

2241

NINA Rapport

Insektovervåking på Østlandet, Sørlandet og Trøndelag Rapport fra feltsesong 2022

Jens Åström, Tone Birkemoe, Hege Brandsegg, Sondre Dahle, Marie Davey, Torbjørn Ekrem, Frode Fossøy, Oddvar Hanssen, Arne Laugsand, Markus Majaneva, 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 engelsk, som NINA Report.

NINA Temahefte

Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. Heftene har vanligvis en populærvitenskapelig form med vekt på illustrasjoner. NINA Temahefte kan også utgis på engelsk, som NINA Special Report.

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 forskningsresultater i internasjonale vitenskapelige journaler og i populærfaglige bøker og tidsskrifter.

Insektovervåking på Østlandet, Sørlandet og Trøndelag

Rapport fra feltsesong 2022

Jens Åström

Tone Birkemoe

Hege Brandsegg

Sondre Dahle

Marie Davey

Torbjørn Ekrem

Frode Fossøy

Oddvar Hanssen

Arne Laugsand

Markus Majaneva

Arnstein Staverløkk

Anne Sverdrup-Thygeson

Frode Ødegaard

Åström, J., Birkemoe, H., Brandsegg, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, M. Majaneva, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A. & Ødegaard, F. 2022. Insektovervåking på Østlandet, Sørlandet og i Trøndelag. Rapport fra feltsesong 2022. NINA Rapport 2241. Norsk institutt for naturforskning.

<http://hdl.handle.net/11250/3053636>

Trondheim, mars 2023

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-5037-5

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Denne rapporten er lisensiert under Creative Commons Navngivelse 4.0

Internasjonal lisens: [Creative Commons — Attribution 4.0 International — CC BY 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Rannveig Jacobsen

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Jørgen Rossvold (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAKSGIVERS REFERANSE

M-2486 | 2023

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Hilde Nystad

FORSIDEBILDE

Insektsuppe, oljemaling. © DALL•E, 2023-01-05.

NØKKEWORD

- Norge
- terrestrisk
- insekter
- overvåking
- metastrekkoding

KEY WORDS

- Norway
- terrestrial
- insects
- monitoring
- metabarcoding

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, H., Brandsegg, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, M. Majaneva, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A. & Ødegaard, F. 2022. Insektovervåking på Østlandet, Sørlandet og i Trøndelag. Rapport fra feltsesong 2022. NINA Rapport 2241. Norsk institutt for naturforskning.

<http://hdl.handle.net/11250/3053636>

Denne rapporten beskriver arbeidet med en generell insektovervåking i Norge for 2022, finansiert av Miljødirektoratet. Overvåkingen startet opp på Østlandet i 2020 med økosystemene skog og semi-naturlig mark, og ble i 2021 utvidet til semi-naturlig mark i Trøndelag, fulgt av semi-naturlig mark på Sørlandet i 2022. En videre utvidelse til semi-naturlig mark i Nord-Norge er planlagt for 2023, og full nasjonal dekning med inkludering av semi-naturlig mark på Vestlandet er forventet i 2024. Totalt har 90 lokaliteter blitt undersøkt så langt og målet er å utvide programmet til hele landet med 250 lokaliteter i hvert økosystem.

Prosjektet baserer seg på passiv fangst av flyvende insekter ved hjelp av malaisefeller, supplert med vindusfeller i skog for å øke fangsten av biller. Metoden fanger store mengder med insekter, men den totale biomassen per lokalitet og år (ca. 245 gram) er såpass lav at den ikke forventes å påvirke bestandene negativt. Artene identifiseres ved hjelp av DNA-metastrekkoding men kun enkelte funn blir bekreftet med tradisjonelle morfologiske analyser. Nøyaktigheten på koblingen mellom DNA og artsnavn varierer mellom artsgrupper og er avhengig kvaliteten i tilgjengelige referansebibliotek. Prosjektet jobber kontinuerlig med utbedring av referansebiblioteket, der prosjektet bidro med strekkoder for ytterligere 318 norske arter i 2022. Flere strekkoder i referansebiblioteket gjør også at mer DNA i fellene kan får treff som insekter, hvilket påvirker de totale estimerte artsantallet. Etter årets revisjon av referansebiblioteket, finner vi flere tusen flere arter i de tidligere innsamlede prøvene, hvilket peker på den store betydningen av å fortsette å utvikle referansebibliotekene. Validering med morfologisk identifisering av blomsterfluer viser, i tråd med tidligere funn på sommerfugler, at DNA-metastrekkoding har god oppdagelseevne av biodiversitet, selv om identifikasjonen til art fortsatt kan forbedres. Valideringen viser også at metodikken fortsatt strever med biller, og en knusing av vindusfelleprøvene bør derfor testes ut og vurderes i fremtiden. I øvrig ser labrutinene ut å fungere godt og er uforandrete fra 2021.

Basert på de tre første sesongene så har overvåkingsprosjektet funnet et estimert artsantall på ca. 20.000 insektarter. Til sammenligning er det ca. 19.500 kjente insektarter i Norge fra tidligere, og vi antar derfor at overvåkingen, i kombinasjon med videre taksonomiske analyser, vil tilføye mange nye arter for Norge. Potensielt nye arter må vurderes av taksonomisk ekspertise, der vi kan låne ut prøver for morfologisk etterkontroll. Med sin størrelse og klimatiske gradient bidrar Østlandet så langt med flest arter, og vi finner her noen flere arter i semi-naturlig mark enn i skog. Deretter følger semi-naturlig mark i Trøndelag og til sist semi-naturlig mark på Sørlandet. Overvåkingen har funnet mer enn hundre og femti rødlistede arter og det er funnet rødlistearter i nesten alle lokaliteter. Blant de mange artene som ikke er påvist tidligere i Norge, er de fleste trolig stedeegne men tidligere ikke observerte arter, eller er de ikke registrert i offentlige digitale kilder. Flere av disse artene kan også være feilbestemt, for eksempel fordi strekkodene ikke skiller mellom arter, eller fordi arter i BOLD er feilbestemt. Men et mindre antall er også listet opp i Fremmedartslista til Artsdatabanken. De arter som i følge offentlige kilder ikke er observert i naboland tidligere bør vurderes av eksperter som potensielt fremmede arter.

Mengden arter og biomasse av insekter for 2022 er noe lavere enn tidligere år. Dette kan sannsynlig-

vis forklares med dårligere værforhold for insekter dette året, selv om vi har for få år for å teste dette kvantitativt ennå. Prosjektet samler inn informasjon for en rekke grunnleggende påvirkningsfaktorer, hvilket er viktig for å kunne vurdere effekter av klimaendringer og arealbruk på insekter i lengre tids-serier. Lokal variasjon i været forklarer ca. 30% av variasjonen i biomasse mellom lokaliteter gjennom samme periode. Ved å inkludere data for vegetasjon og landskapskomposisjon fra hver lokalitet økes forklaringssevnene til ca. 40% for skogslokalitetene, mens disse forklaringsvariablene har mindre påvirkning i semi-naturlig mark. Forklaringsgraden for semi-naturlige lokaliteter ville sannsynligvis forbedres hvis man innhenter data for arealbruket i omkringliggende landskap, tilsvarende de som samles inn i 3Q.

Forskjellen i artsforekomster mellom ulike lokaliteter (beta-diversitet) var noe lavere enn forventet, sammenlignet med en tilfeldig fordeling av arter. En mulig forklaring er at fangst- eller identifiseringssteknikkene som er benyttet her ikke klarer å observere all diversitet som faktisk er på lokalitetene. Beta-diversitet forklares nesten utelukkende gjennom at lokalitetene har ulike arter (species-turnover), heller enn ulikt antall arter, og forskjellene i artsforekomst øker svakt med økt avstand mellom lokaliteter. Disse resultatene er i tråd med tidligere studier som viser at insektfangster ofte varierer kraftig mellom feller og lokaliteter.

Med 3 års data har vi nå starten på en tidsserie som vil danne et essensielt kunnskapsgrunnlag for vurderinger av forekomst og endringer av insektsamfunnet i Norge. Prosjektet påviser en svært stor biomangfold og har en robust metode for å måle forandringer i biomasse og samfunnskomposisjon. På sikt vil eventuelle tidstrender kunne oppdages, både i forandrete totale fangster per år og i forandrete mønster innen år (fenologi og utbredelse). Ambisjonen på sikt er å utvide overvåkingen også av skog til hele landet, og ta i bruk dataene fra prosjektet til beregning av insektindikatorer for økosystemtilstand. Her ligger den største utfordringen i å estimere referansetilstand, noe som sannsynligvis vil kreve målrettede undersøkinger av referanseområder. En nettside der publikum kan følge med på trender og stedfestede funn er under utvikling, der eksperter også vil kunne komme med innspill på artsidentifikasjoner og bidra med validering av lagrete funn. Dette kan fungere som en mer letttilgjengelig og tilpassingsbar kilde for resultater fra overvåkingen for folk flest, sammenlignet med denne rapport, som er detaljert og statisk. En langtidslagring av prøvene er fortsatt ikke finansiert og vi vil derfor være nødt til å destruere funn etter ca 5 år i fryselager, hvis ikke en langsiktig finansiering kommer på plass. Dette er uheldig med tanke på ambisjonen om langsiktighet i prosjektet.

Med dette overvåkingsprogrammet har Norge kommet lengre enn mange andre land med tanke på overvåkingen av insektene. Mange land har ennå ikke startet en kontinuerlig overvåking, eller begrenser seg til enkelte grupper, som for eksempel pollinerende insekter. Vi er i kontinuerlig dialog med flere naboland, der vi deler praktiske erfaringer, i håp om å harmonisere metodikken for å kunne gjøre enkle sammenstillinger på tvers av landegrensene.

Vår anbefaling er som før at programmet utvides til å inkludere mer typiske jordbrukslandskap (dvs. mer intensivt drevet åkermark), for å være mer arealrepresentativ og også overvåke områder med antatt større menneskelig påvirkning. I tillegg kunne flere forklaringsvariabler i semi-naturlig mark bli innhentet, for eksempel gjennom å tilpasse NIBIOs 3Q-metodikk for lokalitetene i insektovervåkingen med detaljert tolking av flyfoto samt innhenting av data på jordbruksdriften i det omkringliggende landskapet (produksjon, gjødsling og sprøyting et cetera). Variasjoner i oppstartstidspunkt i ulike overvåkingsår har medført enkelte hull i dataserien i starten av sesongene. For å bøte på dette så er det viktig med en langsiktig og forutsibar finansiering av overvåkingsprogrammet, for å muliggjøre god planlegging og gjennomføring av insektovervåkingen.

Jens Åström, NINA Postboks 5685 Torgarden NO-7485 Trondheim., jens.astrom@nina.no
Tone Birkemoe, NMBU/MINAPostboks 5003 NMBUNO-1432 Ås., Tone.Birkemoe@nmbu.no
Hege Brandsegg, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Hege.Brandsegg@nina.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
Frode Fosøy, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Frode.Fosoy@nina.no
Oddvar Hanssen, NINAPostboks 5685 TorgardenNO - 7485 Trondheim., Oddvar.Hanssen@nina.no
Arne Laugsand, NINAPostboks 5685 TorgardenNO - 7485 Trondheim., Arne.Laugsand@nina.no
Markus Majaneva, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Markus.Majaneva@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, H., Brandsegg, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, M. Majaneva, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A. & Ødegaard, F. 2022. Insectmonitoring in Østlandet, Sørlandet and Trøndelag. Report from the fieldseason of 2022. NINA Rapport 2241. Norsk institutt for naturforskning. <http://hdl.handle.net/11250/3053636>

This report documents the 2022 findings of a general insect monitoring program in Norway that is financed by the Norwegian Environmental Agency. The program was initiated in 2020 for forest and semi-natural/agricultural ecosystems in Eastern Norway and was extended in 2021 to include semi-natural/agricultural land in Trøndelag, followed by semi-natural/agricultural land in Sørlandet in 2022. The program is scheduled to further expand to include semi-natural/agricultural lands in Northern Norway in 2023, and is intended to reach full national coverage in 2024 with the inclusion of semi-natural/agricultural land in Western Norway. To date, 90 localities have been inventoried, and a full scale monitoring program will include 250 localities in every ecosystem.

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 annual biomass collected at any given locality (ca. 245 g) is not expected to have negative effects on local insect populations. The collected insects are identified using DNA-metabarcoding with selected observations confirmed by morphological identification of individual insects. 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 expanding its reference database and has barcoded an additional 318 Norwegian species in 2022. Improved coverage of insect diversity in the reference database can impact estimates of total species richness, as it increases the amount of DNA from each trap that can be identified as being insect in origin. As such, all sequencing data generated in the monitoring project was re-identified in 2022 against the newly revised version of the reference database, detecting thousands of more species in these samples. This highlights the immense impact of further reference database development and expansion and the critical role of reference barcode generation in this monitoring program. Validation by morphological identification of hoverflies reveals, in line with earlier studies of butterflies, that the DNA-metabarcoding has a high detection rate of biodiversity, although the identification to species still has room for improvement. The validation also show that the technique still struggles with beetles, and homogenisation of the window-trap catches should be tested and evaluated for the future. Apart from this, the methodology appears to work well, and remain unchanged from 2021.

Over the course of three monitoring seasons, the project has detected ca. 20 000 species. Given that prior to initiating monitoring, there were approximately 19 500 insect species reported in Norway, it is expected that many species new to Norway will be detected. To confirm a species as new to Norway, physical specimens must be morphologically identified by taxonomic experts, and samples collected in the monitoring program can be loaned for morphological investigations. With its large geographic size and substantial climatic gradient, Eastern Norway was the most species-rich region, with semi-natural/agricultural lands hosting slightly more species than forests. Semi-natural/agricultural lands in Trøndelag were the next most speciose ecosystem, followed by the same habitat in Sørlandet. To date, the monitoring program has detected approximately 150 red-listed species, and most localities host at least one red-listed species. There are numerous genetic detections of species not previously reported from Norway. Many of these are likely native species that have been overlooked or not registered in public digital databases. Some species could also be misidentified, for example if the DNA-sequences does not distinguish between species, or if there are faulty information in public gen-

etic databases. A small number of the species not previously reported from Norway are included on the Invasive Species List for Norway, administered by the Norwegian Biodiversity Information Center. Those species detected in the monitoring program that are not already known from neighbouring fennoscandian countries require further evaluation by taxonomic experts as potential invasive or do-or-knocker species. These species will be listed on the monitoring program's website in a format that is currently under development.

The insect biomass collected in 2022 was lower than in previous years, which most likely can be attributed to poor weather conditions for insects, despite the fact we have relatively little data to quantitatively test this. In addition to inventorying insect biodiversity, the monitoring program collects data for a number of variables with the goal of assessing long-term effects of climate and land-use change on insects. In total, 30% of the between-locality variation in biomass within the same trapping period could be explained by local, small-scale weather variation. Including data on vegetation and landscape composition at each locality increases the explanatory power of the model to 40% for forests, but has less impact in semi-natural/agricultural landscapes. The explanatory power for these sites could potentially be improved by collecting data corresponding to those in 3Q.

Between-locality differences in biodiversity (beta-diversity) were 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. The beta-diversity was almost exclusively explained by different species occurring at different localities (species turnover) rather than the species richness varying between localities. Between locality differences in biodiversity increased slightly with increasing distance. These results are consistent with other studies that demonstrate that insect captures can vary strongly between traps and localities.

The three years of data that have now been collected form the foundation for a time series that will track occurrences and changes in the insect community in Norway. The monitoring program has already identified substantial insect biodiversity and uses robust methods for measuring both changes in biomass and community composition. In the long term, the monitoring design will allow detection of both between year changes of overall catches, as well as changes in within-year captures (phenology and distribution). Further ambitions for the national monitoring project include extending it to monitor forests on a national scale and using data from the project to calculate indices for ecosystem condition. The most significant barrier to developing these indices is estimating reference conditions, and targeted surveys of reference areas are likely necessary to achieve this. With the initiation and expansion of this monitoring program, Norway places itself at the global forefront of insect biodiversity monitoring. Most countries do not have a continuous monitoring program in place, or focus on a limited set of taxa, such as pollinating insects. We are in continuous dialogue with several neighbouring countries in order to share practical information and experiences with the goal of harmonizing methodology in order to allow for simple, robust data collation across larger geographic areas.

Our recommendations for development of the monitoring program include further expansion to more typical agricultural landscapes (i.e. intensively farmed fields) in order to be more representative of the area and to assess insect populations that are presumed to experience greater anthropogenic impacts. We also recommend collecting further explanatory variables in semi-natural/agricultural landscapes, for example by applying the NIBIO 3Q methodology to all semi-natural locations that are part of the insect monitoring program. Finally, there have consistently been early season data gaps in the initial years of this program, which are attributed to short turnaround times between the confirmation of annual funding and the beginning of the field season. This highlights the need for long-term and predictable funding of the monitoring program to facilitate good, efficient planning and implementation.

Jens Åström, NINA Postboks 5685 Torgarden NO-7485 Trondheim., jens.astrom@nina.no
Tone Birkemoe, NMBU/MINAPostboks 5003 NMBUNO-1432 Ås., Tone.Birkemoe@nmbu.no
Hege Brandsegg, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Hege.Brandsegg@nina.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
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
Markus Majaneva, NINAPostboks 5685 TorgardenNO-7485 Trondheim., Markus.Majaneva@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	4
Abstract	7
Innhold	11
Forord	12
1 Innledning	13
2 Lokalteter	14
2.1 Utvalg av lokaliteter	14
2.2 Landskapskomposisjon for lokaliteter	15
3 Felletømminger	20
4 Identifisering av arter med DNA-metastrekkoding	22
4.1 Forbehandling av prøvene	22
4.2 DNA-ekstraksjon, etterbehandling og lagring av felleprøver	22
4.3 DNA-amplifisering og sekvensering	23
4.4 Bioinformatikk	23
4.5 Kvalitetssikring av DNA-basert identifisering av arter	23
4.6 Horisontskanning og identifisering av nye arter for Norge	24
4.7 Sannsynlighet for klassifisering til artsnivå	28
4.8 Sekvenseringsdybde og antall arter påvist med DNA-metastrekkoding	28
4.9 Sammenligning mellom DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse	30
5 Referansestrekkoder for norske insekter	33
6 ANO-registreringer	34
7 Skogsregistreringer	35
8 Tidstrender	36
8.1 Biomasse innen sesongen	36
8.1.1 Biomasse for enkelte lokaliteter	36
8.2 Artsantall innen sesongen	42
8.3 Artsantall for enkelte lokaliteter	43
8.4 Pollinatorer	47

8.5	Årlige tidstrender	48
9	Klima og vær	50
9.1	Mellomårsvariasjon i vær	50
9.2	Innenårsvariasjon i vær	52
10	Effekt av mikroklima	56
11	Funn av rødlistede arter	58
12	Funn av fremmede arter	65
13	Diversitet	68
13.1	Oppdeling av biodiversitet i α , β , γ -komponenter	72
13.2	Kilder til β -diversitet	72
13.3	Forskjeller i diversitet i forhold til geografisk avstand	73
13.4	Genetisk diversitet – variasjon innen arter	76
14	Forklaringsevnen til innsamlede variabler	79
14.1	Effekt av værforhold på biomasse av insekter	79
14.2	Effekt av andre miljøvariabler på biomasse	80
14.2.1	ANO-kartlegging og landsskogstaksering	80
14.2.2	Arealtyper i AR5	81
14.2.3	Skog i AR5	81
14.2.4	Romlig komposisjon	83
14.2.5	Lineære element	84
14.2.6	Modellering	86
14.2.7	Forklaringsevne for biomasse i Skogslokaliteter	86
14.2.8	Forklaringsevne for biomasse i semi-naturlige lokaliteter	87
14.3	Forklaringer av artssamfunn	90
14.4	Oppsummering forklaringsvariabler	92
15	Dataleveranse til GBIF og dokumentasjon av analyser	93
16	Vedlegg I. Fangster på lokalitetsnivå	94
17	Vedlegg II. Funn av arter på fremmedartslista	96
18	Referanser	97

Forord

Norsk institutt for naturforskning har i 2022 gjennomført det tredje året av Norsk insektovervåking, etter førarbeid i 2018 og 2019.

