koblingen mellom genetik og artsnavn kan kjøres om igjen alt ettersom vi får bedre referansebibliotek. Da vil flere "arter" bli koblet sammen med et artsnavn, og noen artsnavn vil endres. Men mengden distinkte taksa vil ikke endre seg mye, den er uavhengig av hvilket navn man setter på hver "art."

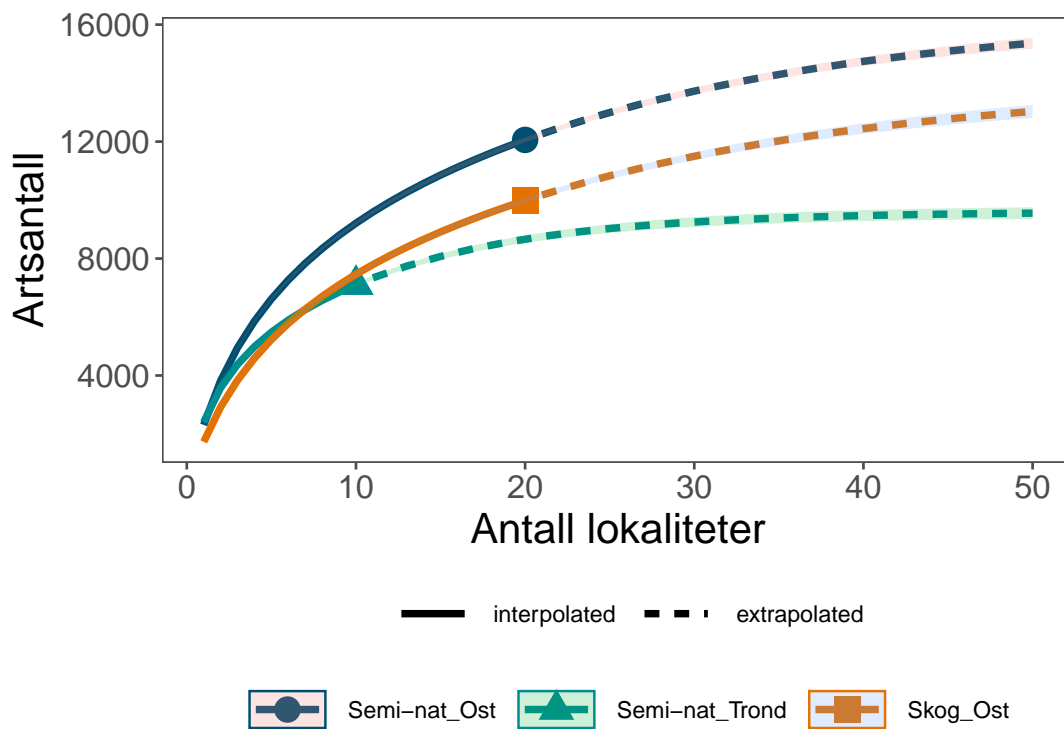
Forekomster kan skille seg tilfeldig mellom år, og ennå har vi bare 2 år med data. Men foreløpig ser det ut som at Østlandet er mer artsrikt enn Trøndelag, og at semi-naturlig mark er mer artsrikt enn skog (Figur 23). Den høyere diversiteten i 2021 er sannsynligvis et resultat av at vi endret på protokollene for DNA-metastrekkoding i 2021 (se mer i kapittel 5). Disse resultatene er forventet, men den totale mengden arter vi observerer er likevel bemerkelsesverdig. Vi har per idag observert 16718 arter i de 30 lokalitetene vi har undersøkt så langt. Dette er svært høyt sammenlignet med det totale antallet kjente insektarter i hele Norge, som per idag er ca. 19 500.

På grunn av at vi ikke undersøker alle substrattyper er det ikke mulig å estimere det totale artsantallet av insekter i områdene vi undersøker. Vi gjennomfører heller ikke regelmessig innsamling med flere feller, hvilket man kan bruke for å estimere deteksjonsraten for innsamlingsmetodikken av insekter som er tilstede på en lokalitet. Dette ble gjort for enkelte artsgrupper i et pilotprosjekt i 2019 (Åström et al. 2020a). Vi kan likevel bruke enklere metoder for å estimere det totale artsantallet man kan forvente å finne, gitt den eksisterende metodikken, for et større antall lokaliteter. Her bruker vi pakken *iNEXT* for å estimere det totale artsantallet man vil oppdage, gitt det nåværende opplegget for de ulike regionene (Hsieh et al. 2016), basert på metodikk beskrevet i (Chao et al. 2014). Vi inkluderer her kun funndata fra malaisefellene for å kunne sammenligne habitattypene på likt grunnlag.

Figur 24 viser at artsakkumuleringskurvene ennå er langt ifra å flate ut, og at vi kan forvente oss å observere mange flere arter i fremtiden, gitt at overvåkingen fortsetter.



Figur 23: Totalt observert artsantall per lokalitet. Notere at metastrekkodingsrutinen skiller seg mellom år.



Figur 24: Oppmålt og estimert total artsantall (Chao) i malaisefelleer i de undersøkte regionene. Notere at ekstrapoleringen antar en perfekt deteksjonsevne.

10.1 Oppdeling av biodiversitet i α , β , γ -komponenter.

Den store diversiteten vi observerer kan deles opp på flere hierarkiske nivåer. γ -diversitet (gamma-diversitet) er betegningen på den totale diversiteten i et område, β -diversiteten (beta-diversitet) betegner forskjellen i diversitet mellom ulike lokaliteter, og α -diversitet (alpha-diversitet) er betegningen på diversiteten i en enkelt lokalitet. I denne sammenhengen definerer vi α -nivåer som diversiteten i en lokalitet i en fellesesong. γ -diversiteten er den totale diversiteten i en region, og β -diversitet er da forskjellen i biodiversitet mellom lokaliteter.

Her bruker vi pakken `vegan` for å partisjonere artsantall i regional, inter-lokalitet og lokalitetsnivå (Oksanen et al. 2020). Vi bruker den multiplikative definisjonen av β -diversitet: $\beta_i = \gamma/\alpha_i$ der i = lokalitet-ID. Tabell 4 viser fordelingen av diversiteten i α -, β - og γ -komponenter, og et resultatene av et randomiseringstest, der de oppmålte verdiene sammenlignes med en fordeling av verdier gitt en tilfeldig utplassering av artsforekomstene. Rapporterte α og β nivåer er middelveien av respektive tall over alle lokaliteter. I disse analysene bruker vi insekt-data fra både malaisefeller og vindusfeller.

Tabell 4: Randomiseringstest av alpha, beta og gamma-komponenter av diversitet (N = 999).

Nivå	Målt verdi	Stand. Effekt	Forventet verdi	Prob (sim)
α	2379.560	190.479	2016.915	0.001
β	7.026	-161.449	8.289	0.001
γ	16719.000	0.000	16719.000	1.000

10.2 Kilder til β -diversitet

β -diversitet er i dette eksempelet et mål på forskjellen i artsamfunn mellom ulike lokaliteter. Disse forskjellene i artsamfunn kan forklares ved to årsaker. Enten ved at ulike lokaliteter inneholder ulike antall arter. De mer artsrike lokalitetene kan da inneholde alle de som også finnes i de mindre diverse lokalitetene, men i tillegg noen flere arter. Dette definerer vi som at diversiteten er "nøstet" mellom lokaliteter ("Nestedness" på engelsk). Men β -diversiteten kan også forklares ved at ulike lokaliteter inneholder det samme antallet arter, men at de artene er forskjellige. Dette er definert som artsomsetning ("Species turnover" på engelsk). Vanligvis er lokaliteter hverken perfekt nøstet eller har full artsomsetning, og som oftest er β -diversiteten et resultat av begge disse "mønstrene." Vi kan kvantifisere bidraget fra både nestedness og species turnover til den totale β -diversiteten med R-pakken `betapart` (Baselga et al. 2021), beskrevet i (Baselga 2010). Resultatene gir ofte interessante innblikk i de økologiske prosessene som skaper ulike artssamfunn.

Generelt kan β -diversiteten i dette datasettet forklares av artsomsetning (Tabell 5), dvs. at det meste av forskjellen mellom lokaliteter kommer fra at de inneholder forskjellige arter, og ikke at de inneholder ulikt antall arter. Forskjeller i artsforekomster påvirkes altså lite av forskjeller i total diversitet, som for eksempel kommer fra generelle forskjeller i produktivitet mellom områder, eller en filtrering av hvilke arter som klarer å overleve i visse områder, for eksempel i en nord-syd gradient.

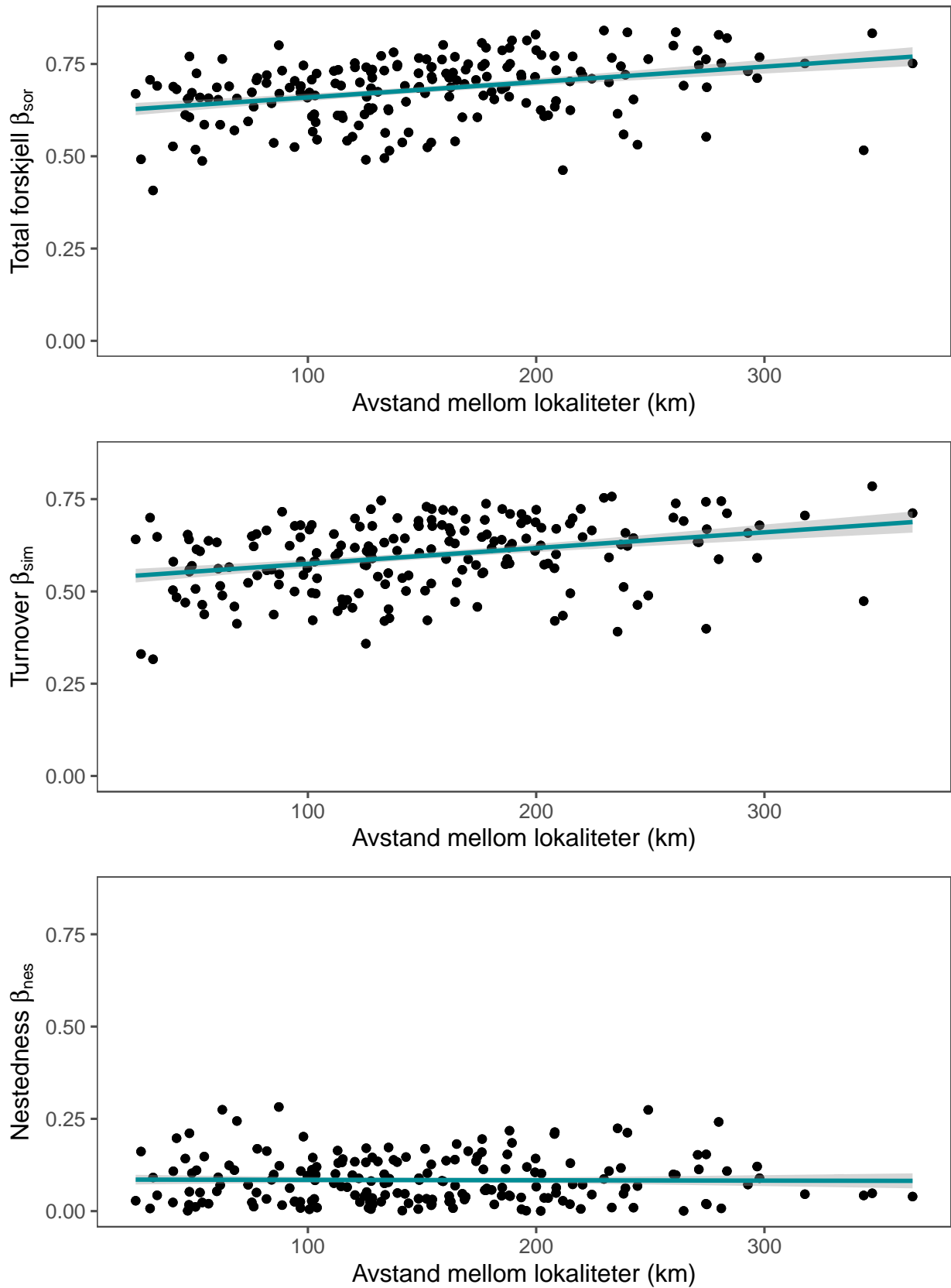
Tabell 5: Komponenter i oppmålt beta-diversitet mellom lokalitetene i overvåkingen. β_{SIM} % står for 'species turnover', β_{NES} % for 'nestedness' og β_{SOR} % for den totale β -diversiteten.

β_{SIM} %	β_{NES} %	β_{SOR} %
98.31	1.69	100.00

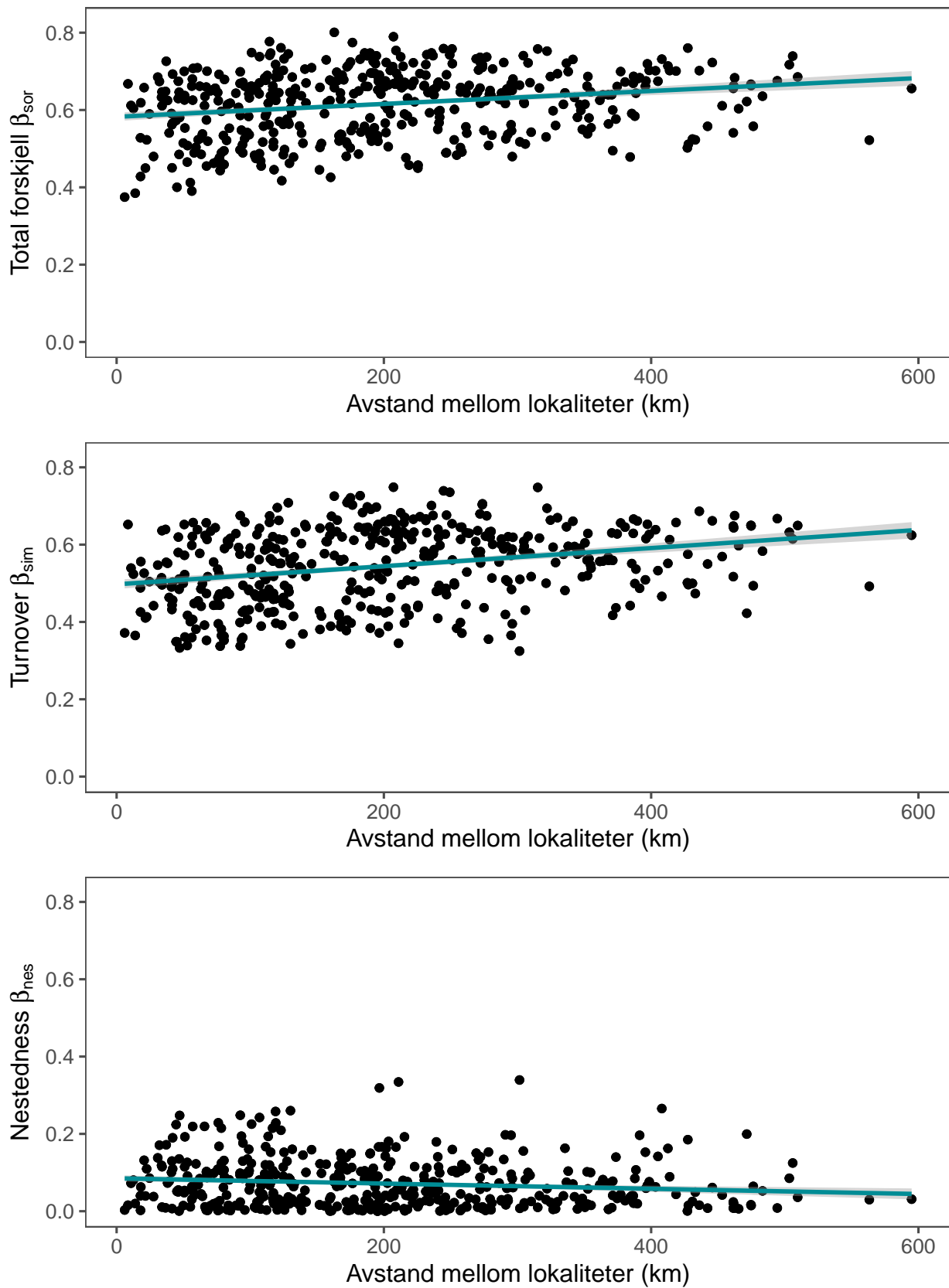
10.3 Forskjeller i diversitet i forhold til geografisk avstand

Man kan se nærmere på sammenhengen mellom nøsting og artsomsetning ved å undersøke de parvise forskjellene mellom enkelte lokaliteter. Figur 25 plottes forskjellen i diversitet mellom skogslokalitetene i Østfold i forhold til avstanden mellom lokalitetene. Man kan forvente seg at lokaliteter som ligger lengre fra hverandre skal ha mer ulik diversitet. Det er naturlig å tenke seg at dette skyldes at lokaliteter langt fra hverandre inneholder ulike arter (artsomsetning), men β -diversiteten kan også komme fra at lokaliteter langt fra hverandre har ulikt totalt antall arter (nøsting). Figuren viser den store betydningen av artsomsetning, noe som øker over økt avstand mellom lokaliteter. Nøstingen er generelt veldig lav, og øker ikke over avstand. Den ser til og med ut til å minke med avstand, som resultat av at artsomsetning forklarer mer og mer av den totale beta-diversiteten med økt avstand. Med andre ord er nøstingen lav blant lokaliteter som er nær hverandre, og den minsker ytterligere med økt avstand. Fenomenet gjelder også semi-naturlige lokaliteter der vi har totalt 30 lokaliteter og spenner over lengre avstand (Figur 26).

Vi har også testet å fjerne de artene som bare har blitt funnet på én lokalitet én gang for å se om disse "singletons" kan påvirke det store artsomsetningsmønsteret vi ser. Vi har også prøvd å gjøre dette samtidig som vi ser på bare ordenen Lepidoptera (sommerfugler og møll) for å se om mønsteret påvirkes av små arter som vi ofte bare påviser små mengder DNA fra. I begge disse tilfellene ser vi i hovedsak det samme mønsteret, med en svært stor dominans av artsomsetning, og at dette øker med avstand mellom lokalitetene.



Figur 25: Oppdeling av β -diversitet i turnover og nestedness, og dess sammenheng med avstand mellom lokaliteter. Skogslokaliteter på Østlandet.



Figur 26: Oppdeling av β -diversitet i turnover og nestedness, og dess sammenheng med avstand mellom lokaliteter. Semi-naturlige lokaliteter på Østlandet og Trøndelag.

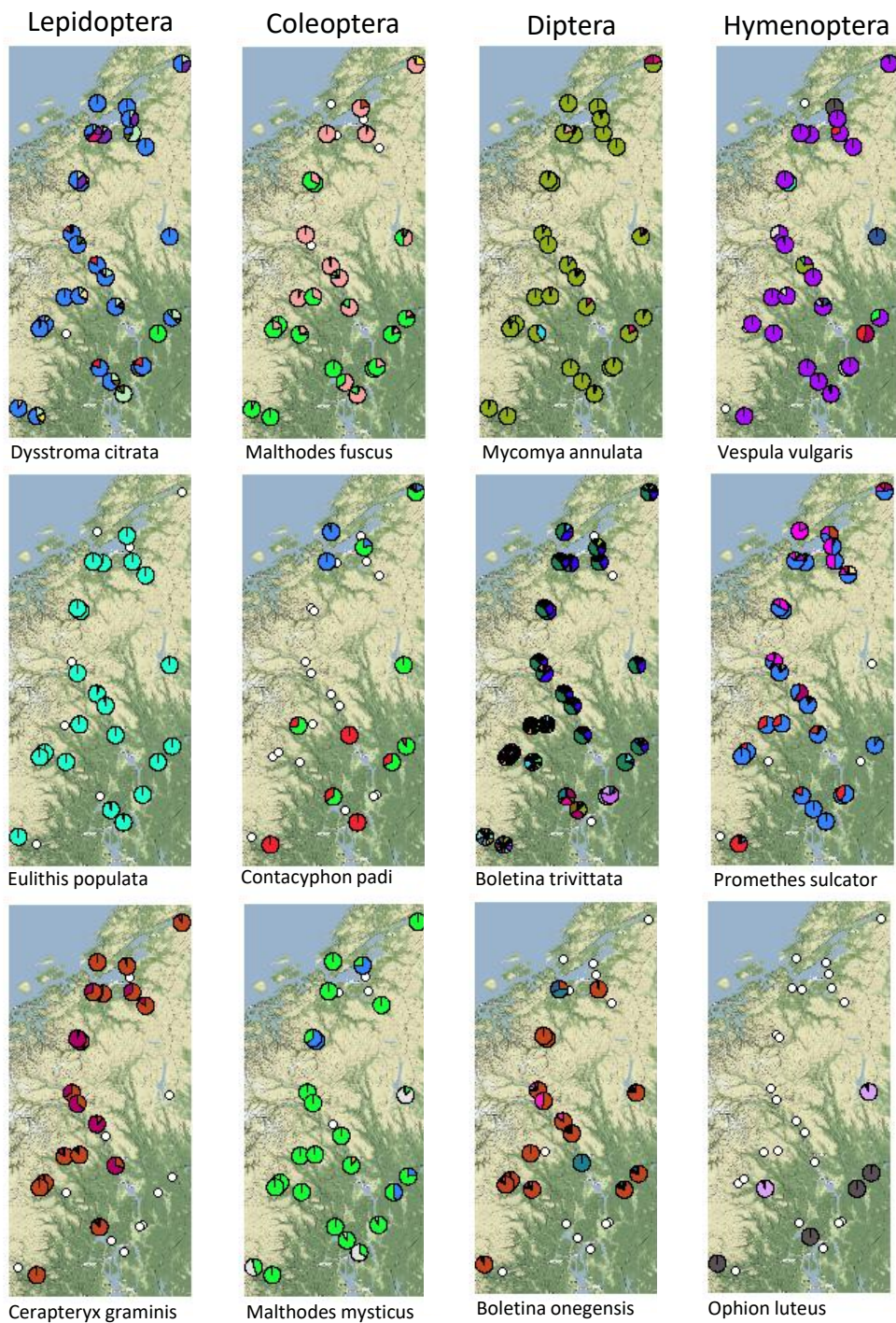
10.4 Genetisk diversitet – variasjon innen arter

DNA-metastrekkoding gir store mengder data for å bestemme hundrevis av insekter fra malaisefelleer til artsnivå så lenge vi har gode referansedatabaser. Men i tillegg gir denne metoden oss også informasjon om genetisk variasjon innen hver art. DNA-kopiene som vi får ut av analysene varierer også innen arter og disse kaller vi haplotyper. Ved å se på fordelingen av frekvensene av disse haplotypene mellom lokaliteter og regioner kan vi beskrive hvordan genetisk variasjon innen hver enkeltart varierer over ulike geografiske avstander (populasjons-genetikk).

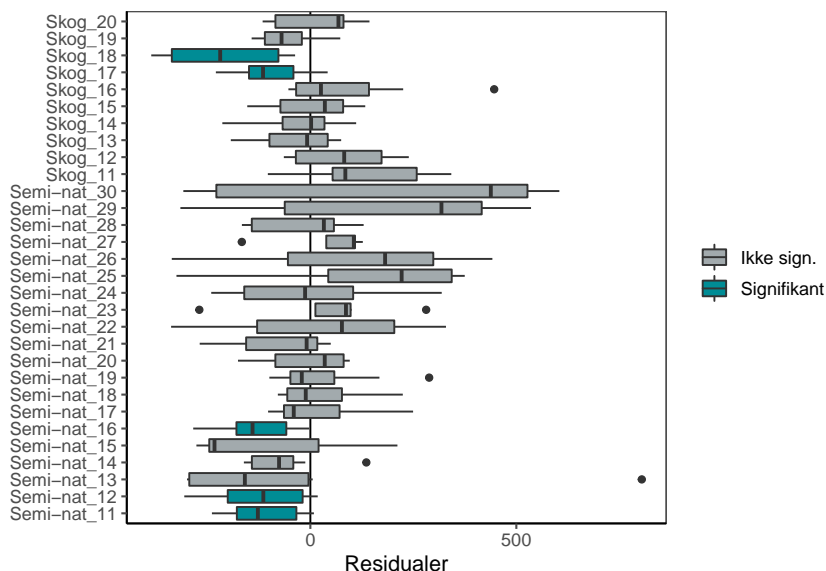
Figur 27 viser de tre artene med flest DNA-kopier innenfor hver av ordenene sommerfugler (Lepidoptera), biller (Coleoptera), tovinger (Diptera) og vepser (Hymenoptera). Her ser man tydelig at for de fleste av disse artene finner vi den samme dominerende haplotypen i hele sør-Norge. Det betyr at det er liten genetisk struktur hos disse artene med utveksling av gener mellom de ulike lokalitetene. Men så har vi arter som for eksempel billen *Malthodes fuscus* der vi har to ulike haplotyper som dominerer i sør og nord, og billen *Contacyphon padi* som ikke ser ut til å finnes i midten av Norge i det hele tatt og som har to helt forskjellige dominerende haplotyper i Trøndelag og på Østlandet. I forhold til bevaringsgenetikk og forvaltning av disse artene må man derfor her vurdere om den genetiske strukturen fordrer at de ulike haplotypene behandles som egne forvaltningsenheter. Ser vi på tovingen *Boletina trivittata* ser den ut til å ha en uvanlig høy diversitet av haplotyper rundt Hardangervidda sammenlignet med resten av Norge.

Med flere års data vil vi kunne se om disse mønstrene opprettholdes og vi vil kunne lage slike haplotype kart for alle insektarter i Norge. Dette åpner for et helt nytt verktøy for naturforvaltningen der vi for eksempel kan identifisere områder i Norge med høy genetisk variasjon innen arter, eller områder som har mange arter med unik genetisk variasjon som dermed bør vernes. Vi kan også se på endringer over tid og tap av haplotyper kan være tegn på populasjonsnedgang eller endringer i miljøet. En slik tilnærming ved bruk av DNA-metastrekkoding data har så langt ikke vært brukt i praktisk forvaltning og vi ser mange muligheter for bruk av denne teknologien i fremtiden.

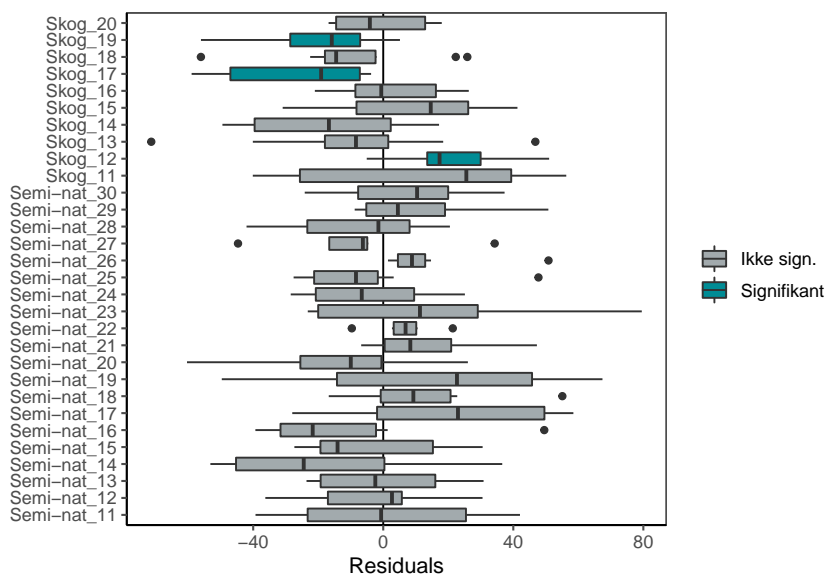
Vi har også sett på hvordan haplotypediversitet varierer i forhold til artsdiversitet. Figur 28 og 29 viser hvordan den målte haplotypediversiteten varierer i forhold til en forventet haplotypediversitet gitt antallet arter i en lokalitet og artene sine abundans. Med denne tilnærmingen kan vi identifisere lokaliteter som har lavere eller høyere variasjon innen arter enn forventet. Fra Figur 28 ser vi at lokalitetene Skog_17 og 18 samt Semi-nat_11, 12 og 16 har lavere haplotypediversitet enn forventet. Årsakene til dette kan være mange, men det kan være et tidlig tegn på at artene i denne lokaliteten er under press og har mistet noe av den genetiske variasjonen. Med en tidsserie vil man kunne oppdage slike endringer og dermed kunne gjøre avbøtende tiltak tidligere.



Figur 27: Frekvenser av haplotyper (varianter av ASV/DNA-kopier) for ulike lokaliteter som visere genetisk variasjon innen hver enkeltart. Her er de tre artene med flest DNA-kopier innenfor hver av ordenene sommerfugler (Lepidoptera), biller (Coleoptera), tovinger (Diptera) og vepser (Hymenoptera) valgt ut som eksempler.



Figur 28: Boksplot som viser avvik i haplotypediversitet (ASV-antall) i forhold til forventet antall haplotyper gitt antallet arter påvist i en lokalitet. Alle innsamlinger på ulike datoer på samme lokalitet er inkludert og står for variasjonen innen hver boks. Den vertikale linjen på x-aksen angir forventet haplotypediversitet på tvers av alle lokalitetene. Bokser til venstre for denne linjen viser altså lokaliteter som har lavere haplotypediversitet enn forventet ut ifra antall arter.



Figur 29: Boksplot som viser avvik i Shannon indeks vektet på haplotypediversitet (ASV-antall) i forhold til forventet Shannon indeks gitt antallet arter påvist i en lokalitet. Alle innsamlinger på ulike datoer på samme lokalitet er inkludert og står for variasjonen innen hver boks. Den vertikale linjen på x-aksen angir forventet Shannon diversitet på tvers av alle lokalitetene. Bokser til venstre for denne linjen viser altså lokaliteter som har lavere Shannon indeks enn forventet ut ifra antall arter.

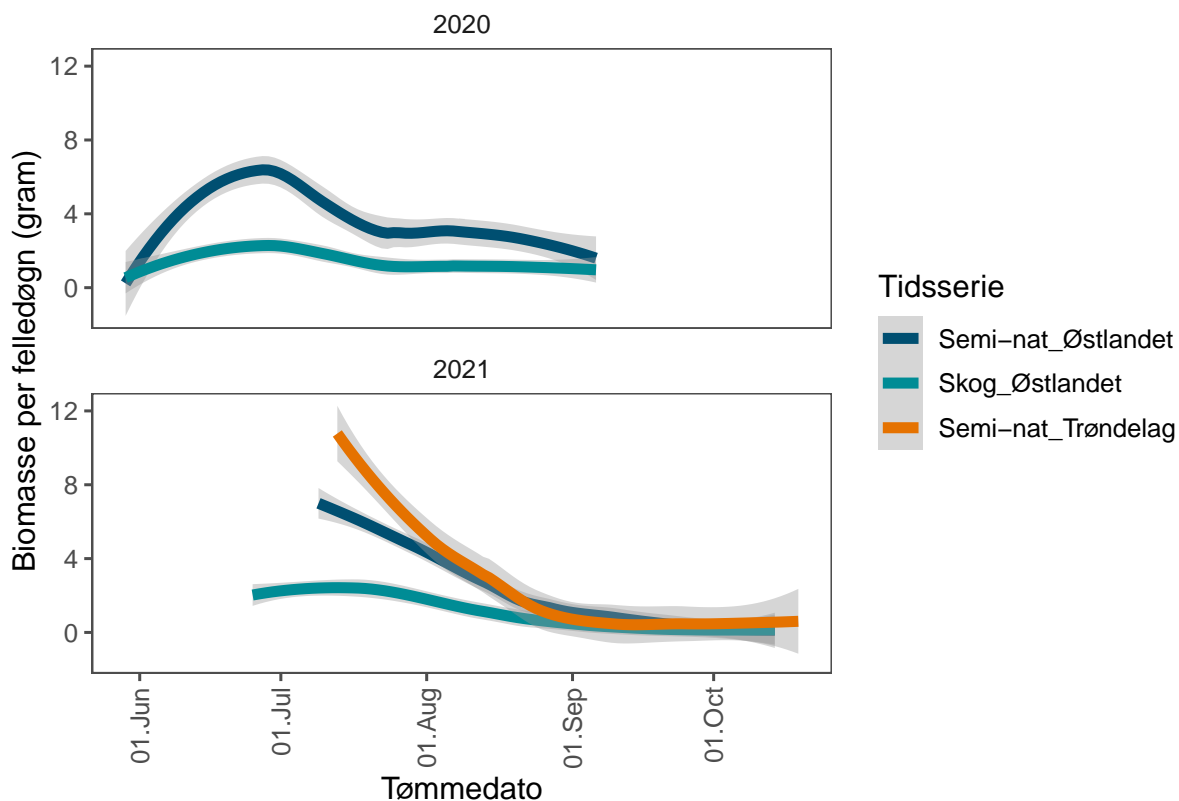
11 Tidstrender

Med bare to års data er det ikke mulig å undersøke langsiktige tidstrender, eller dra konklusjoner om variasjonen mellom år. Man bør også ta tidstrendene gjennom sesongene med en klype salt, da vær og fenologi kan variere mye mellom enkelte år. Likevel kan det være verdt å visualisere dataene innsamlet så langt for å vise noe av variasjonen mellom lokalitetene.