Hovedformålet for overvåkingen er å skaffe kunnskap om regional status og endringer i insektmangfoldet i de terrestriske økosystemene skog og semi-naturlig mark. I tillegg bidrar prosjektet til en økt kunnskap om forekomsten av enkelte insektarter og påvirkningen av grunnleggende påvirkningsfaktorer for deres utbredelse. Insekter er svært viktige i økosystemet og danner en betydelende del av biomangfoldet. En god, grunnleggende overvåking er nødvendig for å kunne følge med på endringer og vurdere effekten av menneskelig påvirkning.

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 med innsamling av felleprøver og kartlegging av den lokale floraen kring insektfellene. Her har John Gunnar Dokk, Frode Næstead, Jon Peder Lindemann, Kjell Mjølshes og Heidi Myklebost gjort den store jobben, med hjelp av Ulrika Jansson, Vegar Bakkestuen, Synne Hernes, Anne Melhoop, Eir Abbedissen, Likas Tietgen, Ragnhild Grevskott, Ragnhild Svensen Stokka, Lise Tingstad, Susanne Berthelse og Katrine Brynildsrud. På lab har vi hatt hjelp av Vegard Ambjørndalen, Heidi Myklebust og Jacob Gastinger for prosessering av felleprøvene. Anette Ljosdal Havmo har hjulpet til med økonomi og administrasjon.

Vi takker også våre kontaktpersoner på Miljødirektoratet Heidrun Ullerud og Hilde Nystad for godt samarbeid gjennom prosjektet.

Trondheim, 01.03.2023

Jens Åström

1 Innledning

Denne rapporten sammenfatter virksomheten i 2022, som er det tredje året i en generell insektovervåking i Norge. Utforming, analyser og tekst følger i store trekk fjorårets rapport (Åström et al. 2022).

Siden 2020 har det blitt samlet inn insekter i økosystemene skog og semi-naturlig mark på Østlandet. I 2021 ble programmet utvidet til semi-naturlig mark i Trøndelag, og i 2022 ble det utvidet til å inkludere også semi-naturlig mark på Sørlandet. I oppstartsfasen fra 2020-2025 velger vi ut 10 nye lokaliteter per økosystemtype og region hvert år. 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 omløp.

Malaisefeller er den viktigste innsamlingsmetodikken for alle lokaliteter, med 1 feller per lokalitet. I tillegg benytter vi 4 vindusfeller i hver av skoglokalitetene. Malaisefellene fanger et bredt spekter av alle flygende insekter, men fanger spesielt mye av tovinger og veps. Vindusfellene fanger et mindre antall insekter, men er særlig rettet mot biller, som har en betydningsfull rolle i skogsøkosystemet. Identifiseringen av insektene blir gjort ved hjelp av DNA-metastrekkoding etter en "mild-lysering" av felle materialet, som i stor grad bevarer materialet og muliggjør manuell etterkontroll av enkeltindivider. Vi understreker at artsfunnene fra denne overvåking ikke er morfologisk verifiserte, men baserer seg helt på DNA-sekvenser og matching mot referansebibliotek. Verifisering av artsfunn krever manuell håndtering av enkelte individer og taksonomisk ekspertise. Selv om manuell verifisering av lagrede prøver i mange tilfeller vil være mulig, er det for tidskrevende til å gjøres regelmessig. Vi tømmer fellene annenhver uke, med ambisjon om å dekke inn hoveddelen av flyvesesongen (fra april til oktober) og bruker samme felletyper hvert år. I tillegg til DNA-analyser, måles den totale biomassen i prøvene som våtvekt etter å ha helt ut etanolen.

Målet med overvåkingen er ikke å oppdage alle insektarter i landet, men å måle utviklingen av den generelle mengden og artskomposisjonen hos insektsamfunnene, samt å samle inn forklaringsvariabler som hjelper oss å forstå og forutse forandringer. Uansett fangstmetodikk og identifiseringsteknikk vil man få noen skjevheter, da visse artsgrupper går i fellene oftere enn andre, og noen artsgrupper identifiseres oftere enn andre grupper. Her står man ovenfor flere tekniske valg, som alle kan påvirke datamaterialet noe, der vi i løpet av oppstartsfasen gjør oss viktige erfaringer. Når man har etablert et overvåkingsprogram er det viktig å holde innsamlings- og identifiseringsmetodikken så konstant som mulig over tid, for å forenkle en sammenligning av dataene over tid.

Overvåkingsprogrammet fanger inn en svært stor diversitet av insekter. Denne diversitet måles gjennom at man deler inn all insekt-DNA i separate arter, basert på forskjellene hos DNA-sekvensene. I tillegg måler vi innenartsvariasjonen hos artene, ved å registrere forskjeller i DNA innenfor hver art. DNA-metastrekkoding er en svært kraftfull teknologi, som kan håndtere store prøvemengder relativt kostnadseffektivt. Den største utfordringen med metodikken er å plassere DNA-kodene i et taksonomisk tre, og sette kjente artsnavn på dem. Bestemmelse av arter avhenger av hvor komplett referansebiblioteket med sekvenser og tilhørende artsnavn er. Men for å se endringer i biodiversitet over tid, eller sammenligne biodiversitet i forskjellige områder, er vi ikke avhengig av at alle DNA-varianter får et artsnavn. Vi kan derfor overvåke og følge med på utviklingen av mange insekter, som vi ennå ikke vet navnet på. Vi vil etter hvert også kunne navngi flere og flere arter, ettersom referansebibliotekene utvides, både for gamle og nye data.

I 2020 estimerte vi et totalt artsantall på omtrent 12 000 insektarter og i 2021 økte antallet til omtrent 16 000 etter en oppgradering av analysemetodikken. For 2022 estimerer vi et totalantall på 12 807 insektarter. Det betyr ikke at drøyt 3000 arter har forsvunnet, men gjenspeiler sannsynligvis lavere individantall for disse artene grunnet dårligere værforhold for insekter i 2022. Våren og før-sommeren var tørr i store deler av Sør-Norge, og sommeren var kald og våt i Trøndelag, hvilket sannsynligvis

kan forklare de noe lavere mengdene insekter vi fanget i 2022. Det totale artsantallet for alle 3 år i programmet så langt estimeres til 20258, basert på DNA-analyser. Dette kan sammenlignes med det tidligere totale antallet kjente insektarter i Norge på omtrent 19 500 arter.

Årets rapport inneholder en oppsummering av hvordan landskapskomposisjonen for de to økosystemtypene semi-naturlig mark og skog overlapper og skiller seg fra hverandre, samt eksempelkart på variasjonen mellom lokaliteter. Vi viser et generelt bilde over insektfunnene i de ulike lokalitetene over tid. Vi viser også en oversikt over miljøvariablene vi samler inn i felt, og som vi har tilgang til via offentlige kilder, samt undersøker forklaringsvevnen 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.

2 Lokaliteter

På Østlandet og i Trøndelag fortsatte feltarbeidet i samme omfang som i 2021. Dette innebærer 10 lokaliteter i hvert av økosystemtypene skog og semi-naturlig mark på Østlandet, og 10 lokaliteter i semi-naturlig mark i Trøndelag (Åström et al. 2020b). I tillegg ble overvåkingen utvidet med semi-naturlig mark på Sørlandet, også her med 10 lokaliteter (Figur 2). Opplegget følger den generelle planen beskrevet i Åström et al. (2019), med et forskjøvet design, der man velger 10 nye lokaliteter i hver økosystemtype og region 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. Denne rulleringen er koordinert med omløpet i ANO-kartleggingen (Tingstad et al. 2019).

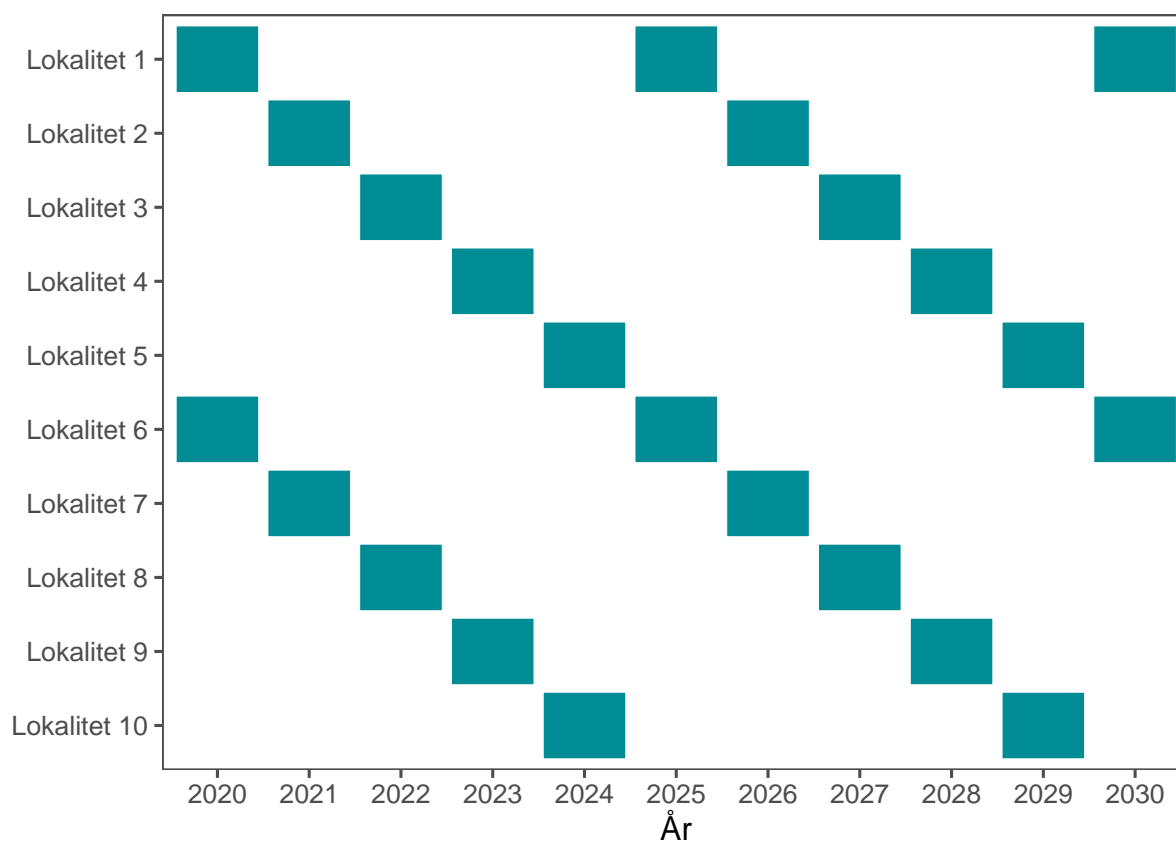
Målet med overvåkingsprogrammet er ikke å teste en bestemt hypotese, men å følge med på utviklingen av insektsamfunnene i en bred gradient av geografi og potensielle påvirkningsfaktorer. Utvalget er derfor i utgangspunkt randomisert, men er stratifisert innen prioriterte økosystem. Et forskjøvet design gir mer mellomårs-støy i dataene, men øker antallet lokaliteter kraftig, og dermed mulighetene for å undersøke effekten av flere påvirkningsfaktorer på forekomsten av insekter.

2.1 Utvalg av lokaliteter

Lokalitetene i overvåkingen er definert etter SSB sitt 500x500m landsdekkende rutenettverk og kan dermed enkelt kobles sammen med diverse nasjonal statistikk. I praksis har vi brukt et snevrere utvalg, nemlig de av SSB-rutene som ble tilfeldig trukket i forarbeidet til Arealrepresentativ naturovervåking (ANO). Dette øker sjansen for samlokalisering med ANO og eventuell annen fremtidig kartlegging.

Lokalitetene i 2022 ble valgt ut etter samme metode som i 2021 og 2020. For skogslokalitetene gikk vi ut fra rutene i den årlige ANO-kartleggingen, for å knytte sammen disse programmene og for å kunne få en full ANO-kartlegging på en kostnadseffektiv måte. Fra disse rutene 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 for å dekke inn variasjonen i regionen så bra som mulig hvert år. Metodikken fortsetter å fungere bra for skog, og dekker en stor variasjon i skogtyper og høydenivåer.

Som beskrevet i tidligere rapporter er utvalget mer utfordrende for semi-naturlig mark (Åström et al. 2020a, 2020b). Her var vi, i likhet med tidligere år, nødt til å velge fra det 10 000 ruter store reserveutvalget til ANO, for å kunne treffe mange nok ruter som kan karakteriseres som semi-naturlig mark. Som i fjor brukte vi kriteriene at rutene skulle inneholde minst 20 % overflatedyrka mark eller innmarksbeite til sammen, og minst 30 % fulldyrka mark, overflatedyrka mark eller innmarksbeite til sammen. For å utelukke de mer intensivt dyrkede arealene, forkastet vi ruter som inneholdt mer enn



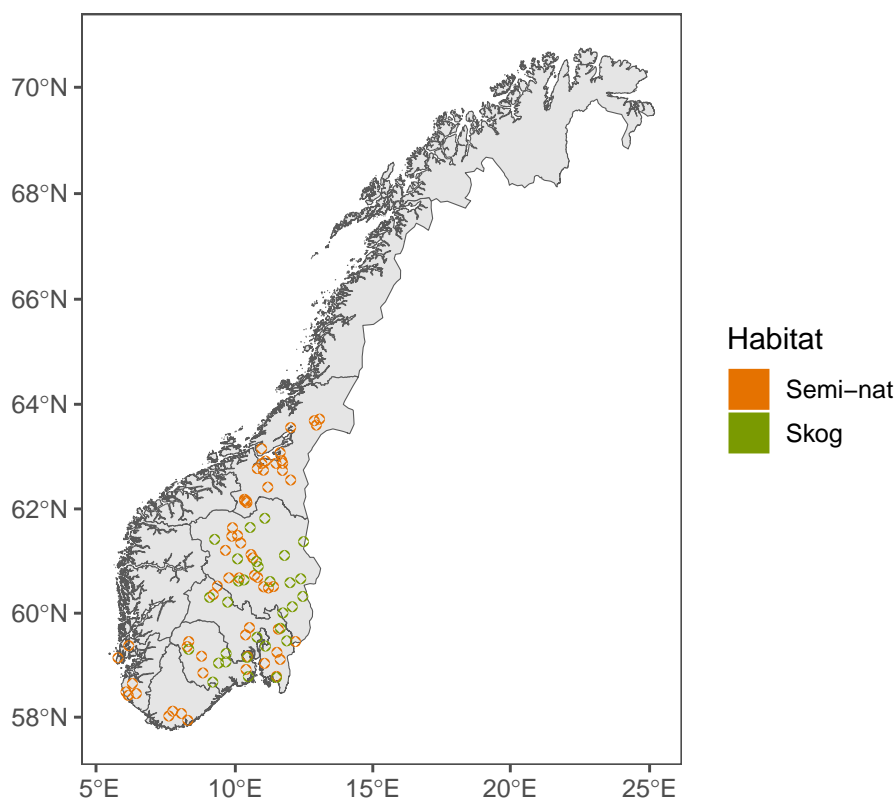
Figur 1. Skisse over en forskjøvet design der hver lokalitet gjenbesøkes etter 5 år.

50 % fulldyrka mark. Denne noe kompliserte utvalgsprosedyren er et resultat av metodisk uttesting og dialog med oppdragsgiver. Av dette utvalget trakk vi 10 tilfeldige ruter på Østlandet, 10 i Trøndelag, og 10 på Sørlandet. Kartgrunnlaget var også her areal typer i AR5. Vi gjør leseren oppmerksom på at semi-naturlig mark utgjør en relativt liten del av jordbrukslandskapet i Norge, som domineres av mer intensivt dyrkede arealer, der det også kan forventes en særdeles høy menneskelig påvirkning på insekter. En inkludering av denne "økosystemtypen", det vil si et representativt utvalg av all jordbruksmark er ønskelig i programmet i fremtiden.

Etter at lokalitetene er valgt ut, kontaktes grunneiere for tillatelse for oppsett av insektfeller. Dette ble i hovedsak gjort over telefon, gitt den korte tidsrammen. Generelt er grunneierne positive, men det kan ta litt tid å finne og etablere kontakt med alle grunneiere. Store grunneiere med formaliserte kontaktveier tar som regel lengre tid enn privatpersoner.

2.2 Landskapskomposisjon for lokaliteter

De fleste av landskapene rundt fellene er heterogene og inneholder flere typer arealer. Dette gjelder spesielt de semi-naturlige lokalitetene, hvilket gjenspeiler mye av jordbrukslandskapet i Norge. Selv om noen av landskapene er en miks av både jordbrukslandskap og skog, kan de deles opp i typiske grupper der økosystemtypene generelt skiller seg fra hverandre. Figur 3 viser en NMDS-ordinasjon av variasjonen av landskapskomposisjon for de to økosystemtypene. Ordinasjonen er basert på totalt arealdekke av hver arealtype i AR5, innen en 1 km bufferradius rundt sentrum av lokalitetene. Polygonene i figuren ringer inn de to økosystemtypene, og tallene viser posisjonen for enkelte lokaliteter (i nummerorden). De fleste skogskoglokaliteter ligger langt til høyre i NMDS-akse 1, hvilket preges



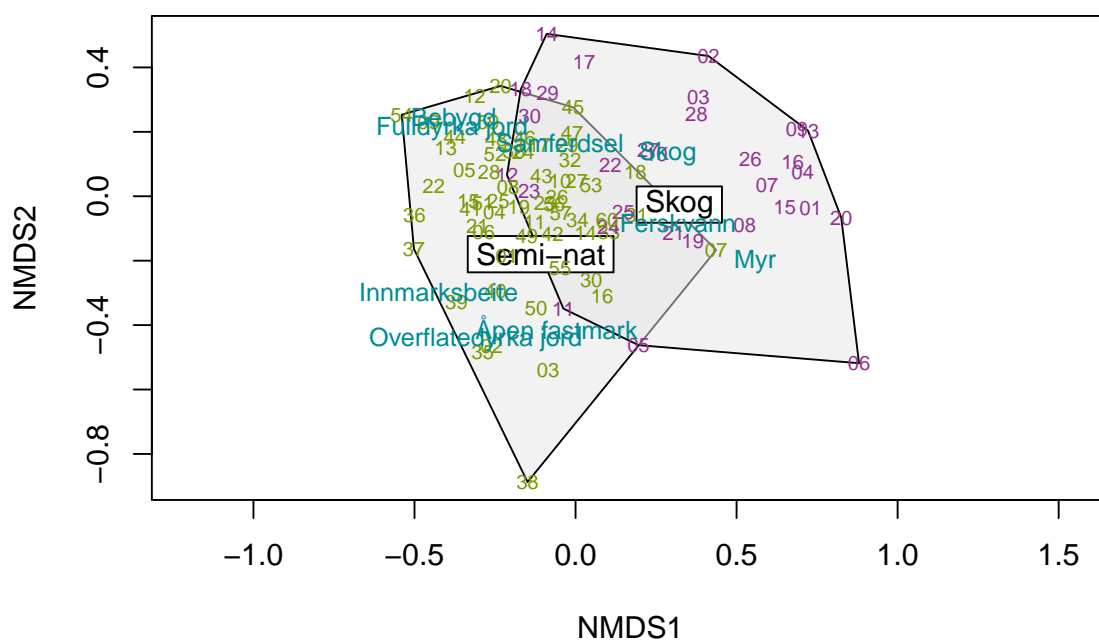
Figur 2. Overvåkingslokaliteter i perioden 2020-2022.

av (relativt) stor andel skog, vann og mens noen ligger lengre til venstre med mer dyrket mark, da disse skogshabitatene ligger inneklemt i kulturlandskap. Lokalitetene i semi-naturlig mark fordeler seg mer jevnt innenfor et mindre areal i figuren og preges av relativt store innslag av innmarksbeite, fulldyrka mark, overflatedyrka mark og åpen fastmark. Akse 2 gjenspeiler menneskelig påvirkning, med overflatedyrket mark, eller åpen fastmark nederst, og fulldyrkad mark og bebyggelse høyest.

Som eksempel på bredden i landskapskomposisjon viser vi her de 4 “ytterkantene” for hvert økosystem, dvs hjørnene på NMDS-ordinasjonen i Figur 3.

Figur 4 viser variasjonen i landskapene rundt semi-naturlig mark. Semi-nat_07 ligger lengst til høyre på NMDS-akse 1 i Figur 3, som karakteriseres av minst mengde fulldyrka jord og en relativt stor mengde skog og myr. Semi-nat_37 ligger sentralt langt 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_36 lengst ned på NMDS-akse 2, og som karakteriseres av høy andel overflatedyrka mark og lite bebyggelse.

Figur 5 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_06 lengst ned på NMDS-akse 2 og som representerer et landskap med mye åpen fastmark.

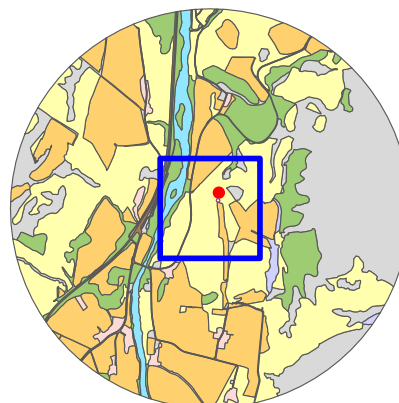


Figur 3. NMDS over variasjonen i landskapskomposisjon (arealtyper i AR5, blå tekst i figuren) i en sirkel med 1km radius rundt lokalitetene. Nummer i grønt viser semi-naturlige lokaliteter og nummer i lilla viser lokaliteter i skog.

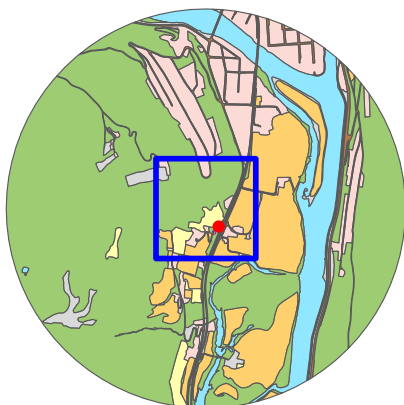
Semi-nat_07



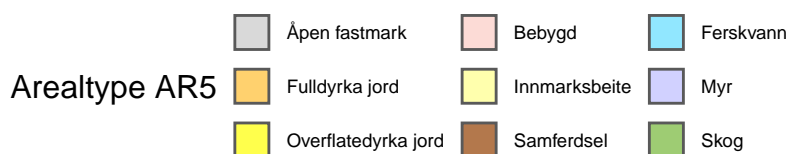
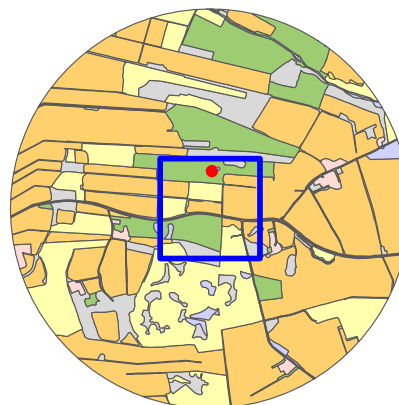
Semi-nat_37



Semi-nat_20

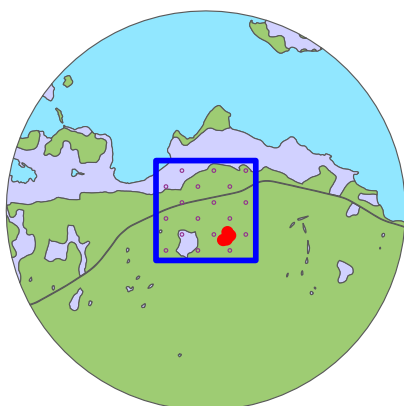


Semi-nat_36

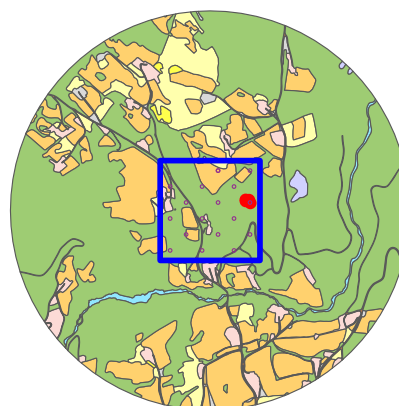


Figur 4. Eksempel på variasjonen i landskapskomposisjon (arealtype i AR5) i semi-naturlig mark innen en 1 km buffer, SSB 500x500m rute i blått, felleplassering i rødt og de kartlagte ANO-sirkene i lilla (én liten sirkel). Semi-nat_07 har lite fulldyrka jord og mye skog og myr, Semi-nat_36 har stor andel fulldyrka jord, Semi-nat_20 har mye veier og bebyggelse, mens Semi-nat_36 har mye overflatedyrka mark.

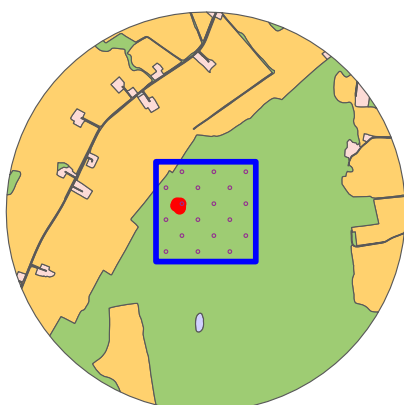
Skog_20



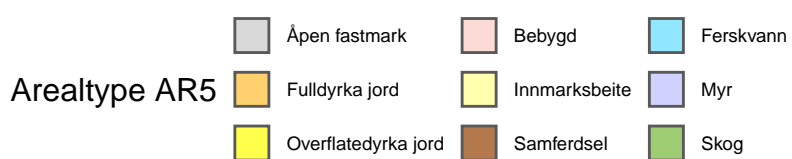
Skog_12



Skog_14



Skog_06



Figur 5. Eksempel på variasjonen i landskapskomposisjon (arealtype i AR5) i skogsmark innen en 1 km buffer, SSB 500x500m rute i blått, felleplassering i rødt og de kartlagte ANO-sirklene i lilla (små sirkler). Skog_20 inneholder mye myr, Skog_12 er heterogent med mye dyrket mark av flere typer, Skog_14 er mer homogent med mye fulldyrka mark, og Skog_06 har mye åpen fastmark

3 Felletømminger

Datainnsamlingen i 2022 ble satt i gang så fort som mulig etter kontraktsinngåelse og utvalg av lokaliteter. For Sørlandet ble det start i andre uken i mai, for Trøndelag i månedsskiftet mai-juni, og for Østlandet i første og andre uken i juni. Det langsiktige 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 fire team, basert henholdsvis i Stavanger, Oslo, Lillehammer og Trondheim. Antall dager i hver felleperiode varierte noe av praktiske årsaker. I en lokalitet hadde vi beiteskader på en felle i juli, og den ble flyttet ca 100 m innenfor prøveruten. Det nøyaktige antallet felledager for hver tømming er notert og kan brukes i analyser for å standardisere funnene. Tabell 2 oppsummerer antallet felletømminger og totalt tidsspenn for hver lokalitet i 2022. Tabell 3 viser det totale antallet felleprøver som ble samlet inn i 2022.

For noen insektarter kan etanolen virke tiltrekkende, men fellene er i hovedsak passive, da de kun fanger de insekter som selv flyr inn i fellene. Sammenlagt for alle lokaliteter har vi i løpet av 2020-2022 samlet inn 25.9 kg insekter, målt i våtvekt uten etanolen (konserveringsvesken insektene samles i) (Tabell 1). Fordelt per lokalitet og år tilsvarer det omtrent 245 gram, der den aller meste biomassen utgjøres av relativt vanlige tovinger. Det er vanskelig å vite nøyaktig hvor mye insekter det finnes på en plass, men noen studier har prøvd å samle inn alle insekter på et begrenset areal, og så oppskalere tallene til større områder. Disse beregningene pleier å uttrykke den totale biomassen av artropoder på et areal tilsvarende størrelsen på våre lokaliteter (500x500 m) i antall tonn (Åström and May 2019), og insekter over jord i 10 til 100-talls kilo, selv om gode estimater mangler (Rosenberg et al. 2023). Fordi fellene fanger så liten del av insektene som er tilstede, vurderer vi at innsamlingen i dette prosjektet har en svært liten effekt på de lokale populasjonene av insekter, og også bør kunne foretas i f.eks. verneområder.

Tabell 1. Total biomasse insekter innsamlet i prosjektet så langt.

År	Start	Slutt	Våtvekt (kg)
2022	2022-05-09	2022-10-23	10.25
2021	2021-06-07	2021-10-18	7.12
2020	2020-05-11	2020-09-18	8.54
Sum	-	-	25.91

Tabell 2. Antall felletømminger per lokalitet i 2022.

Lokalitet	Antall felletømminger	Start prøvetaking	Slutt prøvetaking
Semi-nat_31	11	2022-05-09	2022-10-12
Semi-nat_32	11	2022-05-09	2022-10-12
Semi-nat_33	11	2022-05-10	2022-10-12
Semi-nat_34	11	2022-05-10	2022-10-12
Semi-nat_35	11	2022-05-11	2022-10-11
Semi-nat_36	11	2022-05-11	2022-10-11
Semi-nat_37	11	2022-05-18	2022-10-11
Semi-nat_38	11	2022-05-17	2022-10-11
Semi-nat_39	11	2022-05-12	2022-10-14
Semi-nat_40	11	2022-05-12	2022-10-14
Semi-nat_41	9	2022-06-02	2022-10-11
Semi-nat_42	9	2022-06-03	2022-10-13
Semi-nat_43	9	2022-06-03	2022-10-13
Semi-nat_44	9	2022-06-09	2022-10-21
Semi-nat_45	9	2022-06-09	2022-10-21
Semi-nat_46	9	2022-06-09	2022-10-21
Semi-nat_47	9	2022-06-10	2022-10-21
Semi-nat_48	9	2022-06-10	2022-10-21
Semi-nat_49	9	2022-06-10	2022-10-20
Semi-nat_50	9	2022-06-10	2022-10-20
Semi-nat_51	10	2022-06-02	2022-10-17
Semi-nat_52	10	2022-06-02	2022-10-17
Semi-nat_53	10	2022-06-03	2022-10-17
Semi-nat_54	10	2022-05-31	2022-10-20
Semi-nat_55	10	2022-05-25	2022-10-19
Semi-nat_56	10	2022-05-24	2022-10-18
Semi-nat_57	10	2022-06-08	2022-10-20
Semi-nat_58	10	2022-06-06	2022-10-23
Semi-nat_59	10	2022-06-06	2022-10-23
Semi-nat_60	10	2022-06-06	2022-10-23
Skog_21	9	2022-06-07	2022-10-11
Skog_22	9	2022-06-02	2022-10-11
Skog_23	9	2022-06-03	2022-10-13
Skog_24	9	2022-06-10	2022-10-13
Skog_25	9	2022-06-07	2022-10-12
Skog_26	9	2022-06-03	2022-10-13
Skog_27	9	2022-06-09	2022-10-20
Skog_28	9	2022-06-09	2022-10-20
Skog_29	9	2022-06-09	2022-10-21
Skog_30	9	2022-06-09	2022-10-21

Tabell 3. Antall prosesserte prøver i 2022. De 4 vindusfelleprøvene i hver tømmerunde på en plass ble slått sammen og metastrekkodet sammen.

Felletype	Antall prosesserte felleprøver
Malaisefelle	390
Vindusfelle	360

4 Identifisering av arter med DNA-metastrekkoding

Vi fortsetter å følge protokollen med en mild lysering av insektene for ekstraksjon av DNA som vi har utviklet gjennom flere år (Åström et al. 2020a, 2020b). Denne 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 gjorde noen endringer i protokollen i 2021 som følge av dette. Vi ønsker å standardisere protokollen på tvers av landegrensene for å kunne sammenligne data for hele Skandinavia. Vi var svært fornøyde med protokollen i 2021 og forsetter med den samme protokollen i 2022. Vi følger også den samme pipelinen vi har utviklet for bioinformatiske analyser som vi har utviklet tidligere, men oppdaterer årlig referansedatabasen med nye arter sekvensert av oss eller andre. Vi gjør også en del forbedringer med hensyn til kvalitetessikring av data, og i år har vi revidert noe kriterier, som påvirker hvilke DNA-data vi inkluderer.

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 tidligere år målt både våtvekt og tørrvekt av prøveflaskene, men etter en del modifiseringer av protokollen i 2021 måler vi nå bare våtvekt (etter at konserveringsvesken, etanolen, er helt av). Vi har også i 2022 tilsatt ekstra arter som en positiv kontroll (spiking). Vi har tilsatt 10 melormer (*Tenebrio molitor*), 3 sirisser (*Gryllus assimilis*) og 10 frøbiller (*Callosobruchus maculatus*) i samtlige prøver i 2022, for å kunne evaluere protokollen vi bruker og muligens si noen om relativ biomasse av ulike arter mellom prøvene på sikt. Disse artene representerer ulike størrelser, taksa og hardhet, forekommer ikke vilt i Norge, men er likevel praktisk tilgjengelige på lab. 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, etterbehandling og lagring av felleprøver

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, og deretter inkubert i 3.5 timer med risting (120 RPM) på 56°C. Til sist ble 200 µL av bufferløsningen brukt i en DNA-ekstraksjon ved hjelp av et Blood & Tissue Kit (Qiagen).

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 bufferløsningen. 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.

Etter prosessering blir prøvene lagret i NINA sitt separate lagerbygg og vil bli flyttet til et fryserom i samme lagerbygg i 2023. Vi mangler finansiering for lagring av prøvene og i de eksisterende lagerbyggene til NINA og vitenskapsmuseet er det ikke plass for langtidslagring i mer enn ca 5 år. De lagrede prøvene vil derfor løpende destrueres i takt med at nye prøver fylles på, noe som er uheldig med tanke på at prosjektet bygger på langsiktighet.

4.3 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-sykluser i en qPCR-analyse i 2021, besluttet vi å redusere antallet sykluser fra 35 til 22 og fortsetter med denne endringen også i 2022. Til slutt ble prøvene normalisert og slått sammen til et bibliotek for sekvensering. Alle prøvene ble sekvensert på en Illumina NovaSeq maskin ved Norwegian Sequencing Centre (NSC) i Oslo.

4.4 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-Classifiser, 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 nord-amerikanske arter, men vi har lagt til COI-sekvenser for 4061 norske norske referansearter i 2021, og 2 908 flere arter i 2022, (Tabell 4).

Tabell 4. Antall arter i referansebasene som er blitt brukt i prosjektet så langt. I 2020 tok vi utgangspunkt i en base fra Porter, men i 2021 og 2022 har vi utvidet denne med en betydelig mengde norske arter.

Klasse	Porter	Modifisert 2021	Modifisert 2022
Arachnida (edderkoppper)	4778	4952	5124
Chilopoda (skolependere)	135	147	147
Collembola (spretthaler)	268	377	388
Diplopoda (tusenbein)	246	246	246
Insecta (insekter)	65660	69426	72151
Ikke målgruppe	39693	39695	39698

4.5 Kvalitetssikring av DNA-basert identifisering av arter

Med store datasett generert fra DNA-metastrekoding er det en stor utfordring å kvalitetssikre arts-listene. Falske positive, påvisning av en art som egentlig ikke finnes i prøven, og som ofte er feilbestemmelser koblet til feil og mangler ved databasen, er generelt en utfordring med datasett fra DNA-metastrekoding. Vi har derfor utviklet et flytskjema for hvordan vi har klassifisert og kvalitetssikret dataene (Figur 6), og beskrevet dette nærmere her.

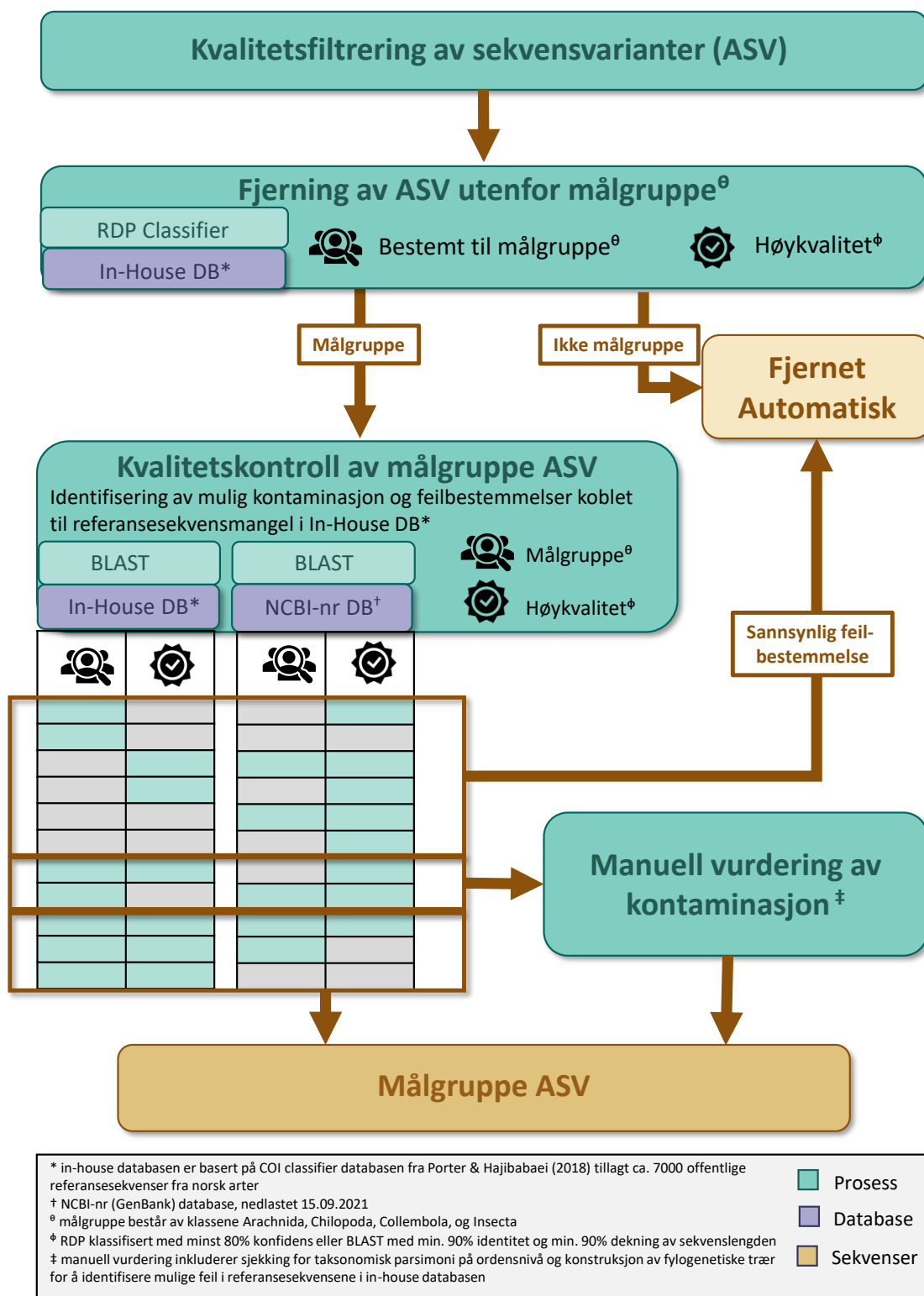
Alle DNA-sekvensene ble først filtrert, kvalitetssikret, og feilrettet for å unngå støy i dataene og unngå et kunstig høyt estimat av arter og genotyper. Selv om vi bruker primere som stort sett amplifiserer DNA fra rekken leddyr (Arthropoda), kan det forekomme amplifisering av små mengder av DNA fra andre organismer. Ved bruk av RDP classifiser og vår in-house database fjernet vi først de 49 % av ASV-ene som ikke ble klassifisert til målgruppene (Klasse Arachnida, Chilopoda, Collembola og Insecta). Dette DNAet tilhører hovedsakelig bakterier, sopp og planter som driver inn i fellene gjennom luften eller transporteres utenpå eller inne i insektene.