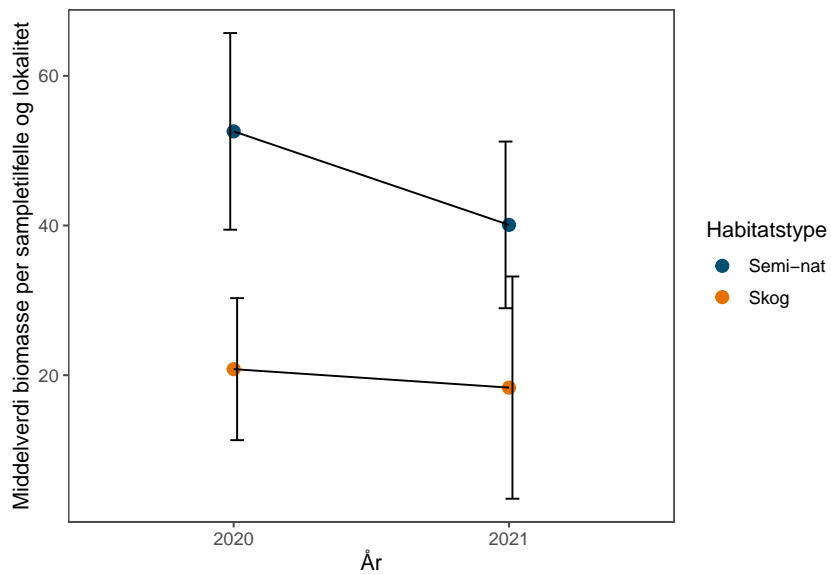
11.1 Biomasse

De generelle mønsteret i biomasse gjennom sesongen er at vi har en tydelig topp i juni-juli som sakte går nedover mot september og oktober (Figur 30). Figuren er laget fra en generell additiv modell (GAM i pakken `ggplot`) av biomassen per felledøgn, der bare data fra malaise-felleene er tatt med. For å få sammenlignbare data er kun felletømmingene fra 2-ukersperiodene tatt med fra 2020. Semi-naturlige lokaliteter ligger generelt høyere enn skog, med en mer kraftig topp gjennom sommermånedene. Figuren viser også tydelig effekten av den seie starten i 2021 da vi gikk glipp av mye av aktiviteten. Interessant nok ser de semi-naturlige lokalitetene i Trøndelag ut til å ha vel så store mengder insekter som de semi-naturlige lokalitetene på Østlandet, men ennå er det for tidlig å kunne konkludere om noen statistisk sikre forskjeller.

Figur 31 viser middelerdien av den totale biomassen over sesongen for hver lokalitet. Feilmarginene som viser standardavvik visualiserer at det er vanskelig å skille enkelte år mellom hverandre med bare 20 respektive 30 lokaliteter hvert år. Notere også at biomassen ikke er helt sammenlignbar da innsamlingen i de to årene gikk over forskjellige tidsperioder.



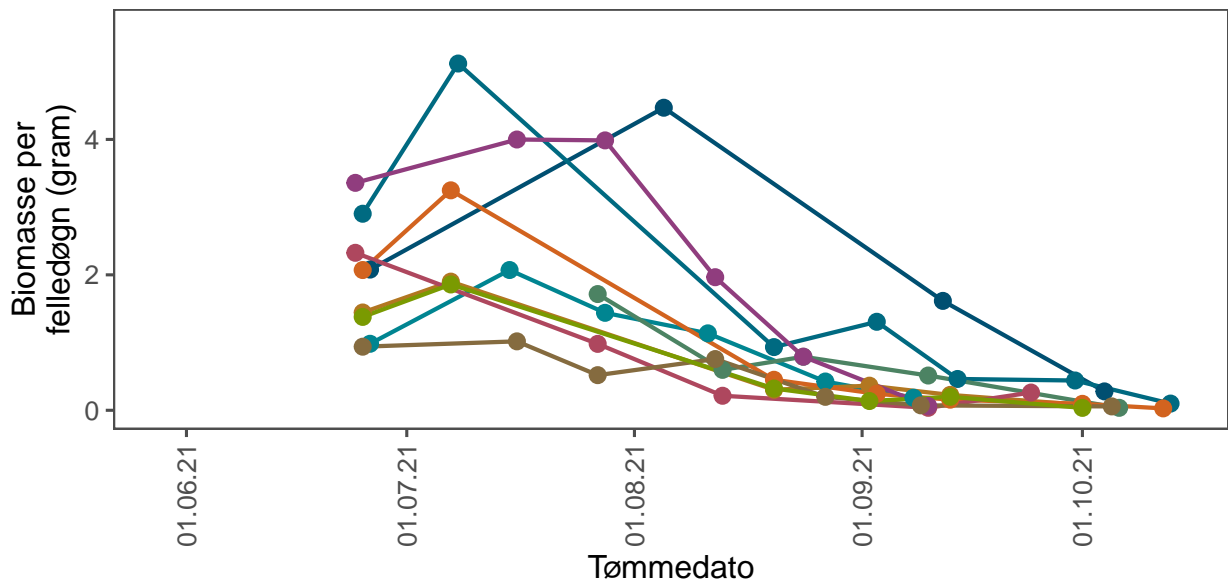
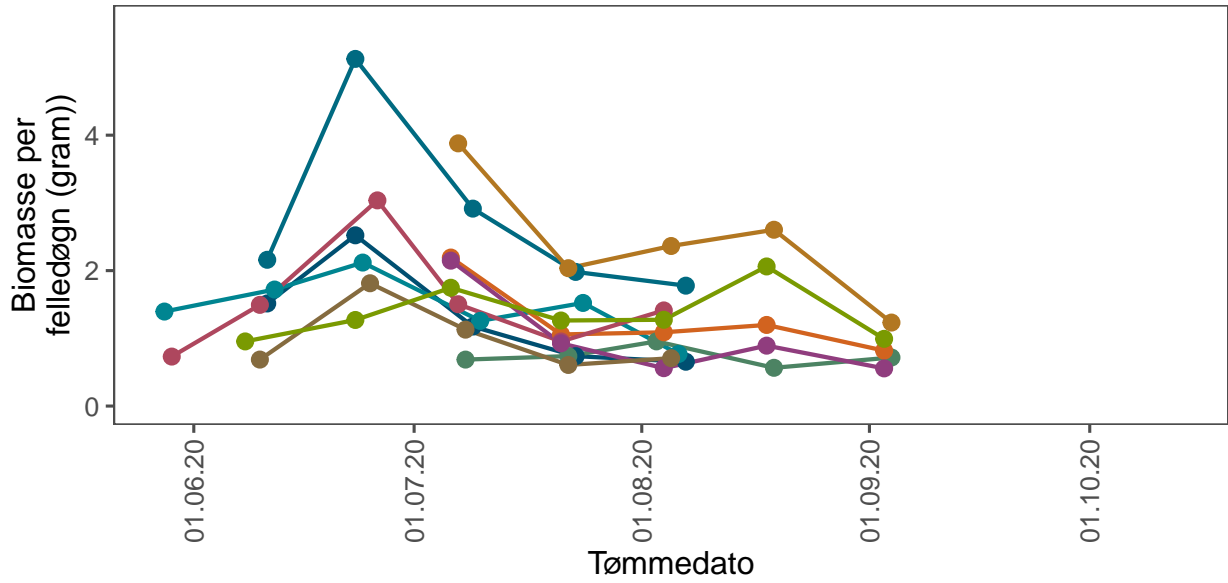
Figur 30: Tidstrend over innsamlet biomasse (i malaisefeller).



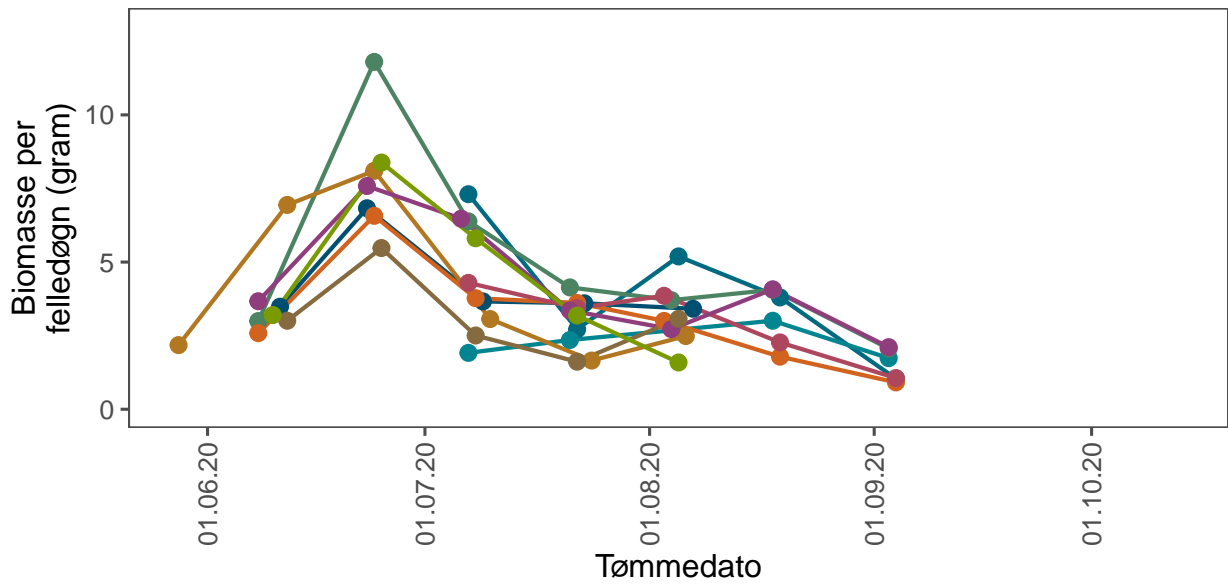
Figur 31: Middelverdi av (middelverdi) biomasse insekter i malaisefeller per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark. Kun data fra Østlandet er tatt med. Notere at data fra de to årene er innsamlet under ulike tidsperioder og derfor ikke er helt sammenlignbare.

11.2 Variasjon i biomasse mellom lokaliteter

Aktiviteten hos insekter kan variere kraftig mellom lokaliteter og over tid i enkelte lokaliteter. Figur 32 tilsvarer Figur 30 men der dataene er splittet opp for enkelte lokaliteter. Figur 33 viser tilsvarende data for de semi-naturlige lokalitetene på Østlandet, mens Figur 34 viser trendene i Trøndelag for 2021. Skogslokalitetene ser generelt ut å ha større variasjon mellom hverandre enn de semi-naturlige lokalitetene, noe som muligens gjenspeiler større forskjeller i mikroklima for skogslokalitetene, der noen ligger høyt oppe i fjellbjørkskogen eller i tett granskog, mens noen er mer lavlendte eller åpne.

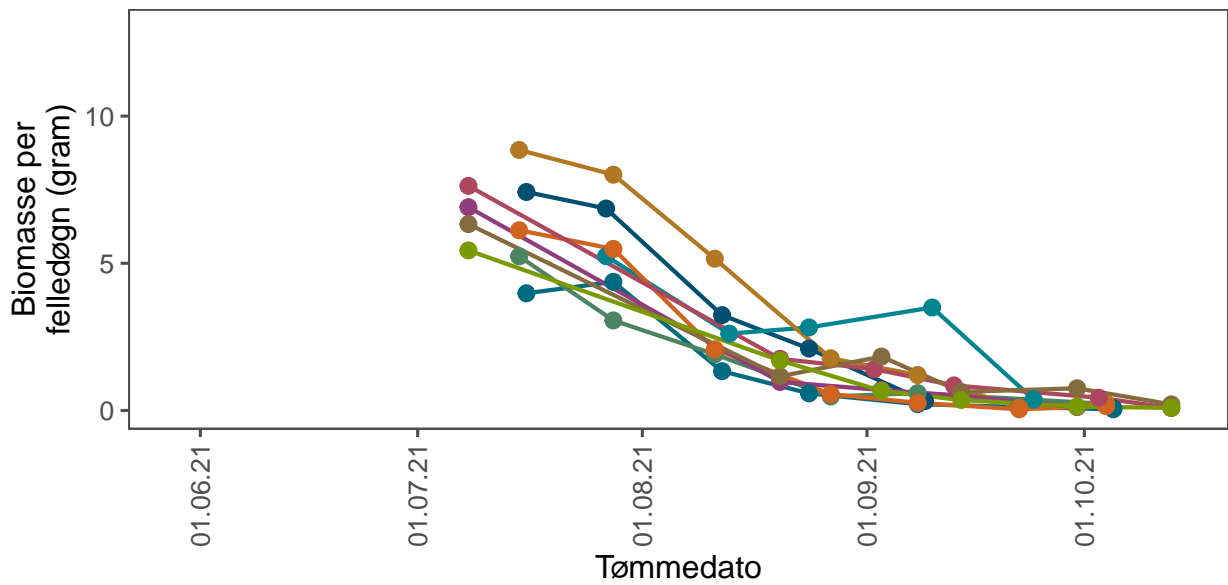


Figur 32: Variasjon i biomasse over tid for skogslokalteter på Østlandet.



Lokalitet

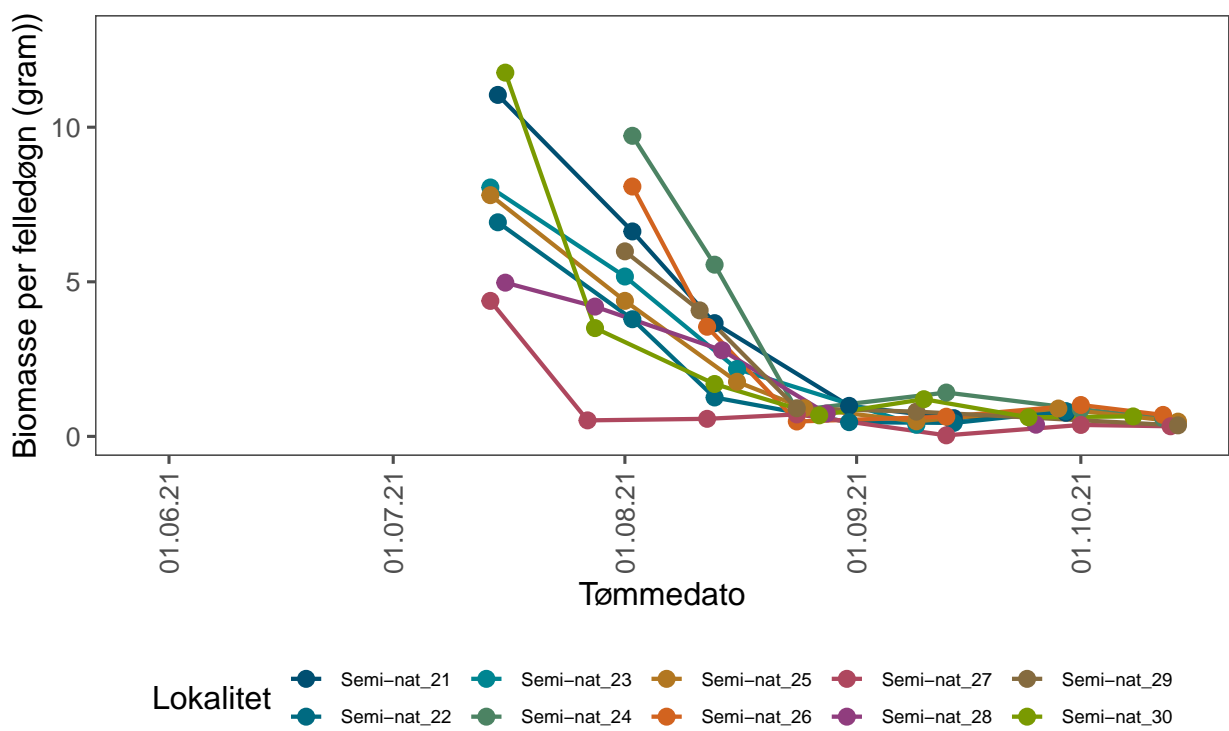
- Semi-nat_01
- Semi-nat_02
- Semi-nat_03
- Semi-nat_04
- Semi-nat_05
- Semi-nat_06
- Semi-nat_07
- Semi-nat_08
- Semi-nat_09
- Semi-nat_10



Lokalitet

- Semi-nat_11
- Semi-nat_12
- Semi-nat_13
- Semi-nat_14
- Semi-nat_15
- Semi-nat_16
- Semi-nat_17
- Semi-nat_18
- Semi-nat_19
- Semi-nat_20

Figur 33: Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark på Østlandet.

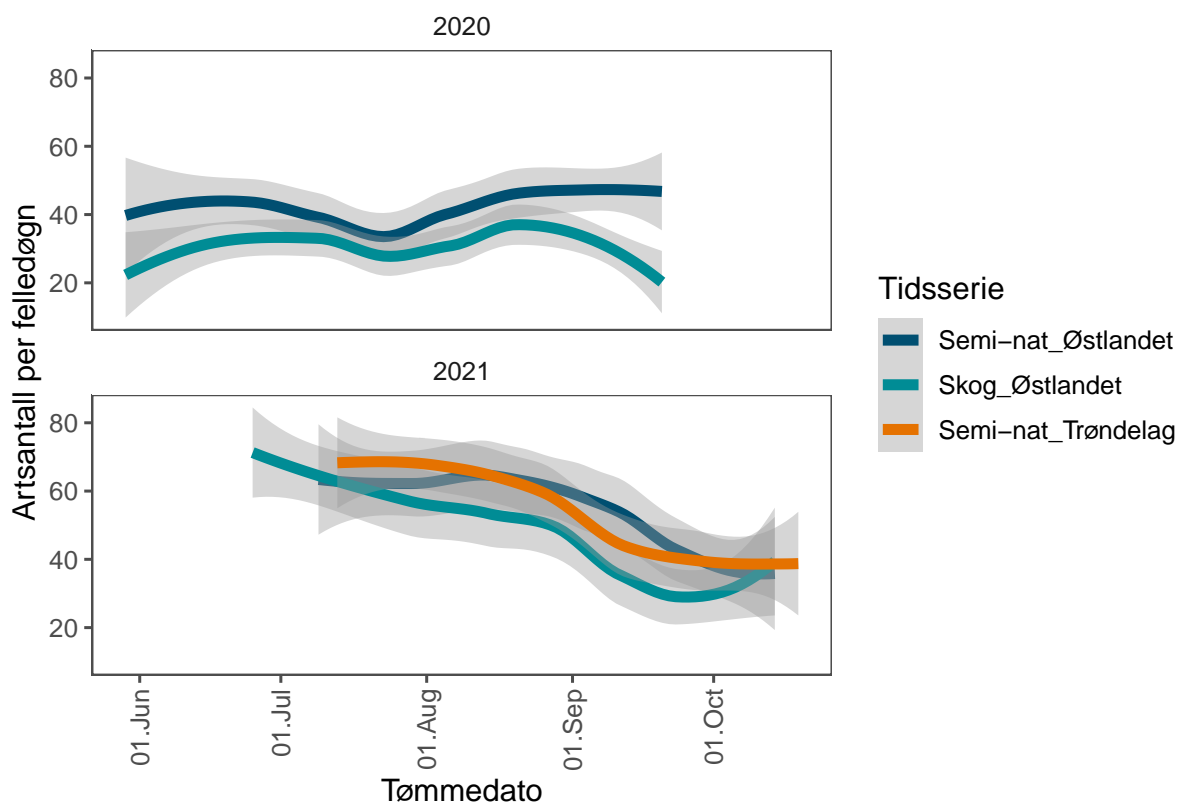


Figur 34: Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark i Trøndelag.

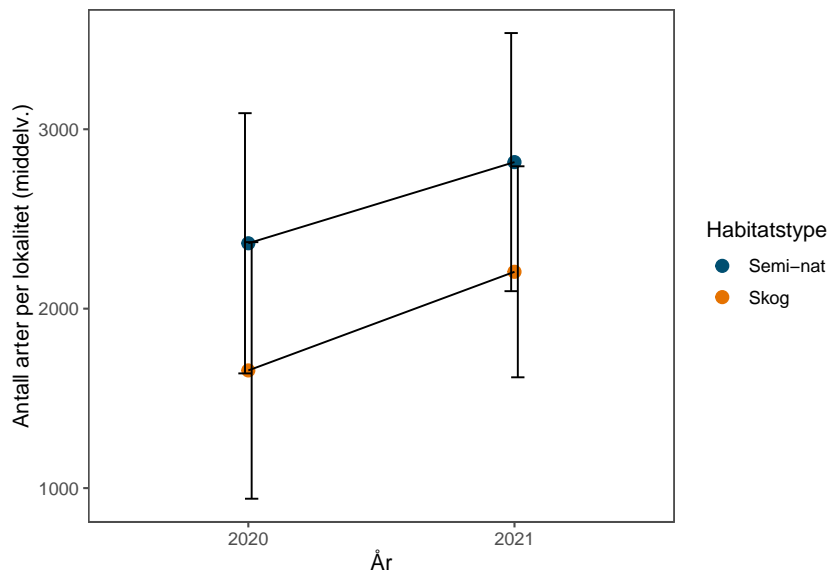
11.3 Diversitet

Tidstrendene i diversitet (Figur 35) viser generelt mindre variasjon enn trenden i biomasse (Figur 30). Semi-naturlig mark ligger også her over skogslokalitetene, men forskjellen er ikke like stor, særlig gjennom juni-juli, da semi-naturlige marker til sammenligning hadde betydelig høyere biomasse en skog. Selv om man skal være forsiktig i tolkningene av så få års data, peker resultatene på verdien i å ikke bare følge med på biomasse, uten også å få artene identifisert.

Figur 36 viser hvor mange arter vi fant i gjennomsnitt per lokalitet, fordelt på år og habitattype. Resultatene avspeiler sannsynligvis til stor grad at vi i 2021 har endret på labprotokoller og bruker en sekvenseringsmaskin som gir oss flere DNA-kopier per prøve.



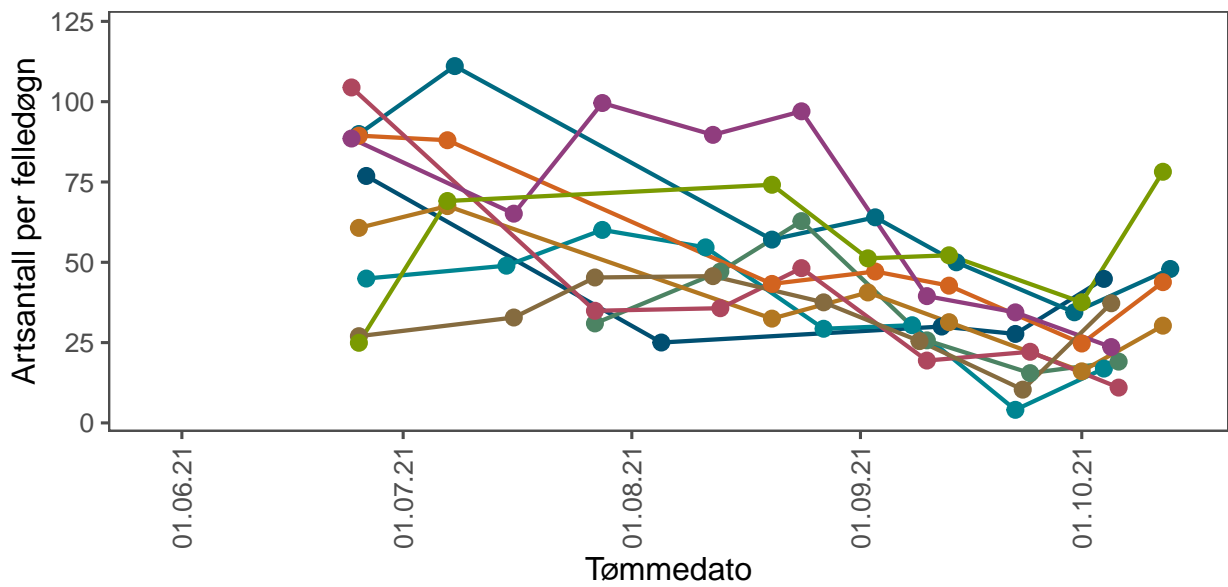
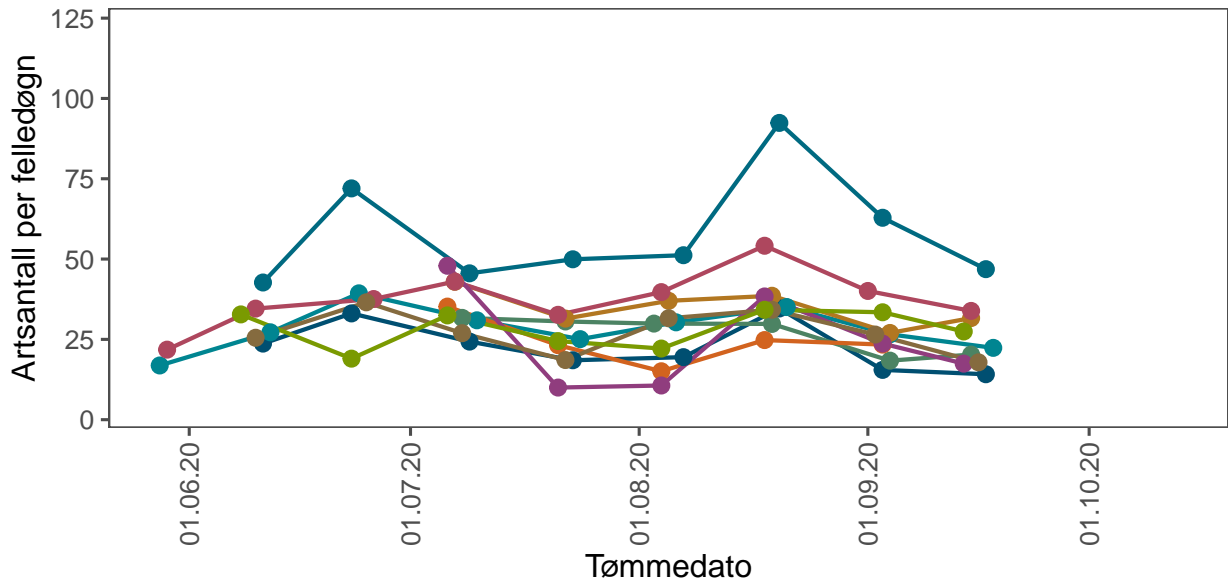
Figur 35: Tidstrend over artsantall (i malaisefeller).



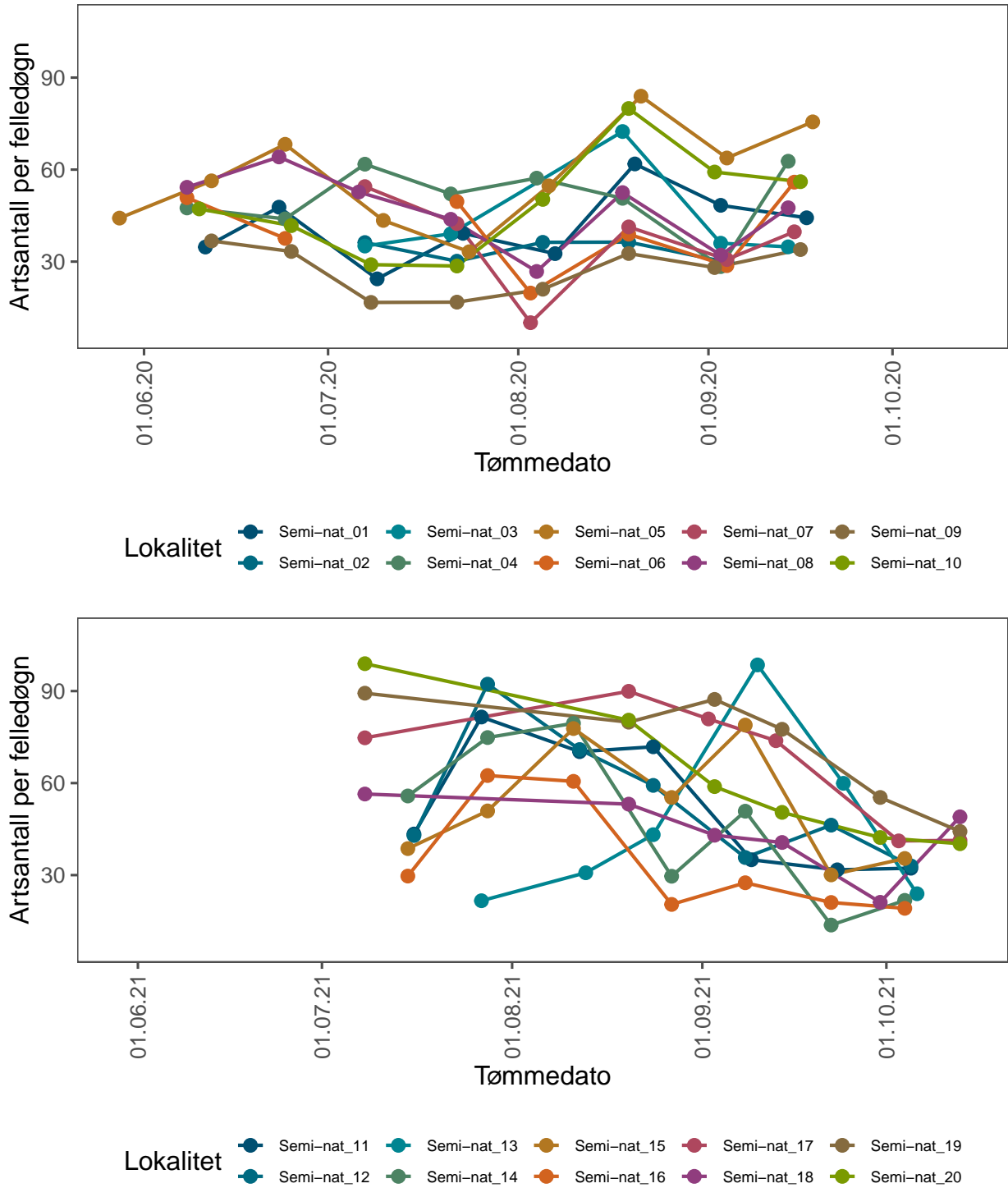
Figur 36: *Middelverdi av antall arter fanget per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark. Kun malaisefeller. Oppgangen i 2021 forklares med en overgang av metastrekkoding til NovaSeq-maskin*

11.4 Variasjon i artsantall mellom lokaliteter

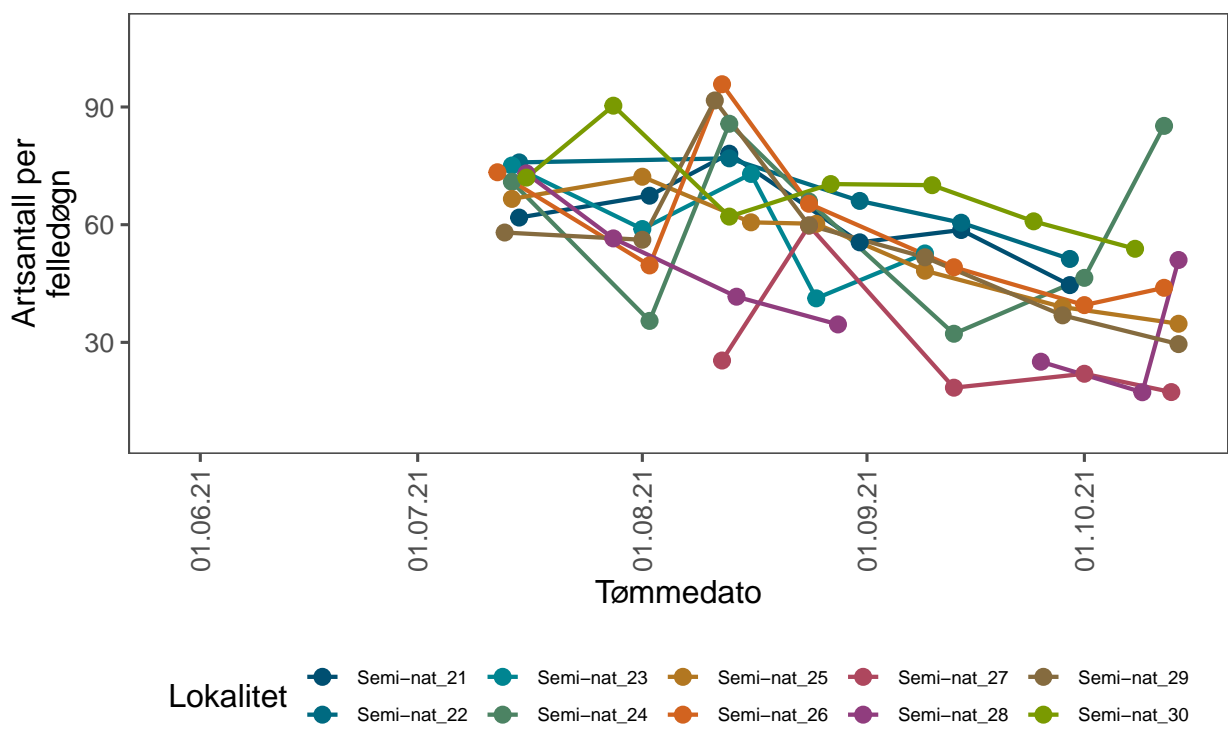
Figurene 37, 38 og 39 viser at artsantallene varierer minst like mye som biomassen, både innen sesong og mellom lokaliteter. Det er bemerkningsverdt at artsantallene fortsetter å være så pass høye på høsten, selv om biomassen da har minsket vesentlig. Det viser på betydningen av å samle inn insekter gjennom en lang sesong og ikke begrense seg til høysommermånedene.