Alle offentlige 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 referanse-database. Men siden denne databasen ikke er komplett verken for norske eller ikke-norske arter, må vi gjøre en del vurderinger for å si noe om hvor godt et artstreff er, og dette kaller vi arts-konfidens og angir denne som høy, moderat, lav eller dårlig (Figur 8). Arter som vurderes til moderat, lav, eller dårlig arts-konfidens, har vi i denne rapport utelatt fra den videre arbeidsflyten som er avhengig av artsidentitet (f.eks. identifisering av rødlistede og fremmede arter, horizon scanning for potensielt fremmede arter eller nye arter for Norge).

4.6 Horisontskanning og identifisering av nye arter for Norge

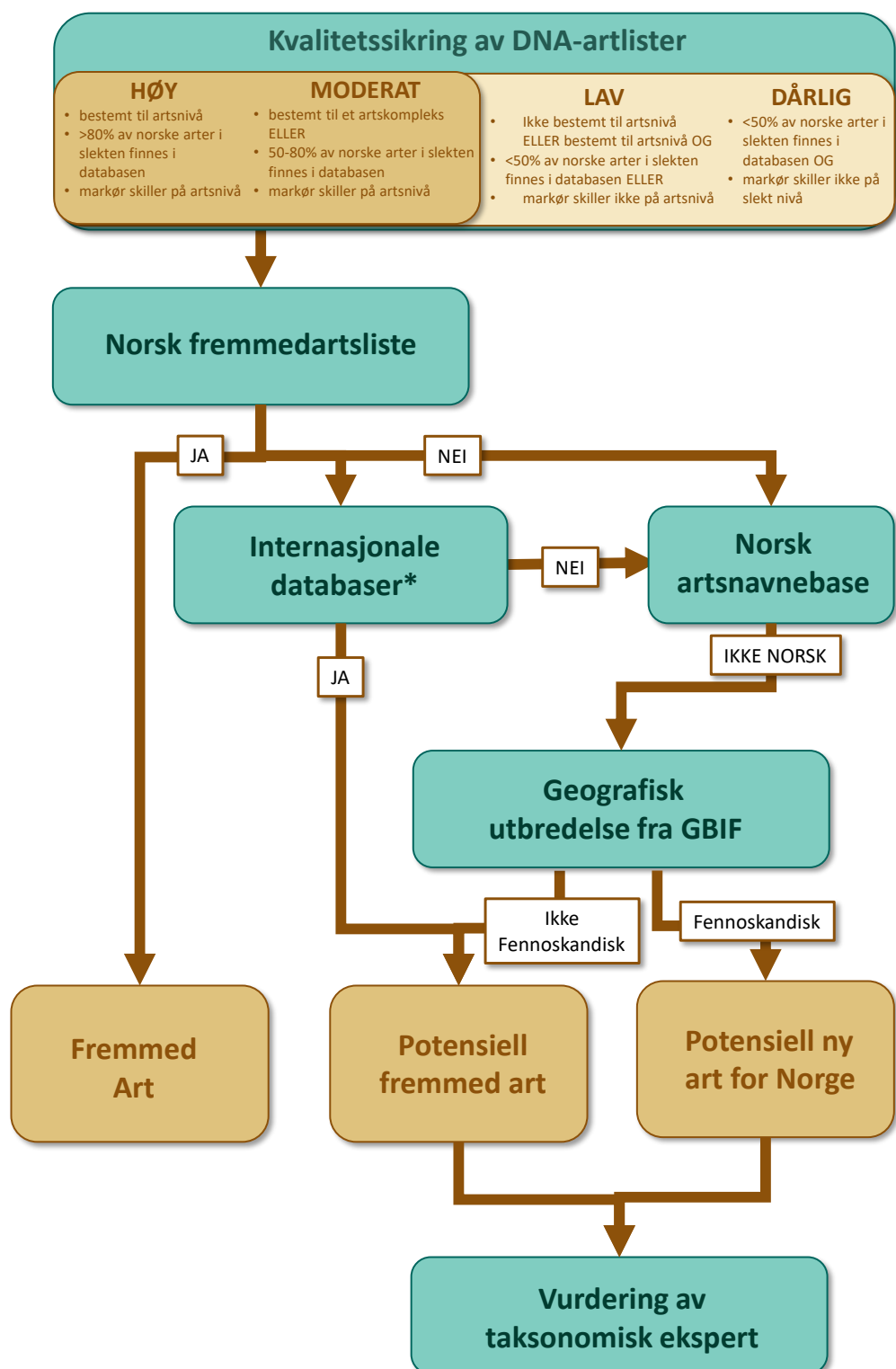
Med storskala artsinventering har vi mulighet til å overvåke det kjente artsmangfoldet i Norge, deriblant rødlistede og fremmede arter, men oppdager også nye arter som ikke har vært påvist i Norge tidligere. Listen av arter med høy og moderat arts-konfidens har vi kryss-sjekket mot norsk rødliste fra 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 8).



Figur 6. Flytskjema for identifisering av målgruppe sekvensene og kvalitetssikring av vår referanse-database for kontaminasjon og referansesekvensmangel.



Figur 7. Flytskjema for klassifisering og kvalitetssikring av arter basert på DNA-metastrekoding. Kun arter med høy arts-konfidens er tatt med i den videre arbeidsflyten som avhenger av artsidentitet.



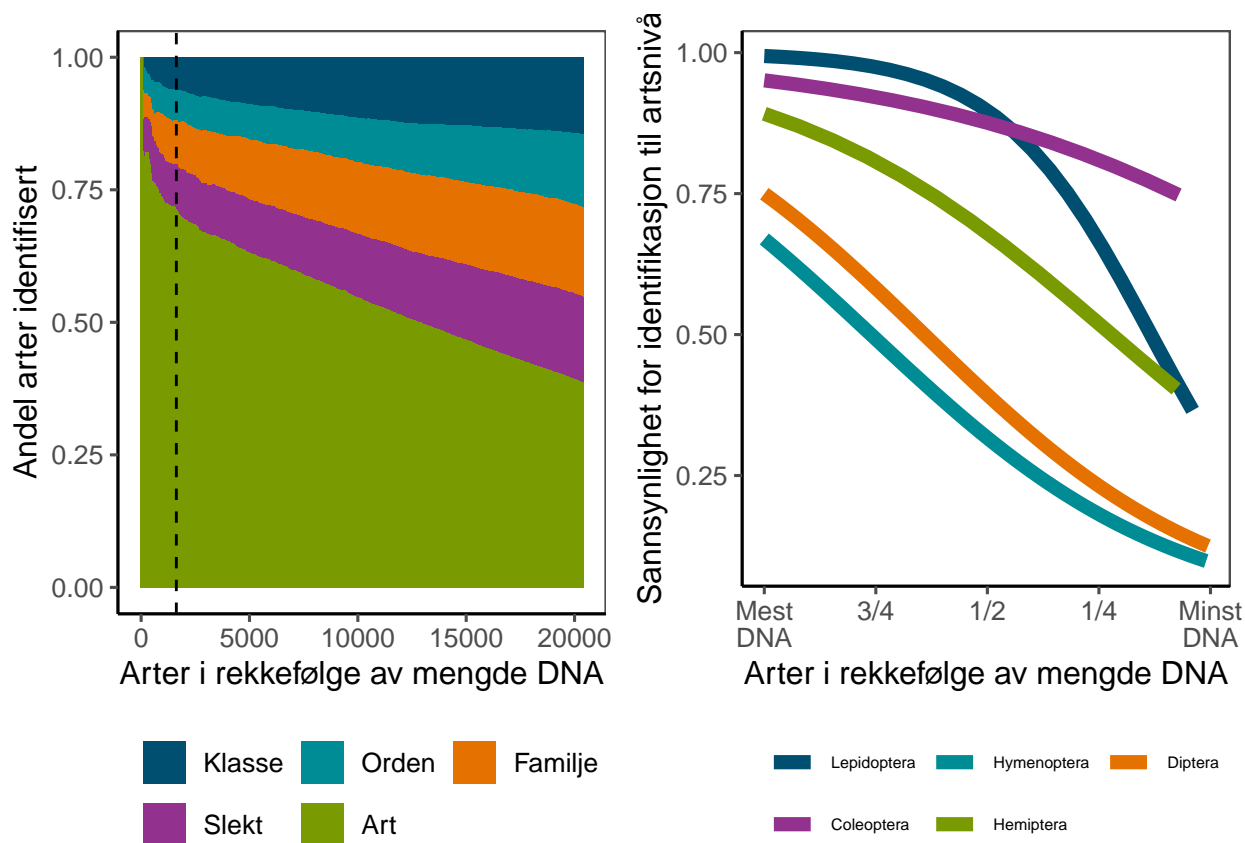
Figur 8. Flytskjema for horizon scanning for fremmede arter og nye arter for Norge. *I tillegg til å kryssjekke arter mot den norske fremmedartslista har vi også kryssjekket artsfunn i dette prosjektet mot databasene Daisie, Saul Pathways, Roy og List of Union Concern. Arter som er listet i en av disse 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.

4.7 Sannsynlighet for klassifisering til artsnivå

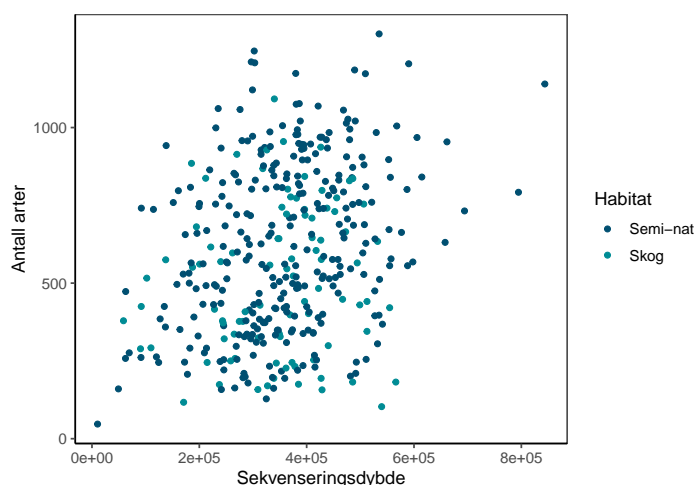
Alle DNA-kopier blir først delt inn i grupper etter metodikken beskrevet ovenfor, der hver gruppe tilsvarende en art. Neste trinn er å sette et navn på disse grupper ("arter"). Hvis mulig kobler vi et artsnavn til "arten", hvis ikke det er mulig prøver vi et slektnavn, deretter familienavn og så videre. Andelen av "artene" som vi kan sette et artsnavn på varierer svært mye mellom ulike ordener og vi finner også en sterk sammenheng med hvor mange DNA-kopier vi har fra hver art. I Figur 9 har vi på x-aksen sortert alle "arter" etter hvor mye DNA vi har samlet fra hver av dem. Lengst til venstre er arten med mest DNA, fulgt av art nr 2 i forhold til mengde DNA, og så videre. Y-aksen viser hvor mange av "artene" så langt, i rekkefølge som har blitt gitt et artsnavn, kun et slektnavn, kun et familienavn og så videre. Den vertikale streken i Figur 9A 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 (1625 arter), og de aller fleste artene i datasettet finnes til høyre for denne streken. Dette samsvarer også med Figur 48 der en liten relativ del av artene dominerer fangstene. 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 9B ser vi store forskjeller mellom ulike ordener, og sannsynligheten for artsbestemmelse av biller (Coleoptera) og størsteparten av sommerfuglene (Lepidoptera) er svært god, mens den er lavere for en stor del av tovingene (Diptera) og vepsene (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.

4.8 Sekvenseringsdybde og antall arter påvist med DNA-metastrekkoding

I 2020 fant vi 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 det totale artsantallet for prøver med få DNA-kopier. I 2021 gjennomførte vi en del endringer i labprotokollene og gikk over til en ny sekvenseringsmaskin som ga et mye større utbytte av DNA-kopier. I likhet med fjorårets data finner vi i 2022 ingen sterk sammenheng mellom antall DNA-kopier og antall arter (Figur 10), og vi ser derfor fortsatt ut til å ha tilstrekkelig sekvenseringsdybde.



Figur 9. Modelling 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 2022, der x-aksen viser artsantall og B) fem utvalgte ordener som viser forskjellen mellom ulike grupper av insekter.

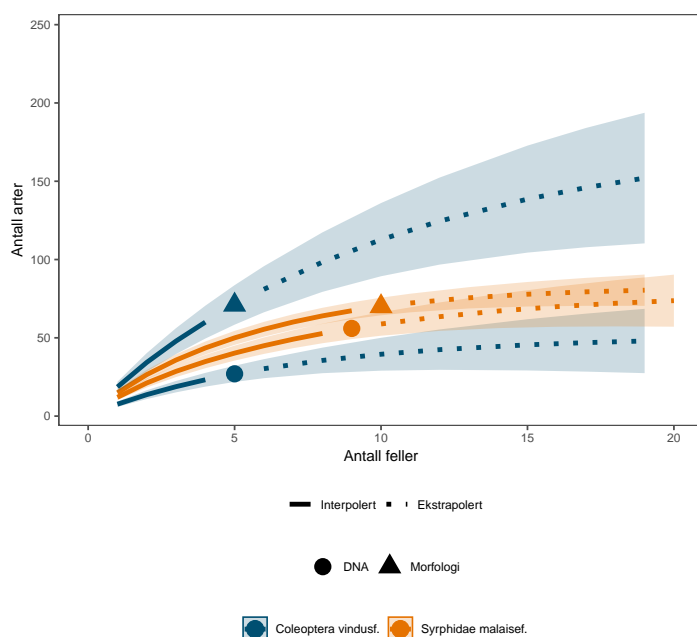


Figur 10. Sammenhengen mellom antall DNA-kopier (sekvenseringsdybde) per prøve på x-aksen og antall arter påvist i den samme prøven på y-aksen.

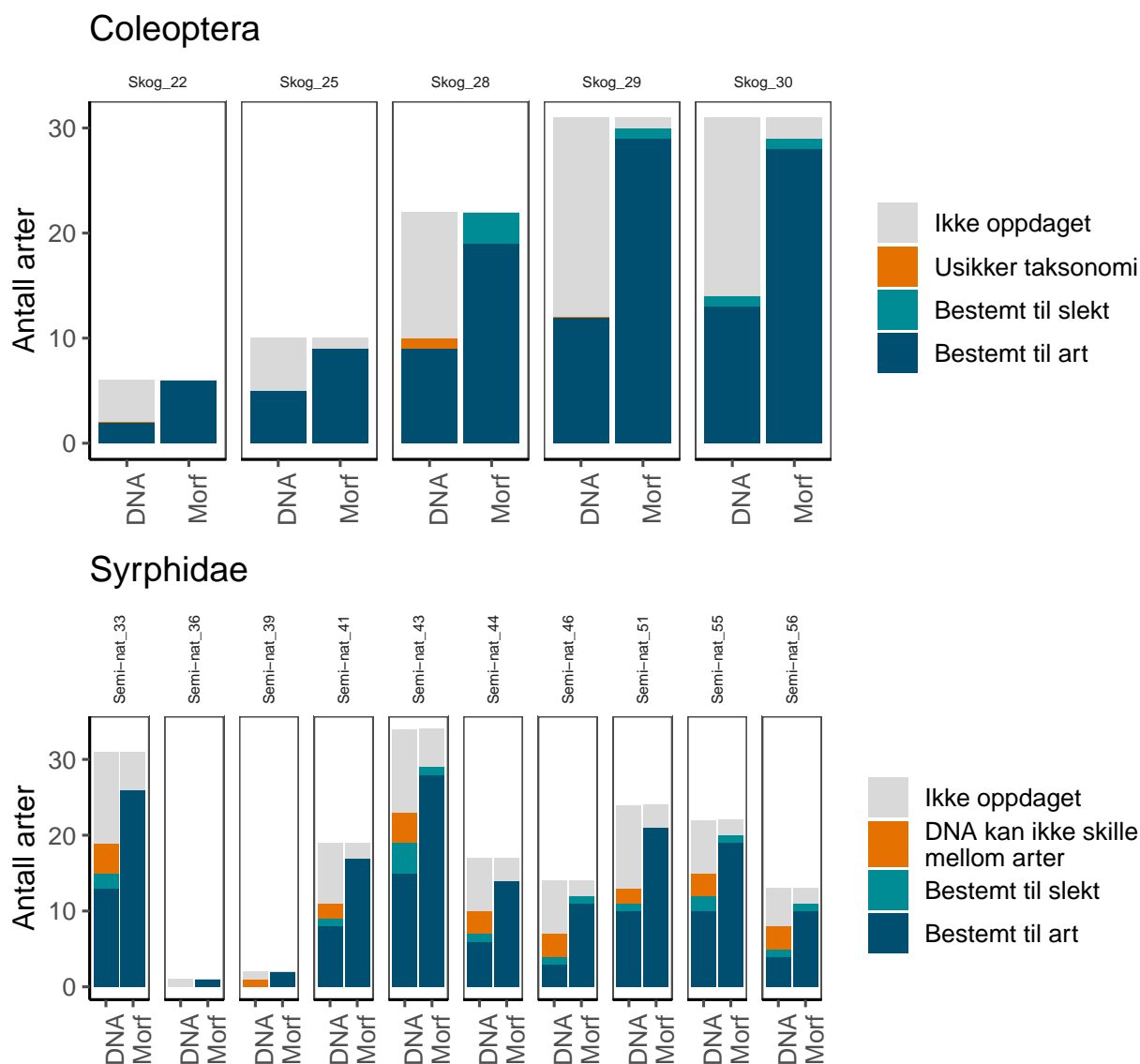
4.9 Sammenligning mellom DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse

For å gjøre en vurdering av DNA-basert artsbestemmelse, ble 10 malaisefelleprøver gjennomgått for morfologisk artsbestemmelse av taksonomiske eksperter, i år for første gang på blomsterfluer (Figur 13). Generelt er det bra å velge nye grupper for validering, der en kvalitetssjekk kan bidra med ny informasjon, og blomsterfluer er en passelig stor gruppe vi har taksonomisk kompetanse på. I tillegg ble vindusfelleprøver fra 5 tømningstilfeller (å 4 vindusfeller hver) gjennomgått av en taksonomisk ekspert på biller, som tidligere år. Som i fjor finner vi færre biller ved hjelp av DNA enn med morfologisk bestemmelse, og det er først og fremst de små artene som mangler, der lyseringen ikke ser ut til å klare å trekke ut nok DNA. For blomsterfluer ser metodikken ut å fungere bedre, sammenlignet med morfologisk artsbestemmelse (Figur 12,11).

Noe av forskjellene i artslistene mellom DNA-metastrekkoding og morfologisk bestemmelse kan grunnes ulik navnetting i de begge metodikkene. Man kan for eksempel bruke synonymer eller feil navn på artene for minst én av metodene. I disse fall vil noe av søylene i Figur 12 jevnes ut, og de grå søylene som representerer arter som respektive metodikk ikke oppdaget, ville minke. Man ville da forvente seg en lik art-akkumuleringskurve i Figur 11, da det kun er artsnavnene som er ulike. Dette kan være tilfellet for blomsterfluer, der man ser svært like art-akkumuleringskurver i Figur 11, men en god porsjon ikke oppdagete arter i Figur 12. DNA-metodikken ser derfor ut å fungere relativt godt for blomsterfluer når det gjelder å finne artene i prøven, men det er forbedringspotensiale på navngivingen. I kontrast er det større forskjell for biller, der det totale artsantallet er betydelig større ved manuell identifisering. Myk lysering og metastrekkoding ser derfor fortsatt ut å misse en god del av de innsamlete billeartene. Man bør derfor vurdere å knuse vindusfelle materialet for å øke mengden identifiserte biller. Det er fortsatt ikke praktisk gjennomførbart å identifisere alle prøver morfologisk, slik at metastrekkoding er fortsatt den anbefalte hovedsakelige metodikken.



Figur 11. Artsakkumuleringskurver for biller og sommerfugler fra malaise og vindusfeller ved bruk av morfologiske og DNA bestemmelsesmetoder. Noter at hver av vindusfellene egentlig er 4 feller slått sammen, slik at de tilsammen er 20 stk.



Figur 12. Sammenligning av antall arter påvist for DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse for biller (Coleoptera) fanget med 4 vindusfeller og blomsterfluer (Syrphidae) fanget med én malaisefelle. De grå søylene representerer det totale artsantallet som begge metodikker tilsammen oppdaget i hver prøve, og de fargete søylene representerer de arter som respektive metodikk oppdaget. For billene er det én art som har usikker taksonomi. Denne er markert kun i DNA-søylen. For blomsterfluer kan DNA-markøren ikke brukes for å skille mellom flere arter. Disse artsbestemminger kan iblant revideres basert på kjente forekomster. Merk at de manuelle artsbestemmelsene heller ikke er 100 % sikre, og at særlig noen blomfluger har vært vanskelige å skille mellom.



Figur 13. Blomsterfluer sortert ut for validering etter lysering, fra tredje samlingen i lokalitet Semi—nat 43.

5 Referansestrekoder for norske insekter

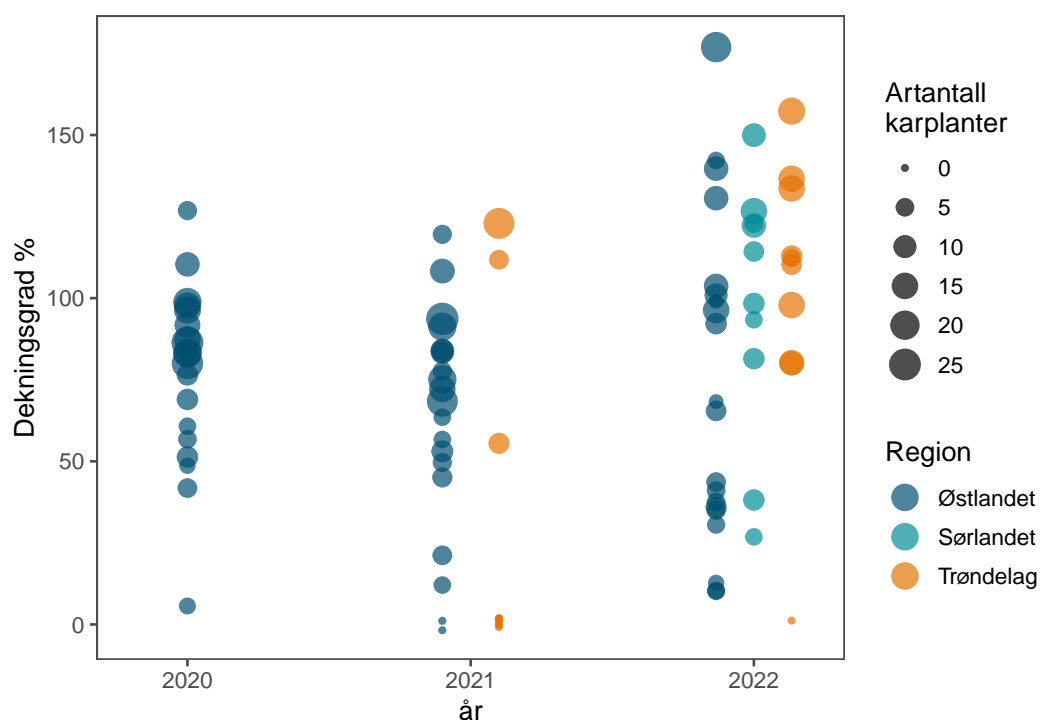
Som tidligere år, har vi tatt vevsprøver av arter som mangler eller har lav representasjon i Barcode of Life Data Systems (BOLD, <https://www.boldsystems.org>). I hovedsak har vi benyttet relativt ferskt materiale av biller, vepser og nebbmunner i NTNU Vitenskapsmuseets samlinger, men bidrag fra eksperter utenfor prosjektkonsortiet har også blitt tatt med. Totalt ble det sendt inn 735 prøver fra 383 arter, hvorav 548 er prosessert med DNA sekvens. 510 av disse er såkalt «barcode compliant», som vil si at de tilfredsstillt kvalitetskravene satt av det internasjonale konsortiet for DNA-strekkoding. Suksessen for DNA-strekkoding av materialet var litt lavere i 2022 enn i tidligere år, og vi undersøker med underleverandør (Canadian Centre for DNA Barcoding) om det er endringer som kan gjøres for å få bedre uttelling på innsendte prøver. Blant artene som er lagt til med referansestrekoder i 2022 finner vi 186 Coleoptera, 3 Diptera, 28 Hemiptera, 47 Hymenoptera og 52 Lepidoptera, til sammen 316 arter, hovedsakelig samlet sør for Nordland. Alle data er tilgjengelig gjennom det åpne datasettet DS-ENTONOR4 i BOLD.

Nye strekkoder blir regelmessig lagt til i referansebiblioteket til prosjektet, senest tidlig 2022. Kort beskrevet foregår det slik at vi kryssjekker vår referansebase mot Artsnavnebasen, som er kuratert av Artsdatabanken, for å få en liste med arter vi savner strekkoder for. Denne listen blir siden sjekket automatisk mot BOLD, og opp til 5 strekkoder for hver art som mangler blir høstet og lagt til i vår referansebase. Hvis det finnes flere sekvenser å velge mellom, blir sekvensene fra individer fanget først i Norge prioritert. Finnes de ikke fra Norge, letes det etter sekvenser fra Norden, deretter Europa og resten av verden. Den oppdaterte referansebasen blir videre kvalitetssikret for å unngå innsetting av feilbestemte sekvenser.

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 de semi-naturlige lokalitetene blir kun én av de 18 sirklene kartlagt av kostnadsgrunner.

En sentral måling i ANO-kartleggingen er dekningsgrad og antall karplanter innenfor ANO-rutene (1 m^2). Figur 14 viser variasjonen i disse målingene, der dataen er delt opp etter år og region for å kunne se eventuelle trender og forskjeller. I utgangspunktet ønsker vi ikke en tidstrend i disse figurer, da utvalget av lokalitetene er tenkt å være tilfeldig, og vi ikke forventer oss at forekomsten av karplanter forandrer seg så kjapt i løpet av et fåtall år. I 2020 og 2021 ble etter instruks de ANO-sirkler som faller innenfor dyrket mark registrert som 'Sterkt endret mark' og det ble ikke gjort en videre artsinventering i noen av disse sirklene. I 2022 ble muligheten for å kartlegge også disse ruter åpnet, og det ble gjort en detaljert kartlegging. Vi ser derfor færre lokaliteter med 0% dekningsgrad av karplanter. Både Østlandet og Trøndelag ser ut å ha noe høyere dekningsgrad av karplanter i 2022 enn tidligere år, men det kan også gjenspeile tilfeldig variasjon.

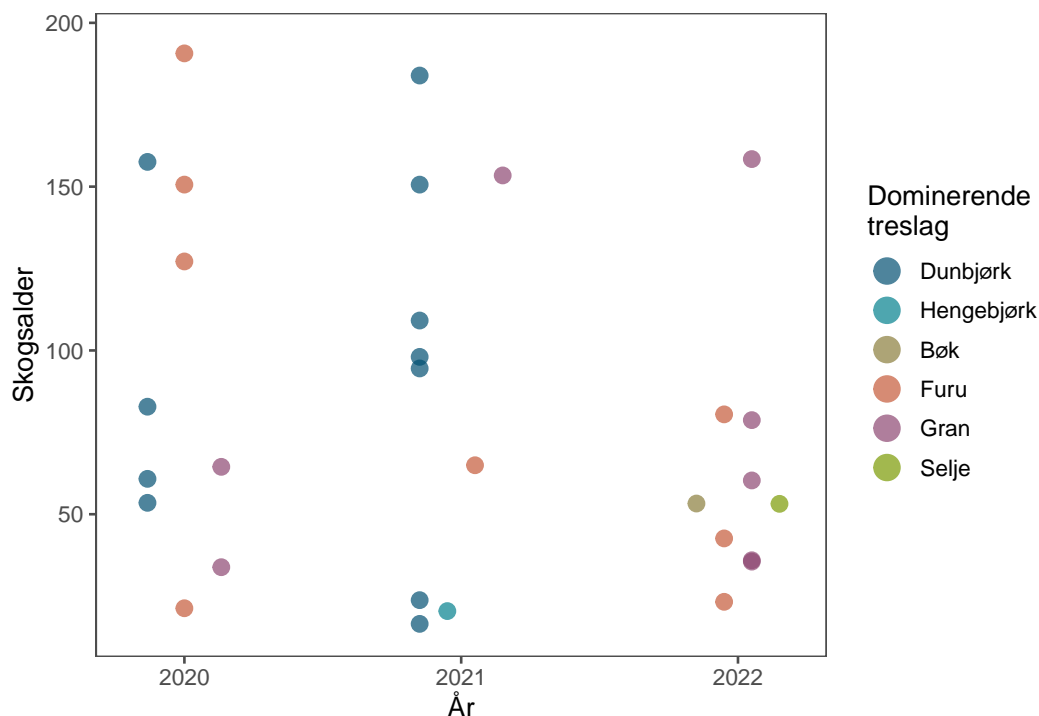


Figur 14. Dekningsgrad (y-akse) og artsantall av karplanter (størrelse) fra ANO-kartlegging i overvåkingslokalitetene. For skogshabitat med full ANO-kartlegging viser vi medianverdier fra de 18 rutene som ble målt. Dekningsgrader på over 100 % er mulig når forskjellige arter vokser over og under hverandre med overlapp, da man registrerer dekningsgrad hvor hver enkelt art. Punktene er noe spredt ut for å kunne skille mellom region (x-akse) og overlappende verdier (y-akse).

7 Skogsregistreringer

På skogslokalitetene er også en forenklet landsskogstaksering gjennomført (Ørka et al. 2019), etter samme metode som i 2020 og 2021 (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 ellers i ANO målt inn med høypresisjons-GPS med en typisk nøyaktighet på mellom $1-5 cm^3$ og i verste fall i underkant av $1 m^3$. Landsskogstakseringen ble foretatt av samme personell som den øvrige ANO-kartleggingen.

Figur 15 viser skogkarakteren i prosjektet i årene 2020-2022. I lokalitetene fra 2022 ser man en generell nedgang i alder av skogbestandene. Dette kan gjenspeile naturlig variasjon i de tilfeldig utvalgte lokalitetene, men kan også skyldes en misforståelse i utførelse av takseringen i 2020 og 2021. Instruksjonen sier at man skal måle alder på de største trærne av det dominerende treslaget, men på noen lokaliteter i 2020 og 2021 ble alderen målt på de største trærne i ruten, uansett om de tilhørte det dominerende treslaget. Dataen i 2020-2021 kan derfor ha en bias i aldersbestemmingen av skogen, med systematisk høyere alder enn det en korrekt utførelse av instruksjonen ville gitt. For øvrig ser man at ikke noen skogslokalitet i 2022 var dominert av bjørk til forskjell fra tidligere år. Dette kan vi ikke forklare annet enn som tilfeldig variasjon i dataene.



Figur 15. Dominerende treslag og skogsalder (eldste trer) i den forenklete landsskogstakseringen gjennom årene 2020-2022. Punktene er noe spredt ut for å kunne skille mellom region (x-akse) og overlappende verdier (y-akse).

8 Tidstrender

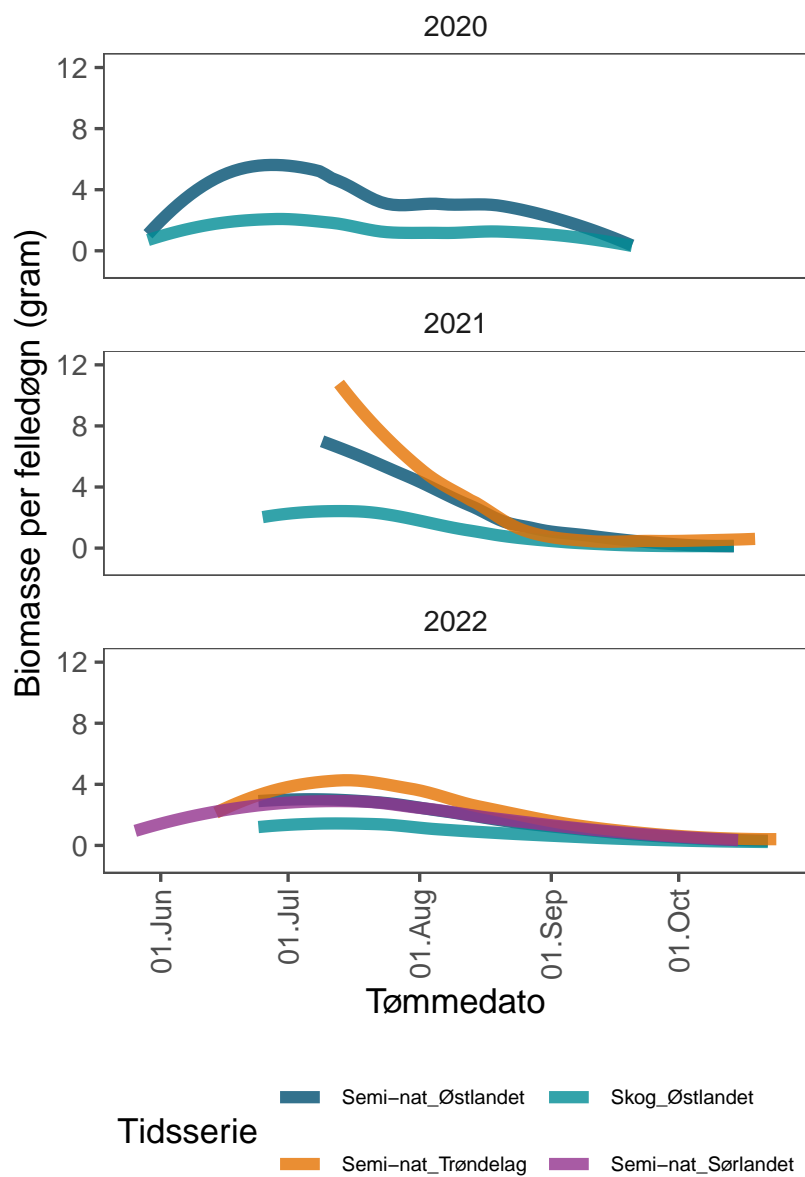
Enn så lenge har vi bare 3 år med data fra Østlandet, 2 fra Trøndelag, og 1 fra Sørlandet, og det er ikke mulig å trekke konklusjoner om tidstrender ut fra dette. Forekomster og mengder av insekter kan ofte variere mye mellom år, både på grunn av variasjoner i værforhold, men også på grunn av intern populasjonsdynamikk og insekters bevegelsemønstre. Hver måling av en tilstand vil også være forbundet med en viss usikkerhet, som generelt minker med økt prøvemengde. Det er vanskelig å si hvor lang tidsserie man trenger for å se en forandring, men basert på designen av overvåkingopplegget og tidligere studier regner vi ikke med å kunne oppdage trender innen ca. 10 år (Lebuhn et al. 2013; White 2019). De figurer vi presenterer nedenfor skal derfor vurderes med en viss skepsis, og vi viser dem mest som en dokumentasjon på starten av en lengre tidsserie.

8.1 Biomasse innen sesongen

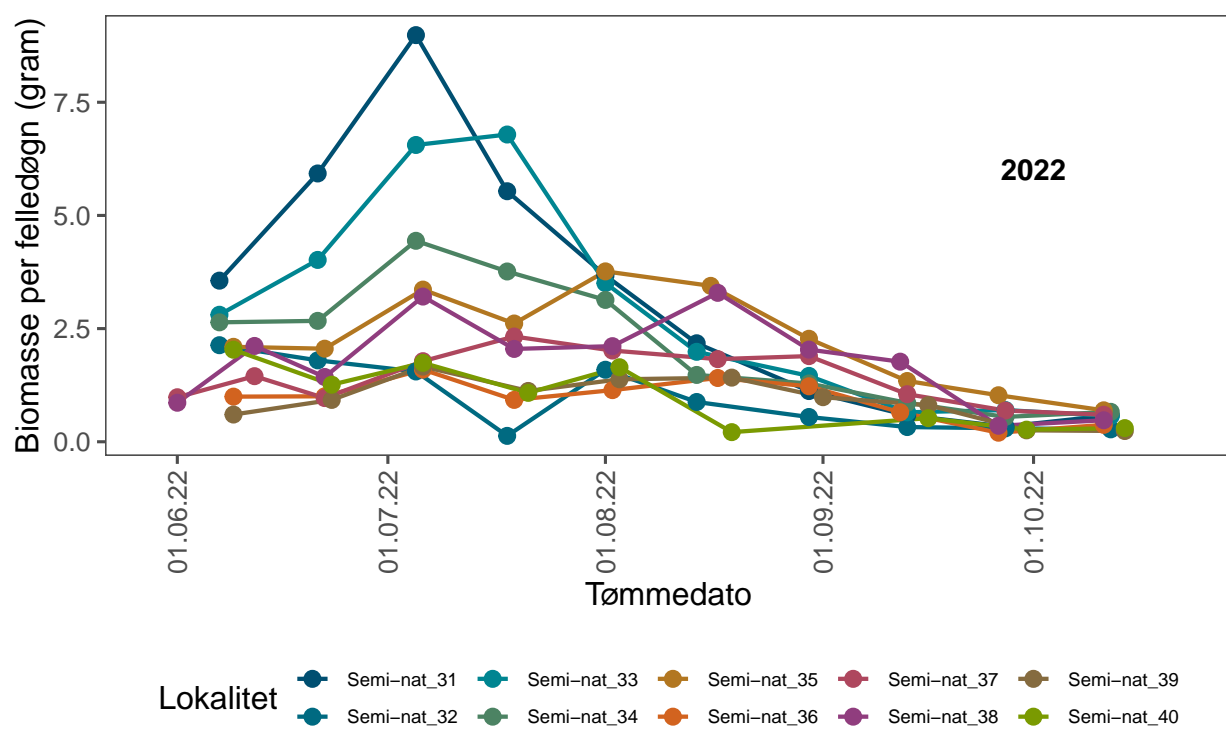
Insektaktiviteten varierer kraftig gjennom sesongen, og tidspunktet for aktivitetstoppene kan også variere mellom år, først og fremst avhengig værforhold. Derfor er det viktig å gjennomføre overvåkingen over hele aktivitetsperioden, for å få en sammenlignbar tidsserie. På grunn av manglende langsiktig finansiering og sein årlig utlysning og igangsetting av prosjektet, har tidsseriene så langt dessverre visse hull. Figur 16 viser hvordan biomassen av innsamlete insekter varierer innen og mellom sesongene 2020-2022. Til tross for en sein start, særlig i 2021, og variasjon tidspunkt for aktivitetstoppene (indikert ved innsamlet biomasse) er en lavere aktivitetstopp og dermed lavere insektabundans i de semi-naturlige habitatene i 2022 ganske tydelig.