Figur 37: Variasjon i artsantall over tid for skogslokaliteter på Østlandet.



Figur 38: Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark på Østlandet.



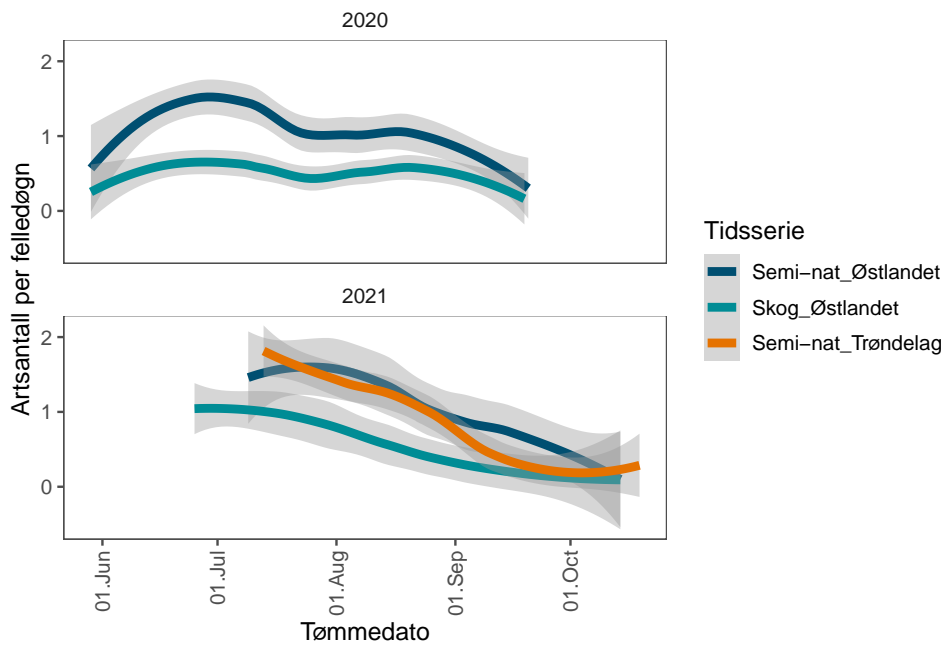
Figur 39: Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark i Trøndelag.

11.5 Pollinatorer

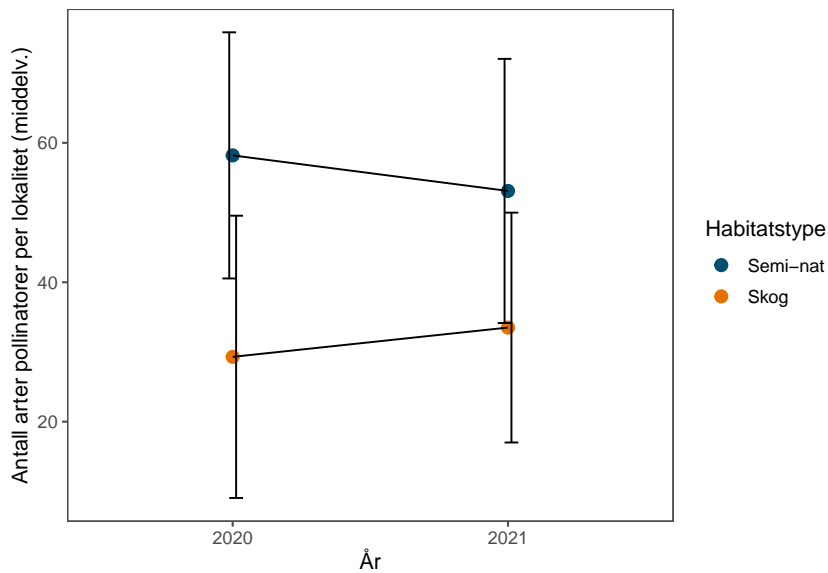
Vi kan også se på tidsseriene for enkelte taksonomiske eller funksjonelle grupper. Pollinatorer for eksempel er ofte interessant å følge med på med tanke på de økosystemtjenester de bidrar med. Pollinatorer er ikke en begrenset taksonomisk gruppe, men vi kan bruke en samling taksonomiske familier for å fange de fleste artene pollinatorer (Tabell 6). Figur 40 viser den generelle tidstrenden i funnene av pollinatorer så langt i prosjektet, vist som antall arter per felledøgn. Ikke uventet har semi-naturlig mark høyere artsantall pollinatorer enn skog. Figur 41 viser forskjellen i totalt antall arter pollinatorer mellom habitatstyper og år. Notere at vi forventer et høyere tall i 2021, da vi har gått over til en ny maskin for DNA-metastrekkoding, der vi detekterer langt flere DNA-kopier enn tidligere.

Tabell 6: Familier som brukes for å ta ut pollinatorer i datasettet. Notere at vi bare tar ut en familie av tovinger, tross at mange flere arter er tenkbare pollinatorer, men at der deres funksjon ikke er homogen innen enkelte familier. Riodinidae har idag ikke noen kjent forekomst i Norge.

Norsk navn	Familie
Gravebier	Andrenidae
Langtunbebie	Apidae
Korttungebie	Colletidae
Markbie	Halictidae
Buksamlerbie	Megachilidae
Blomsterbie	Melittidae
Blomfluer	Syrphidae
Smygere	Hesperiidae
Glansvinger	Lycaenidae
Nymfevinger	Nymphalidae
Svalestjerter	Papilionidae
Hvitvinger	Pieridae
Metallmerker (uoffisiell)	Riodinidae



Figur 40: Tidstrend over artsantall pollinatorer (i malaisefeller).



Figur 41: Middelerverdi av antall pollinatorer fanget per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark. Kun malaisefeller.

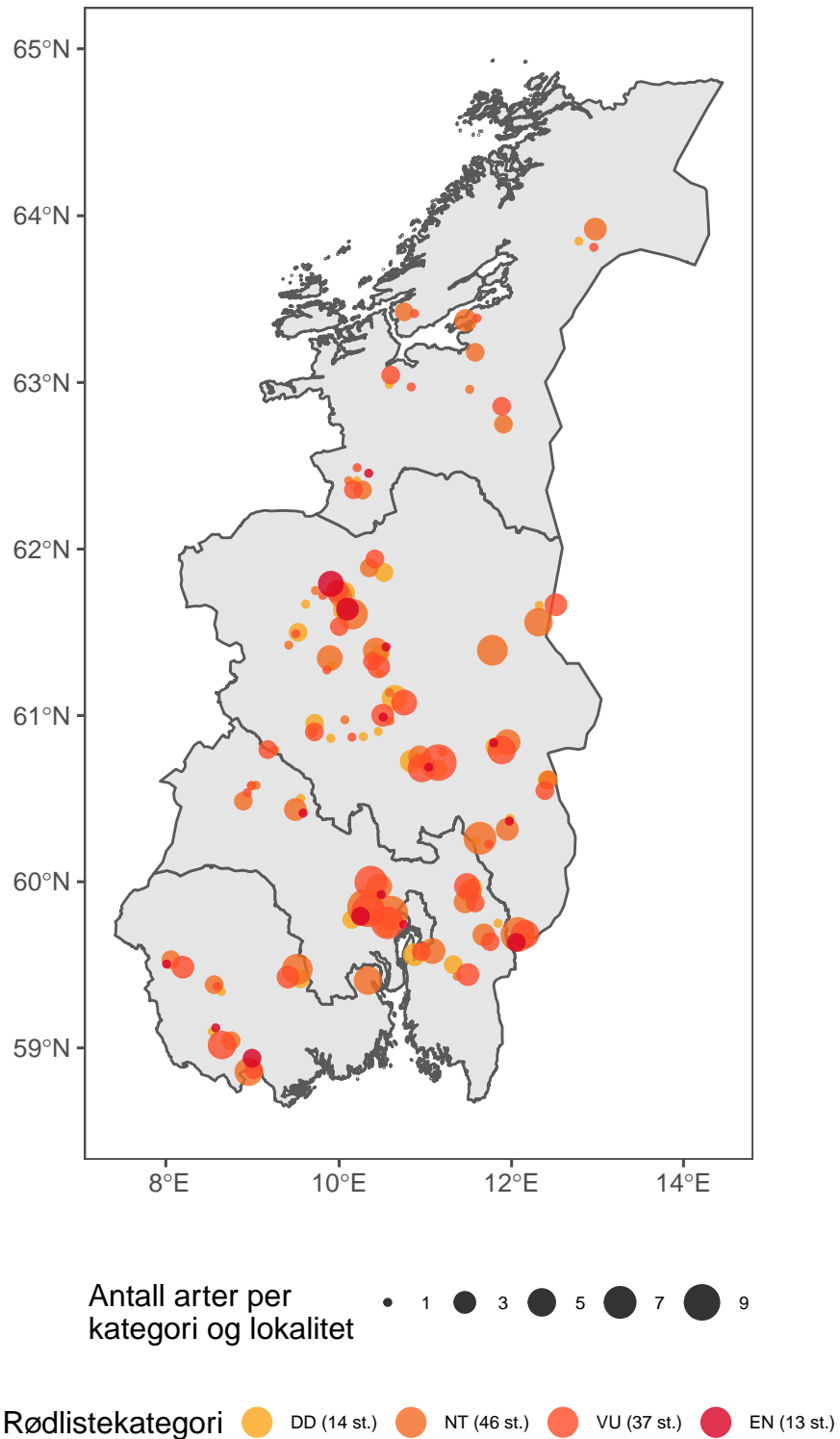
12 Funn av rødlistede arter

Rødlisten fra 2021 inneholder 2256 arter insekter innen kategoriene DD, NT, VU, EN, CR og RE (rødlistede arter). Tabell 7 og 8 lister 110 alle rødlistede arter som overvåkingsprosjektet har observert så langt, og hvor mange ganger de har blitt observert. De fleste artene er sjeldent observert, men enkelte arter forekommer i mange av lokalitetene vi har besøkt. Derfor observerer vi som regel alltid noen rødlistede arter på hver lokalitet. Så langt har vi funnet rødlistede arter i alle 50 de 50 lokalitetene vi har samlet. Dette prosjektet har hverken som mål eller kapasitet til å revurdere rødlisten, men vi noterer at det er sannsynlig at noen rødlistede arter bør revurderes etter noen år med data fra dette prosjektet. Noen arter er for eksempel vanskelige å skille morfologisk, og en omfattende kartlegging med og identifisering med DNA-metodikk kan gi et nytt bilde av forekomsten for disse artene. Samtidig må man vurdere konfidensen for enkelte funn av arter via DNA, særlig sjeldne arter. Flere av funnene av rødlistede arter kommer fra svært få DNA-kopier. Dette gjelder for eksempel snutebillen *Strophosoma fulvicorne*, som ikke ble manuelt identifisert i noen av de 4 kontrollprøvene der den ble detektert med DNA. Det er ikke sannsynlig at en så stor og karakteristisk bille ble oversett i den manuelle identifiseringen. I dette tilfellet ser det altså ut som at tømmeflasken inneholdt noe DNA til arten, uten at det var et enkelt individ tilstede i flasken. Det er svært sannsynlig at det finnes flere slike tilfeller i materialet vårt. Dette fenomenet kan være mer vanlig for vindusfeller som er åpne for at støv og diverse partikler faller ned i flaskene, enn for malaisefeller som er lukket ovenifra og der insektene og øvrig material må bevege seg opp inne i malaisefeltet for å ende opp i flasken. Disse fenomenene bør undersøkes nærmere i fremtiden, for å få en bedre vurdering av kvaliteten til funnene fra DNA, særlig i vindusfeller.

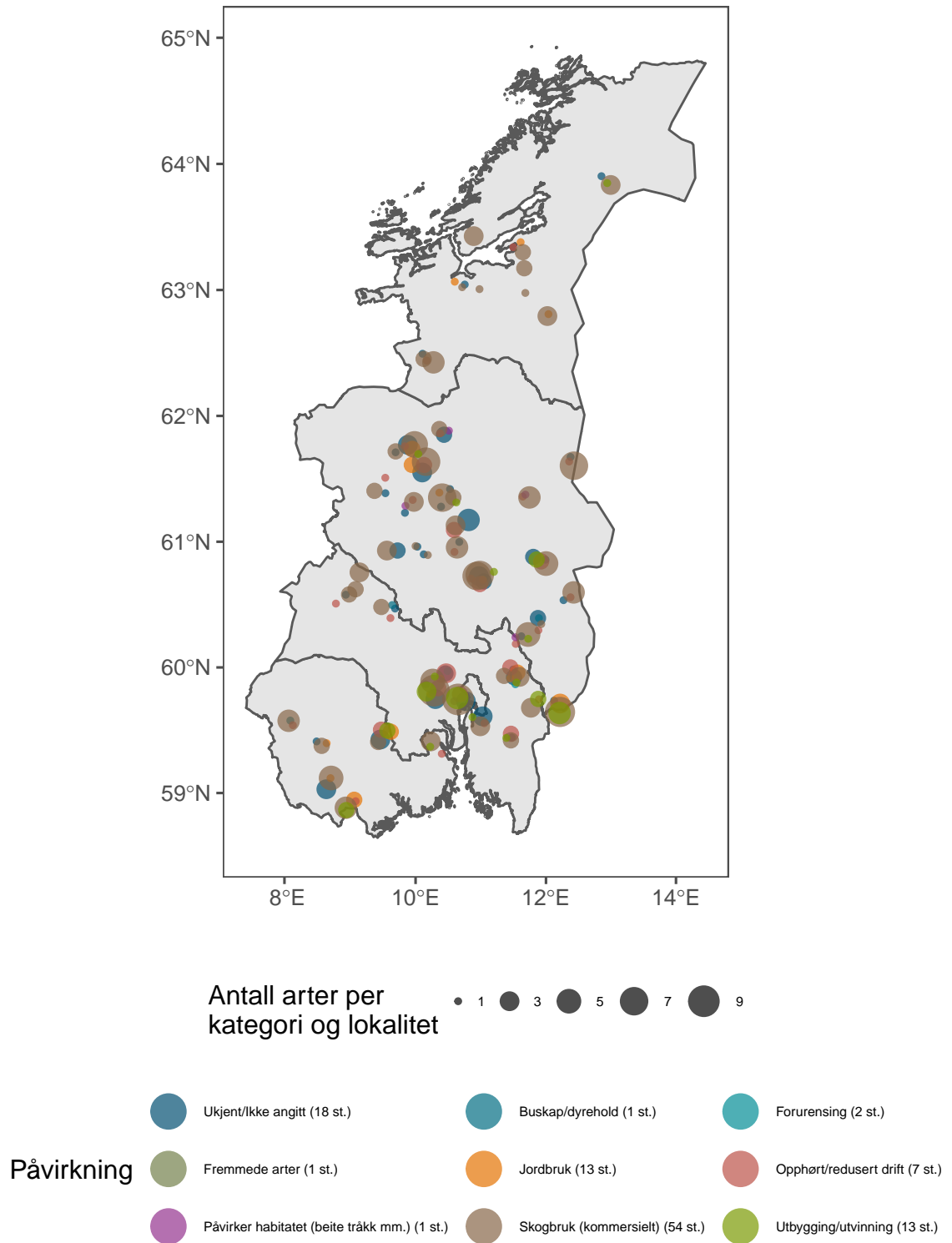
Figur 42 viser hvordan de rødlistede artene fordeler seg i områdene vi har overvåket. Notere at det fortsatt er tidlig å bruke et slikt kart for å konkludere rundt et mønster i fordelingen av rødlistede arter, og at det sannsynligvis vil vises mer tydelig etter et helt omdrev (5 år). Men forsiktig tolket ser områdene rundt Oslofjorden samt Jotunheimen å inneholde en relativt høy forekomst av rødlistede arter, mens de så langt ser ut til å være mindre vanlige i Trøndelag. Med flere lokaliteter i datamaterialet vil man også kunne gjøre mer interessante analyser, der man ser på fordelingen av enkelte rødlistede arter, eller grupper av rødlistede arter med felles påvirkningsfaktorer.

Figur 43 viser funnene av rødlistede arter i forhold til den hovedsakelige påvirkningsfaktoren i rødlisten for 2021. Rødlisten inneholder en rekke med påvirkningsfaktorer angitt i en hierarkisk rekkefølge. Her har vi brukt en kombinasjon av ulike nivåer for å finne det mest informative nivået for hver kategori (i de fleste fall tredje hierarkiske nivå av den første påvirkningsfaktoren). De aller fleste rødlistede artene som har blitt funnet har skogsbruk som hovedsakelig påvirkningsfaktor. Dette gjelder også for mange av de semi-naturlige lokalitetene (se f.eks. Trøndelag med lokaliteter kun i semi-naturlig mark). Opphørt/ redusert drift (av jordbruk) er den nest viktigste faktoren, fulgt av utbygging/utvinning og jordbruk.

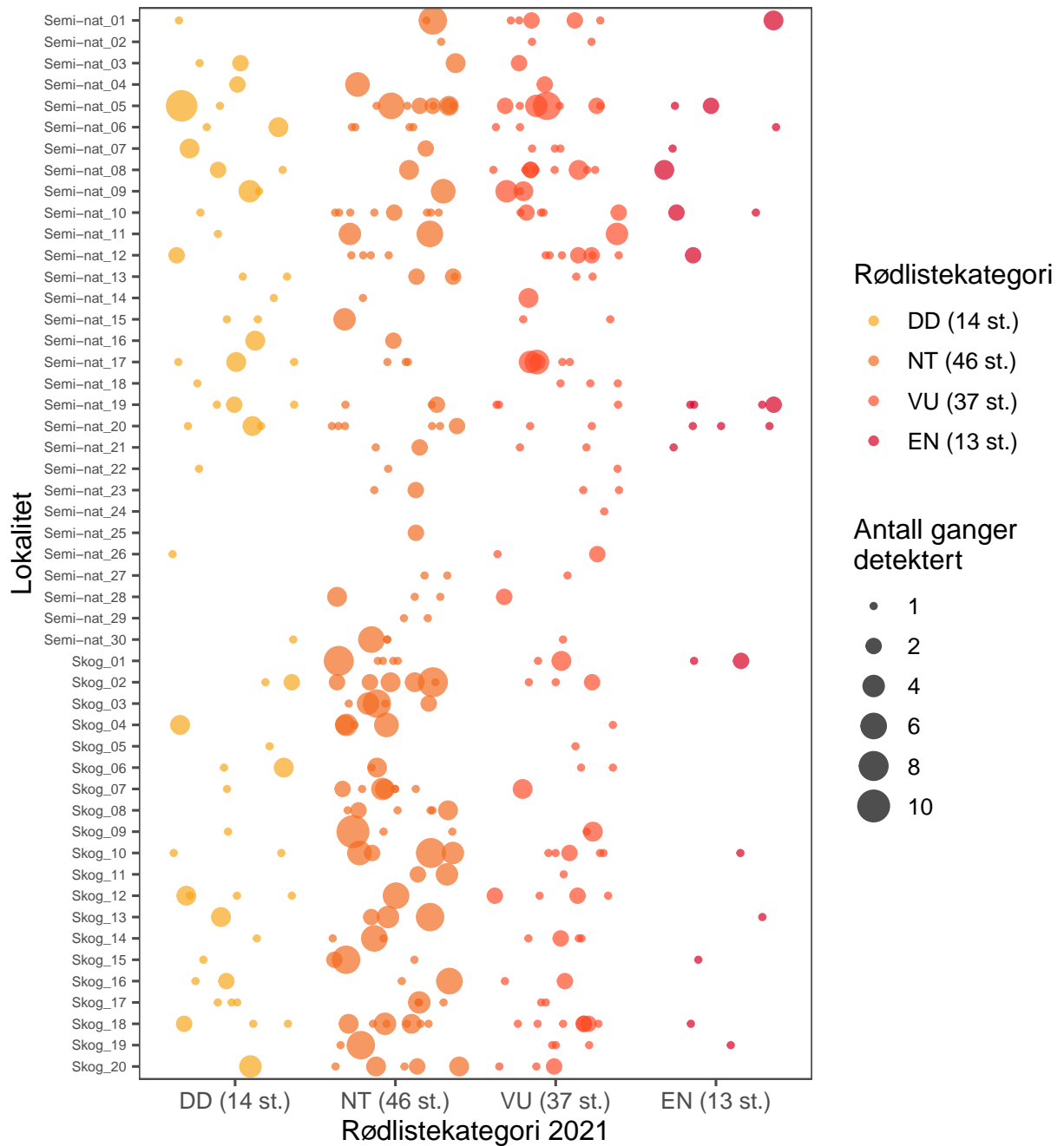
Figur 44 viser hvordan de enkelte rødlistede artene fordeler seg over lokalitetene. Vi kan se at noen lokaliteter har særlig mange rødlistede arter, der semi-naturlig mark dominerer de mest truede kategoriene. Semi-nat_19 og Semi-nat_20 har for eksempel 4 respektive 3 arter som er vurdert som sterkt truet i rødlisten (EN).



Figur 42: Fordeling over funnen av rødlistete arter. Sirkelstørrelsen viser antall funne arter på hver lokalitet, og fargen viser rødlistekategori. Posisjonene er spredt ut noe på kartet for at de ikke skal skjule hverandre.



Figur 43: Fordeling over funnen av rødlistete arter etter påvirkningsfaktor. Sirkelstørrelsen viser antall funne arter på hver lokalitet, og fargen viser påvirkningsfaktor (flere nivåer) angitt i rødlisten for 2021. Posisjonene er spredt ut noe på kartet for at de ikke skal skjule hverandre.



Figur 44: Deteksjon av rødlistede arter i hver lokalitet. Hver sirkel viser funn av en enkelt art i en lokalitet. Størrelsen på sirklene viser antall ganger arten ble detektert på lokalet (enkelte felleobservasjoner).

Tabell 7: Rødlistede arter i kategori DD og NT i prosjektet så langt.

Kategori	Orden	Latinsk navn	Norsk navn	Funnet i antall lokaliteter	Antall ganger observert
DD	Diptera	Microphor crassipes		11	22
DD	Diptera	Tipula kaisilai		10	11
DD	Neuroptera	Hemerobius fenestratus	Vindubladlusløve	7	16
DD	Diptera	Platypalpus australominutus		6	10
DD	Diptera	Mycetophila distigma		5	18
DD	Lepidoptera	Eupithecia goossensiata		5	6
DD	Diptera	Parajungiella pseudolongicornis		4	4
DD	Diptera	Tipula pauli		4	4
DD	Diptera	Ptiolina nigrina	Blekfrynset Småsnipeflue	2	3
DD	Diptera	Orfelia nigricornis		2	2
DD	Hemiptera	Trioza tatensis	Svævesuger	2	2
DD	Diptera	Platycheirus aeratus	Arktisk Fotblomsterflue	1	1
DD	Neuroptera	Coniopteryx borealis	Nordvoksvinge	1	1
DD	Trichoptera	Oxyethira klingstedti		1	1
NT	Diptera	Mycetophila gemerensis		25	70
NT	Coleoptera	Strophosoma fulvicorne		22	111
NT	Lepidoptera	Scoparia basistrigalis	Rotstrekmosemott	11	18
NT	Coleoptera	Acrotona negligens		9	11
NT	Hemiptera	Ribautiana ulmi	Almebladsikade	6	6
NT	Diptera	Boletina atridentata		5	12
NT	Diptera	Tetragoneura ambigua		5	10
NT	Lepidoptera	Crambus heringiellus	Svart Nebbmott	5	10
NT	Lepidoptera	Dichrorampha sylvicolana	Nyseryllikrotvikler	5	10
NT	Lepidoptera	Atolmis rubicollis	Rødhalslavspinner	5	7
NT	Diptera	Mycomya humida		4	7
NT	Diptera	Phronia distincta		2	3
NT	Hymenoptera	Halidamia affinis		2	3
NT	Lepidoptera	Acleris schalleriana	Krossvedflatvikler	2	3
NT	Lepidoptera	Lampronia fuscata		2	3
NT	Trichoptera	Lype reducta		2	3
NT	Diptera	Hendelia beckeri		2	2
NT	Diptera	Xylota ignava	Rød Vedblomsterflue	2	2
NT	Hemiptera	Psyllopsis fraxinicola	Askegallesuger	1	6
NT	Coleoptera	Malthinus seriepunctatus		1	3
NT	Lepidoptera	Calybites phasianipennella		1	3
NT	Coleoptera	Ptinus dubius		1	2
NT	Diptera	Synneuron annulipes	Reliktmygg	1	2
NT	Hemiptera	Psyllopsis discrepans	Liten Askegallesuger	1	2
NT	Coleoptera	Ampedus cinnabarinus	Stor Blodsmeller	1	1
NT	Coleoptera	Amphicyllis globiformis		1	1
NT	Coleoptera	Atheta taxiceroides		1	1
NT	Coleoptera	Dasytes fuscus		1	1
NT	Coleoptera	Euglenes pygmaeus		1	1
NT	Coleoptera	Gnorimus nobilis	Praktgullbasse	1	1
NT	Coleoptera	Scopaeus laevigatus		1	1
NT	Hemiptera	Aphrophora salicina	Seljeskumsikade	1	1
NT	Hemiptera	Deraeocoris morio		1	1
NT	Hemiptera	Oxycarenus modestus		1	1
NT	Hymenoptera	Dolerus genucinctus		1	1
NT	Hymenoptera	Megachile alpicola	Småbladskjærerbie	1	1
NT	Hymenoptera	Pemphredon clypealis	Liten Knøltregraver	1	1
NT	Hymenoptera	Pristiphora conjugata		1	1
NT	Hymenoptera	Rhogogaster viridis		1	1
NT	Lepidoptera	Cyclophora pendularia	Seljeløvmåler	1	1
NT	Lepidoptera	Eucosma conterminana	Skogsalatengvikler	1	1
NT	Lepidoptera	Eupithecia expallidata	Blek Dvergmåler	1	1
NT	Lepidoptera	Eupithecia immundata	Trollbærdvergmåler	1	1
NT	Lepidoptera	Idaea muricata	Purplengmåler	1	1
NT	Lepidoptera	Narycia duplicella	Svart Algesekks spinner	1	1
NT	Trichoptera	Trienodes unanimitis		1	1

Tabell 8: Rødlistede arter funne i prosjektet så langt. NB at man ikke kan skille *Ampedus sanguinolentus* fra *Ampedus pomonae* med de primers vi bruker.

Kategori	Orden	Latinsk navn	Norsk navn	Funnet i antall lokaliteter	Antall ganger observert
EN	Lepidoptera	Eupithecia ochridata	Okerdvergmåler	4	4
EN	Diptera	Macrobrachius kowarzii		3	6
EN	Lepidoptera	Epermenia profugella	Gjeldkarvetannmøll	3	5
EN	Lepidoptera	Depressaria silesiaca		3	4
EN	Lepidoptera	Selenodes karelica	Rødknappvikler	2	4
EN	Lepidoptera	Bryotropha purpurella		2	2
EN	Coleoptera	Ampedus sanguinolentus	Flekkblodsmeller	1	2
EN	Diptera	Callicera aenea	Lys Messingblomsterflue	1	1
EN	Diptera	Manota unifurcata		1	1
EN	Lepidoptera	Coenonympha hero	Heroringvinge	1	1
EN	Lepidoptera	Coleophora cornutella		1	1
EN	Lepidoptera	Elachista cingillella		1	1
EN	Lepidoptera	Elachista eskoi		1	1
VU	Diptera	Sciophila karelica		21	33
VU	Diptera	Pachyneura fasciata	Urmygg	11	13
VU	Diptera	Mycetophila lastovkai		10	14
VU	Hemiptera	Eupteryx tenella		8	21
VU	Diptera	Greenomyia mongolica		7	11
VU	Diptera	Symmerus annulatus		7	8
VU	Hemiptera	Arboridia pusilla		6	8
VU	Hymenoptera	Pachyprotasis variegata		4	5
VU	Lepidoptera	Ecliptopera capitata	Springfrødråpemåler	4	5
VU	Lepidoptera	Agonopterix hypericella		3	8
VU	Diptera	Megophthalmidia crassicornis		3	7
VU	Lepidoptera	Pristerognatha penthinana	Springfrøvikler	3	4
VU	Coleoptera	Danosoma conspersum	Barksmeller	2	3
VU	Lepidoptera	Notocelia tetragonana	Svart Rosevikler	2	3
VU	Lepidoptera	Phyllonorycter nigrescentella		2	3
VU	Lepidoptera	Coleophora potentillae		2	2
VU	Lepidoptera	Coleophora uliginosella		2	2
VU	Lepidoptera	Eucosma suomiana	Oker Gullrisengvikler	2	2
VU	Diptera	Boletina cordata		1	3
VU	Lepidoptera	Elachista bisulcella		1	2
VU	Lepidoptera	Elachista elegans		1	2
VU	Lepidoptera	Oxypteryx atrella		1	2
VU	Lepidoptera	Phiaris dissolutana	Lavprydvikler	1	2
VU	Coleoptera	Mycetophagus decempunctatus	Tiflekkvedsoppbille	1	1
VU	Diptera	Ferdinandea ruficornis	Sørlig Bronseblomsterflue	1	1
VU	Diptera	Trichomyia urbica		1	1
VU	Hymenoptera	Bombus quadricolor	Lundgjøkkhumle	1	1
VU	Hymenoptera	Empria excisa		1	1
VU	Hymenoptera	Pristiphora insularis		1	1
VU	Lepidoptera	Callisto insperatella		1	1
VU	Lepidoptera	Coleophora proterella		1	1
VU	Lepidoptera	Depressaria daucella		1	1
VU	Lepidoptera	Dichrorampha consortana	Slåttengrotvikler	1	1
VU	Lepidoptera	Melitaea diamina	Mørk Rutevinge	1	1
VU	Lepidoptera	Oxyptilus chrysodactyla	Skjermesvevefjærmøll	1	1
VU	Lepidoptera	Phyllocnistis saligna		1	1
VU	Lepidoptera	Psychoides verhuella	Svarteburknemøll	1	1



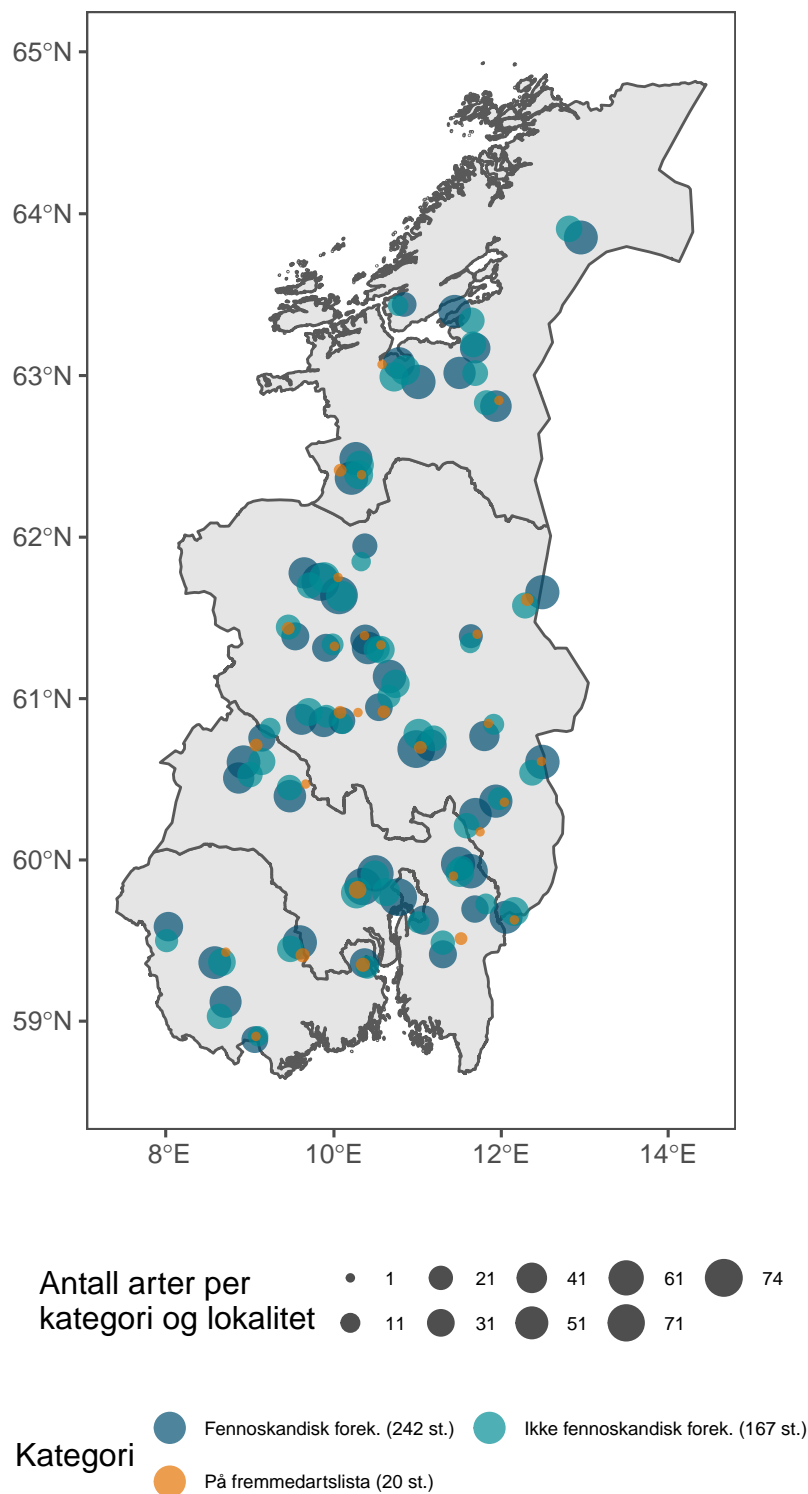
Figur 45: Dørstokkarten *Dohrniphora cornuta*, som er spritt i store deler av verden gjennom mennesker og som ble funnet i en malaisefelle i 2020, 500 meter fra et hagesenter i Notodden. CC BY-SA 4.0 Aleksandrs Balodis