8.1.1 Biomasse for enkelte lokaliteter

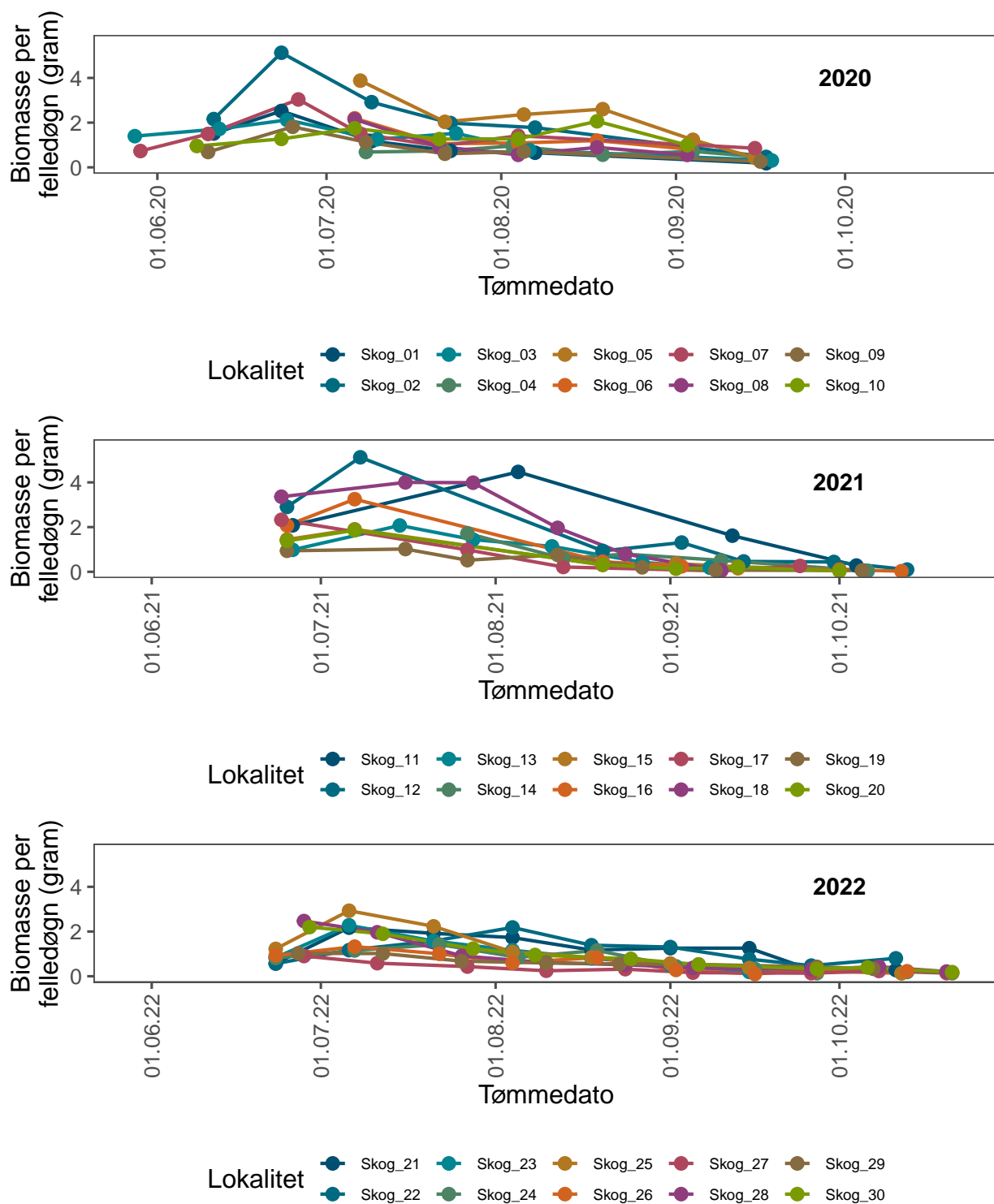
Figur 16 viser kun middelveidien av insektmengder over året, men trendene spriker litt mer når man ser på hver lokalitet for seg selv. Figur 18, 19, 20 og 17 viser biomassen for enkelte lokaliteter gjennom sesongene, delt opp etter geografisk område og habitatstype. Skogslokalitetene ser generelt ut til 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. De semi-naturlige lokalitetene i Sørlandet spriker også mye, der noen lokaliteter har en kraftig topp ved andre innsamlingen. Generelt ser ellers 2022 ut til å ha mindre variasjon mellom lokalitetene enn tidligere år, muligens fordi generelle værmønstre begrenset forekomst og mengde av insekter dette året.



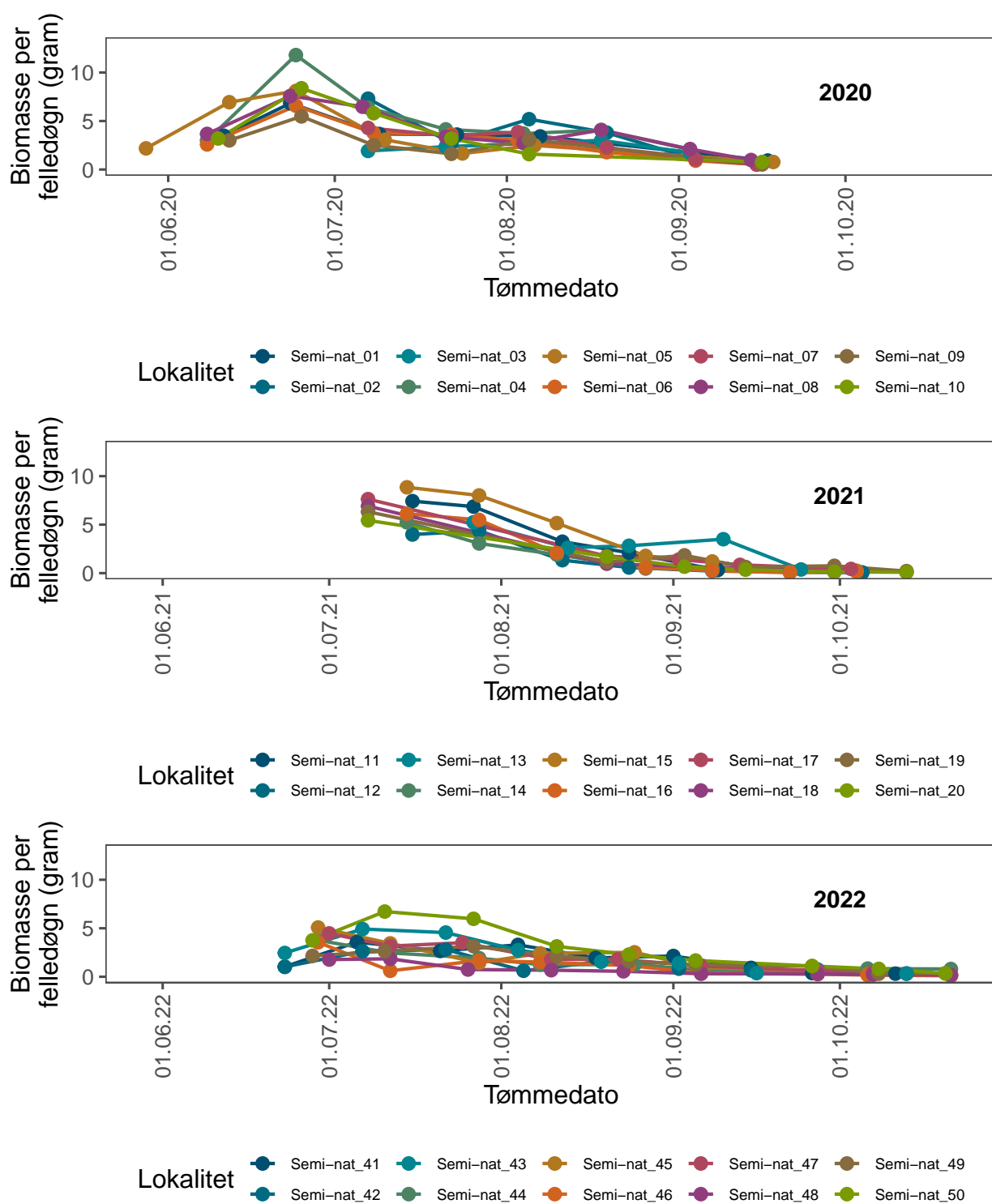
Figur 16. Tidstrend over innsamlet biomasse (i malaisefeller).



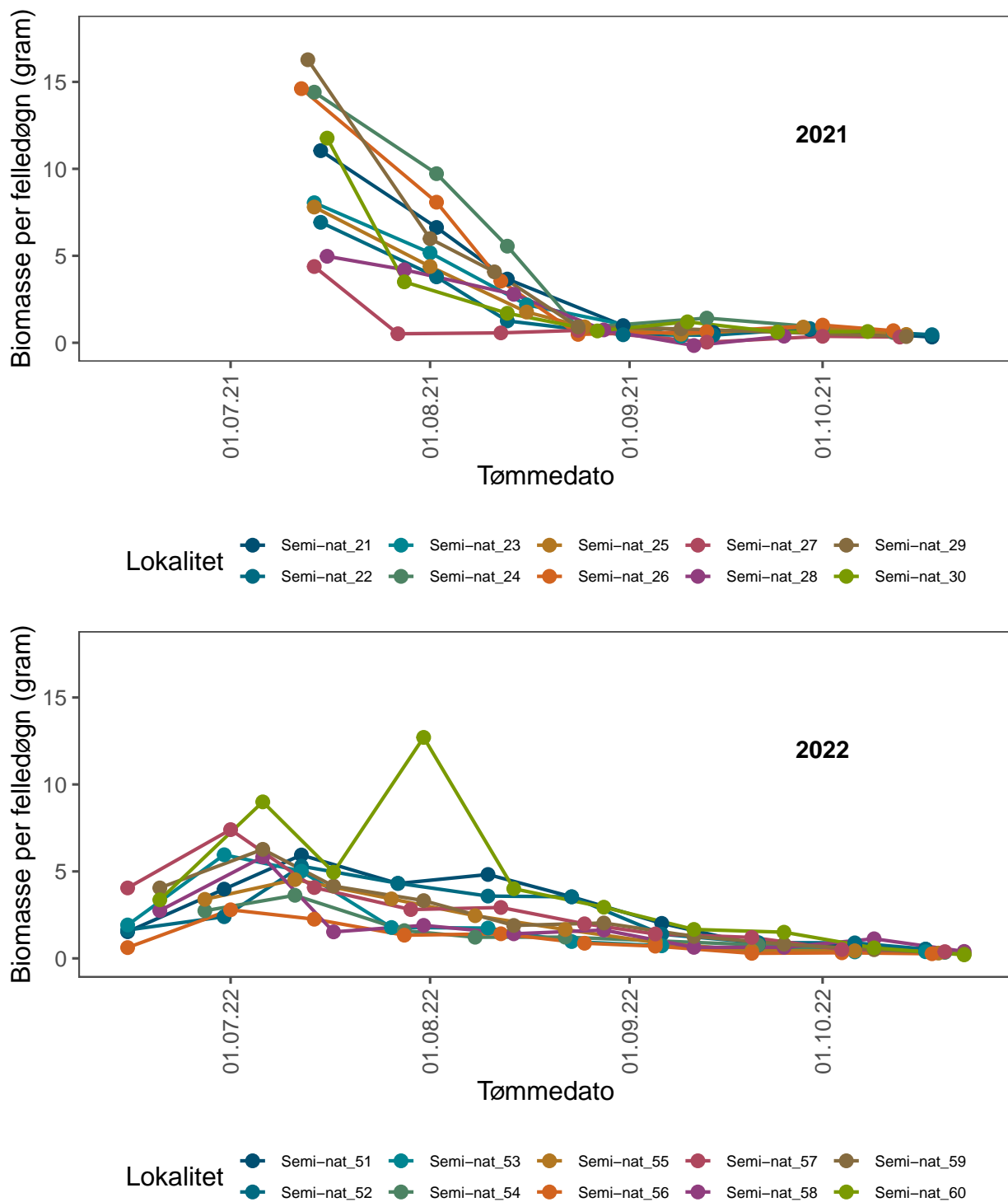
Figur 17. Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark i Sørlandet



Figur 18. Variasjon i biomasse over tid for skogslokalteter på Østlandet.



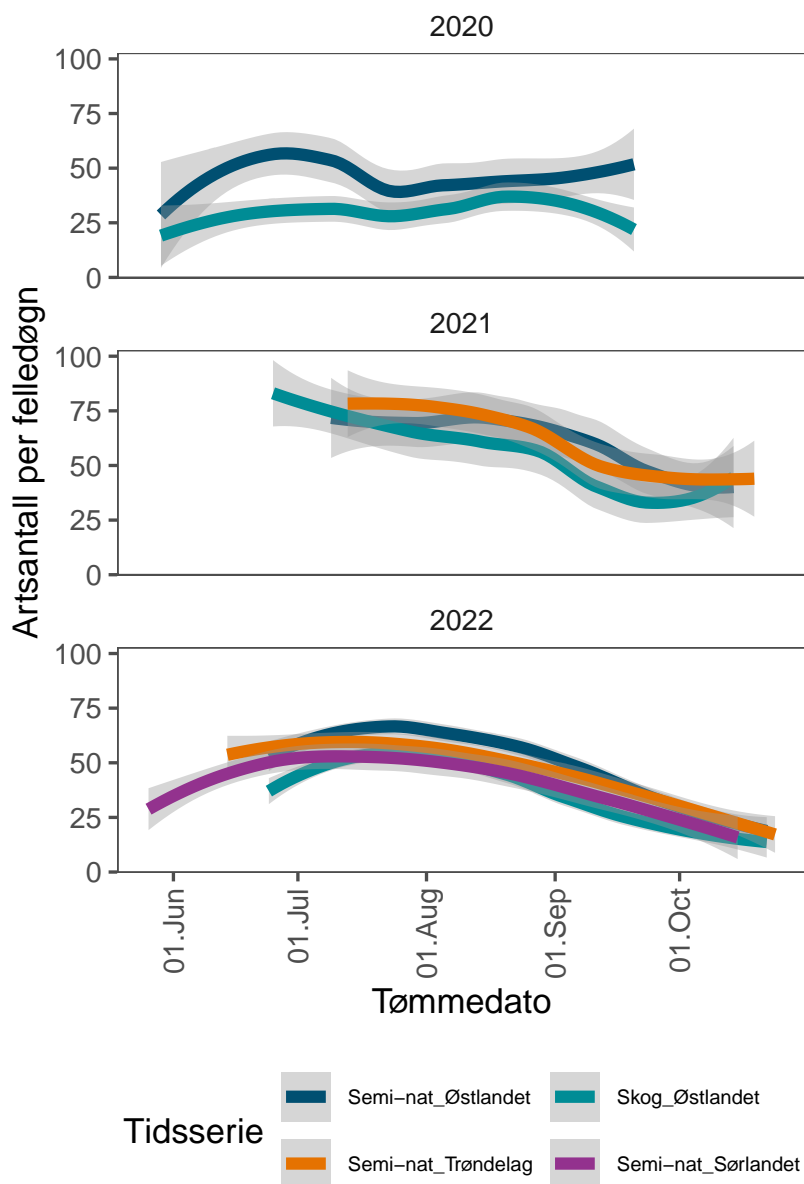
Figur 19. Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark på Østlandet.



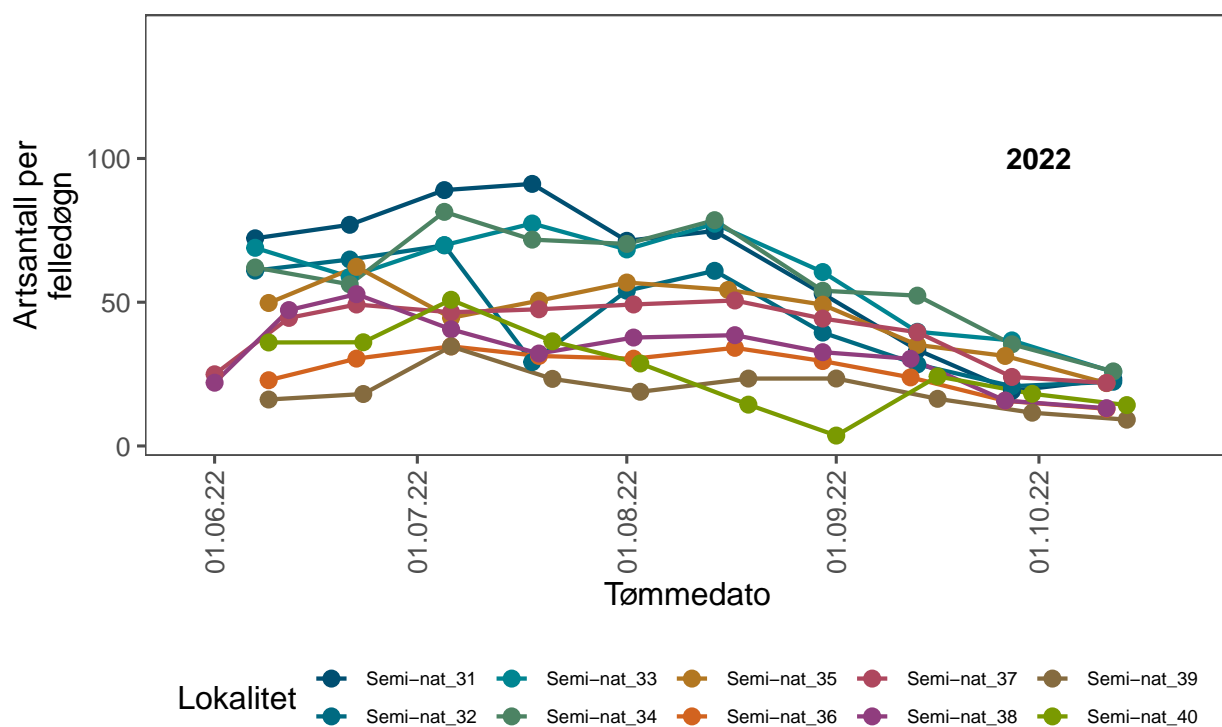
Figur 20. Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark i Trøndelag.

8.2 Artsantall innen sesongen

Tidstrendene i diversitet (Figur 21) viser generelt mindre variasjon enn trenden i biomasse (Figur 16). Semi-naturlig mark ligger også her over skogslokalitetene, men forskjellen er ikke like stor. 2022 har ikke like høy topp som de andre årene, og minker stadig mot slutten av sesongen. Merk likevel at arts-mangfoldet kan være relativt stort seint i sesongen (f.eks. i 2021), hvilket viser verdien av å fortsette innsamlingen også på høsten (september/oktober).