13 Funn av fremmede arter

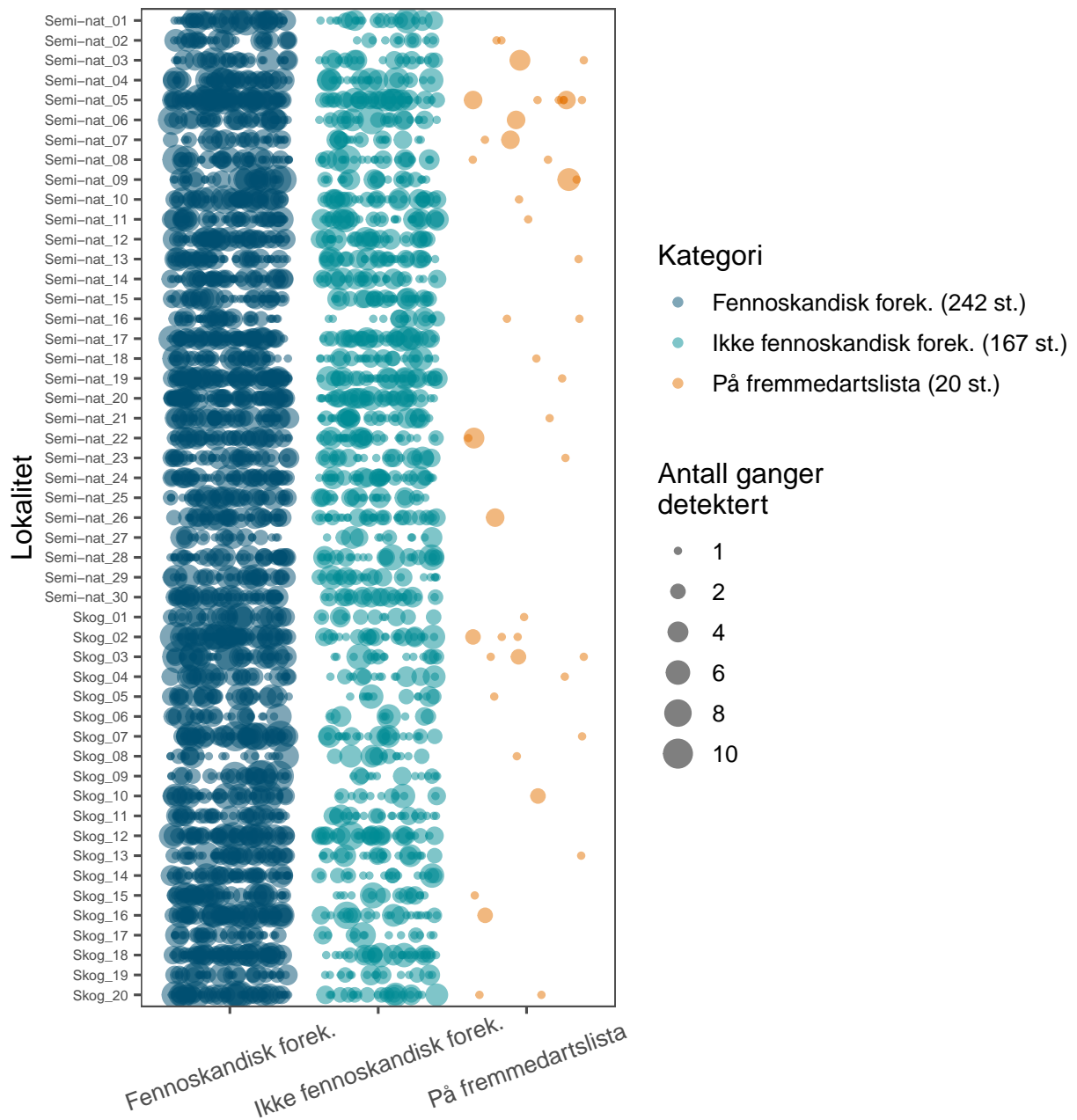
Den store fordelen med metastrekkoding er at man kan identifisere store mengder individer i mange prøver. Gitt den enorme diversiteten hos insekter (og leddyr generelt) er det ikke uventet at vi finner mange arter som ikke tidligere er kjent fra Norge. I dette avsnitt oppsummerer vi funnene av disse artene. Mange av disse er trolig ikke nye for Norge, men har bare ikke blitt observert her tidligere. Dette gjelder sannsynligvis de fleste artene som er kjent fra andre fennoskandiske land. Men utover dem står vi fortsatt igjen med mange arter, som altså ikke tidligere er kjent fra hverken Norge eller fra andre fennoskandiske land. Mange av disse er sannsynlig likevel stedeagne, men noen av dem kan være fremmede. I tillegg har vi noen arter som er registrert på fremmedartslisten, som enten SE, HI, LO, PH eller LO i risikovurdering. Disse er altså definert som fremmede arter. Tabell 9 oppsummerer funnene av de artene som ikke tidligere er kjent fra Norge. Generelt må man også ta høyde for at bioinformatikken ennå ikke er perfekt, og at noen av disse artene kan være falske positive, eller bestemt til feil art. Individuelle funn av fremmede eller potensielt fremmede arter bør derfor vurderes kritisk.

Figur 46 viser hvor artene som ikke er kjent fra Norge er blitt observert. Forekomstene viser ikke noe åpenbare geografiske mønster. Figur 47 viser hvor ofte hver art er blitt funnet i hver lokalitet. Selv om det fortsatt er tidlig å slå fast et mønster så ser det ut som at semi-naturlig mark kan ha en større forekomst av fremmede arter enn skogslokalitetene.

Denne overvåkingen er ikke særskilt rettet mot fremmede arter, og vi finner også generelt færre fremmede arter her enn i prosjektet tidlig oppdagelse av fremmede arter (Jacobsen et al. 2020). Likevel viser funnene i denne overvåkingen at en generell insektovervåking kan komplettere en mer rettet overvåking mot fremmede arter. Et eksempel er fluen *Dohrniphora cornuta* som i 2020 ble funnet i lokalitet Skog_2, i Notodden (Figur 45). Arten er en kjent dørstokkart i Norge, og er spredt av mennesker til store deler av verden. Lokaliteten Skog_2 ligger ca 500 meter ifra et hagesenter i Notodden, og det er høyst mulig at den har spredt seg gjennom import av hageplanter.



Figur 46: Observasjoner av insektarter med ikke tidligere kjent forekomst i Norge. Observasjonene er basert på metastrekkoding. Arter vurdert til NK (Ingen kjent risiko) eller NR (Ikke risikovurdert) på fremmedartslista er ikke tatt med. Posisjonene er spredt ut noe på kartet for at de ikke skal skjule hverandre.



Figur 47: Deteksjon av arter som ikke tidligere har kjent forekomst i Norge. Hver sirkel viser funn av en enkelt art i en lokalitet. Arter vurdert til NK (Ingen kjent risiko) eller NR (Ikke risikovurdert) på fremmedartslista er ikke tatt med. Størrelsen på sirklene viser antall ganger arten ble detektert på lokalet (enkelte felleobservasjoner).

Tabell 9: Antall taksa og arter påvist med DNA-metastrekkoding av alle felleprøver i 2020 og 2021 sortert på orden, antall kjent fra Norge, kjente fremmede arter for Norge, tilstedeværelse i Fennoskandia, og potensielt fremmede arter. Resultatene inneholder også arter observert i uttesting av lengre tømmingsperioder.

Fylum	Klasse	Orden	Antall takson	Takson be- stemt til art	Finnes i Norge	Fremmede arter	Fennoskandiske arter	Potensielt frem- mede arter
Arthropoda	Arachnida	Araneae	128	109	105	0	0	3
Arthropoda	Arachnida	Mesostigmata	5	5	4	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Opiliones	5	5	5	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Sarcoptiformes	2	2	0	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Trombidiformes	15	15	9	0	1	1
Arthropoda	Arachnida	Ukjent	2	0	0	0	0	0
Arthropoda	Chilopoda	Lithobiomorpha	1	1	1	0	0	0
Arthropoda	Collembola	Entomobryomorpha	23	17	17	0	0	0
Arthropoda	Collembola	Poduromorpha	5	5	4	0	0	1
Arthropoda	Collembola	Symphyleona	7	6	5	0	1	0
Arthropoda	Collembola	Ukjent	1	0	0	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Blattodea	3	1	1	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Coleoptera	715	613	583	10	5	1
Arthropoda	Insecta	Dermaptera	4	3	2	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Diptera	6787	2704	2391	4	117	63
Arthropoda	Insecta	Ephemeroptera	31	28	24	0	2	1
Arthropoda	Insecta	Hemiptera	558	362	298	5	30	22
Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	3927	1314	1032	1	78	67
Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	1252	1027	988	0	4	5
Arthropoda	Insecta	Mecoptera	1	1	1	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Neuroptera	43	34	32	0	0	1
Arthropoda	Insecta	Odonata	4	4	4	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Orthoptera	320	16	11	0	1	1
Arthropoda	Insecta	Plecoptera	23	17	17	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Psocoptera	26	22	20	0	2	1
Arthropoda	Insecta	Raphidioptera	3	3	3	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Strepsiptera	2	2	1	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Thysanoptera	16	13	13	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Trichoptera	93	85	79	0	1	0
Arthropoda	Insecta	Ukjent	3555	0	0	0	0	0
		Sum	17557	6414	5650	20	242	167

14 Forklaringsevnen til innsamlede variabler

I dette avsnittet undersøker vi den generelle forklaringsevnen hos de påvirkningsfaktorene vi har tilgang til, både de vi selv samler inn, og de vi kan få tilgang til fra offentlige kilder. Det er mulig at det finnes andre relevante forklaringsvariabler som er tilgjengelige, eller vil bli tilgjengelige i fremtiden. Det skjer for eksempel mye utvikling av satellitt eller annen remote-sensing data som kan vise seg være brukbar i dette prosjektet. Men innsamling av forklaringsvariabler er kostbart, særlig på den landskapskala som ofte påvirker insekter. Vi har derfor begrenset evne til å selve samle inn ytterligere forklaringsvariabler i felt.

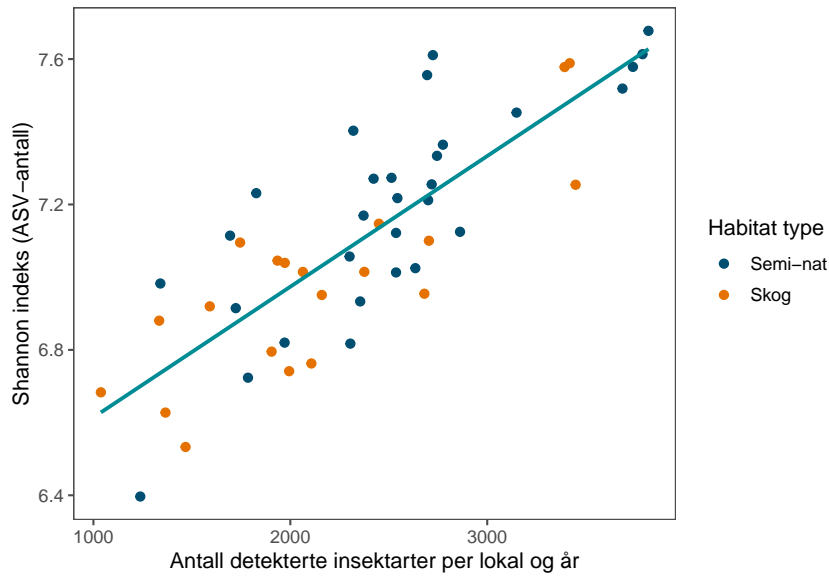
14.1 Hva skal man modellere?

Dette overvåkingsprosjektet vil gi svært artsrike datasett, med detaljerte forekomstdata for svært store insektsamfunn. Datagrunnlaget vil gi mulighet for mange analyser, der man for eksempel ser på forekomst av enkelte arter eller artsgrupper, forhold mellom arter eller taksonomiske eller funksjonelle grupper. I denne rapporten har vi bare kapasitet til å se på de mest grunnleggende analysene og vi må dermed velge hva vi skal modellere. I utgangspunktet begrenser vi oss til biomasse og komposisjonen av insektsamfunnene.

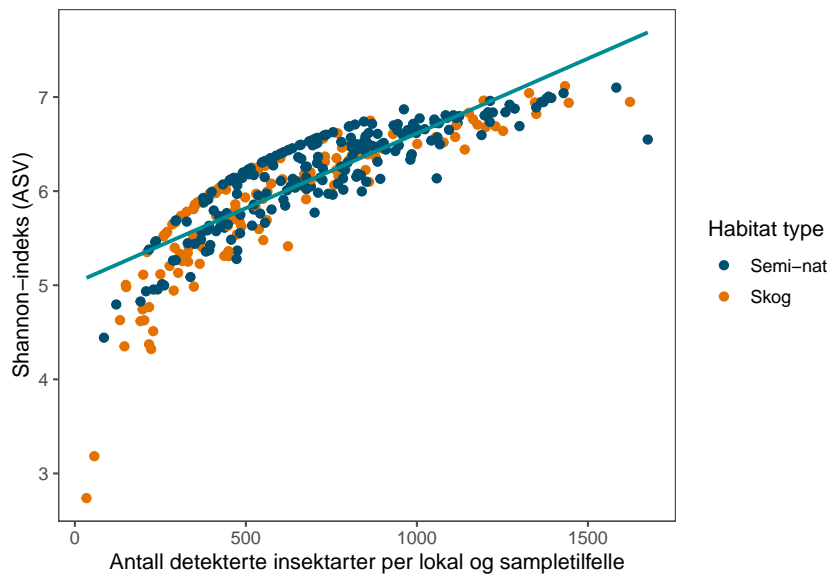
14.1.1 Forhold mellom biomasse, artsantall og diversitetsindeks

DNA-metastrekkoding gir ikke data på individantall som man kan bruke til utregning av Shannon indeks, men man kan bruke Shannon indeks på den genetiske diversiteten i datasettet. I denne beregningen bruker vi antallet genetiske varianter innen samme art som mål på "antallet individer" og beregner ellers indeksen på lik måte som tradisjonelt. Figur 48 viser forholdet mellom Shannon indeks basert på den genetiske diversiteten og det totale artsantallet per lokalitet og år. Det er et tydelig linjært forhold, men med noe variasjon. En enda tydeligere sammenheng vises når vi aggregerer dataene på enkelte tømmeutførelser, på en skala vi har data for værforhold fra loggerne (Figur 49). På denne skalaen er Shannon indeks hos de genetiske variantene tydelig asymptotisk relatert til det totale artantallet.

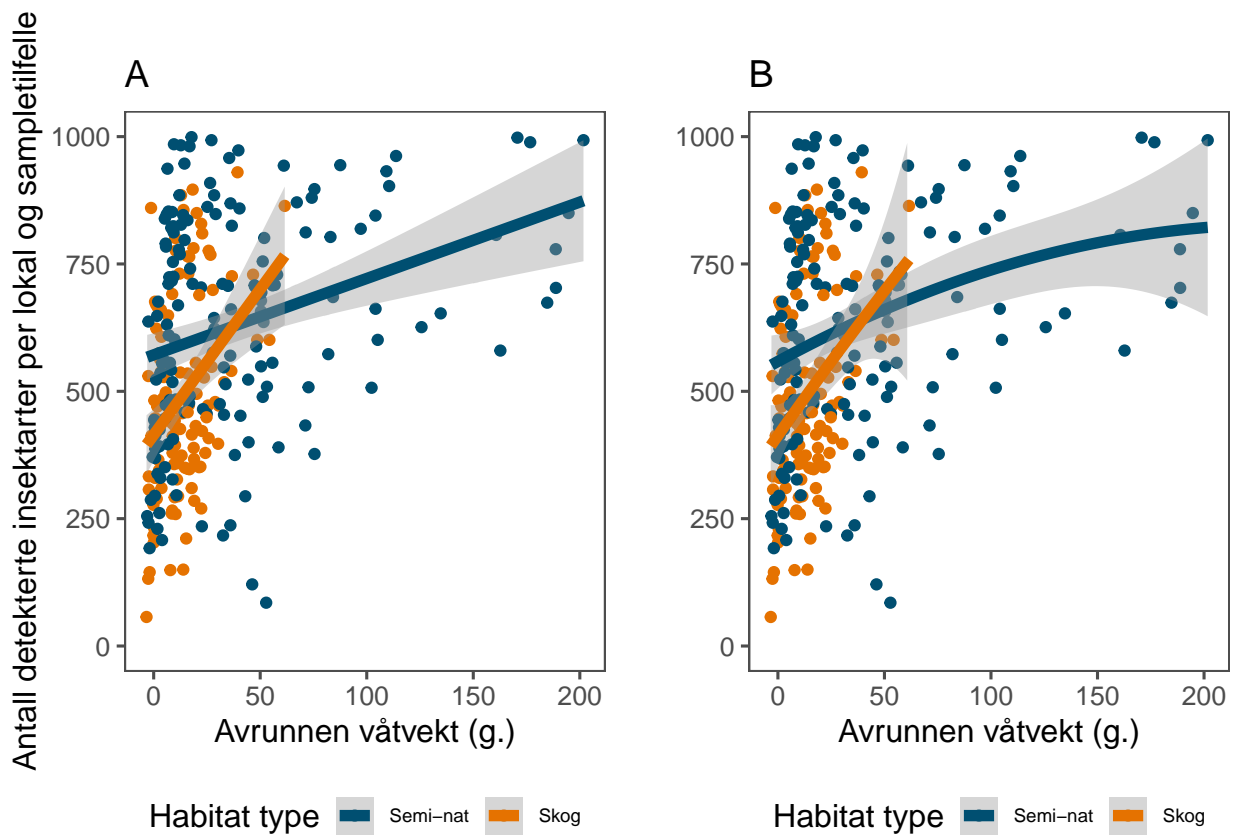
Artantallet samvarierer også naturlig nok med den totale biomassen i en prøve, da det er mer sannsynlig at man finner mange arter i en stor prøve. Figur 50 viser forholdet mellom biomassen av insekter og artantallet i felleprøvene. Selv om vi her ser en større variasjon og mønstrene skiller seg mellom de to økosystemene, så ser vi en tydelig positivt forhold mellom biomasse og artantall. Det kan derfor forventes at en analyse av biomasse og totalt artsantall vil gi lignende svar. Dette kan undersøkes nærmere i fremtiden.



Figur 48: Sammenheng mellom Shannon-indeks basert på den genetiske diversiteten hos hver art og artsantall, summert over lokaliteter og år.



Figur 49: Sammenheng mellom Shannon-indeks basert på den genetiske diversiteten hos hver art og artsantall, summert over lokalitet og tømmeperiode.



Figur 50: Sammenheng mellom biomasse og antall detekterte taksa i felleprøver. A estimert linjært sammenheng, B estimert polynomisk sammenheng.

14.2 Effekt av værforhold på biomasse av insekter

Fra de loggerne vi har plassert ved fellene får vi data på temperatur, luftfuktighet og lys. Disse er naturlig nok sterkt korrelert (Figur 18). Likevel kan det være relevant å inkludere flere av dem, da de sammen kan gi et mer informativt bilde av været på en gitt tid og plass, enn hver for seg. Også variasjonen av verdiene kan gi verdifull informasjon. En periode med regnvær vil for eksempel trolig påvirke variasjonen i både temperatur, luftfuktighet og lys. Det er tenkbart at en kombinasjon av flere av disse forklaringsvariablene tilsammen vil danne et bilde over værforholdene som påvirker insekter, men i en kombinasjon som er vanskelig å stipulere a priori. Alle tenkbare kombinasjoner av slike temperaturdata danner også en altfor stor mengde potensielle modeller for å gå igjennom individuelt. Derfor bruker vi “model averaging” her i en eksplorativ analyse for å undersøke ulike kombinasjoner av disse forklaringsvariabler.

Vi modellerer her biomassen i malaisefellene delt på antallet felledager, og inkluderer habitatstype som en fast effekt, samt lokalitet som tilfeldig effekt. Vi modellerer dermed mengden innfanget biomasse per dag som en funksjon av dataene fra temperaturloggene, gitt tilfeldig variasjon mellom lokaliteter. Vindusfellene tas ikke med, da de bidrar med svært liten biomasse i forhold til malaisefellene, og likevel kan forventes å samvariere med fangsten i malaisefellene. Vi inkluderer middelerverdier av temperaturmålingene fra loggeren plassert i skyggen, relativ luftfuktighet og lys, samt standardavvik av disse variabler gjennom tømmeperioden, som et mål på variasjonen i været. Vi inkluderer bare de innsamlingstilfellene der vi har komplette data av alle variabler og skalerer alle variabler etter $skalert_x_i = \frac{x_i - mean(x)}{stddev(x)}$ for å kunne sammenligne alle variabler på likt grunnlag. Den “globale modellen,” det vil si modellen med alle mulige forklaringsvariabler var dermed:

$$\frac{biomasse}{antall_felledager} \sim scale(avg_temperatur) + scale(avg_rh) + scale(avg_lys) + scale(stddev_temp) + scale(stddev(rh)) + scale(sttdev(lys)) + habitat_type + (1 | lokalitet)$$

Modellen ble kjørt gjennom rutinen `lmer` i pakken `lme4` (Bates et al. 2015), med estimering gjennom “maximum likelihood.” Modellvektning ble gjennomført ved å inkludere alle tenkbare nøstede modeller av den globale modellen gjennom funksjonen `dredge` i pakken `MuMIn` (Baroń 2020). Habitattype og den tilfeldige effekten av lokalitet var med i alle kandidatmodeller. Bare modeller med max 4 AICc høyere enn den beste modellen ble tatt med i videre sammenstilling og vektning av parametere.

Tabell 10 viser en AIC-tabell over de beste modellene ($\Delta AIC \leq 4$). Den beste modellen inneholdt lys, temperatur, variasjon-lys, variasjon-temp og variasjon-luftfuktighet. Den nest beste modellen inneholdt Lys, temperatur og variasjon-lys.

Tabell 10: AICc-vektning av de beste modellene av biomasse fra loggerdata. Kun de modeller med max 4 delta-AIC fra den beste modellen er tatt med.

Modnames	Antall par.	AICc	Delta AICc	AIC-vekt	Kum.vekt
14	7.00	557.93	0.00	0.22	0.22
62	9.00	558.16	0.23	0.19	0.41
30	8.00	558.62	0.68	0.15	0.57
32	9.00	559.15	1.22	0.12	0.69
64	10.00	559.26	1.33	0.11	0.80
46	8.00	559.71	1.77	0.09	0.89
16	8.00	559.89	1.96	0.08	0.97
48	9.00	561.87	3.94	0.03	1.00

Tabell 11: Vekter av parametere i de beste modellene ($\Delta AICc < 4$) av innsamlet biomasse og deres vektete parameterestimater.

Parameter	Total vekt	Med i antall modeller	Parameterestimater
Lys	1.000	8.000	2.395
Temperatur	1.000	8.000	0.926
Variasjon-Lys	1.000	8.000	-1.623
Variasjon-Luftfuktighet	0.580	4.000	0.202
Variasjon-Temperatur	0.427	4.000	-0.107
Luftfuktighet	0.343	4.000	0.059

Tabell 11 viser vekten og estimatene for de forklaringsvariabler fra loggerne som var med i de beste modellene for innsamlet biomasse ($\Delta AICc \leq 4$). Middelerverdi av lys og temperatur, og variasjon av lys var svært viktige variabler og var med i alle de beste modellene. Parameterestimaterne for disse var også høye, med 2.395, 0.926, respektivt -1.623. Dette betyr at ved en økning av det gjennomsnittlige lyset gjennom en innsamlingsperiode på et standardavvik (6446.83 Lux), øker innsamlet biomasse insekter per dag med 2.395 gram. Ved en økning av middeltemperaturer gjennom en tømmeperiode på et standardavvik (3.5 Celsius), øker biomassen av innsamlet insekter med 0.926 gram. Middelerverdien i biomasse per felledag er sammenligningsvis 1.58 gram. Variasjon i lys hadde en tydelig negativ påvirkning av insektmengdene, og variasjon i luftfuktighet og temperatur hadde også en relativt tydelig påvirkning. Tolkningen av disse parameterestimaterne er ikke helt rett frem. Det er viktig å huske at de alle må tolkes i sammenheng med hverandre. For eksempel for variasjon i lys, så er den effekten negativ, gitt de positive effektene generelt av lys og temperatur. Tilsammen danner disse variablene et bilde over stabiliteten i været, som ser ut å sterkt påvirke mengden av insekter vi fanger i fellene.

Den beste modellen av effekten av lokale værforhold for biomassen insekter hadde en R^2 -verdi på 62.8% (marginal R^2 , dvs ikke gitt lokalitet-id). Med andre ord kan vi forklare nesten 2/3 av variasjonen i innsamlet biomasse i fellene kun utifra habitatstype, prøvetakingslengde, temperatur, luftfuktighet og lys.

14.3 Effekt av andre miljøvariabler på biomasse

14.3.1 ANO-kartlegging og landsskogstaksering

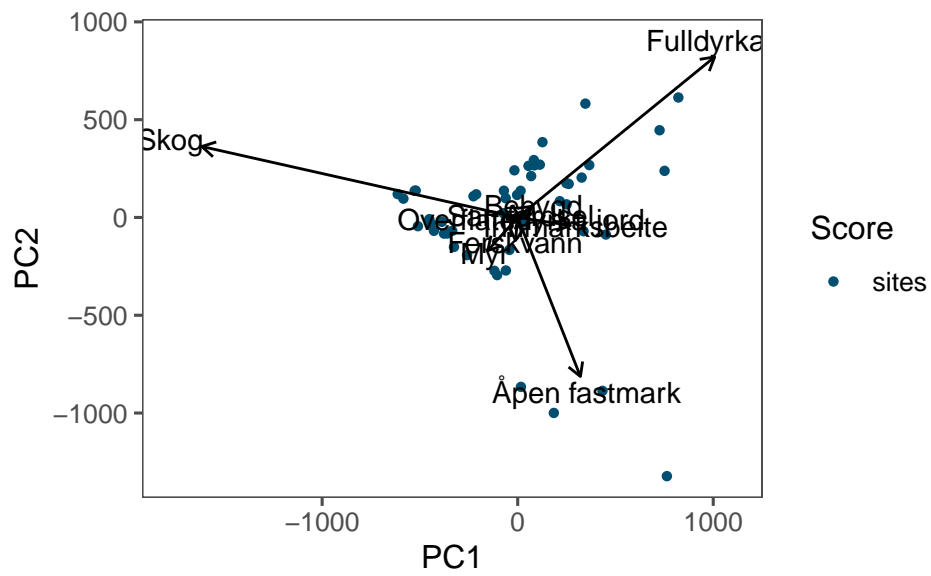
Som tidligere beskrevet samler vi også inn informasjon om den lokale urtefloraen gjennom en ANO-kartlegging. Disse data inneholder artsinformasjon og dekningsgrad av karplanter i markskiktet, samt generell naturtype etter Natur i Norge (NiN). Vi gjennomfører også en forenklet landsskogstaksering, der vi får data på tresort, høyde og diameter på alle trær, samt alder på de to største trærne. Landsskogstakseringen foregår i kun én sirkel på 250 m^2 i nærhet til insektfellene. Dette gjelder også for ANO-kartleggingen i semi-naturlig mark, der vi kartlegger kun én sirkel. Dataene fra disse kartleggingene er derfor et imperfekt mål på all flora og skog som sannsynligvis påvirker forekomstene i fellene, da man kan forvente seg at verdiene inneholder en god del støy. ANO-kartleggingene i skog inneholder som regel alle 18 sirkler på 250 m^2 , da vi samlokaliserte disse lokalitetene med den regulære ANO-kartleggingen. Disse dataene inneholder sannsynligvis en mindre mengde støy. Likevel er det interessant å sammenligne forklaringssevnen til disse dataene, og sette den i samband med forklaringssevnen til andre data som er tilgjengelig f.eks. i AR5. Vi begrenser her undersøkelsene til de mest grunnleggende målen fra ANO og landsskogstakseringen.

14.3.2 Arealtyper i AR5

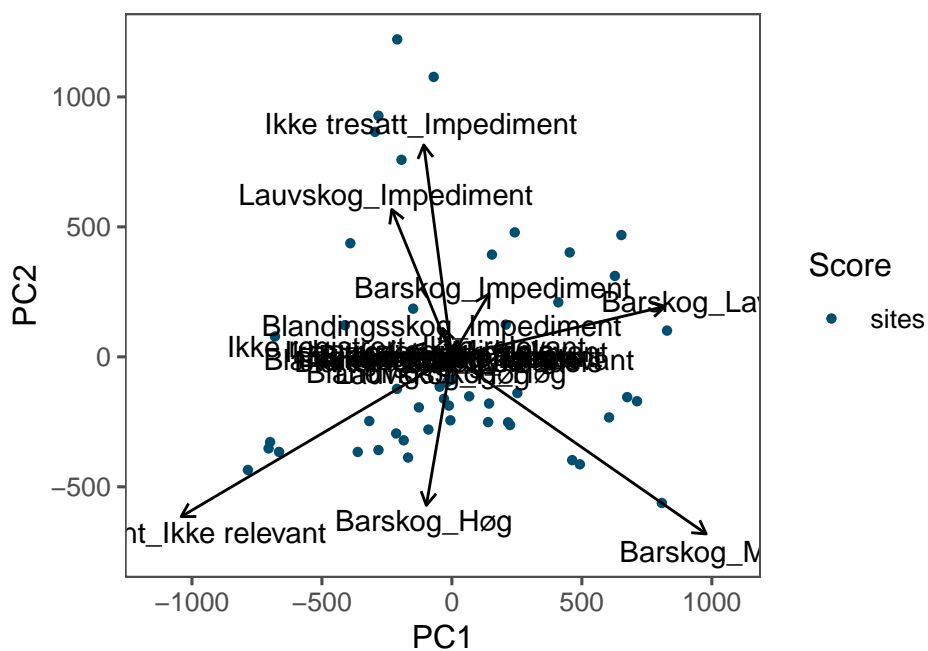
AR5 står for arealressurskart, der resurskartleggingen "ARTYPE" er en ofte brukt forklaringsvariabel, hvilket gjenspeiler det økonomiske potensialet til et areal (Ahlstrøm et al. 2019). Selv om den faktiske bruken ikke alltid gjenspeiler potensialet, gir denne datakilden verdifull kunnskap om komposisjonen av et landskap (se f.eks. Figurer 3 og 4). I tillegg har AR5 nå for tiden også informasjon om skogstype og skogsbonitet, hentet fra skogressurskartet SR16 (Astrup et al. 2019). Den store fordelen med å bruke disse datakildene er at de er heldekkende, og at man derfor kan trekke ut informasjon fra et tilfeldig område, for eksempel fra et helt landskap rundt insektfellene. Manuelle kartlegginger av disse kvalitetene i landskapene vil sannsynligvis kunne være mye bedre, men det ville kreve store arbeidsinnsatser.

I landskapene rundt lokalitetene der vi har samlet insekter har vi totalt 9 arealtyper (innenfor et bufferområde på 1 km). Vi har også hele 21 kombinasjoner av skogstype og bonitet. Disse tilsammen 30 forklaringsvariablene er altfor mange for å teste individuelt, med tanke på deres eventuelle innvirkning på insektforekomster. Vi prøver derfor å redusere antallet forklaringsvariabler gjennom en ordinasjon, der man samler så mye variasjon som mulig i et overkommelig antall "akser." Vi har derfor for hver av disse 30 "forklaringsvariablene" sammenstilt det totale arealet innen en buffer på 1000m radius rundt lokalitetene. Arealtypene (økonomisk potensial) har vi gruppert sammen i et kartlag og skogstypene i et annet kartlag. Vi gjør deretter en PCA-ordinasjon for hvert av disse to kartlagene og bruker de to første PCA-aksene til å modellere fellefangstene. Disse to aksene fanger opp det meste av variasjonen i arealtype respektive skogtype.

Figur 51 viser resultatet av ordinasjonen av arealtype. Vi ser at landskapene rundt våre insektfeller fremst varierer i hvor mye dyrket mark de har, kontra skog (første akse), og i tillegg hvor mye åpen fastmark de har (akse 2). Disse aksene inngår i forklaringsmodellene nedenfor med navnene AR5-arealtype: PCA-akse 1 og AR5-arealtype: PCA-akse 2. I denne ordinasjon har vi ikke skalert variasjonen av de ulike arealtypene da vi ønsker å inkludere arealene på likt grunnlag. Ellers ville den i høy grad overensstemme med NMDS-plottet av variasjonen i landskap, vist i Figur 2.



Figur 51: PCA-analyse over landskapskomposisjon i arealtype etter AR5. Verdiene er ikke normalisert, da alle er fra samme datakilde og samme skala (km²).



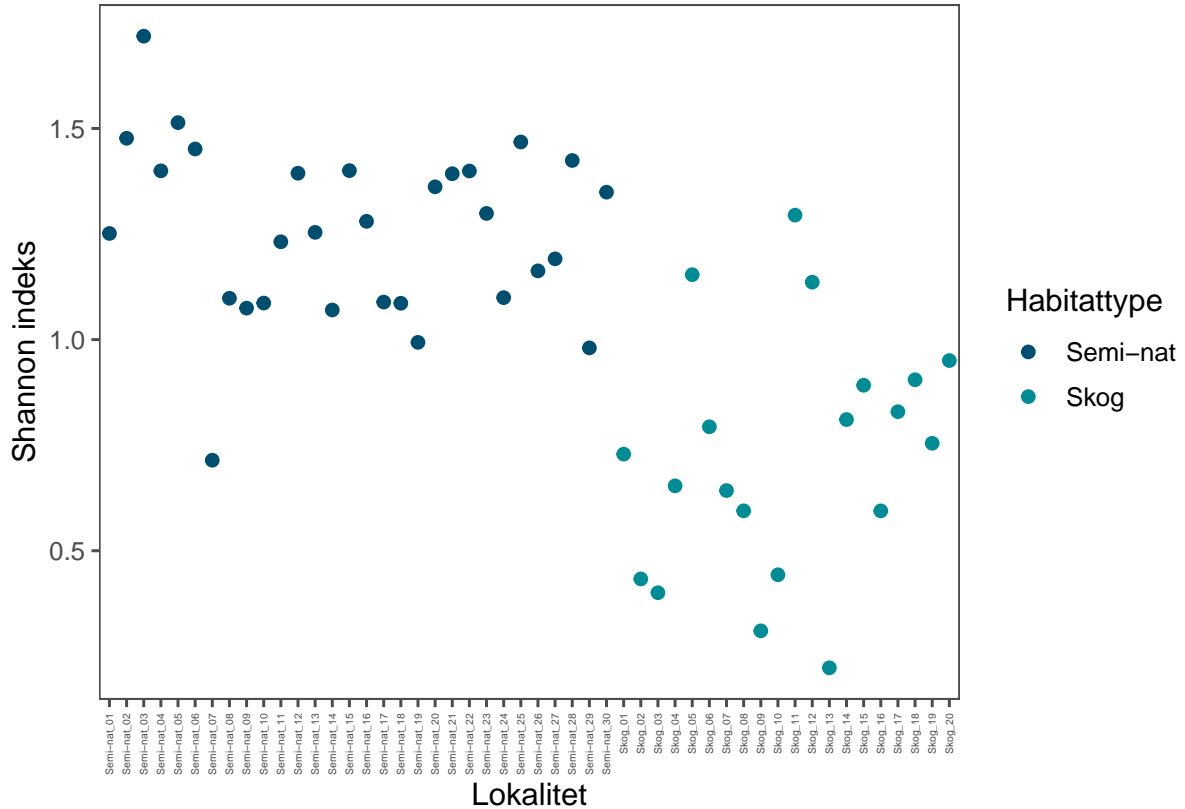
Figur 52: PCA-analyse over landskapskomposisjon i skogtype og bonitet etter AR5 (basert på kartdata fra SR16). Verdiene er ikke normalisert, da alle er fra samme datakilde og samme skala (km^2).

14.3.3 Skog i AR5

Figur 52 viser tilsvarende PCA for skogtype. AR5-skog: PCA-akse 1 dekker først og fremst variasjonen i mengde barskog kontra løv eller ikke tresatt, der mengden barskog øker langs aksene. AR5-skog: PCA-akse 2 dekker først og fremst variasjonen i bonitet, der boniteten synker langs aksene. Disse to variabler inngår i forklaringsmodellene nedenfor.

14.3.4 Romlig komposisjon

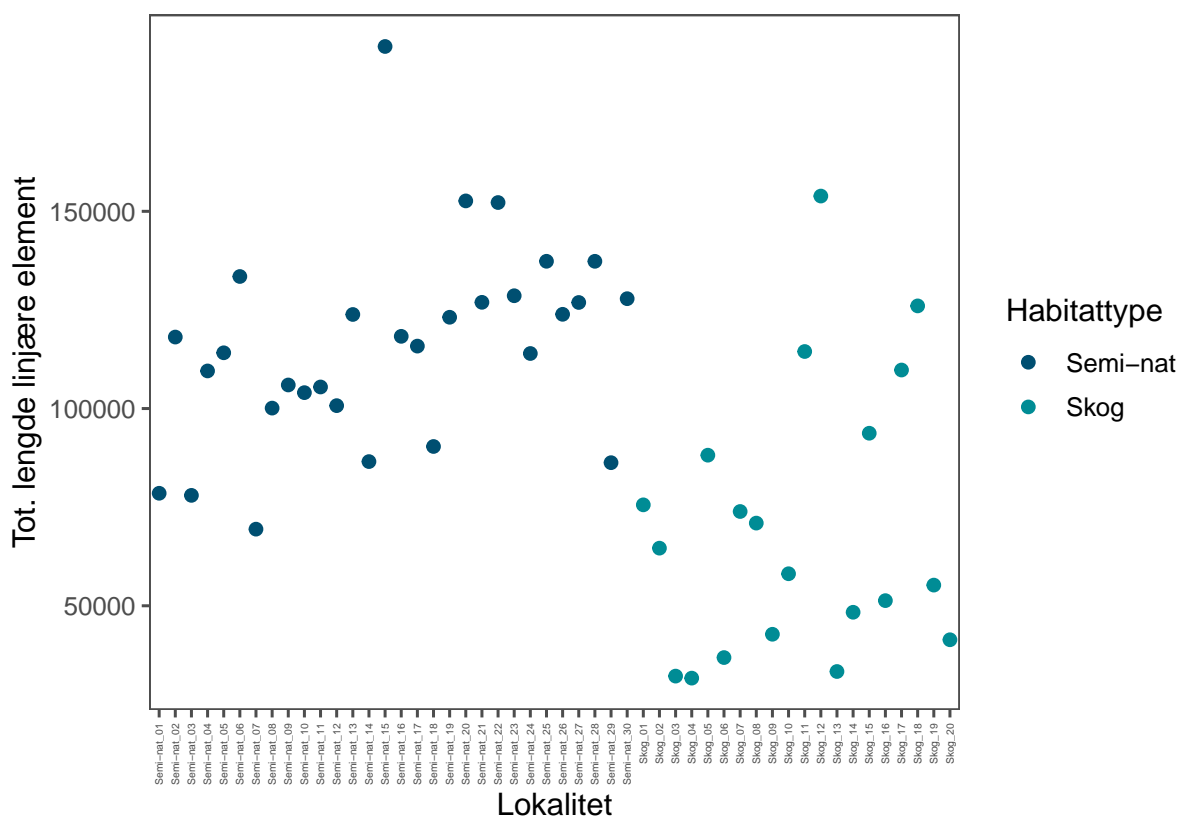
I tillegg til disse variablene beregner vi også Shannon index av arealtype innenfor landskapsbufferne, der en høy Shannon index indikerer et landskap komponert av mange forskjellige arealtype, der det totale arealet av dem er jevnt fordelt. Shannon index av arealtype ble beregnet gjennom rutinen `lsm_1_shdi` fra pakken `landscapemetrics` (Hesselbarth et al. 2019). Dette ble gjort på en rasterisert versjon av AR5-arealtype på et skala av 10m x 10m. Figur 53 viser fordelingen av disse verdiene i datasettet.



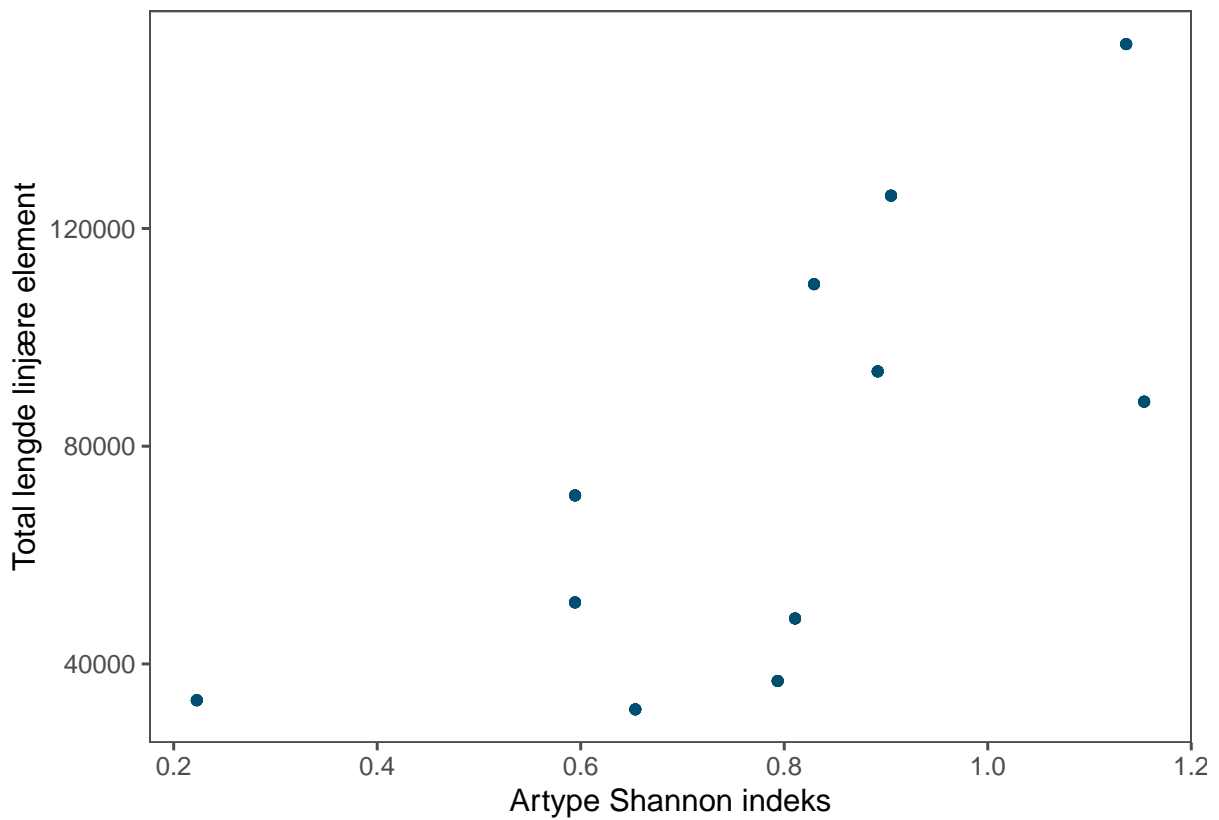
Figur 53: Fordeling av Shannon index av AR5:arealtype innen en buffer med radius 1000m kring lokalitetene.

14.3.5 Lineære element

Til sist beregnet vi også den totale lengden lineære element innenfor landskapsbufferne. Dette ble gjort gjennom å slå sammen nærliggende polygoner av lik arealtype og summere den totale perimeterlengden av de resulterende polygonene. Dette ble gjort gjennom funksjonene `ST_Union` og `ST_Perimeter` i PostGIS (V.2.5.5) og R-pakken `lwgeom` (Pebesma 2021). Hva som regnes som et "lineært element" i forhold til flyvende insekter kan diskuteres, og dette er sikkert ikke et perfekt mål. Denne metoden inkluderer alle grenser mellom forskjellige areal typer i AR5-kartlaget. Det kan være for eksempel en skogkant, en åkerkant til en beitemark, eller en veikant. Slike "lineære element" oppleves ikke nødvendigvis lineære ut ifra en menneskelig skala, da de kan se ut til å svinge betydelig. Likevel danner de ofte et brytepunkt i landskapet som flyvende insekter enten samles ved, eller følger i sin ferd mellom områder. Figur 54 viser fordelingen av den totale mengden lineære element i landskapet til lokalitetene våre. Mengden lineære elementer øker naturlig nok jo flere typer av arealer man har i landskapet, særlig når flere areal typer utgjør en relativt stor areal. Figur 55 viser sammenhengen mellom mengden lineære elementer og Shannon indeks av areal typer i landskapet. Det tydelige positive sammenhengen betyr at man må tolke effekten av disse sammen.



Figur 54: Fordeling av total lengde av grenser mellom areal typer, innen et buffertområde på 1 km kring lokalitetene.



Figur 55: Sammenheng mellom diversiteten av areal typer (Shannon index) og mengden linjære element i landskapene rundt skogslokalitetene.

14.3.6 Modellering

Når disse forklaringsvariablene var samlet for alle lokalitetene, gjennomførte vi en modellvektning i tråd med metodikken som ble brukt for loggerdataene. Denne øvelsen bør sees på som eksplorativ for å indikere forklaringsvariabler av særskilt vekt. Vi brukte gjennomgående skalerte variabler, i likhet med øvelsen med loggerdata, slik at størrelsen på parameterestimertene direkte kan sammenlignes. Vi inkluderte her loggerdata fra den toppranka modellen for loggerdata i alle modeller, og testet alle kombinasjoner av dataene fra ANO, landskogstakseringen, og landskapsvariablene. Dette betyr at vi tester forklaringssevnen til disse forklaringsvariablene på "landskapsnivå," når man tar høyde for været på "felletømmingsnivå." Vi splittet opp analysen i en separat kjøring for skogslokaliteter og semi-naturlige lokaliteter, for å undersøke eventuelle forskjellige påvirkninger av forklaringsvariablene, samt å kunne inkludere all data som var samlet inn for hver habitattype. For skogslokalitetene inkluderte vi ikke lokalitet som tilfeldig effekt, da den ble estimert til 0 og ikke tillot inkludering av bestandsalder fra landsskogstakseringen. Modellene ble her kjørt gjennom rutinen `glm` i stedet for `lmer`. I øvrig fulgte modellseleksjonen og vektingen samme rutine som tidligere beskrevet for loggerdataene.

14.3.7 Forklaringsevne for biomasse i Skogslokaliteter

Tabell 12 viser de beste modellene for forklaringsvariablene for skogslokalitetene. Alle disse modellene var svært like den største modellen, som inkluderte alle forklaringsvariablene. Tabell 13 viser vektete parameterestimat for forklaringsvariablene som inngikk i disse modellene. Kun det lokalt dominerende treslaget hadde en liten vekt, i øvrig hadde alle tilgjengelige forklaringsvariabler høy vekt, dvs de var alle viktige.

En høy diversitet av arealtyper (Shannon index) var knyttet til høyere biomasse, mens mengden lienære elementer i landskapet rundt fellene (grenser mellom forskjellige arealtyper) var forknippet med lavere biomasse. Disse to variablene er positivt korrelert (Figur 55) og må sees sammen. En mulig tolkning er at et heterogent skogslandskap med flere arealtyper øker biomassen av insekter. Samtidig kan en stor mengde lineære elementer være et tegn på fragmentering av habitatene eller en økt mengde veier. Det kan være slik at insekter i skog responderer særlig negativt på fragmentering av landskapet, men dette er en spekulasjon. Det vil bli interessant å se om disse resultater står seg i fremtiden.

AR5-arealtype: PCA-akse 1 hadde også svært negativ innvirkning på biomassen insekter i skog. Dette er enklere å forklare, da denne akse er knyttet til lav andel skog og høy andel fulldyrka mark. PCA-akse 2 har samtidig positiv effekt, hvilket er knyttet til mindre del åpen fastmark. Vi fanger altså større mengder insekter i skogslokaliteter med mindre andel fulldyrka mark og åpen fastmark, gitt de andre påvirkningsfaktorene. Til sist var også den lokale skogsalderen negativt knyttet til biomasse (yngre skog gir høyere biomasse insekter) og en høyere andel impediment (lav bonitet) var positivt knyttet til biomasse insekter. Disse to variablene er sannsynlig også knyttet til hverandre og må tolkes sammen. En mulig forklaring til disse litt uventede resultater er at unge eller av andre grunner ikke så tette skoger er mer åpne for insekter å flyge igjennom, og at man derfor fanger mer biomasse her, enn i eldre og mer produktive skoger. Det er verdt å undersøke om disse resultatene står seg når man får inn data fra flere lokaliteter.

Den beste modellen av biomasse i skogslokalitetene hadde en R²-verdi på 72.6% (marginal R², dvs ikke gitt lokalitet-id). Ved å inkludere disse forklaringsvariablene på landskapsnivå forklarer vi altså, ca 3/4 av variasjonen i biomasse av insekter i skogslokalitetene, som kan sammenlignes med de 2/3 vi klarte å forklare i modellen med bare værdata.

Tabell 12: AICc-vekting av de beste modellene av biomasse fra skogslokaliteter. Kun de modeller med max 5 delta-AIC fra den beste modellen er tatt med.

Modnames	Antall par.	AICc	Delta AICc	AIC-vekt	Kum.AIC-vekt
895	15.00	142.69	0.00	0.43	0.43
1023	16.00	144.60	1.91	0.17	0.60
1019	15.00	144.94	2.25	0.14	0.73
1017	14.00	145.55	2.86	0.10	0.84
766	16.00	145.60	2.91	0.10	0.94
1018	16.00	146.56	3.88	0.06	1.00

Tabell 13: Vekter av miljøparametere i de beste modellene av innsamlet biomasse i skog (delta-AICc <= 4).

Parameter	Total vekt	Med i antall modeller	Parameterestimat
AR5-arealtype: linjære elementer	1.00	6.00	-2.77
AR5-arealtype: PCA-aksel 1	1.00	6.00	-2.91
AR5-arealtype: PCA-aksel 2	1.00	6.00	1.55
AR5-arealtype: Shannon indeks	1.00	6.00	4.36
Landsskog: skogalder	1.00	6.00	-1.56
AR5-skog: PCA-aksel 2	0.90	5.00	1.11
ANO: dekningsgrad karpl.	0.73	3.00	0.32
ANO: artantall karpl.	0.70	3.00	0.08
AR5-skog: PCA-aksel 1	0.57	5.00	0.30
Landsskog: dominerende treslag	0.16	2.00	

14.3.8 Forklaringsevne for biomasse i Semi-naturlige lokaliteter

For semi-naturlige lokaliteter gjorde vi en modellvekting på samme måte som for skog. Forskjellen er at vi her ikke har landskogstakseringsdata, og at ANO-dataene er mer usikker da den bare kommer fra en ANO-sirkel, mot 18 i skogslokalitetene. For disse lokalitetene kunne vi inkludere en tilfeldig effekt av lokalitet, og modellene ble dermed estimert gjennom rutinen `lmer`, forøvrig som tidligere nevnte modeller.

Tabell 14 viser de beste modellene for forklaringsvariabler for semi-naturlige lokaliteter. I dette økosystemet er det ikke like enkelt å identifisere de beste modellene som for skogslokalitetene. Mange tenkbare modeller presterer nærmest like bra, men inneholder ulike forklaringsvariabler. Dette viser seg også i Tabell 15, der kun to variabler er med i alle de beste modellene, flere variabler har en relativt lav total vekt, og parameterestimatene var generelt lavere enn for skog. Dette kan tyde på at vi mangler noen viktige forklaringsvariabler for fangstene i semi-naturlig mark. En høy dekningsgrad av karplanter var positivt knyttet til biomasse insekter, mens artsantallet karplanter hadde en negativ sammenheng. Disse karakterene kan være et tegn på en allment høyere produktivitet, noe som rimeligvis øker mengden insekter. Diversiteten av arealtype var positivt knyttet til biomasse insekter også i dette økosystemet, mens mengden lineære elementer her hadde en svak positiv sammenheng.

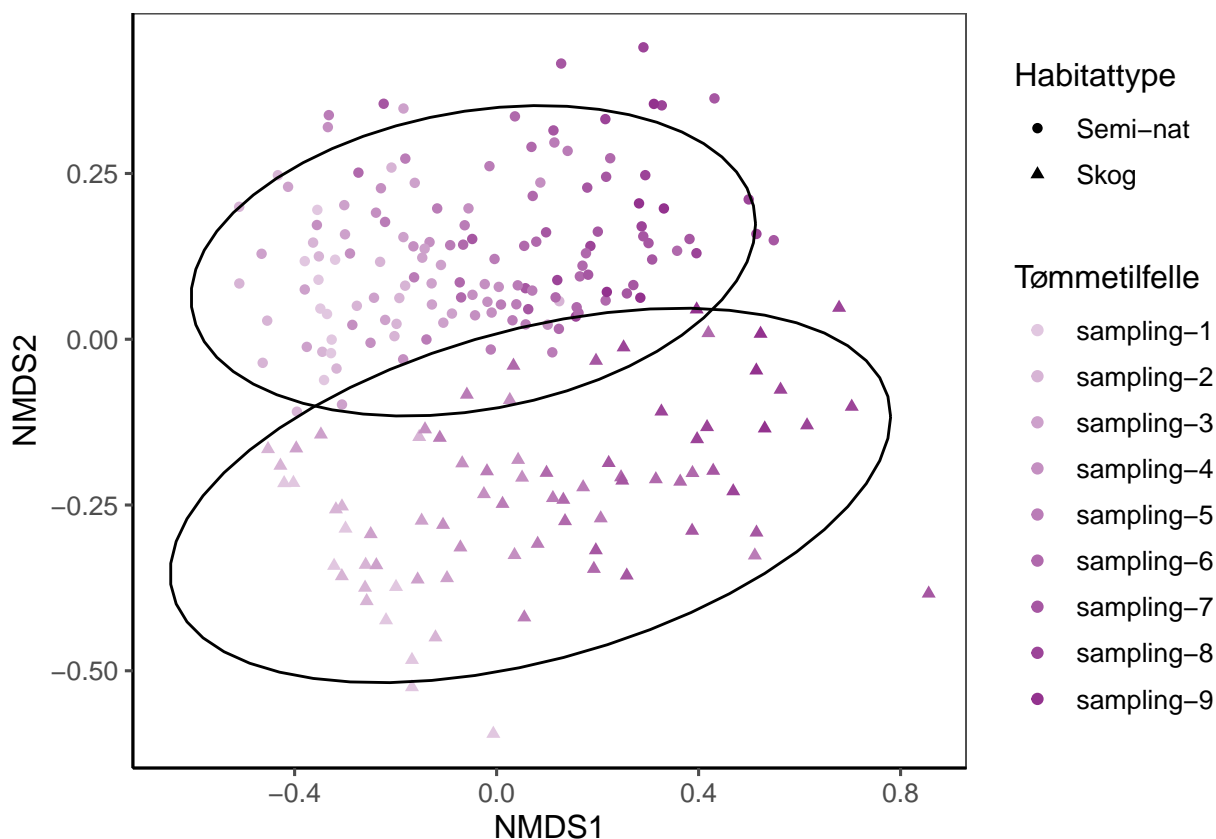
Den beste modellen av biomasse i semi-naturlige lokaliteter hadde en R²-verdi på 72.2% (marginal R², dvs ikke gitt lokalitet-id). Ved å inkludere disse forklaringsvariablene på landskapsnivå forklarer vi altså ca. nesten 3/4 av variasjonen i biomasse av insekter i de semi-naturlige lokalitetene, men noe mindre variasjon enn i skogslokalitetene.

Tabell 14: AICc-vekting av de beste modellene av biomasse fra semi-naturelle lokaliteter. Kun de modeller med max 4 delta-AIC fra den beste modellen er tatt med.

Modnames	Antall par.	AICc	Delta AICc	AIC-vekt	Kum.AIC-vekt
52	12.00	343.84	0.00	0.11	0.11
170	12.00	344.54	0.70	0.07	0.18
188	14.00	344.54	0.71	0.07	0.25
180	13.00	344.56	0.73	0.07	0.33
50	11.00	344.90	1.07	0.06	0.39
56	13.00	344.92	1.09	0.06	0.45
186	13.00	345.41	1.58	0.05	0.50
184	14.00	345.57	1.73	0.04	0.54
60	13.00	345.76	1.92	0.04	0.58
244	14.00	345.99	2.16	0.04	0.62
116	13.00	346.07	2.23	0.03	0.65
54	12.00	346.13	2.29	0.03	0.69
178	12.00	346.14	2.30	0.03	0.72
58	12.00	346.28	2.45	0.03	0.75
114	12.00	346.45	2.61	0.03	0.78
242	13.00	346.60	2.76	0.03	0.80
172	13.00	346.67	2.83	0.03	0.83
192	15.00	346.79	2.95	0.02	0.85
174	13.00	347.04	3.20	0.02	0.88
234	13.00	347.06	3.22	0.02	0.90
252	15.00	347.32	3.48	0.02	0.91
182	13.00	347.32	3.49	0.02	0.93
120	14.00	347.41	3.57	0.02	0.95
248	15.00	347.41	3.58	0.02	0.97
64	14.00	347.45	3.61	0.02	0.99
190	14.00	347.82	3.98	0.01	1.00

Tabell 15: Vekter av miljøparametere i de beste modellene av innsamlet biomasse i semi-naturelle lokaliteter (delta-AICc <= 4).

Parameter	Total vekt	Med i antall modeller	Parameterestimat
ANO: dekningsgrad kartpl.	1.00	26.00	0.81
AR5-skog: PCA-aksel 1	1.00	26.00	0.96
AR5-arealtype: Shannon indeks	0.86	22.00	0.78
ANO: artantall kartpl.	0.59	14.00	-0.26
AR5-arealtype: linjære elementer	0.57	16.00	0.15
AR5-arealtype: PCA-aksel 2	0.41	12.00	-0.15
AR5-arealtype: PCA-aksel 1	0.27	10.00	0.07
AR5-skog: PCA-aksel 2	0.20	8.00	0.03



Figur 56: Ordinasjon som viser hovedmønstrene i betadiversitet i alle insektprøvene innsamlet i 2021. Punktene er farget etter innsamlingsdato og ellipsene viser den 95% konfidens interval for hver habitat.

14.4 Forklaringer av artssamfunn

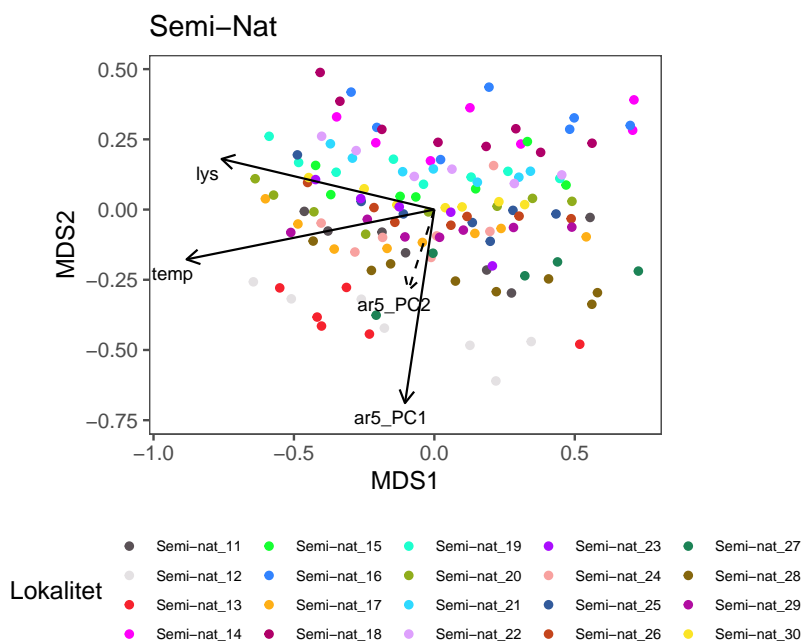
Insektsamfunnene vi måler er svært diverse, og det er sannsynlig at ulike taksa eller funksjonelle grupper reagerer ulikt på ulike påvirkningsfaktorer. Her er mulighetene for analysene nærmest uendelige, og vi begrenser oss her til den mest basale øvelsen, å undersøke hvilke forklaringsvariabler som ser ut å påvirke insektsamfunnet sett under ett. Vi gjør her en ordinasjonsanalyse (NMDS) ved hjelp av pakken `vegan` (Oksanen et al. 2020) på det endelige artsamfunnet som har er tatt frem gjennom pakken `phyloseq` (McMurdie and Holmes 2013).

Hovedmønsteret i artssamfunn på tvers alle prøvene innsamlet i 2021 er det samme som vi fant i 2020: insektsamfunnet er hovedsakelig strukturert av habitat og årstid (Figur 56). Tømmetilfellene er ikke perfekt synket i tid på tvers av lokalitetene, men fungerer her som en god proxy for tid på på året. Vi ser at samfunnene i skog og semi-naturlig mark skiller seg godt fra hverandre selv om nesten 50% av artene som ble påvist fantes i begge habitatstypene.

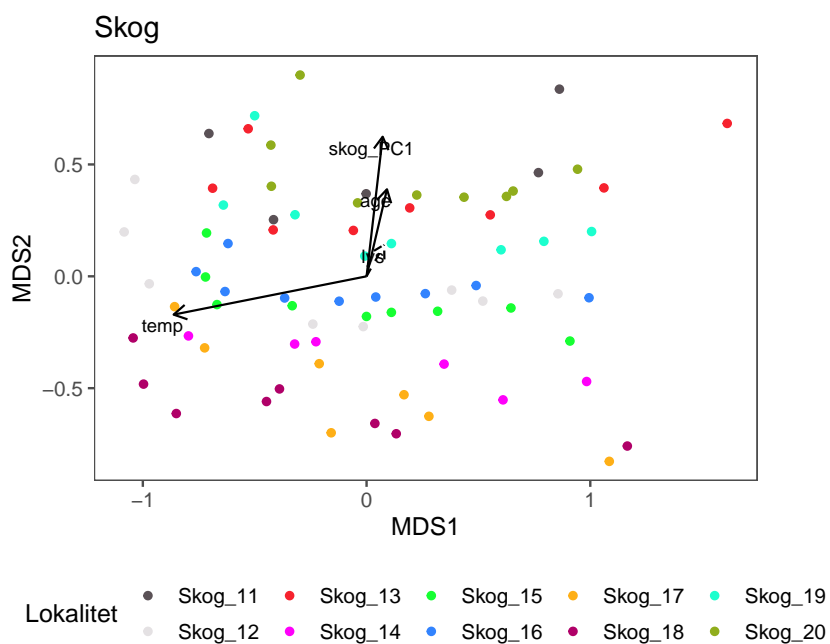
Når vi ser på mulige forklaringsvariabler av betadiversitet mønstre innen de to habitatene, ser vi at temperatur og vegetasjon forklarer det meste av variasjonen mellom prøvene. Temperatur og lys er sannsynligvis koblet til prøvetakingsdato. Komposisjonen i artsamfunnene i semi-naturlig mark var også påvirket av komposisjonen av areal typer i det omgivende landskapet (Figur 57). Vi kunde ikke se en statistisk sikker påvirkning av andre tilgjengelige forklaringsvariabler.

I skogsdata ser vi foruten en effekt av temperatur, også en svak strukturering av samfunnskomposisjon i forhold til lokal skogsalder (data fra den forenklete landskogstakseringen), samt

komposisjonen av skogstyper i det omgivende landskapet (Figur 58).



Figur 57: Ordinasjon som viser sammenheng mellom forklaringsvariabler og mønstre i samfunnskomposisjon i semi-naturlig mark. Solide linier viser signifikant sammenhenger.



Figur 58: Ordinasjon som viser sammenheng mellom forklaringsvariabler og mønstre i samfunnskomposisjon i skog. Solide linier viser signifikant sammenhenger.