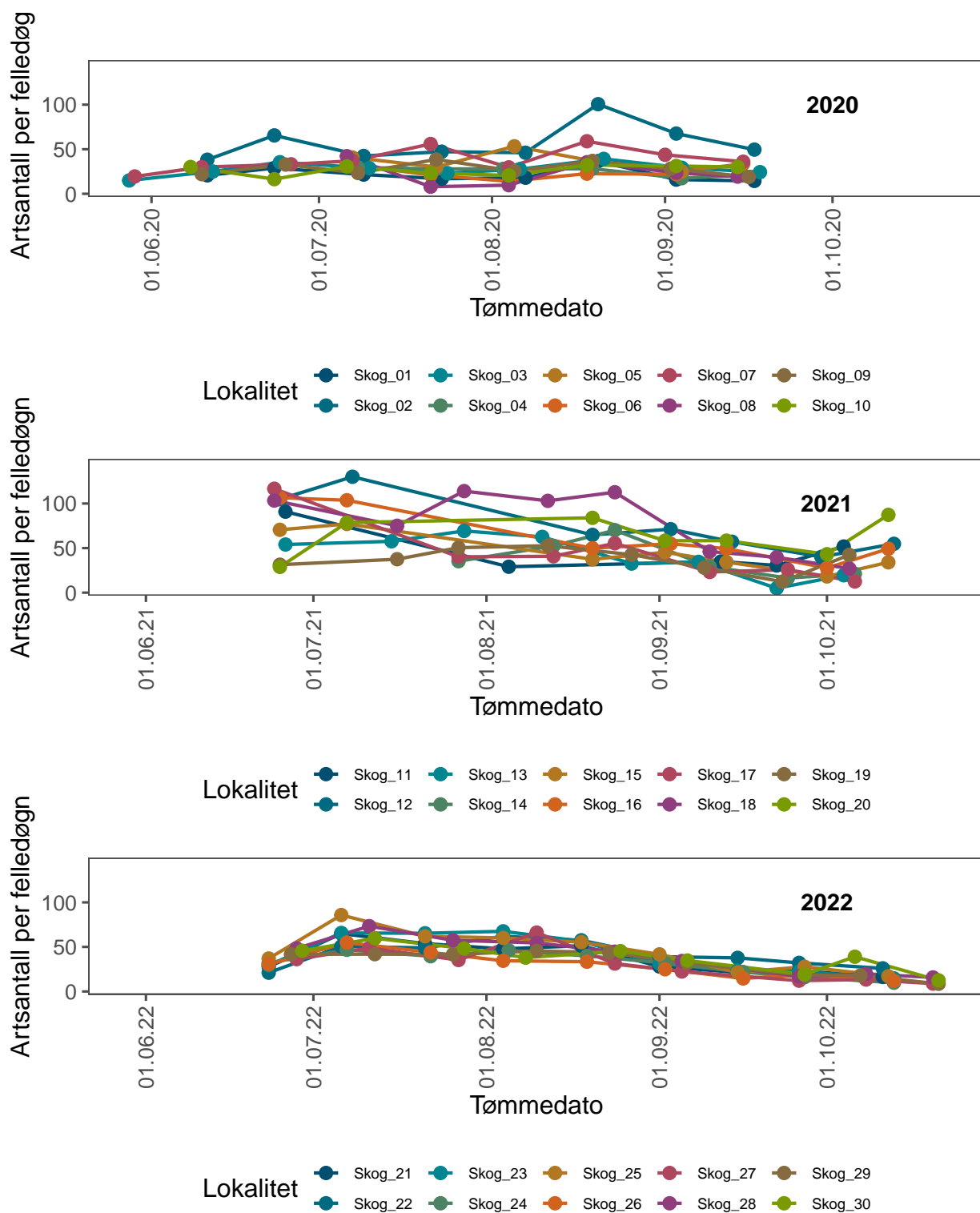
Figur 21. Tidstrend over artsantall (i malaisefeller).



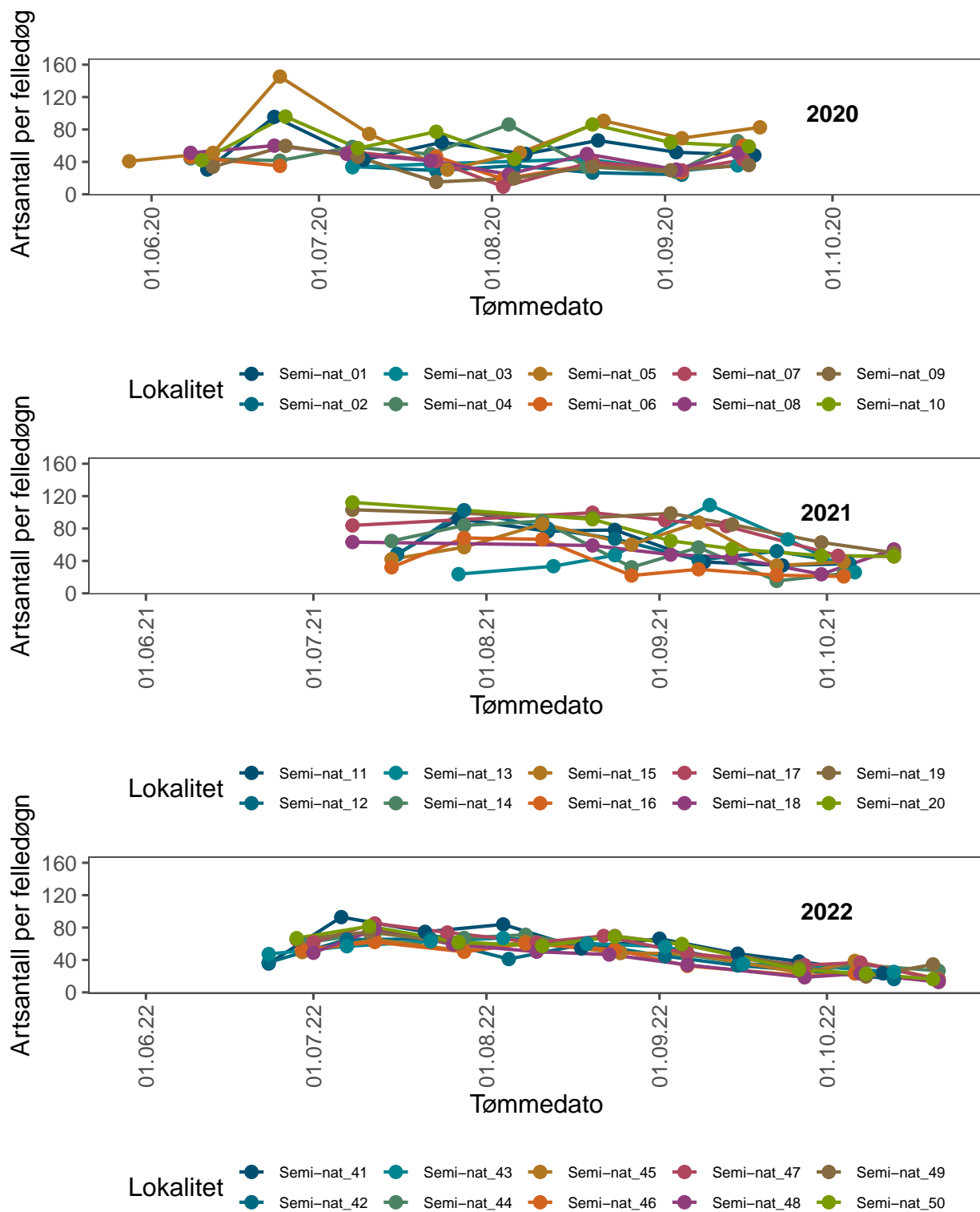
Figur 22. Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark i Sørlandet

8.3 Artsantall for enkelte lokaliteter

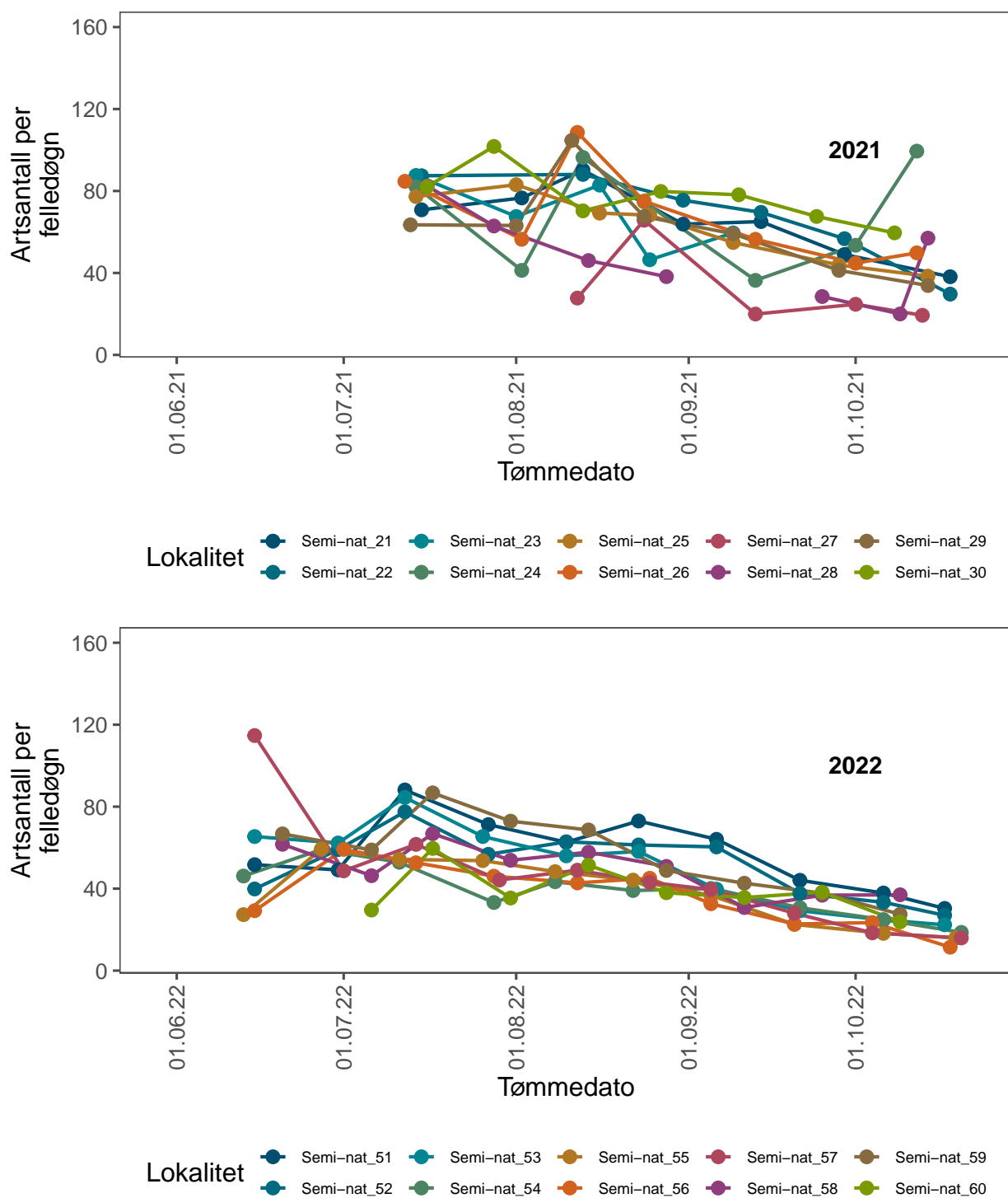
Figurene 23, 24 og 25 viser at artsantallene varierer minst like mye som biomassen, både innen sesong og mellom lokaliteter. Her syns det enda mer tydelig at artsantallet kan være ganske høyt på høsten, selv om biomassen da har minsket vesentlig. Det viser betydningen av å samle inn insekter gjennom en lang sesong og ikke begrense seg til høysesongen i sommermånedene.



Figur 23. Variasjon i artsantall over tid for skogslokaliteter på Østlandet.



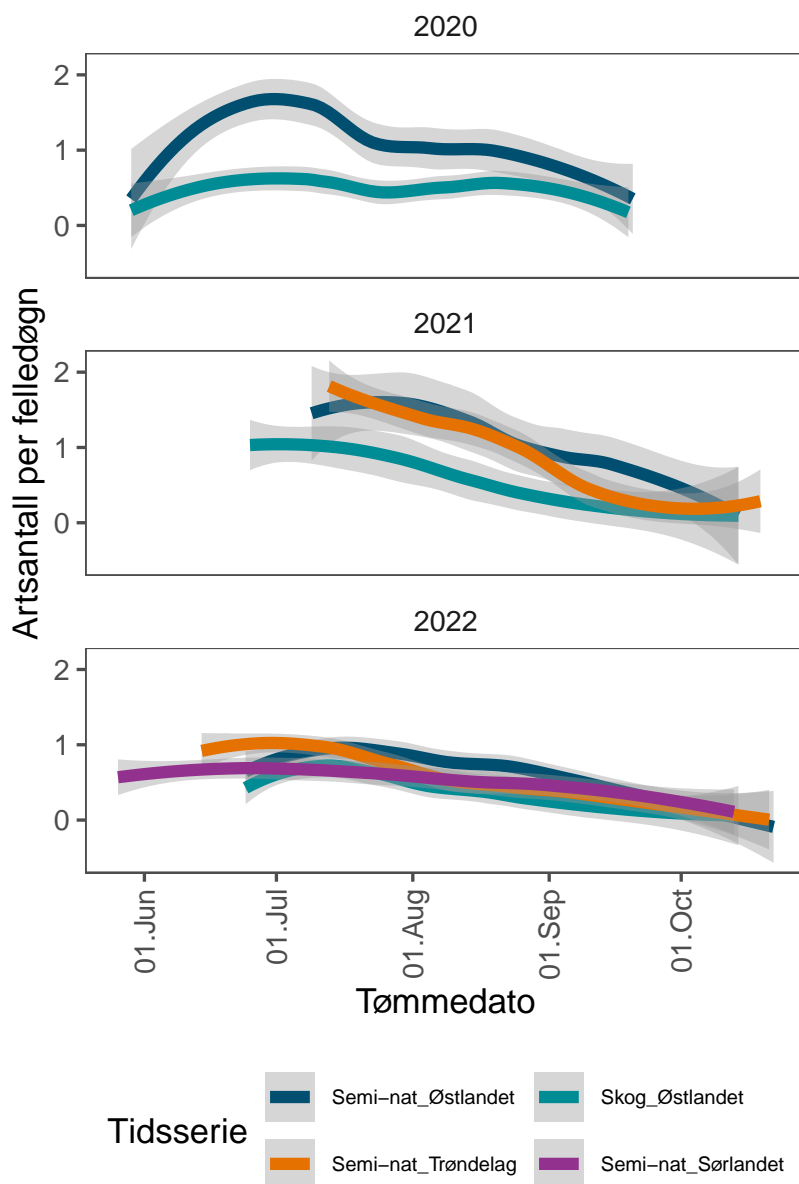
Figur 24. Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark på Østlandet.



Figur 25. Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark i Trøndelag.

8.4 Pollinatorer

Vi viser her tilsvarende trendfigurer over pollinatorer, siden disse insektene er spesielt interessante med tanke på de økosystemtjenester de bidrar med, særlig i semi-naturlig mark. Pollinatorer er ikke en begrenset taksonomisk gruppe og inkluderer arter i mange forskjellige insektordner og familier. Her har vi valgt en praktisk tilnærming der vi inkluderer alle arter i familier kjent for å romme mange pollinatorer. Figur 26 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. De generelt lavere nivåene i 2022 viser seg særlig tydelig for pollinatorer.

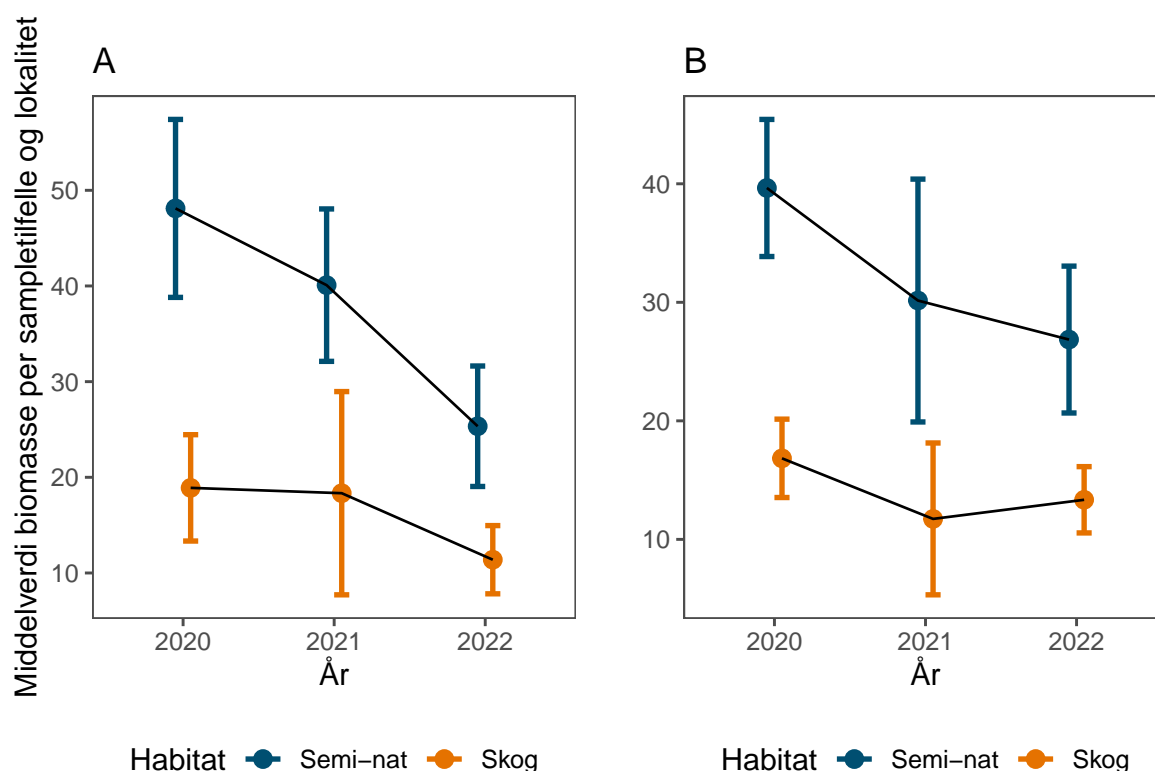


Figur 26. Tidstrend over artsantall pollinatorer (i malaisefeller). Pollinatorer regnes her som arter i familiene Gravebier, Langtungebier, Korttungebier, Markbier, Buksamlerbier, Blomsterbier, Blomfluer, Smygere, Glansvinger, Nymfevinger, Svalestjerter, Hvitvinger, Metallmerker (uoffisiell).

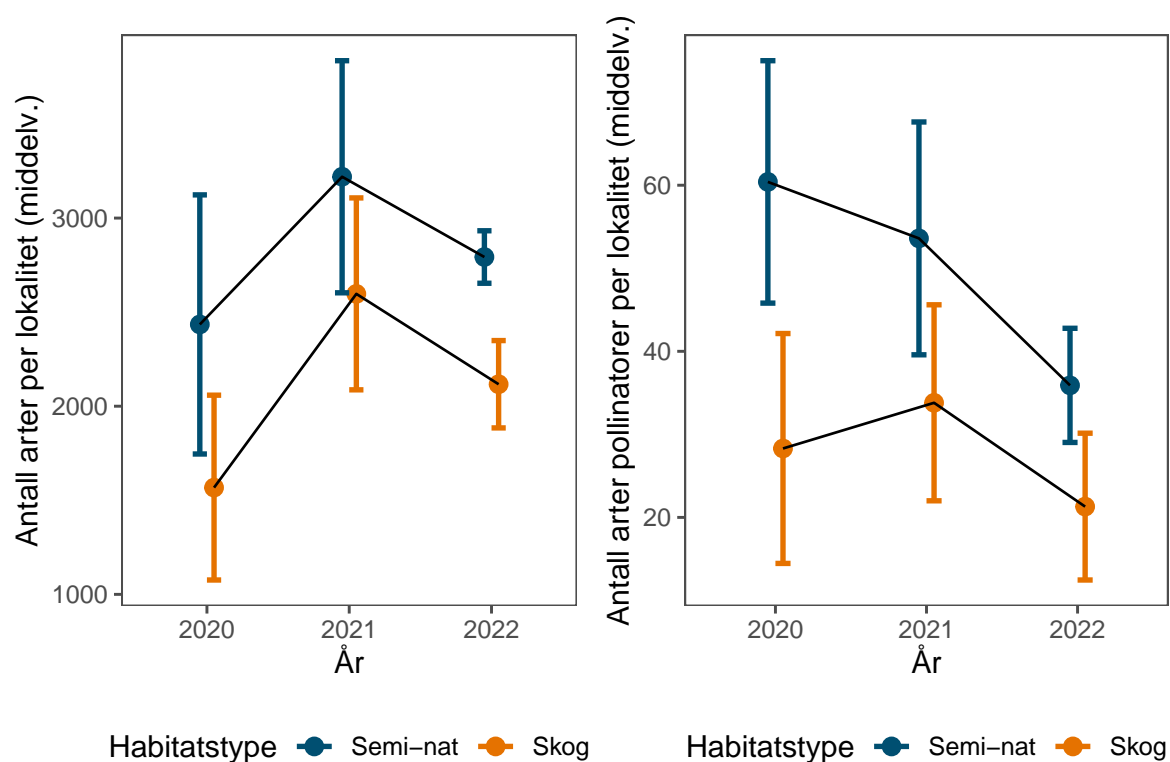
8.5 Årlige tidstrender

Som tidligere nevnt, bør man vurdere en tidsserie på bare 3 år med en stor klype salt, da det ikke er sikkert at mønstre i en så kort tidsserie representerer en trend. Figur 27 A viser middelverdien av biomassen fra malaisefeller i hver felletømming på Østlandet, der vi har data fra 2020 og fremover. Denne dataserie er som nevnt ikke helt sammenlignbar, grunnet litt forskjellige samplingsperioder mellom årene. Figur 27 B viser derfor tilsvarende data, men kun fra perioden juli-august der vi har komplette data for alle år. Selv om vi dermed får en sammenlignbar innsamlingsinnsats mellom årene, er det ikke nødvendigvis så enkelt å sammenligne allikevel, da populasjonstoppene kan inntreffe i ulike tidsperioder i ulike år. Uansett, noe av nedgangen i 2022 er fortsatt synlig i denne figur, selv om den er usikker. I seksjon 14.1 undersøker vi hvorvidt værforholdene i 2022 kan være en potensiell forklaring på årets resultater.

Figur 28 A viser hvor mange arter vi fant i gjennomsnitt per lokalitet, fordelt på år og habitatstype i alle regioner. Oppgangen fra 2020 til 2021 for alle arter avspeiler sannsynligvis i stor grad at vi i 2021 har endret på labprotokoller og bruker en sekvenseringsmaskin som gir oss flere DNA-kopier per prøve, og dermed kunne vi detektere flere arter per prøve i 2021 enn i 2020. Figur 28 B viser forskjellen i totalt antall arter pollinatorer mellom habitatstyper og år.



Figur 27. A) Middelverdi av biomasse insekter i malaisefeller per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark. Notere at disse data er innsamlet under delvis ulike tidsperioder og fra ulike regioner og derfor ikke er direkt sammenlignbare. B) Biomasse insekter på Østlandet i juli-august (i malaisefeller). Innsamlingsinnsatsen for denne periode og region er sammenlignbar, men populasjonstopper kan skille seg noe i tid mellom de ulike årene, og disse månedene representerer ikke hele sesongen. Feillinjer viser 95% konfidanseintervall.



Figur 28. A) Middelerdi av antall arter fanget per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark i alle regioner. B) Middelerdi av antall pollinatorer fanget per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark i alle regioner. Merk at i 2021 ble novaseq-maskinen tatt i bruk for metastrekkoding. Begge figurer viser data kun fra malaisefeller. Feillinjer viser 95% konfidanseintervall.

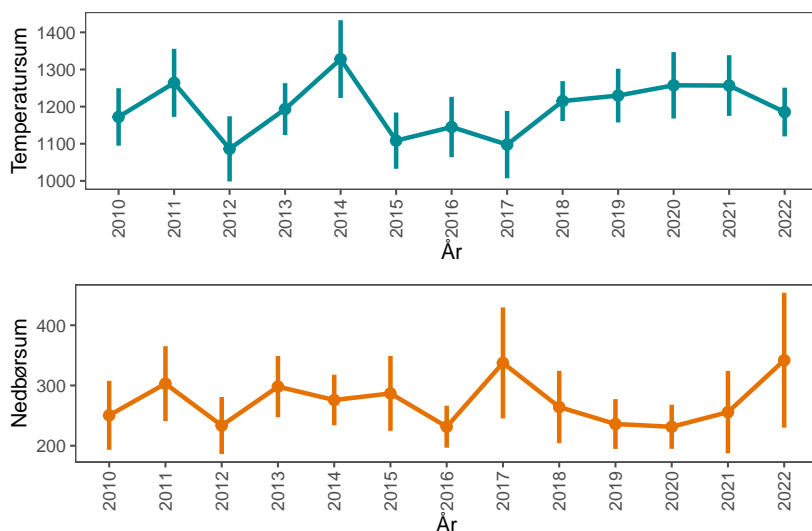
9 Klima og vær

9.1 Mellomårsvariasjon i vær

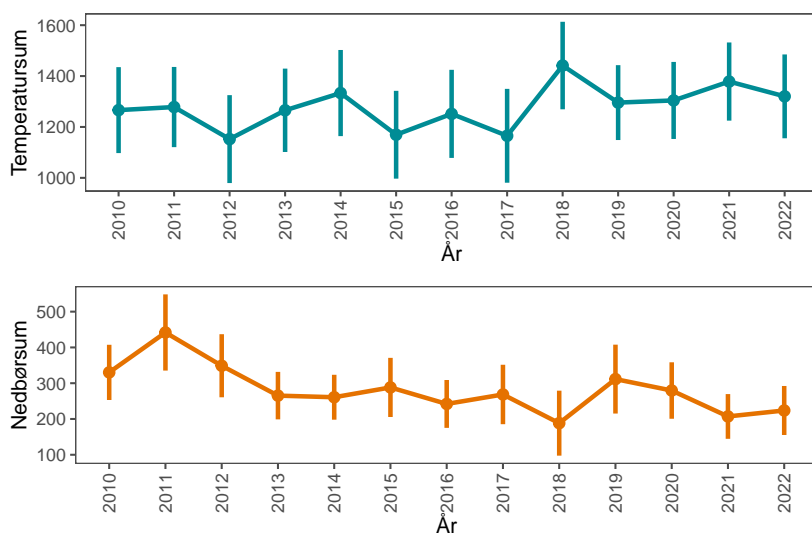
Da insekter er små ektoterme dyr (avhengig av eksterne varmekilder) påvirkes de sterkt av lokale værforhold. I nordlige klima er de ofte begrenset av kalde temperaturer og vil respondere positivt på økt temperatur og solinnstråling. På de varmeste dagene kan også noen grupper minke sin aktivitet, f.eks. humler som er spesialiserte på kaldere forhold og som til dels er endoterme (kan produsere noe varme selv). Insekter kan også være sensitive for uttørking, og responderer typisk positivt på høy luftfuktighet. Værforholdene under kritiske utviklingsfaser kan ha særskilt stor effekt på senere populasjonsstørrelser, som for eksempel under larveutvikling eller under overvintring. Det kan derfor forekomme forsinkede effekter av dårlig vær; for eksempel vil kaldt og variabelt vær på våren kunne påvirke insektforekomster negativt resten av sesongen.

Forholdene mellom vær og populasjonsstørrelser kan derfor være komplekse, og varierer også mellom ulike insektgrupper. Statistisk modellering av disse sammenhengene kan fort bli komplekse, og det gir liten mening med veldig avanserte analyser med bare 3 år med data. Likevel kan det være av interesse å vurdere årets vær i forhold til historiske verdier. Det er for eksempel nærliggende å tenke seg at nedgangen i 2022 kan skyldes dårlig vær.

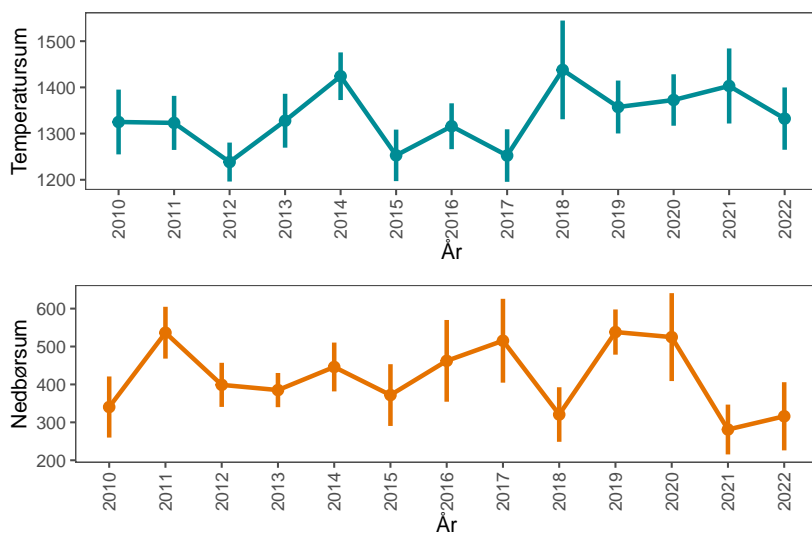
Figur 29, 30 og 31 viser en tidstrend fra 2010 til 2022 over været i juni-august, de viktigste månedene for insektinnsamling, i de ulike geografiske regionene. Dataene er hentet fra met.no sin dataserie, der de bruker observert vær fra nettverket av klimastasjoner for å interpolere verdier på 1x1km skala over hele landet for hver dag, siden 1950-tallet. Sammenstillingen viser at sommeren i Trøndelag 2022 var kaldere enn tidligere år, men ikke ekstrem i et lengre perspektiv. Nedbøren derimot var noe av den høyeste siden 2010, og det kan tenkes at den kombinerte effekten var en uvanlig dårlig sommer for insekter. Tidsseriene viser også en middels varm, men noe tørr sommer på Østlandet, og en middels varm og svært tørr sommer på Sørlandet.



Figur 29. Klimatrend juni-juli i Trøndelag. Øverste figur viser summen av daglig gjennomsnittstemperatur, nedre figur viser summen av daglig nedbørsum. Feillinjer viser +/- 1 standardavvik basert på alle lokaliteter i regionen.



Figur 30. Klimatrend juni-juli på Østlandet. Øverste figur viser summen av daglig gjennomsnittstemperatur, nedre figur viser summen av daglig nedbørsum. Feillinjer viser ± 1 standardavvik basert på alle lokaliteter i regionen.



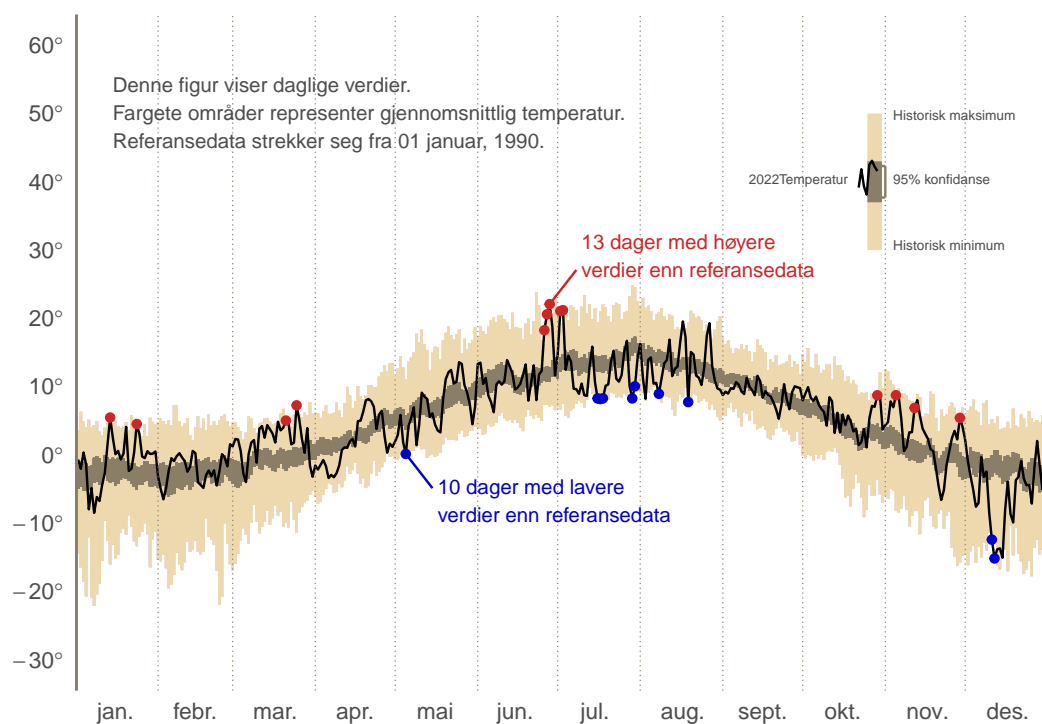
Figur 31. Klimatrend juni-juli på Sørlandet. Øverste figur viser summen av daglig gjennomsnittstemperatur, nedre figur viser summen av daglig nedbørsum. Feillinjer viser ± 1 standardavvik basert på alle lokaliteter i regionen.

9.2 Innenårsvariasjon i vær

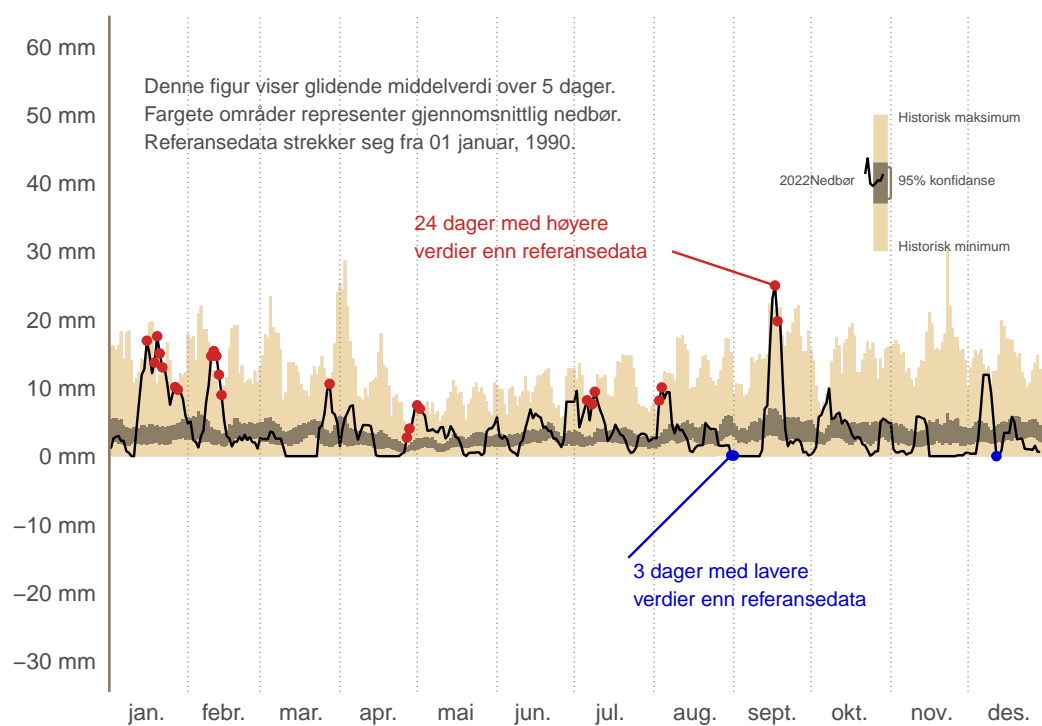
Lokale tidsserier for temperatur og nedbør inneholder mye mer informasjon enn det vi kan vise i figurene 29, 30, og 31, og slike finskala værforhold kan være relevant for å forklare insektforekomster, særlig i fremtidige lengre tidsserier. Vi eksemplifiserer dette med døgnverdier fra 3 sentrale lokaliteter i hver region. Figur 32 viser døgnmiddeltemperaturen for lokalitet "Semi-nat_55" som ligger i Bymarka i Trondheim. Bortsett fra en kort periode med varmt vær i månedsskiftet juni-juli så er det her åpenbart at sommeren var uvanlig kald, med flere "bunnrekorder" i juli-august. Figur 33 viser tilsvarende figur over nedbør, her med en glidende middelvei over 5 dager for å redusere støyen i dataen. Trondheim ser ut til å ha hatt en særdeles våt vinter og vår, men også i juli og august var det vedvarende nedbør, noe som trøndere som tok ferie hjemme kan bekrefte.

Tilsvarende figur fra lokalitet "Semi-nat_42" nære Lillehammer, som får representere Østlandet, viser en generelt ganske varm senvinter og vår, med hele 16 dager med "varmerekord" (Figur 34). Her er også den særdeles tørre våren tydelig, mens månedsskiftet juni-juli ga store regnmengder i løpet av en kort periode (Figur 35).

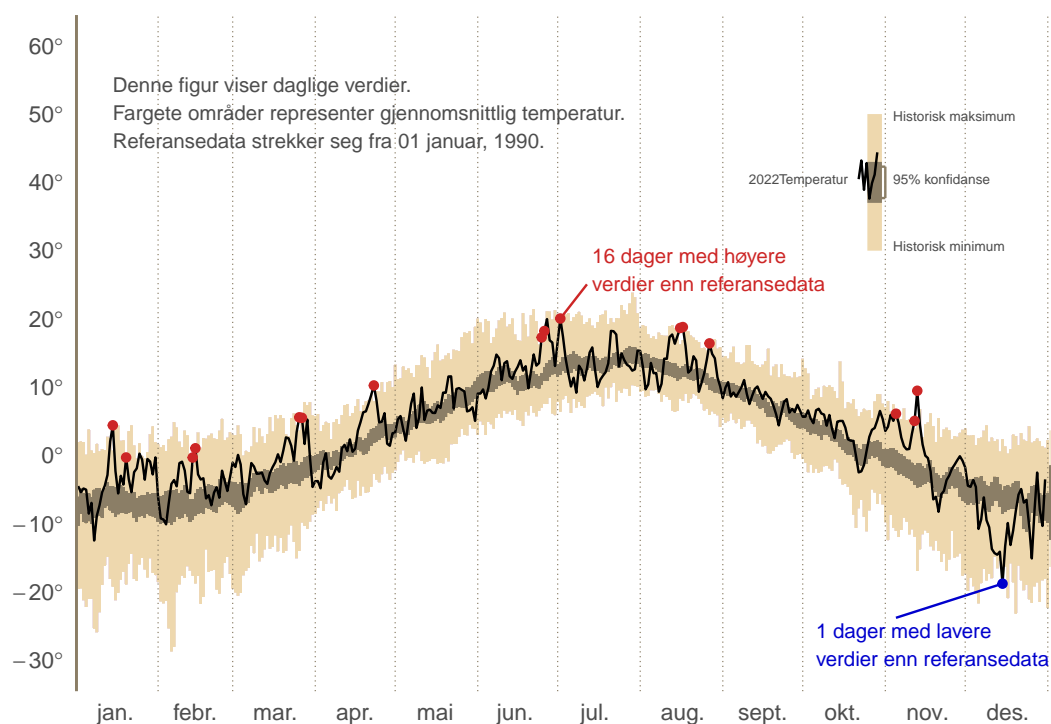
Til sist viser Figur 36 temperaturen i "Semi-nat_32" utenfor Kristiansand, der man hadde en ganske varm januar og start på november, men utover dette et ganske normalt år i forhold til temperatur. I Figur 37 syns også her en særdeles tørr vår med lange perioder helt uten nedbør. I løpet av sommeren i 2022 ble vi kontaktet av og kunde lese i avisene om bekymrede medborgere som lurte på hvor insektene hadde blitt av, der de særlig merket et fravær av mygg. Det er sannsynlig at svaret på disse lokale nedgangene i 2022 kan forklares med en tørr vår og sommer, som særlig vil påvirke mengdene av insekter med larvestadier i vann, som mygg.