14.5 Oppsummering forklaringsvariabler

For å oppsummere så finner vi at de forklaringsvariablene vi samler inn er svært relevante for funnene av insekter i lokalitetene. Lokalt vær er svært viktige faktorer for variasjonen i biomasse, der ikke bare temperatur og luftfuktighet er verdt å måle, men i høy grad også lys. Data fra både ANO og landsskogstakseringen gir også verdifulle forklaringsvariabler, samt data fra AR5, både i areal typer og skogstype og bonitet. For biomassen i skog var det enklere å identifisere de beste forklaringsmodellene, mens flere potensielle modeller presterte likt i semi-naturlige habitat. Sannsynligvis er det verdifult å få tak i flere forklaringsvariabler for disse lokalitetene, slik som data på dyrehold og øvrig skjøtsel av jordbrukslandskapet rundt fellene.

Variasjon i landskapskomposisjon av areal og skogstyper kunne også forklare noe av sammensetningen av artsamfunnene i fellene, som ellers varierte med temperatur/tid på året.

15 Indikatorer

Ulike indekser brukes i økende grad for å si noe om tilstanden for naturen i Norge (Certain et al. 2011; Jakobsson and Pedersen 2020; Jepsen et al. 2020; Nybø et al. 2020; Jakobsson et al. 2021). Det grunnleggende prinsippet er oftest at man sammenligner et målt tilstand med en referansetilstand, og skalerer forskjellen til en verdi mellom 0 og 1. For arbeidet med økologisk tilstand definerer referansetilstanden hva som er “god økologisk tilstand.” Fagsystemet for vurdering av økologisk tilstand bruker følgende definisjon (Nybø et al. 2017):

God økologisk tilstand i norske økosystemer defineres ved at økosystemenes struktur, funksjon og produktivitet ikke avviker vesentlig fra referansetilstanden, definert som intakte økosystemer.

Arbeidet bak vurderinger av økologisk tilstand er en kompleks prosess, som vi ikke går inn på i detalj her, men se (Jakobsson et al. 2021) for en indikatorbasert metode og (Jepsen et al. 2019) for en ekspertpanelbasert metode. Begge disse metodene går ut på at man velger et antall kvalitetselementer som tilsammen fanger flere aspekter av et økosystems tilstand. Vi bruker her termen indikator for slike kvaliteter, og mener de i prinsipp kan inngå både i en indikatorbasert og en ekspertpanelbasert vurdering av økosystemtilstand.

Insektovervåkingen som beskrives i denne rapporten har stort potensial for å gi datagrunnlag til indikatorer eller for tilstanden hos insekter i flere økosystemer. Men arbeidet med å utvikle indikatorer er en omfattende prosess, der vi for insekter fortsatt mangler mye kunnskap for å kunne gjennomføre arbeidet på en faglig robust måte. Utfordringene med oppgaven ble diskutert i (Åström et al. 2020b) der det ble skissert en generell fremgangsmåte for å utvikle kvantitative indikatorer for terrestriske insekter. Kort oppsummert finnes det to hovedspørsmål.

- 1) Hvilke mål bør man velge for å kvantifisere tilstanden for en så mangefasettert og hyperdivers organismegruppe som insekter?
- 2) Hva er referansetilstanden til disse målene, som skal representere “intakte økosystemer.”

Utfordringer og prinsipielle fremgangsmåter for å identifisere 2) referansetilstand, er utførlig beskrevet i Jakobsson et al. (2020). Av de ulike typene av referansetilstand det arbeidet tar opp forekommer “reference communities” (referansesamfunn i vid mening) å være mest brukbart for insekter, muligens i kombinasjon med “habitat availability based models” for ekstrapolering av indikatorverdier til større områder. Problemet er bare at vi mangler konkret kunnskap om referansesamfunn i “intakte økosystemer” for store deler av insektfaunaen i Norge. Derfor er det vanskelig å vurdere de oppmålte verdiene mot et mål, eller uttrykke de i termer av indikatorer, som for eksempel å skalere verdiene på indikatorene fra 0 til 1. For å gjøre det trenger man å identifisere relevante referansesamfunn, noe som er svært vanskelig uten empiriske studier.

Punkt 1 (hvilke mål man velger) er et mer åpent punkt og vi diskuterer her noen eksempler på hvilke mål som kan brukes for å kvantifisere tilstanden, selv om det altså er vanskelig å fullt operasjonalisere disse indikatorene i dag.

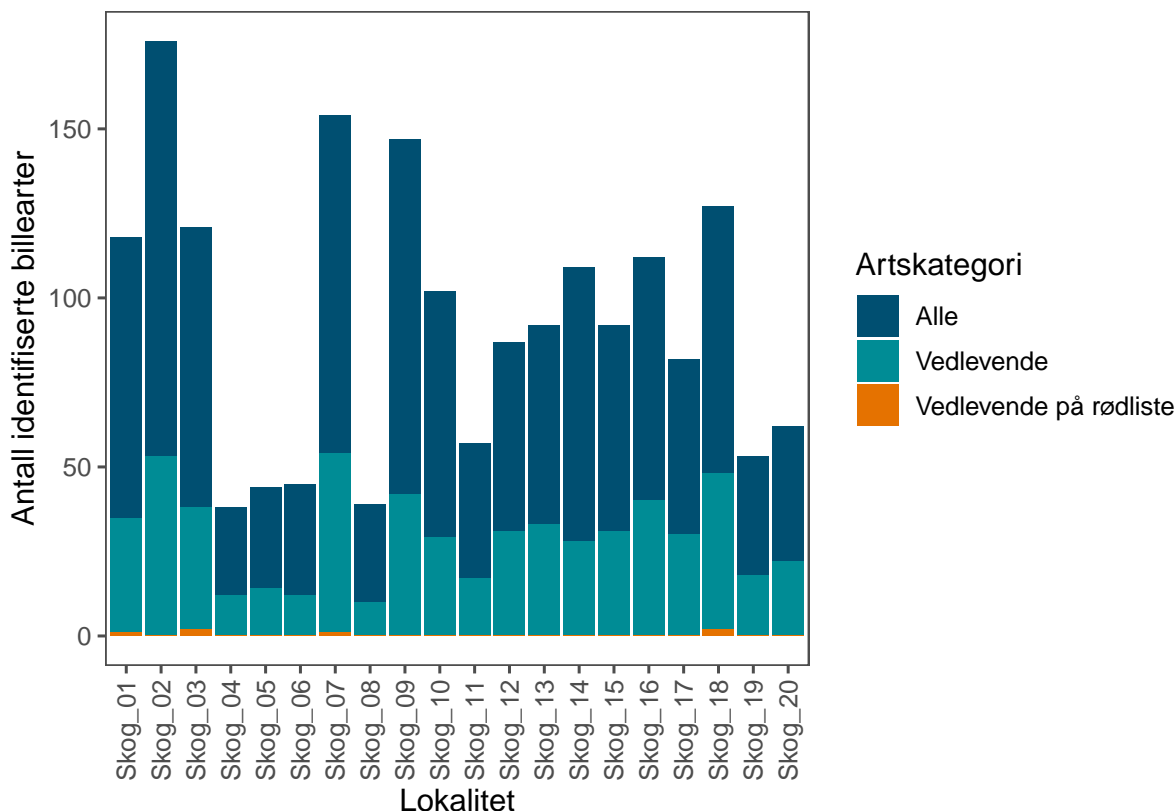
Vi viser her noen indikatorer som kan vurderes for å inngå i en indeks over økosystemtilstand, for både semi-naturlig mark og skog. Vi grupperer dem etter de hovedegenskapene for økologisk tilstand som Nybø & Evju spesifiserte i Nybø et al. (2017).

15.1 Biologisk mangfold representert ved økosystemenes genetiske mangfold, artssammensetning og artsutskifting

Diversitet av biller i skog

Diversiteten av billesamfunn i skog er knyttet til flere egenskaper som vi vanligvis karakteriserer som god økologisk tilstand. Artsantall av treslag, trealder, mengde død ved og artsantall av sopp er eksempler på påvirkningsfaktorer som er kjent for å øke diversiteten av biller. Særlig forekomst av vedlevende biller knyttes ofte til gammel skog eller skog med stor mengde død ved. Diversitet av biller og særlig vedlevende biller er derfor en mulig indikator som kan inngå i økosystemtilstand for skog.

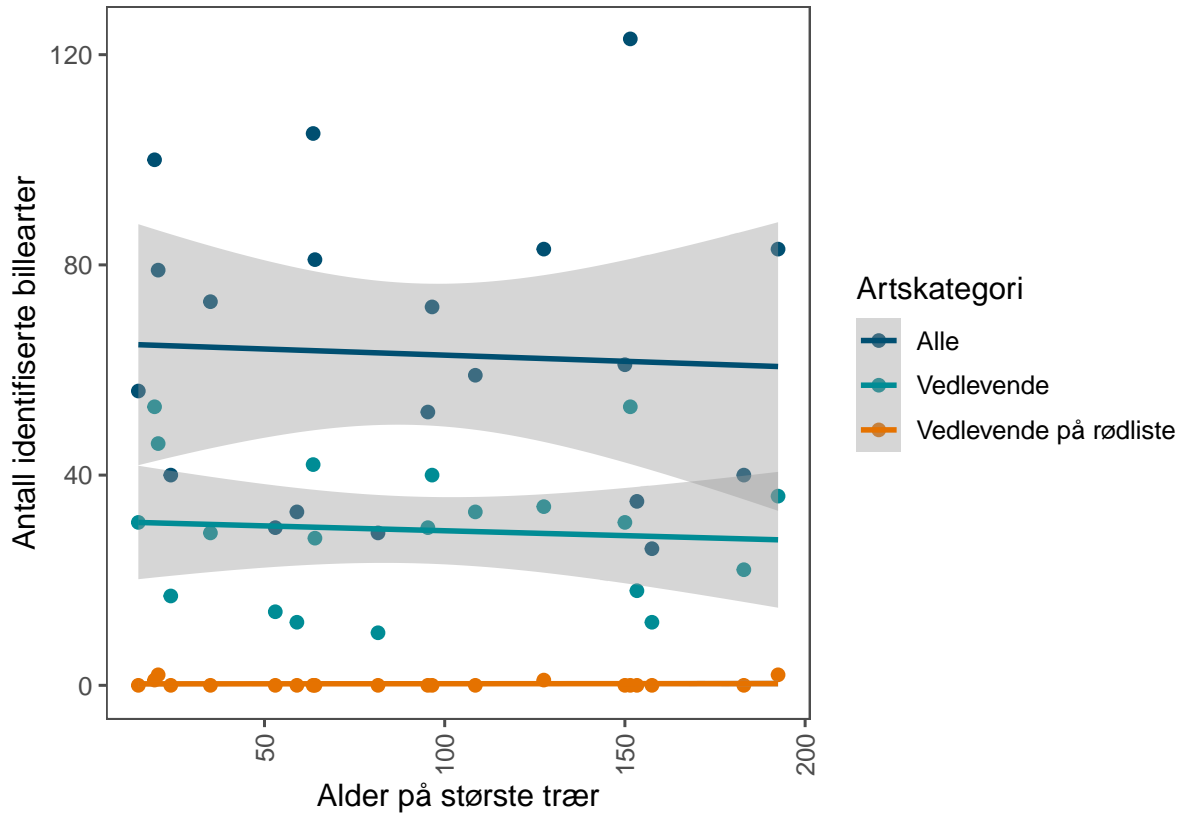
Figur 59 viser en ganske stor variasjon av observert antall arter av biller i skogslokalitetene vi har undersøkt så langt. Vi har skilt ut de vedlevende billene fra en liste som er sammenstilt fra flere datakilder på NMBU over fødetype. Figuren viser at antallet vedlevende billearter i stor grad følger den totale mengden biller. Figuren viser også hvor mange av de vedlevende artene som er rødlistede (på 2021 års rødliste). Vi har så langt fanget svært få rødlistede vedlevende billearter. Det ser derfor ikke ut å være en god indikator å inkludere bare de rødlistede artene, som observeres så sjeldent at man kan forvente seg en stor tilfeldig variasjon i disse tallene.



Figur 59: Antall identifiserte billearter per lokalitet. Fangstene kommer fra 1 malaisefelle og 4 vindusfeller per lokalitet.

Figur 60 viser samsvaret mellom antall billearter og alder på de største trærne i den forenklete landsskogstakseringen vi gjennomførte. Enn så lenge er sammenhengen mellom skogsalder og artsantall biller ganske svakt. Det trenger ikke bety at artsantallet er en dårlig indikator for tilstanden. Alderen på trærne i denne målingen inkluderer bare en sirkel med radius på 8.92 meter, som disse billene kan flyge gjennom på noen sekunder. Alderen på skog i hele land-

skapet kan derfor være en mer relevant forklaringsvariabel. Skogsalder er heller ikke nødt til å være den mest avgjørende faktoren for økosystemtilstand. Hvis skogsalder ville være avgjørende kunne man simpelthen måle trealder og unngå å undersøke billene. I et tilfeldig utvalg av lokaliteter kan man også ende opp med noen uventede sammenhenger mellom ulike variabler. I tilfellet med skogsalder, er det for eksempel mulig (som vi diskuterer i kapittel [xx]) at det korrelerer med bonitet, og at bonitet kan være korrelert med insektforekomst.

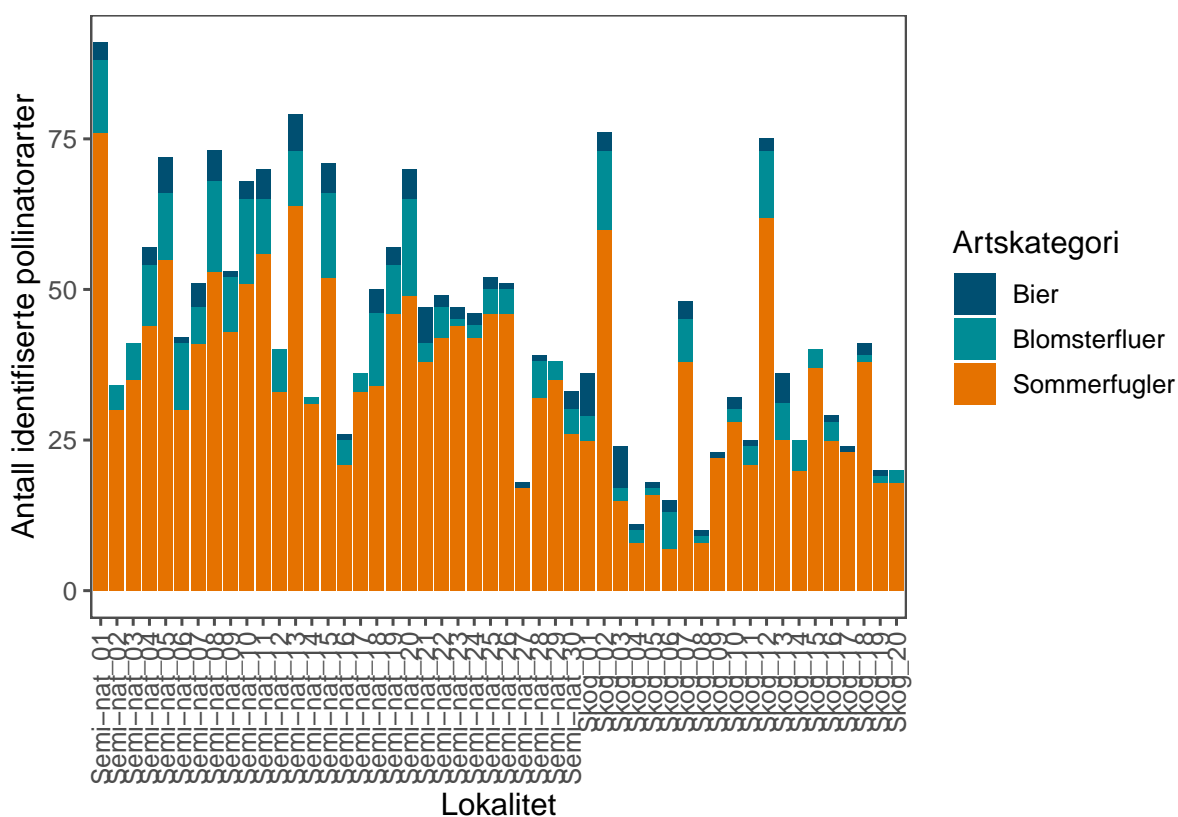


Figur 60: Antall vedlevende arter biller funnet i skogslokalitetene i 2020-2021. Fangstene kommer fra 1 malaisefelle og 4 vindusfeller per lokalitet.

Pollinatorer i semi-naturlig mark

Det finnes flere etablerte fangstmetoder som er spesielt rettet mot pollinatorer. Manuell fangst med håv langs transekter kan potensielt fange alle relevante pollinatorer, men er svært arbeidskrevende. Passiv fangst med gul-skåler er et vanlig alternativ for bier, men disse fellene må tømmes betydelig hyppigere enn malaisefeller, og deres tiltrekkende effekt er ikke alltid å foretrekke. Malaisefellene vi bruker fanger også mange arter av pollinatorer, men ikke i de mengder som mer rettede metoder gjør. Likevel kan man over tid samle inn nok data på pollinatorer i denne overvåkingen for å kunne danne datagrunnlag for indekser også for denne gruppen.

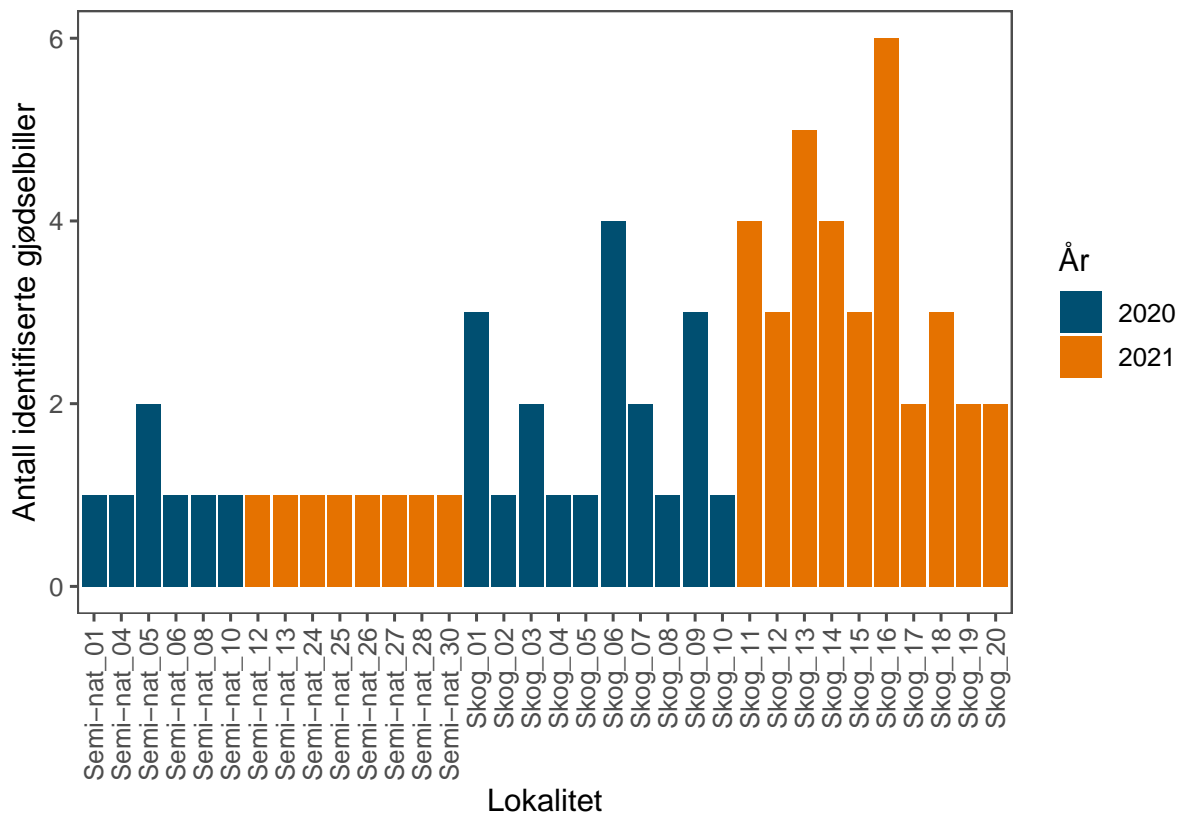
Figur 61 viser fordelingen over pollinatorer i lokalitetene vi har besøkt så langt. Sommerfugler utgjør merparten av funnene, der mange er nattaktive arter, men vi fanger også en stor mengde blomsterfluer, og flere bier. Her har vi brukt familiene notert i Tabell 6 for å definere pollinatorer.



Figur 61: Antall identifiserte pollinatorer per lokal. Fangstene kommer fra 1 malaisefelle per lokalitet.

Gjødselbiller i semi-naturlig mark

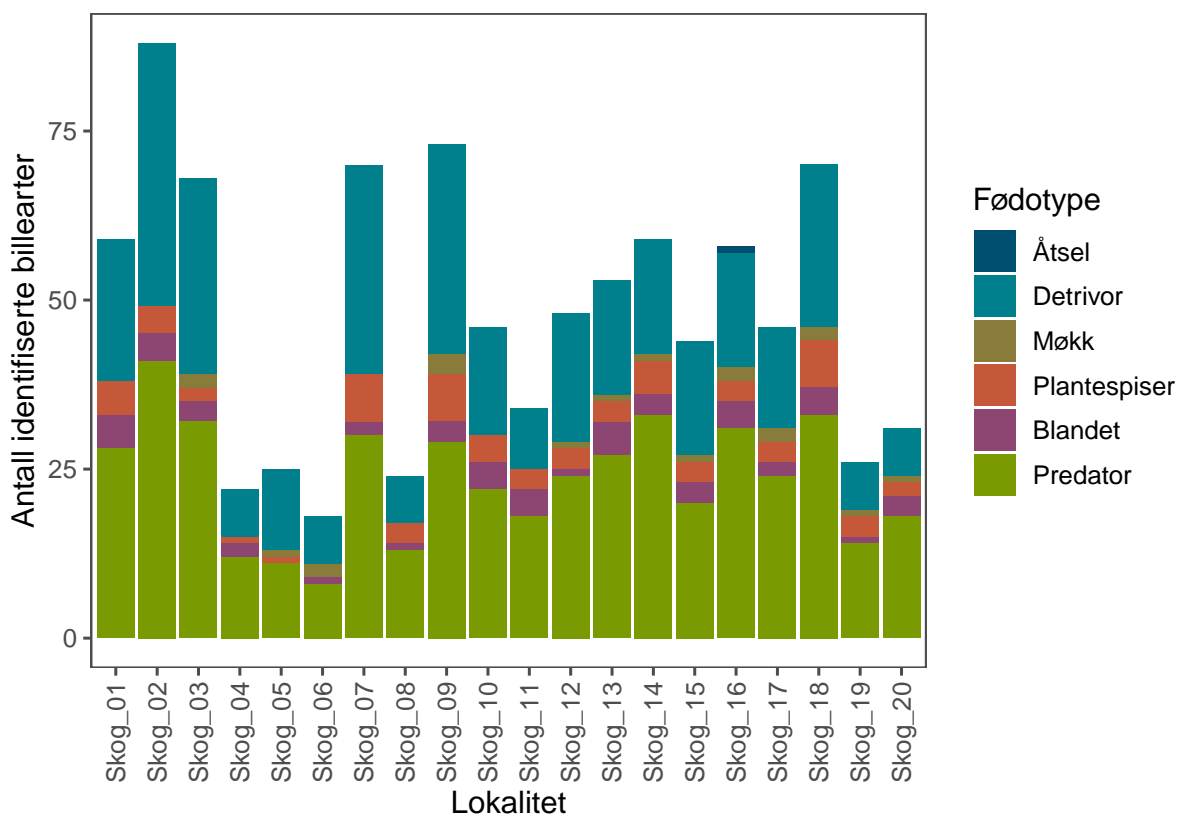
Fangstmetodene vi bruker i prosjektet er lite egnet for å fange opp gjødselbiller. Enkelte individer blir fanget i vindusfellene, og enda færre i malaisefellene. En rettet overvåking for gjødselbiller ville kreve beiting med møkk. Likevel skal det ikke utelukkes at man etter noen års innsamling har fått nok data for å inkludere funn av gjødselbiller som en indikator. Figur 62 viser fordelingen av funnene av gjødselsbiller i overvåkingen så langt. De høyere nivåene i 2021 er sannsynlig et resultat av endringene i protokollene for DNA-metastrekoding.



Figur 62: Antall identifiserte gjødselbiller per lokal. Fangstene kommer fra 1 malaisefelle per lokalitet.

15.2 Fordeling av biomasse mellom ulike trofiske nivåer

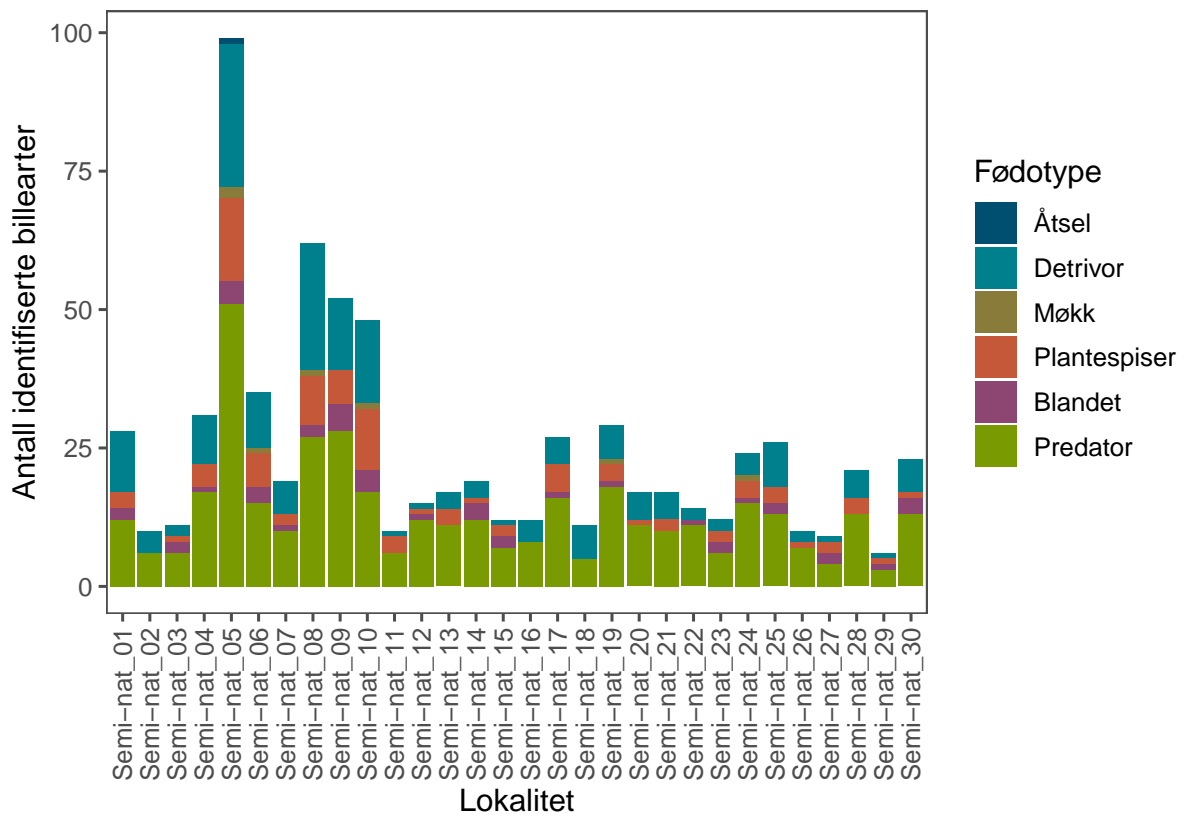
“Intakte økosystem,” kan iblandt karakteriseres gjennom forholdet mellom ulike trofiske nivåer. Dette er en av hovedegenskapene for økologisk tilstand som identifiseres i Nybø et al. (2017), og som tas i bruk for eksempel i Jepsen et al. (2019). Men inndeling av insekter i trofiske nivåer er ikke helt rett frem. Mange arter varierer hovedsakelig fødetype mellom ulike livstadier, og vi har ikke noen heldekkende databaser for fødetyper for alle insekter. For noen grupper, som for eksempel biller, har vi dog klart å finne datamateriale på fødetyper, selv om listene ikke er helt komplette.



Figur 63: Fordeling av funne biller i skog fordelt på kjent fødetype. Fangstene kommer fra 1 malaisefelle og 4 vindusfeller per lokalitet. .

Figur 63 viser fordelingen av fødetyper for biller fanget i skogslokalitetene i overvåkingen så langt. Detrivorer og predatorer dominerer billesamfunnene, med mindre innslag av plantespisere og møkkbiller. Antallsforholdene mellom de ulike fødetypene kan kvantifiseres, for eksempel gjennom såkalte vektete middelstall, der man får et tall for fordelingen mellom bilenes fødetyper for hver lokalitet. Et slikt tall gir liten mening uten referanseverdier på samme variabel fra “intakte økosystemer.”

Figur 64 viser tilsvarende tilstand i semi-naturlig mark. Her er det rimelig å anta at fordelingen av fødetyper er sterkt influert av skjøtselen i jordbruket i omkringliggende landskap.



Figur 64: Fordeling av funne biller i semi-naturlig mark fordelt på kjent fødtype. Fangstene kommer fra 1 malaisefelle per lokalitet.

15.3 Fordeling av trekk hos insekter

En lovende og relativt ny metode for å forstå de komplekse prosessene bak artsfordelinger - ikke minst for hyperdiverse taxa som insekter - er studier av artsegenskaper, eller artstrekk. Dersom en insektarts morfologiske eller atferdsmessige egenskaper kan forutsi dens respons på miljøet og dens interaksjoner med andre arter, kan dette gi innsikt i mekanismene som former insektsamfunnet (Vandewalle et al. 2010; Brown et al. 2014). I tillegg kan en bedre forståelse av forholdet mellom artsegenskaper og økologiske nisjer gjøre det mulig å trekke konklusjoner om økologien til sjeldne arter, der detaljert økologisk informasjon sjelden er tilgjengelig (Ovaskainen et al. 2017).

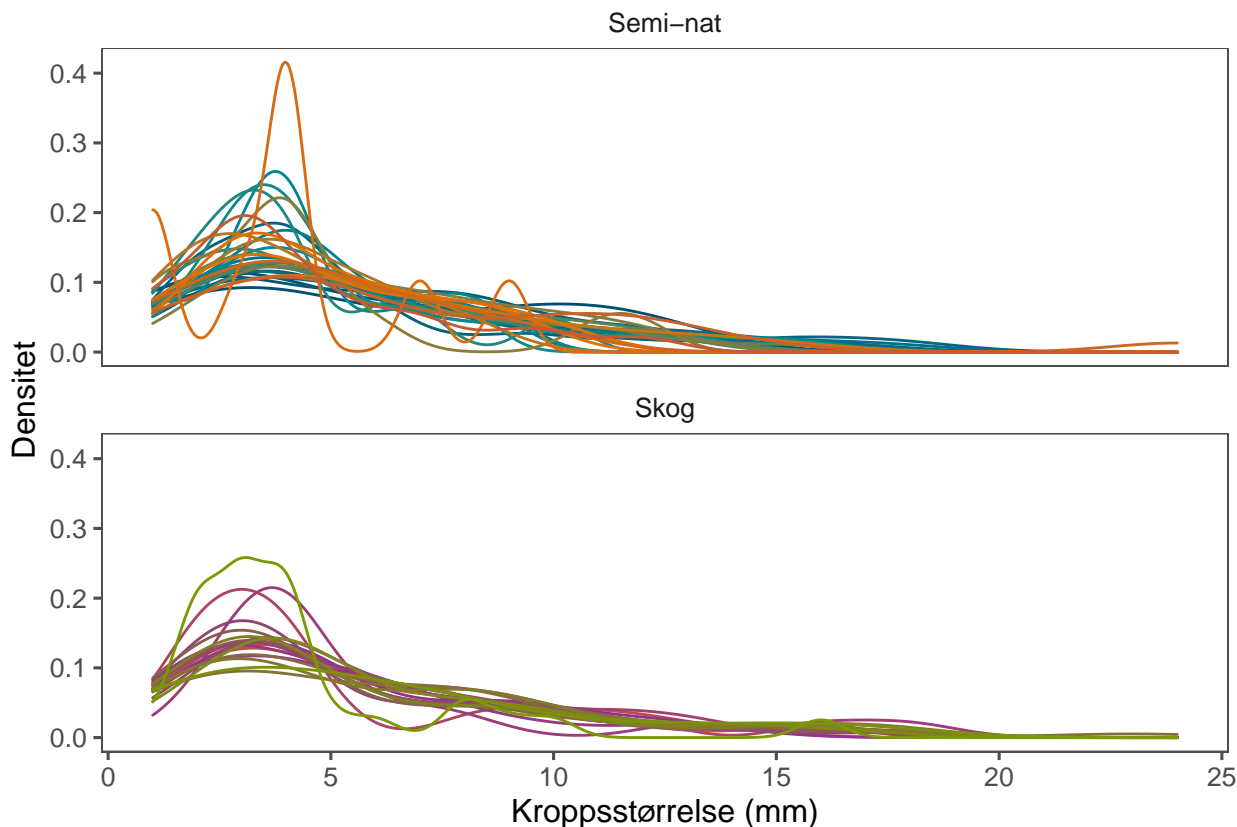
Slike trekkdata for insekter og andre leddyr brukes i økende grad i økologi for å analysere konsekvensene av miljøendringer som endring og intensivering av arealbruk og klimaoppvarming. Insekter er godt egnet til dette, fordi de ofte reagerer raskt på miljøendringer, og fordi artenes funksjoner i økosystemene formidles gjennom deres egenskaper.

Foreløpig er tilgjengeligheten av egenskapsdatabaser for insekter og andre leddyr begrenset. Derfor er det uklart hvilke egenskaper som favoriseres eller hemmes av ulike miljødrivere (som vår arealbruk ('responstrekk')) og hvilke egenskaper som påvirker økosystemfunksjonen ('effekttrekk'). Det trengs med andre ord en større innsats for å samle relevant egenskapsinformasjon før vi kan utløse potensialet som ligger i slike analyser. Hos enkelte grupper har det blitt samlet inn egenskapsdata i databaser, som for eksempel for sommerfugler (Middleton-Welling et al. 2020), men for mange insektgrupper mangler fortsatt elementær kunnskap. Artsdatabanken sitt prosjekt "Egenskapsbanken" (<https://www.artsdatabanken.no/egenskapsbanken>) er et lovende konsept for å samle og tilgjengeliggjøre slike egenskapsdata, selv om prosjektet i seg ikke vil generere nye rådata. Forhåpentligvis vil dette prosjektet forenkle søk etter egenskaper hos insekter i fremtiden, i takt med at databasen fylles opp med relevante data.

En utfordring med å undersøke forholdet mellom artsegenskaper, miljøgradienter og forekomstmønstre er at det er vanskelig å vite om korrelasjoner observert i et enkelt system er generaliserbare (Ovaskainen et al. 2019). Hvis de fleste insektarter reagerer likt på miljøgradienter på tvers av rom i en rekke habitater og i regioner med forskjellig klima, er det mer sannsynlig at artenes respons vil være like over tid også. Dette vil innebære at nisjer i det minste er delvis fastlagt, noe som øker tilliten til fremtidige prediksjoner basert på arters nåværende responser. Alternativt kan styrken (og til og med retningen) til enkelte arters respons på miljøet variere mellom bioklimatiske regioner (Delgado et al. 2020), noe som antyder at fremtidige endringer i klima og habitat (f.eks. gjennom skogsforvaltning) kan endre hvordan arter reagerer, og redusere troverdigheten til fremtidige prediksjoner. Samtidig kan slik tilsynelatende nisjeplastisitet også indikere at arter har en viss kapasitet til å tilpasse seg endrede fremtidige forhold, som jo er positivt.

For økosystemet skog er vedlevende biller den gruppen som er mest undersøkt. Dette er en gunstig artsgruppe å bruke for å teste disse ideene, fordi vedlevende biller er avhengige av ressurser (død ved) som er lett kvantifiserbare, samtidig som vedlevende biller har mye morfologisk og atferdsmessig variasjon som kan knyttes til deres økologi (Stokland et al. 2012). De viktigste egenskapene som har vært studert, er fysiske, 'harde trekk' (hard traits) som kroppsstørrelse, fasong og ulike vingegenskaper (men også trekk relatert til øyne, kjever, farge), samt 'myke trekk' (soft traits) som hva arten spiser, hvor den lever, og hvor spesialisert den er (Gossner et al. 2013; Seibold et al. 2015; Heikkala et al. 2016; Laaksonen et al. 2020).

For eksempel har kroppsstørrelse hos biller i flere studier blitt knyttet til risiko for at en art går tapt (Hagge et al. 2021). For vedlevende biller i Europa har studier av arters habitatspreferanser (økologiske myke egenskaper) vist at arter som foretrekker store trær, solrike forhold og har larvestadier i (edel)løvtrær har økt risiko for å dø ut (Seibold et al. 2015).



Figur 65: Fordeling av kroppsstørrelse hos biller, fordelt på lokalitet.

Det kan også være sammenhenger mellom kroppsstørrelse og grad av nisjespesialisering. For biller i gamle hule eiker i Norge var spesialistene både større og tilknyttet større dimensjoner og mer nedbrutt død ved (inkludert vedmuld) enn generalistene (Sverdrup-Thygeson et al. 2017). Dette er egenskaper som har blitt koblet til økt følsomhet for skogfragmentering i andre studier (Seibold et al. 2015), fordi død ved-dimensjoner og nedbrytningsstadium er faktorer som påvirkes av skogbruksaktivitet.

En annen norsk studie så på forholdet mellom tallrikhet og kroppsstørrelse og fant at de små artene var mer tallrike (Gillespie et al. 2017). De små artene hadde også en tendens til å fly i lengre perioder om sommeren, mens større arter var begrenset til kortere tidsvinduer – noe som også kan påvirke sårbarheten for forstyrrelser og klimaendringer, for store biller.

Figur 65 viser fordelingene av kroppsstørrelse hos billene som er blitt detektert i hver lokalitet. Egenskapene kommer fra en database sammenstilt på NMBU, fra flere spredte kilder. Kroppsstørrelse hos biller er dermed en mulig indikator for tilstanden, selv om koblingen mot godt økologisk tilstand bør undersøkes videre. Men også her er det behov for å lage seg et bilde av referansesamfunnene, slik at verdiene kan relateres til et mål.

Studier av vingeegenskaper er mer uklare, kanskje fordi det er ulike måter å måle på og fordi de delvis er korrelert til kroppsstørrelse. Det er logisk å anta at relativ vingestørrelse kan være knyttet til spredningsevne, noe som er viktig i dagens fragmenterte skoglandskap, men sammenhengene er ikke nødvendigvis enkle eller lineære (Reinhardt et al. 2005; Kotiaho et al. 2005; Sekar 2012; Bouget et al. 2015).

15.4 Oppsummering indikatorer

Vi har her gitt eksempler på noen indikatorer som skulle kunne inngå i en sammenstilling av økologisk tilstand for insekter i Norge.

Tabell 16: *Tentativ liste over tenkbare indikatorer som overvåkingsprosjektet kan gi data for.*

Indikator	Tenkt påvirkning	Status
Totalt artsantall	Generell menneskelig og klimarelatert påvirkning	Vi mangler data for referansetilstand
Total biomasse	Generell menneskelig og klimarelatert påvirkning	Vi mangler data for referansetilstand
Artsantall av rødlistede arter	Generell menneskelig og klimarelatert påvirkning	Vi mangler data for referansetilstand
Artsantall av pollinatorer	Intensivt jordbruk, tap av tradisjonelle driftsformer, fragmentering.	Vi mangler data for referansetilstand
Artsantall hos sommerfugler (muligen videre delt opp)	Intensivt jordbruk, tap av tradisjonelle driftsformer, fragmentering	Vi mangler data for referansetilstand
Artsantall hos sommerfugler spesialisert ift. vertsplante	Intensivt jordbruk, tap av tradisjonelle driftsformer, fragmentering	Vi mangler data for referansetilstand
Artsantall av møkkbiller	Intensivt jordbruk, tap av tradisjonelle driftsformer, fragmentering	Lite data fra overvåkingen. Vi mangler data for referansetilstand
Artsantall av vedlevende biller	Intensivt skogsbruk	Vi mangler data for referansetilstand
Forhold i diversitet fluer og parasittveps	Minsket mengde beite og forandret landskapsstruktur	Vi mangler data for referansetilstand
Forhold i diversitet mellom feeding guilds hos biller	Størning av økosystem og endret arealbruk påvirker trofisk struktur	Vi mangler data for referansetilstand

Tabell 16 oppsummerer statusen for noen indikatorer som dette prosjekt vil kunne bidra med data til. Det finnes helt sikkert flere som kan vurderes, enten taksonomiske eller funksjonelle grupper av insekter som kan kobles til en eller annen økosystemfunksjon. Det er også sannsynlig at nye artsgrupper eller enkeltarter blir aktuelle alt ettersom kunnskapen om insekters funksjoner i økosystemene utvikles. Generelt er det bra dersom tilstanden hos insekter kvantifiseres gjennom flere indikatorer, da enkeltindikatorer ikke vil fange opp det diverse og mangefasetterte insektsamfunnet. Utvalget av enkelte indikatorer kan alltid diskuteres, men i praksis bestemmes indikatorer oftest av hva det finnes data på. Dette prosjektet har stort potensiale til å bidra med data til en rekke indikatorer for insekter, men som tabellen viser er det største problemet at vi mangler data for referansetilstand. Uten referansetilstand gir det liten mening å presentere tall på indikatorene. Vi etterspør derfor prosjekter som kan å måle tilstanden i referanseområder som antas å representere "god økologisk tilstand." Dette kan for eksempel gjøres ved en utvidelse av overvåkingen til å inkludere referanseområder.

16 Kostnader og fortsettelse av overvåkingen

Prosjektet inneholder fortsatt en del utvikling av metodikk og analyser, og fortsatte vurderinger og prioriteringer må gjøres i samråd med Miljødirektoratet. Her skisserer vi en tenkt fortsettelse på prosjektet og våre anbefalinger så langt.

16.1 Oppdatert budsjett for overvåking i skog og semi-naturlig mark på Østlandet.

Basert på erfaringene i 2021 viser vi her et oppdatert estimat på budsjett for “grunnoppdraget” i insektovervåkingen. Det er tenkbart at kostnadene vil minke noe med årene, når overvåkingen går over i en mer rutinemessig drift. Vi bemerker at det fortsatt er behov for metodeutvikling når det gjelder de genetiske analysene og artsidentifiseringene.

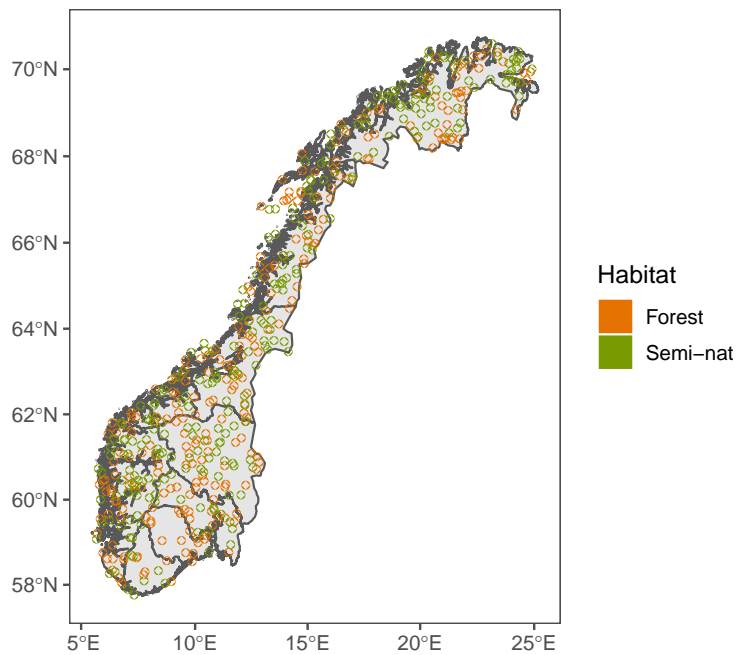
Tabell 17: Oppdatert budsjett for overvåking av semi-naturlig mark og skogmark i Østlandet. Priser i KNOK.

Aktivitet	Kostnader
Forarbeid	750
Feltarbeid	1500
Etterarbeid	1250
Rapportering	550
Driftsmidler	850
Sum kostnad	4900

16.2 Utvidelse av dagens overvåking

Den langsiktige ambisjonen for overvåking av insekter har lenge vært å inkludere hele Norge. Hvis dagens prosjekt design fortsetter med lokaliteter i skog og semi-naturlig mark, og utvides til alle deler av landet, vil den totale mengden lokaliteter til slutt kunne se ut som på Figur 66. Her har vi som en enkel illustrasjon plassert 250 tilfeldige SSB-ruter i både skog og semi-naturlig mark over hele landet. Dette antallet bygger på regnestykket at man i hver femtedel av landet har 50 lokaliteter av hver habitattype (10st * 5 års rullering). Merk at en slik utvidelse ikke er besluttet eller diskutert i detalj per idag.

Da mye av rutiner for datahåndtering, bioinformatikk og analyser bekostes av “grunnoppdraget” i Tabell 17, vil det potensielt finnes en del stordriftsfordeler med en utvidelse av overvåkinga. Dette er basert på erfaringene med en oppskalering til semi-naturlig mark i Trøndelag i 2021. Vi viser i Tabell 18 et kostnadsforslag på en utvidelse av dagens overvåking til hele landet. Vi baserer estimatet på at man deler opp landet i fem deler, der kostnadene for hver delutvidelse er redusert i forhold til det som er skissert for grunnpakken i Tabell 17. Disse fire delene kan være: 1) “Trøndelag,” der vi har erfaring fra drift i 2021; 2) “Sør,” som kan bestå av Vest-Agder, Aust-Agder og Rogaland; 3) “Vest” som inkluderer Vestland og Møre og Romsdal; og 4) “Nord,” som kan bestå av Nordland, Troms og Finnmark. Beregningen nedenfor er basert på at hver av disse delene koster like mye som våre erfaringer fra Trøndelag i 2021. Dette er en rimelig antagelse for region “Sør,” men for “Vest” og “Nord” vil kostnader ved feltarbeid og feltlogistikk bli høyere på grunn av lengre avstander og mer utfordrende landskap. Her er det viktig at man har en strategisk diskusjon omkring antall og plassering av lokaliteter. Særlig “Nord” spenner over svært store avstander, der feltlogistikken kan bli utfordrende. Disse avgjørelsene vil best kunne tas i dialog med oppdragsgiver og man bør vurdere hvorvidt “Nord” bør deles opp i flere regioner.



Figur 66: Skissert utvikling med fullt omløp i skog og semi-naturlig mark i hele landet.

Tabell 18: Estimert budsjett for en geografisk utvidelse av overvåking i semi-naturlig mark og skog i hele landet (kostnad utover Østlandet). Tallen er basert på erfaringene i Trøndelag. Feltkostnader for områdene «Vest» og «Nord» vil være høyere og vil avhenge av strategiske valg. Priser i KNOK.

Aktivitet	Kostnad per del	Antall deler	Total kostnad for utvidelse
Forarbeid	600	5	2400
Feltarbeid	1500	5	6000
Etterarbeid	900	5	3600
Rapportering	300	5	1200
Driftsmidler	900	5	3600
Sum kostnad	4200	5	16800

16.3 Prioritering for neste skritt, inkludert nye økosystemer og referanseområder

I tillegg til en utvidelse av dagens overvåking til andre regioner, har det også blitt diskutert en utvidelse av overvåkingen til andre økosystemer (Åström et al. 2019, 2020b), samt å inkludere referanseområder for å kunne vurdere den økologiske tilstanden i øvrige områder (se kapittel 16). Disse utvidelsene vil bli kostbare tilsammen, og i tillegg finnes det praktiske utfordringer med en for rask utvidelse. Vi anbefaler derfor en prioritering og gradvis utvidelse som skissert i Tabell 19.

Uten referanseområder vil det fortsatt være svært vanskelig å operasjonalisere indikatorer for økosystemtilstand, og uten å utvide til andre geografiske områder eller økosystem er det ikke mulig å si noe om tilstanden der. Prioriteringer for videre utvidelse bør diskuteres med oppdragsgiver, for å inkludere målene for forvaltningen. Vi anbefaler etablering av referanseflater og operasjonalisering av indikatorer foran en geografisk og økologisk utvidelse. Økologisk tilstand er faglig utfordrende og man vil tjene på å avklare disse spørsmålene først. Som skissert i kapittel 16 så er det et omfattende arbeid å få på plass gode indikatorer, men en anbefalt start er å etablere ti faste referanselokaliteter på i Østlandet (5 i hvert økosystem) som gjenbesøkes over en femårsperiode. Disse vil samtidig kunne være en god referanse mot mellomårsvariasjoner for de andre lokalitetene som bare besøkes hvert femte år.

Vi har ikke en prioritert rekkefølge på regionene "Vest" og "Nord." Disse regionene vil by på økte utfordringer med felletømmingene, grunnet større avstand og til dels vanskeligere tilkomst. Her vil det bli nødvendig med økt antall feltpersonell, og det kan bli nødvendig med samarbeid mellom flere aktører. Utvidelsen til disse områdene bør derfor diskuteres grundig med oppdragsgiver. Til sist mener vi det gir mening å først gjennomføre en geografisk utvidelse, før man begynner å vurdere en utvidelse til nye økosystemer.

Tabell 19: Grov skisse av videre utvikling i prosjektet. Prioriteringen av regioner for utvidelse bør vurderes sammen med oppdragsgiver.

Prioritering	Del	Merknader
1	Inkludere økosystemet skog i Trøndelag	Praktisk og kostnadmessig mest gunstig, og gir balansert design.
2	Etablering av referanseområder i de overvåkede områdene	Utvidelse til referanseområder bør kunne følge nåværende rutiner og kostnadsanslag, men vil kreve noe utvikling av utvalgsriterier
3	Utvidelse til region Sør (Agder, Rogaland)	Utvidelse i dette området bør kunne følge nåværende rutiner og kostnadsanslag.
4	Utvidelse til region Vest (Vestland, Møre og Romsdal)	Utvidelse til denne regionen kan gi høyere feltkostnader på grunn av avstand og veinett. Kan være nødvendig med et spleiselag på feltarbeidet med andre aktører. Utvidelse til disse områdene bør kommuniseres i god tid da det krever mer planlegging og utøking av kapasitet.
4	Utvidelse til region Nord (Nordland, Troms og Finnmark)	Utvidelse til denne regionen kan gi høyere feltkostnader på grunn av avstand og veinett. Kan være nødvendig med et spleiselag på feltarbeidet med andre aktører. Utvidelse til disse områdene bør kommuniseres i god tid da det krever mer planlegging og utøking av kapasitet.

17 Dataleveranse til GBIF og dokumentasjon av analyser

Data innsamlet i prosjektet er fritt tilgjengelig via GBIF (<https://doi.org/10.15468/2jwnc6>). Funnene av insektene vil i tillegg bli synlig på Artskart (<https://artskart.artsdatabanken.no>).

Analyser i denne rapport er gjort i programmet R, og skript finnes tilgjengelig på github (https://github.com/NINAnor/national_insect_monitoring).

18 Vedlegg 1. Funn av arter på fremmedartslista

Påvisning av arter i insektovervåkingen i 2020-2021 som finnes på fremmedartslista (Artsdatabanken 2018). Identifiseringen er gjort gjennom DNA-metastrekkoding og ikke kontrollert ved morfologiske analyser. Det kan finnes arter på fremmedartslisten som vi ikke har DNA-referanser for og derfor ikke får satt navn på og koblet til fremmedartslista.

Orden	Artsnavn	Risikovurdering	Habitatstype
Coleoptera	<i>Acrotona pseudotenera</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Acrotrichis insularis</i>	PH	Skog
Coleoptera	<i>Atomaria lewisi</i>	LO	Skog
Hymenoptera	<i>Bombus terrestris</i>	SE	Semi-nat
Coleoptera	<i>Cartodere nodifer</i>	PH	Skog
Coleoptera	<i>Cartodere nodifer</i>	PH	Semi-nat
Hemiptera	<i>Deraeocoris lutescens</i>	HI	Skog
Diptera	<i>Dohrniphora cornuta</i>	LO	Skog
Diptera	<i>Drosophila melanogaster</i>	LO	Semi-nat
Diptera	<i>Feltiella acarisuga</i>	LO	Skog
Diptera	<i>Haematobosca stimulans</i>	LO	Skog
Diptera	<i>Haematobosca stimulans</i>	LO	Semi-nat
Hemiptera	<i>Macrosiphum euphorbiae</i>	LO	Semi-nat
Hemiptera	<i>Myzus ascalonicus</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Omalium rugatum</i>	LO	Skog
Coleoptera	<i>Omonadus floralis</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Oxytelus migrator</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Stricticollis tobias</i>	LO	Semi-nat
Hemiptera	<i>Tremulicerus fulgidus</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Trichiusa immigrata</i>	PH	Semi-nat
Hemiptera	<i>Trioza apicalis</i>	LO	Skog
Hemiptera	<i>Trioza apicalis</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Trixagus atticus</i>	LO	Semi-nat

19 Vedlegg 2. Funn av arter observert i andre Fennoskandiske land

Påvisning av arter i insektovervåkingen i 2020-2021 som ikke tidligere er rapportert fra Norge basert på automatiske søk, men som er funnet i andre fennoskandiske land. Identifiseringen er gjort gjennom DNA-metastrekkoding og ikke kontrollert ved morfologiske analyser. Listen er basert kun på de artene som vi har klart å koble et navn til, det vil si de arter som vi har DNA-referanser for. Disse artene sjekkes mot Norsk Artsnavnebase (Artsdatabanken 2021), om de er registrert som stedeagne. Deretter sjekker vi om artene er rapportert i GBIF i den geografiske utstrekningen til andre fennoskandiske land (GBIF.org 2021). Det er trolig at flere av disse arter er stedeagne i Norge, men bare ikke blitt registrert tidligere. For arter der vi kun har strekkode for en annen art i samme slekt, eller der strekkoden ikke skiller seg mellom arter kan det hende at vi får feil navn. Disse feil vil minke etterhvert i takt med at referansebibliotekene forbedres.

Order	Artsnavn	Listet i Saul	Listet i Daisie
Diptera	<i>Ablabesmyia illinoensis</i>		
Hymenoptera	<i>Achrysocharoides cilla</i>		
Diptera	<i>Acnemis amoena</i>		
Hemiptera	<i>Acyrtosiphon malvae</i>		
Hemiptera	<i>Adelges laricis</i>	X	X
Hymenoptera	<i>Adelognathus pusillus</i>		
Lepidoptera	<i>Adoxophyes paraorana</i>		
Diptera	<i>Aedes rossicus</i>		
Diptera	<i>Agromyza lapponica</i>		
Hymenoptera	<i>Aleiodes albitibia</i>		
Hymenoptera	<i>Aleiodes diarsianae</i>		
Hymenoptera	<i>Aleiodes pictus</i>		
Diptera	<i>Allodia adunca</i>		
Diptera	<i>Allodia angulata</i>		
Diptera	<i>Allodia grata</i>		
Diptera	<i>Allodia neglecta</i>		
Coleoptera	<i>Altica opacifrons</i>		
Hymenoptera	<i>Anagrus ustulatus</i>		
Coleoptera	<i>Anaspis septentrionalis</i>		
Hymenoptera	<i>Apanteles brunnistigma</i>		
Hymenoptera	<i>Apanteles lenea</i>		
Trichoptera	<i>Apatania cimbrica</i>		
Hymenoptera	<i>Apechthis ontario</i>		
Hymenoptera	<i>Aphidius eadyi</i>		
Hymenoptera	<i>Aphidius picipes</i>		
Hymenoptera	<i>Aphidius rosae</i>		
Hymenoptera	<i>Aphidius salicis</i>		
Hemiptera	<i>Aphis thalictri</i>	X	X
Hemiptera	<i>Aphrodes diminutus</i>		
Hymenoptera	<i>Apodesmia incisula</i>		
Diptera	<i>Aprionus brachypterus</i>		
Diptera	<i>Aprionus cornutus</i>		
Diptera	<i>Aprionus flavidus</i>		
Diptera	<i>Aprionus subbetulae</i>		
Hymenoptera	<i>Aprostocetus csokakoensis</i>		
Hymenoptera	<i>Aprostocetus minimus</i>		
Hemiptera	<i>Balclutha rhenana</i>		
Hymenoptera	<i>Baryscapus pallidae</i>		
Hymenoptera	<i>Binodoxys brevicornis</i>		
Hymenoptera	<i>Biosteres carbonarius</i>		
Hymenoptera	<i>Bracon picticornis</i>		
Diptera	<i>Bradysia splendida</i>		
Hymenoptera	<i>Campodorus celator</i>		
Hymenoptera	<i>Campoletis sonorensis</i>		
Diptera	<i>Camptomyia flavocinerea</i>		

Hemiptera	Capitophorus elaeagni		
Diptera	Carcelia laxifrons		
Diptera	Catocha angulata		
Diptera	Catocha incisa		
Hymenoptera	Centistes cuspidatus		
Hemiptera	Chaitophorus nigricantis		
Diptera	Chalarus brevicaudis		
Diptera	Chalarus decorus		
Diptera	Chalarus holosericeus		
Diptera	Chalarus indistinctus		
Diptera	Chalarus longicaudis		
Diptera	Cheilosia bardus		
Hemiptera	Cinara costata	X	X
Hemiptera	Cinara juniperi	X	X
Hemiptera	Cinara pilicornis	X	X
Hemiptera	Cinara pinea	X	X
Hemiptera	Cinara pini	X	X
Hemiptera	Cinara pruinosa	X	X
Hymenoptera	Cladius comari		
Hymenoptera	Cladius difformis		
Diptera	Conicera similis		
Diptera	Contarinia asclepiadis		
Hymenoptera	Copidosoma floridanum	X	X
Diptera	Cosmetopus longus		
Hymenoptera	Cotesia ruficrus		
Hymenoptera	Cotesia xyliana		
Diptera	Ctenophora dorsalis		
Diptera	Ctenosciara exigua		
Hymenoptera	Cubocephalus insidiator		
Hymenoptera	Dacnusa aquilegiae		
Diptera	Dasyhelea turficola		
Hymenoptera	Delomerista novita		X
Lepidoptera	Depressaria douglasella		
Hymenoptera	Diadegma armillata		
Hymenoptera	Diadegma fenestrata		
Diptera	Diastata vagans		
Diptera	Dioctria propinqua		
Hymenoptera	Diplazon albotibialis		
Diptera	Diplonevra freyi		
Hymenoptera	Dirophanes gaspesianus		
Diptera	Discocerina obscurella		
Diptera	Dolichopus celeripes		
Diptera	Dorylomorpha spinosa		
Hemiptera	Drepanosiphum aceris		
Diptera	Drosophila busckii	X	X
Diptera	Elachiptera decipiens		
Lepidoptera	Elachista derivata		
Hemiptera	Elatobium abietinum	X	X
Hemiptera	Empoasca luda		
Psocoptera	Enderleinella obsoleta	X	X
Hymenoptera	Enytus apostata		
Hymenoptera	Enytus montanus		
Hymenoptera	Ephedrus chaitophori		
Hymenoptera	Ephedrus koponeni		
Diptera	Eudorylas zermattensis		
Hemiptera	Eulachnus agilis	X	X
Hemiptera	Eulachnus brevipilosus	X	X
Hymenoptera	Euura annulata		
Hymenoptera	Euura bohemani		
Hymenoptera	Euura gehrsi		
Hymenoptera	Euura leucosticta		
Hymenoptera	Euura melanaspis		
Hymenoptera	Euura miliaris		

Hymenoptera	Euura montana		
Hymenoptera	Exotela cyclogaster		
Diptera	Fannia atripes		
Diptera	Fannia fuscitibia		
Diptera	Fannia metallipennis		
Diptera	Feltiella acarisuga	X	X
Hemiptera	Glyphina longiseta		
Diptera	Haematobosca alcis		
Ephemeroptera	Heptagenia pulla		
Hymenoptera	Homotropus strigator		
Diptera	Hydrotaea tuberculata		
Hymenoptera	Hyposoter annulipes		
Diptera	Jassidophaga fasciata		
Hymenoptera	Lasioglossum subfulvicorne		
Diptera	Lauxania shewelli		
Hymenoptera	Leiophron duploclaviventris		
Hymenoptera	Leiophron similis		
Psocoptera	Lepinotus patruelis	X	X
Diptera	Leptosciarella hirtipennis		
Diptera	Lispocephala tinctinervis		
Lepidoptera	Lobesia artemisiana		
Diptera	Lonchaea chorea		
Diptera	Lonchaea ragnari		
Diptera	Lophosceles impar		
Diptera	Macquartia viridana		
Hemiptera	Macrosteles binotatus		
Hymenoptera	Megacara hortulana		
Diptera	Megaphthalmoides unilineatus		
Diptera	Megaselia albicans		
Diptera	Megaselia arcticae		
Diptera	Megaselia berndseni		
Diptera	Megaselia cirriventris		
Diptera	Megaselia citrinella		
Diptera	Megaselia elongata		
Diptera	Megaselia euryprocta		
Diptera	Megaselia feshiensis		
Diptera	Megaselia flavicans		
Diptera	Megaselia flavicoxa		
Diptera	Megaselia gregaria		X
Diptera	Megaselia hirtiventris		
Diptera	Megaselia infraposita		
Diptera	Megaselia pulcaria-komplex		
Diptera	Megaselia rubella		
Diptera	Megaselia simulans		
Diptera	Megaselia verna		
Diptera	Megaselia zonata		
Hymenoptera	Mesochorus suomiensis		
Hymenoptera	Mesochorus tachypus		
Diptera	Microdrosophila congesta		
Hymenoptera	Microplitis lugubris		
Diptera	Micropsectra lindrothi		
Hymenoptera	Monoctonus cerasi		
Hemiptera	Muscaphis escherichi		
Diptera	Mydaea furtiva		
Diptera	Mydaea occidentalis		
Diptera	Mydaea pseudonubila		
Hemiptera	Myzus ascalonicus		X
Hemiptera	Myzus lythri		
Diptera	Napomyza cichorii		
Diptera	Nemorilla floralis		
Hymenoptera	Neochrysocharis okazakii		
Hymenoptera	Olesicampe melanogaster		
Orthoptera	Omocestus haemorrhoidalis		

Hymenoptera	<i>Opius pactus</i>		
Coleoptera	<i>Oulema erichsonii</i>		
Diptera	<i>Ozihincus hungaricus</i>		
Diptera	<i>Ozihincus longicollis</i>		
Hemiptera	<i>Pachypappa rosettei</i>		
Diptera	<i>Palloptera ambusta</i>		
Hymenoptera	<i>Pantoclis hirtistilus</i>		
Coleoptera	<i>Paraphotistus aratus</i>		
Diptera	<i>Paratanytarsus grimmii</i>		
Diptera	<i>Paratryphera barbatula</i>		
Diptera	<i>Pelecocera lusitanica</i>		
Diptera	<i>Pelina neaenescens</i>		
Diptera	<i>Phaonia canescens</i>		
Diptera	<i>Philygria vittipennis</i>		
Diptera	<i>Phronia reducta</i>		
Hymenoptera	<i>Phygadeuon nanus</i>		
Diptera	<i>Phytosciara halterata</i>		
Hymenoptera	<i>Picrostigeus debilis</i>		
Diptera	<i>Piezura nearctica</i>		
Hemiptera	<i>Pinalitus viscidola</i>		
Trombidiformes	<i>Piona rotundoides</i>		
Diptera	<i>Pipunculus calceatus</i>		
Diptera	<i>Platycheirus neoperpallidus</i>		
Diptera	<i>Platyeza aterrima</i>		
Diptera	<i>Porricondyla nigripennis</i>		
Hymenoptera	<i>Pristiphora armata</i>		
Hymenoptera	<i>Pristiphora geniculata</i>		
Diptera	<i>Procladius ferrugineus</i>		
Hymenoptera	<i>Promethes bridgmani</i>		
Diptera	<i>Pseudocoenosia brevicauda</i>		
Diptera	<i>Pseudoperichaeta nigrolineata</i>		
Hemiptera	<i>Pterocomma pilosum</i>		
Hymenoptera	<i>Pteromalus cingulipes</i>		
Diptera	<i>Rabdophaga heterobia</i>		
Hymenoptera	<i>Rhimphoctona longicauda</i>		
Diptera	<i>Rhipidia lecontei</i>		
Diptera	<i>Scaptomyza montana</i>		
Diptera	<i>Sceptonia longiseta</i>		
Hemiptera	<i>Schizolachnus pineti</i>	X	X
Diptera	<i>Sepsis luteipes</i>		
Diptera	<i>Sepsis neocynipsea</i>		
Diptera	<i>Simulium anatinum/randalense</i>		
Diptera	<i>Simulium craigi</i>		
Diptera	<i>Simulium dunfellense</i>		
Diptera	<i>Simulium latipes</i>		
Ephemeroptera	<i>Siphonurus armatus</i>		
Symphyleona	<i>Sminthurinus domesticus</i>		
Diptera	<i>Spelobia quinata</i>		
Diptera	<i>Spilogona aenea</i>		
Diptera	<i>Spilogona arctica</i>		
Hemiptera	<i>Stephanitis takeyai</i>	X	X
Diptera	<i>Stiphrosoma sabulosum</i>		
Diptera	<i>Syntemna daisetsusana</i>		
Hymenoptera	<i>Syntretus falcifer</i>		
Hymenoptera	<i>Syrphoctonus vitreus</i>		
Hymenoptera	<i>Syrphophilus tricinctorius</i>		
Hymenoptera	<i>Telenomus laeviceps</i>		
Hymenoptera	<i>Telenomus turesis</i>		
Diptera	<i>Telmatoscopus advenus</i>		
Hymenoptera	<i>Tenthredo crassa</i>		
Diptera	<i>Thaumatomyia pulla</i>		
Diptera	<i>Themira athabasca</i>		
Hemiptera	<i>Therioaphis tenera</i>		

Hymenoptera	<i>Theroscopus ochrogaster</i>
Diptera	<i>Thienemanniella xena</i>
Diptera	<i>Tomosvaryella kuthyi</i>
Hymenoptera	<i>Townesilitus deceptor</i>
Hymenoptera	<i>Trachyarus solyanikovi</i>
Diptera	<i>Trichonta pulchra</i>
Hymenoptera	<i>Tymmophorus suspiciosus</i>
Hemiptera	<i>Typhlocyba frustrator</i>
Coleoptera	<i>Zilora obscura</i>

20 Vedlegg 3. Funn av arter ikke observert i andre Fennoskandiske land

Funn av arter i insektovervåkingen i 2020-2021 som ikke tidligere er rapportert fra Norge basert på automatiske søk, og som heller ikke er funnet i andre fennoskandiske land. Identifiseringen er gjort gjennom DNA-metastrekkoding og ikke kontrollert ved morfologiske analyser. Listen baseres kun på de arter som vi har klart å koble et navn til, det vil si de arter som vi har DNA-referanser for. Disse artene sjekkes mot Norsk Artsnavnebase (Artsdatabanken 2021), om de er registrert som stedegne. Deretter sjekker vi om artene er rapportert i GBIF i den geografiske utstrekningen til andre fennoskandiske land (GBIF.org 2021). Det er trolig at flere av disse arter er stedegne i Norge, men bare ikke blitt registrert tidligere. Men listen kan også inneholde arter som har blitt introdusert gjennom menneskelig aktivitet, og kan vurderes for inkludering i fremtidige versjoner av fremmedartslista. For arter der vi kun har strekkode for en annen art i samme slekt, eller der strekkoden ikke skiller seg mellom arter kan det hende at vi får feil navn. Disse feil vil minke etterhvert i takt med at referansebibliotekene forbedres.

Order	Artsnavn	Listet i Saul	Listet i Daisie
Hymenoptera	<i>Abia aurulenta</i>		
Hymenoptera	<i>Acrolyta glacialis</i>		
Hemiptera	<i>Acyrtosiphon pisum</i>		
Hemiptera	<i>Adelphocoris reichelii</i>		
Hymenoptera	<i>Agrothereutes grapholithae</i>		
Hymenoptera	<i>Agrothereutes ramellaris</i>		
Araneae	<i>Agyneta pseudorestris</i>		
Hemiptera	<i>Anoecia fulviabdominalis</i>		
Trombidiformes	<i>Anystis agilis</i>		
Hymenoptera	<i>Aoplus groenlandicus</i>		
Lepidoptera	<i>Apamea indocilis</i>		
Hymenoptera	<i>Aphelinus paramali</i>		
Hymenoptera	<i>Aphidius gifuensis</i>		
Hymenoptera	<i>Apodesmia melliclypealis</i>		
Hymenoptera	<i>Aprostocetus ciliatus</i>		
Hymenoptera	<i>Aprostocetus meltoftei</i>		
Hymenoptera	<i>Aprostocetus torquentis</i>		
Hymenoptera	<i>Ascogaster provancheri</i>		
Hymenoptera	<i>Aspilota angusta</i>		
Diptera	<i>Asteia beata</i>		
Hymenoptera	<i>Atractodes aterrimus</i>		
Ephemeroptera	<i>Baetis atlanticus</i>		
Hymenoptera	<i>Bathythrix longiceps</i>		
Hymenoptera	<i>Blacus stelfoxi</i>		
Hymenoptera	<i>Bracon testaceorufatus</i>		
Hemiptera	<i>Cacopsylla fibulata</i>		
Diptera	<i>Callomyia venusta</i>		
Lepidoptera	<i>Caloptilia strictella</i>		
Diptera	<i>Campiglossa farinata</i>		
Diptera	<i>Campiglossa genalis</i>		
Diptera	<i>Camptomyia heterobia</i>		
Hemiptera	<i>Capsus cinctus</i>		
Hemiptera	<i>Cavariella salicis</i>		
Diptera	<i>Cephalops hardyi</i>		
Diptera	<i>Cephalops penultimus</i>		
Hemiptera	<i>Chaitophorus saliapterus</i>	X	X
Hemiptera	<i>Charagochilus weberi</i>		
Diptera	<i>Cheilosia borealis</i>		
Diptera	<i>Cheilosia shannoni</i>		
Diptera	<i>Chironomus balatonicus</i>		
Diptera	<i>Chironomus commutatus</i>		
Diptera	<i>Chironomus heterodentatus</i>		
Orthoptera	<i>Chorthippus binotatus</i>		

Diptera	<i>Chromatomyia lactuca</i>
Neuroptera	<i>Chrysopa intima</i>
Diptera	<i>Coenosia minor</i>
Diptera	<i>Coenosia morrisoni</i>
Hymenoptera	<i>Cotesia autumnatae</i>
Hymenoptera	<i>Cotesia jucunda</i>
Diptera	<i>Cryptochironomus obreptans</i>
Hymenoptera	<i>Cryptus albitarsis</i>
Diptera	<i>Culicoides jurensis</i>
Hymenoptera	<i>Cylloceria aino</i>
Hymenoptera	<i>Cymodusa nigripes</i>
Hymenoptera	<i>Dacnusa nipponica</i>
Diptera	<i>Dasysyrphus limatus</i>
Hymenoptera	<i>Diglyphus gibbus</i>
Hymenoptera	<i>Diphyus niikunii</i>
Hymenoptera	<i>Diplazon zetteli</i>
Hemiptera	<i>Diplocolenus abdominalis</i>
Hymenoptera	<i>Dirophanes hariolus</i>
Araneae	<i>Dismodicus decemoculatus</i>
Diptera	<i>Dorylomorpha hardyi</i>
Hymenoptera	<i>Dusona longicauda</i>
Hymenoptera	<i>Dusona subtilis</i>
Hymenoptera	<i>Elachertus petiolifuniculus</i>
Hymenoptera	<i>Encarsia vandrieschei</i>
Hymenoptera	<i>Enicospilus tripartitus</i>
Hymenoptera	<i>Ephedrus blattnyi</i>
Hymenoptera	<i>Ephedrus californicus</i>
Hymenoptera	<i>Ephedrus incompletus</i>
Hymenoptera	<i>Euderus cushmani</i>
Diptera	<i>Eudorylas minor</i>
Diptera	<i>Eudorylas sabroskyi</i>
Diptera	<i>Euleia fratria</i>
Hymenoptera	<i>Eupelmus kiefferi</i>
Hymenoptera	<i>Exochus externus</i>
Diptera	<i>Fannia abrupta</i>
Diptera	<i>Fannia brooksi</i>
Diptera	<i>Fannia falcata</i>
Diptera	<i>Fannia prisca</i>
Diptera	<i>Gaurax pallidipes</i>
Hymenoptera	<i>Glypta arctica</i>
Diptera	<i>Helina humilis</i>
Diptera	<i>Hydrobaenus majus</i>
Diptera	<i>Hydrophorus flavihirtus</i>
Diptera	<i>Hydrophorus manicatus</i>
Diptera	<i>Hydrotaea unispinosa</i>
Hymenoptera	<i>Ichneumon discoensis</i>
Coleoptera	<i>Isomira semiflava</i>
Diptera	<i>Leopoldius coronatus</i>
Diptera	<i>Lucilia porphyrina</i>
Hemiptera	<i>Lygus elisus</i>
Hymenoptera	<i>Macrocentrus sylvestrellae</i>
Hemiptera	<i>Macrolophus rubi</i>
Hemiptera	<i>Macropsis ocellata</i>
Hymenoptera	<i>Mastrus ridens</i>
Diptera	<i>Mesembrina decipiens</i>
Hymenoptera	<i>Mesochorus ottawaensis</i>
Hymenoptera	<i>Mesoleptus tunisiensis</i>
Diptera	<i>Metalimnobia solitaria</i>
Hymenoptera	<i>Metaphycus groenlandicus</i>
Hymenoptera	<i>Metopius maruyamensis</i>
Diptera	<i>Mydaea canescens</i>
Diptera	<i>Mydaea flavicornis</i>
Diptera	<i>Myoleja sinensis</i>

Diptera	<i>Neophyllomyza quadricornis</i>	
Diptera	<i>Nilea dimmocki</i>	
Diptera	<i>Nilotanypus fimbriatus</i>	
Hemiptera	<i>Notus sitka</i>	
Diptera	<i>Odinia betulae</i>	
Hymenoptera	<i>Odontocolon nikkoense</i>	
Hymenoptera	<i>Opius crenuliferus</i>	
Araneae	<i>Oreoneta leviceps</i>	
Hymenoptera	<i>Pachyprotasis nigrontata</i>	
Hemiptera	<i>Paluda gladiola</i>	
Lepidoptera	<i>Pammene perstructana</i>	
Diptera	<i>Peyerimhoffia alpina</i>	
Diptera	<i>Phaonia luteva</i>	
Diptera	<i>Phebellia trichiosomae</i>	
Hemiptera	<i>Philaenus tessellatus</i>	
Hymenoptera	<i>Phygadeuon melanopygus</i>	
Diptera	<i>Phytomyza solidaginophaga</i>	
Diptera	<i>Pipunculus viduus</i>	
Diptera	<i>Platypalpus xanthopodus</i>	
Hymenoptera	<i>Plectiscidea prolata</i>	
Hymenoptera	<i>Praon brevistigma</i>	
Hymenoptera	<i>Praon unicum</i>	
Hymenoptera	<i>Pristiphora friesei</i>	
Hemiptera	<i>Pterocomma bicolor</i>	
Diptera	<i>Rhamphomyia valga</i>	
Diptera	<i>Rheocricotopus chalybeatus</i>	
Diptera	<i>Rheocricotopus robacki</i>	
Diptera	<i>Rhopalopterum carbonarium</i>	
Hemiptera	<i>Rhopalosiphum insertum</i>	X
Hymenoptera	<i>Rhyssa nitida</i>	
Hemiptera	<i>Ribautodelphax pusilla</i>	
Diptera	<i>Sarcophaga croatica</i>	
Hymenoptera	<i>Scambus hispae</i>	
Hemiptera	<i>Schizaphis graminum</i>	
Diptera	<i>Schoenomyza dorsalis</i>	
Hymenoptera	<i>Scolobates nigriabdominalis</i>	
Lepidoptera	<i>Selenia alciphearia</i>	
Diptera	<i>Sepsis secunda</i>	
Diptera	<i>Sergentia psiloptera</i>	
Diptera	<i>Simulium carthusiense</i>	
Hymenoptera	<i>Sinophorus sulcatellus</i>	
Hemiptera	<i>Sorhoanus pascuellus</i>	
Diptera	<i>Spilogona reflecta</i>	
Hymenoptera	<i>Stenomacrus micropennis</i>	
Psocoptera	<i>Stenopsocus niger</i>	
Diptera	<i>Stiphrosoma humerale</i>	
Hymenoptera	<i>Sussaba sugiharai</i>	
Hymenoptera	<i>Syrphoctonus alaskensis</i>	
Diptera	<i>Tanytarsus hermanni</i>	
Hymenoptera	<i>Tenthredo rubricoxis</i>	
Diptera	<i>Tephritis pura</i>	
Diptera	<i>Tephritis signatipennis</i>	
Hemiptera	<i>Tetraphleps feratis</i>	
Hymenoptera	<i>Tranosema tenuifemur</i>	
Hymenoptera	<i>Trichogramma cacaeciae</i>	
Hymenoptera	<i>Tromatobia notator</i>	
Hemiptera	<i>Verdanus evansi</i>	
Poduromorpha	<i>Xenylla szeptyckii</i>	
Lepidoptera	<i>Xestia tabida</i>	
Hymenoptera	<i>Zaglyptus iwatai</i>	
Hymenoptera	<i>Zatypota kauros</i>	

21 Referanser

- 10 Ahlstrøm, A., Bjørkelo, K., and Fadnes, K.D. 2019. AR5 Klassifikasjonssystem. NIBIO. <https://nibio.brage.unit.no/nibio-xmlui/handle/11250/2596511>.
- Artsdatabanken. 2018. Fremmedartslista 2018. (Hentet 2021-07-01). <https://www.artsdatabanken.no/fremmedartslista2018>.
- Artsdatabanken. 2021. Artsnavnebasen. Norsk taksonomisk database. (Hentet 2021-07-01). <http://www.artsportalen.artsdatabanken.no/>.
- Åström, J., Birkemoe, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Handberg, Ø.N., Hansen, O., Magnussen, K., Majaneva, M.A.M., Navrud, S., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A., and Ødegaard, F. 2020a. Forslag til nasjonal insektovervåking. Erfaringer fra et pilotforsøk samt en nytte-kostnadsanalyse. Norsk institutt for naturforskning NINA.
- Åström, J., Birkemoe, T., Davey, M., Ekrem, T., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A., and Ødegaard, F. 2020b. Insektovervåking på østlandet 2020 – Rapport fra første feltsesong. Norsk institutt for naturforskning NINA. <https://hdl.handle.net/11250/2711199>.
- Åström, J., Birkemoe, T., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Sverdrup-Thygeson, A., and Ødegaard, F. 2019. Nasjonal overvåking av insekter. Behovsanalyse og forslag til overvåkingsprogram. Norsk Institutt for Naturforskning NINA.
- Åström, J., and May, R. 2019. Tap av insekt i vindkraftanlegg. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://brage.nina.no/nina-xmlui/handle/11250/2628755>.
- Astrup, R., Rahlf, J., Bjørkelo, K., Debella-Gilo, M., Gjertsen, A.-K., and Breidenbach, J. 2019. Forest information at multiple scales: Development, evaluation and application of the Norwegian forest resources map SR16. *Scandinavian Journal of Forest Research* **34**(6): 484–496. doi:10.1080/02827581.2019.1588989.
- Bartoń, K. 2020. MuMIn: Multi-model inference. <https://CRAN.R-project.org/package=MuMIn>.
- Baselga, A. 2010. Partitioning the turnover and nestedness components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography* **19**(1): 134–143. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2009.00490.x>.
- Baselga, A., Orme, D., Villegier, S., De Bortoli, J., Leprieur, F., and Logez, M. 2021. Beta-part: Partitioning beta diversity into turnover and nestedness components. <https://CRAN.R-project.org/package=betapart>.
- Bates, D., Mächler, M., Bolker, B., and Walker, S. 2015. Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software* **67**(1): 1–48. doi:10.18637/jss.v067.i01.
- Bouget, C., Brin, A., Tellez, D., and Archaux, F. 2015. Intraspecific variations in dispersal ability of saproxylic beetles in fragmented forest patches. *Oecologia* **177**(3): 911–920. doi:10.1007/s00442-014-3162-9.
- Brown, A.M., Warton, D.I., Andrew, N.R., Binns, M., Cassis, G., and Gibb, H. 2014. The fourth-corner solution - using predictive models to understand how species traits interact with the environment. *Methods in Ecology and Evolution* **5**(4): 344–352. doi:10.1111/2041-210x.12163.

- Callahan, B.J., McMurdie, P.J., Rosen, M.J., Han, A.W., Johnson, A.J.A., and Holmes, S.P. 2016. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods* **13**(7): 581–583. doi:10.1038/nmeth.3869.
- Certain, G., Skarpaas, O., Bjerke, J.-W., Framstad, E., Lindholm, M., Nilsen, J.-E., Norderhaug, A., Oug, E., Pedersen, H.-C., Schartau, A.-K., Meeren, G.I. van der, Aslaksen, I., Engen, S., Garnåsjordet, P.-A., Kvaløy, P., Lillegård, M., Yoccoz, N.G., and Nybø, S. 2011. The Nature Index: A General Framework for Synthesizing Knowledge on the State of Biodiversity. *PLoS ONE* **6**(4): e18930. doi:10.1371/journal.pone.0018930.
- Chao, A., Gotelli, N.J., Hsieh, T.C., Sande, E.L., Ma, K.H., Colwell, R.K., and Ellison, A.M. 2014. Rarefaction and extrapolation with hill numbers: A framework for sampling and estimation in species diversity studies. *Ecological Monographs* **84**: 45–67.
- DAISIE-partners. 2008. Species accounts for 100 of the most invasive alien species in europe. *Handbook of alien species in europe*. Springer.
- Delgado, M.D.M., Roslin, T., Tikhonov, G., Meyke, E., Lo, C., Gurarie, E., Abadonova, M., Abduraimov, O., Adrianova, O., Akimova, T., Akkiev, M., Ananin, A., Andreeva, E., Andriy-chuk, N., Antipin, M., Arzamascev, K., Babina, S., Babushkin, M., Bakin, O., Barabancova, A., Basilskaia, I., Belova, N., Belyaeva, N., Bepalova, T., Bisikalova, E., Bobretsov, A., Bobrov, V., Bobrovskiy, V., Bochkareva, E., Bogdanov, G., Bolshakov, V., Bondarchuk, S., Bukharova, E., Butunina, A., Buyvolov, Y., Buyvolova, A., Bykov, Y., Chakhireva, E., Chashchina, O., Cherenkova, N., Chistjakov, S., Chuhontseva, S., Davydov, E.A., Demchenko, V., Diadicheva, E., Dobrolyubov, A., Dostoyevskaya, L., Drovina, S., Drozdova, Z., Dubanaev, A., Dubrovsky, Y., Elsukov, S., Epova, L., Ermakova, O.S., Ermakova, O., Esengeldenova, A., Evstigneev, O., Fedchenko, I., Fedotova, V., Filatova, T., Gashev, S., Gavrilov, A., Gaydysh, I., Golovcov, D., Goncharova, N., Gorbunova, E., Gordeeva, T., Grishchenko, V., Gromyko, L., Hohryakov, V., Hritankov, A., Ignatenko, E., Igosheva, S., Ivanova, U., Ivanova, N., Kalinkin, Y., Kaygorodova, E., Kazansky, F., Kiseleva, D., Knorre, A., Kolpashikov, L., Korobov, E., Korolyova, H., Korotkikh, N., Kosenkov, G., Kos-senko, S., Kotlugalyamova, E., Kozlovsky, E., Kozshechkin, V., Kozurak, A., Kozyr, I., Krasnopevtseva, A., Kruglikov, S., Kuberskaya, O., Kudryavtsev, A., Kulebyakina, E., Kuls-ha, Y., Kupriyanova, M., Kurbanbagamaev, M., Kutenkov, A., Kutenkova, N., Kuyantseva, N., Kuznetsov, A., Larin, E., Lebedev, P., Litvinov, K., Luzhkova, N., Mahmudov, A., Ma-kovkina, L., Mamontov, V., Mayorova, S., Megalinskaja, I., Meydus, A., Minin, A., Mitro-fanov, O., Motruk, M., Myslenkov, A., Nasonova, N., Nemtseva, N., Nesterova, I., Nezdolij, T., Niroda, T., Novikova, T., Panicheva, D., Pavlov, A., Pavlova, K., Van, P., Podolski, S., Polikarpova, N., Polyanskaya, T., Pospelov, I., Pospelova, E., Prokhorov, I., Prokosheva, I., Puchnina, L., Putrashyk, I., Raiskaya, J., Rozhkov, Y., Rozhkova, O., Rudenko, M., Ryb-nikova, I., Rykova, S., Sahnevich, M., Samoylov, A., Sanko, V., Sapelnikova, I., Sazonov, S., Selyunina, Z., Shalaeva, K., Shashkov, M., Shcherbakov, A., Shevchyk, V., Shubin, S., Shujskaja, E., Sibgatullin, R., Sikkila, N., Sitnikova, E., Sivkov, A., Skok, N., Skorokhodova, S., Smirnova, E., Sokolova, G., Sopin, V., Spasovski, Y., Stepanov, S., Stratiy, V., Streka-lovskaya, V., Sukhov, A., Suleymanova, G., Sultangareeva, L., Teleganova, V., Teplov, V., Teplova, V., Tertitsa, T., Timoshkin, V., Tirski, D., Tolmachev, A., Tomilin, A., Tselishcheva, L., Turgunov, M., Tyukh, Y., Van, V., Ershkova, E., Vasin, A., Vasina, A., Vekliuk, A., Vet-chinnikova, L., Vinogradov, V., Volodchenkov, N., Voloshina, I., Xoliqov, T., Yablonovska-Grishchenko, E., Yakovlev, V., Yakovleva, M., Yantser, O., Yarema, Y., Zahvatov, A., Za-kharov, V., Zelenetskiy, N., Zheltukhin, A., Zubina, T., Kurhinen, J., and Ovaskainen, O. 2020. Differences in spatial versus temporal reaction norms for spring and autumn phen-ological events. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **117**(49): 31249–31258. doi:10.1073/pnas.2002713117.

- Elbrecht, V., Braukmann, T.W.A., Ivanova, N.V., Prosser, S.W.J., Hajibabaei, M., Wright, M., Zakharov, E.V., Hebert, P.D.N., and Steinke, D. 2019. Validation of COI metabarcoding primers for terrestrial arthropods. *PeerJ* **7**: e7745. doi:10.7717/peerj.7745.
- GBIF.org. 2021. GBIF home page. (Hentet 2021-10-01). <https://www.gbif.org>.
- Gillespie, M.A.K., Birkemoe, T., and Sverdrup-Thygeson, A. 2017. Interactions between body size, abundance, seasonality, and phenology in forest beetles. *Ecology and Evolution*. doi:10.1002/ece3.2732.
- Gossner, M.M., Lachat, T., Brunet, J., Isacsson, G., Bouget, C., Brus, H., Brandl, R., Weisser, W.W., and Müller, J. 2013. Current Near-to-Nature Forest Management Effects on Functional Trait Composition of Saproxylic Beetles in Beech Forests. *Conservation Biology* **27**(3): 605–614. doi:10.1111/cobi.12023.
- Hagge, J., Müller, J., Birkemoe, T., Buse, J., Christensen, R.H.B., Gossner, M.M., Gruppe, A., Heibl, C., Jarzabek-Müller, A., Seibold, S., Siitonen, J., Soutinho, J.G., Sverdrup-Thygeson, A., Thorn, S., and Drag, L. 2021. What does a threatened saproxylic beetle look like? Modelling extinction risk using a new morphological trait database. *Journal of Animal Ecology*. doi:10.1111/1365-2656.13512.
- Heikkala, O., Seibold, S., Koivula, M., Martikainen, P., Müller, J., Thorn, S., and Kouki, J. 2016. Retention forestry and prescribed burning result in functionally different saproxylic beetle assemblages than clear-cutting. *Forest Ecology and Management* **359**: 51–58. doi:10.1016/j.foreco.2015.09.043.
- Hesselbarth, M.H.K., Sciaini, M., With, K.A., Wiegand, K., and Nowosad, J. 2019. Landscape-metrics: An open-source r tool to calculate landscape metrics. *Ecography* **42**: 1648–1657.
- Hsieh, T.C., Ma, K.H., and Chao, A. 2016. iNEXT: An r package for rarefaction and extrapolation of species diversity (hill numbers). *Methods in Ecology and Evolution* **7**(12): 1451–1456. doi:<https://doi.org/10.1111/2041-210X.12613>.
- Jacobsen, R.M., Endrestøl, A., Davey, M., Often, A., Andreassen, M., Laugsand, A.E., Sandercock, B.K., Fossøy, F., and Åström, J. 2020. Tidlig oppdagelse av nye landlevende fremmede arter. Årsrapport for feltsesongen 2020. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://brage.nina.no/nina-xmlui/handle/11250/2711464>.
- Jakobsson, S., Evju, M., Framstad, E., Imbert, A., Lyngstad, A., Sickel, H., Sverdrup-Thygeson, A., Töpper, J.P., Vandvik, V., Velle, L.G., Aarrestad, P.A., and Nybø, S. 2021. Introducing the index-based ecological condition assessment framework (IBECA). *Ecological Indicators* **124**: 107252. doi:10.1016/j.ecolind.2020.107252.
- Jakobsson, S., and Pedersen, B. 2020. Naturindeks for Norge 2020. Tilstand og utvikling for biologisk mangfold. 114.
- Jakobsson, S., Töpper, J.P., Evju, M., Framstad, E., Lyngstad, A., Pedersen, B., Sickel, H., Sverdrup-Thygeson, A., Vandvik, V., Velle, L.G., Aarrestad, P.A., and Nybø, S. 2020. Setting reference levels and limits for good ecological condition in terrestrial ecosystems – Insights from a case study based on the IBECA approach. *Ecological Indicators* **116**: 106492. doi:10.1016/j.ecolind.2020.106492.
- Jepsen, J.U., Arneberg, P., Ims, R.A., Siwertsson, A., and Yoccoz, N.G. 2019. Test av fagsystemet for økologisk tilstand. Erfaringer fra pilotprosjekter for arktisk tundra og arktisk del av Barentshavet. Norsk Institutt for Naturforskning NINA.
- Jepsen, J.U., Arneberg, P., Ims, R.A., Siwertsson, A., and Yoccoz, N.G. 2020. Panel-based

- Assessment of Ecosystem Condition (PAEC). Technical protocol version 2. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://brage.nina.no/nina-xmlui/handle/11250/2720073>.
- Kotiaho, J.S., Kaitala, V., Komonen, A., and Päävinen, J. 2005. Predicting the risk of extinction from shared ecological characteristics. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **102**(6): 1963–1967. doi:10.1073/pnas.0406718102.
- Laaksonen, M., Punttila, P., Siitonen, J., and Ovaskainen, O. 2020. Saproxylic beetle assemblages in recently dead Scots pines: How traits modulate species' response to forest management? *Forest Ecology and Management* **473**: 118300. doi:10.1016/j.foreco.2020.118300.
- McMurdie, P.J., and Holmes, S. 2013. Phyloseq: An r package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS ONE* **8**(4): e61217.
- Middleton-Welling, J., Dapporto, L., García-Barros, E., Wiemers, M., Nowicki, P., Plazio, E., Bonelli, S., Zaccagno, M., Šašić, M., Liparova, J., Schweiger, O., Harpke, A., Musche, M., Settele, J., Schmucki, R., and Shreeve, T. 2020. A new comprehensive trait database of European and Maghreb butterflies, Papilionoidea. *Scientific Data* **7**(1): 351. doi:10.1038/s41597-020-00697-7.
- Nybø, S., Arneberg, P., Framstad, E., Ims, R., Lyngstad, A., Schartau, A.K., Sickel, H., Sverdrup-Thygeson, A., and Vandvik, V. 2017. Fagsystem for fastsetting av god økologisk tilstand - forslag fra et ekspertråd. : 252. Norsk Institutt for Naturforskning NINA.
- Nybø, S., Framstad, E., Jakobsson, S., Töpper, J., and Vandvik, V. 2020. Økologisk tilstand og andre verktøy for å vurdere naturkvaliteter i terrestriske miljø. Datakilder og forvaltningsmål. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://brage.nina.no/nina-xmlui/handle/11250/2719742>.
- Oksanen, J., Blanchet, F.G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., Minchin, P.R., O'Hara, R.B., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, M.H.H., Szoecs, E., and Wagner, H. 2020. Vegan: Community ecology package. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>.
- Ørka, H.O., Bollandsås, O.M., and Gobakken, T. 2019. Fjernmålingsbasert kartlegging og overvåking av økosystemet skog. Field instruction V24. Fakultet for miljøvitenskap og naturforvaltning, NMBU.
- Ovaskainen, O., Rybicki, J., and Abrego, N. 2019. What can observational data reveal about metacommunity processes? *Ecography* **42**(11): 1877–1886. doi:10.1111/ecog.04444.
- Ovaskainen, O., Tikhonov, G., Norberg, A., Guillaume Blanchet, F., Duan, L., Dunson, D., Roslin, T., and Abrego, N. 2017. How to make more out of community data? A conceptual framework and its implementation as models and software. *Ecology Letters* **20**(5): 561–576. doi:10.1111/ele.12757.
- Pebesma, E. 2021. Lwgeom: Bindings to selected 'liblwgeom' functions for simple features. <https://CRAN.R-project.org/package=lwgeom>.
- Porter, T.M., and Hajibabaei, M. 2018. Automated high throughput animal CO1 metabarcoding classification. *Scientific Reports* **8**(1): 4226. doi:10.1038/s41598-018-22505-4.
- Reinhardt, K., Köhler, G., Maas, S., Detzel, P., and Spence, J.R. 2005. Low Dispersal Ability and Habitat Specificity Promote Extinctions in Rare but Not in Widespread Species: The Orthoptera of Germany. *Ecography* **28**(5): 593–602.
- Rognes, K. 1986. The Sarcophagidae (Diptera) of Norway. *Fauna Norvegica B.* **33**(1): 26.

- Roy, H.E., Bacher, S., Essl, F., Adriaens, T., Aldridge, D.C., Bishop, J.D.D., Blackburn, T.M., Branquart, E., Brodie, J., Carboneras, C., Cottier-Cook, E.J., Copp, G.H., Dean, H.J., Eilenberg, J., Gallardo, B., Garcia, M., García-Berthou, E., Genovesi, P., Hulme, P.E., Kenis, M., Kerckhof, F., Kettunen, M., Minchin, D., Nentwig, W., Nieto, A., Pergl, J., Pescott, O.L., M. Peyton, J., Preda, C., Roques, A., Rorke, S.L., Scalera, R., Schindler, S., Schönrogge, K., Sewell, J., Solarz, W., Stewart, A.J.A., Tricarico, E., Vanderhoeven, S., Velde, G. van der, Vilà, M., Wood, C.A., Zenetos, A., and Rabitsch, W. 2019. Developing a list of invasive alien species likely to threaten biodiversity and ecosystems in the European Union. *Global Change Biology* **25**: 1032–1048.
- Saul, W.-C., Roy, H.E., Booy, O., Chen, L.C.H.-J., Genovesi, P., Harrower, C.A., Pagad, P.E.H.S., Pergl, J., and Jeschke, J.M. 2017. Assessing patterns in introduction pathways of alien species by linking major invasion data bases. *Journal of Applied Ecology* **54**: 657–669.
- Seibold, S., Bassler, C., Brandl, R., Gossner, M.M., Thorn, S., Ulyshen, M.D., and Muller, J. 2015. Experimental studies of dead-wood biodiversity - A review identifying global gaps in knowledge. *Biological Conservation* **191**: 139–149. doi:10.1016/j.biocon.2015.06.006.
- Sekar, S. 2012. A meta-analysis of the traits affecting dispersal ability in butterflies: Can wingspan be used as a proxy? *Journal of Animal Ecology* **81**(1): 174–184. doi:10.1111/j.1365-2656.2011.01909.x.
- Stokland, J.N., Siitonen, J., and Jonsson, B.G. 2012. *Biodiversity in dead wood*. Cambridge University Press.
- Sverdrup-Thygesen, A., Skarpaas, O., Blumentrath, S., Birkemoe, T., and Evju, M. 2017. Habitat connectivity affects specialist species richness more than generalists in veteran trees. *Forest Ecology and Management* **403**(Supplement C): 96–102. doi:10.1016/j.foreco.2017.08.003.
- Vandewalle, M., Bello, F. de, Berg, M.P., Bolger, T., Dolédec, S., Dubs, F., Feld, C.K., Harrington, R., Harrison, P.A., Lavorel, S., Silva, P.M. da, Moretti, M., Niemelä, J., Santos, P., Sattler, T., Sousa, J.P., Sykes, M.T., Vanbergen, A.J., and Woodcock, B.A. 2010. Functional traits as indicators of biodiversity response to land use changes across ecosystems and organisms. *Biodiversity and Conservation* **19**(10): 2921–2947. doi:10.1007/s10531-010-9798-9.
- Wang, Q., Garrity, G.M., Tiedje, J.M., and Cole, J.R. 2007. Naïve Bayesian Classifier for Rapid Assignment of rRNA Sequences into the New Bacterial Taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology* **73**(16): 5261–5267. doi:10.1128/AEM.00062-07.
- Wikipedia contributors. 2019. Invasive alien species of Union concern. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX:32019R1262>.

Norsk institutt for naturforskning, NINA,
er en uavhengig stiftelse som forsker på
natur og samspillet natursamfunn.

NINA ble etablert i 1988. Hovedkontoret er i
Trondheim, med avdelingskontorer i Tromsø,
Lillehammer, Bergen og Oslo. I tillegg driver
NINA Sæterfjellet avlsstasjon for fjellrev på
Oppdal, og forskningsstasjonen for vill
laksefisk på Ims i Rogaland.

NINAs virksomhet omfatter både forskning
og utredning, miljøoveråking, rådgivning og
evaluering. NINA har stor bredde i
kompetanse og erfaring med både
naturvitere og samfunnsvitere i staben. Vi
har kunnskap om artene, naturtypene,
samfunnets bruk av naturen og
sammenhenger med de store drivkreftene i
naturen.

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4855-6

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger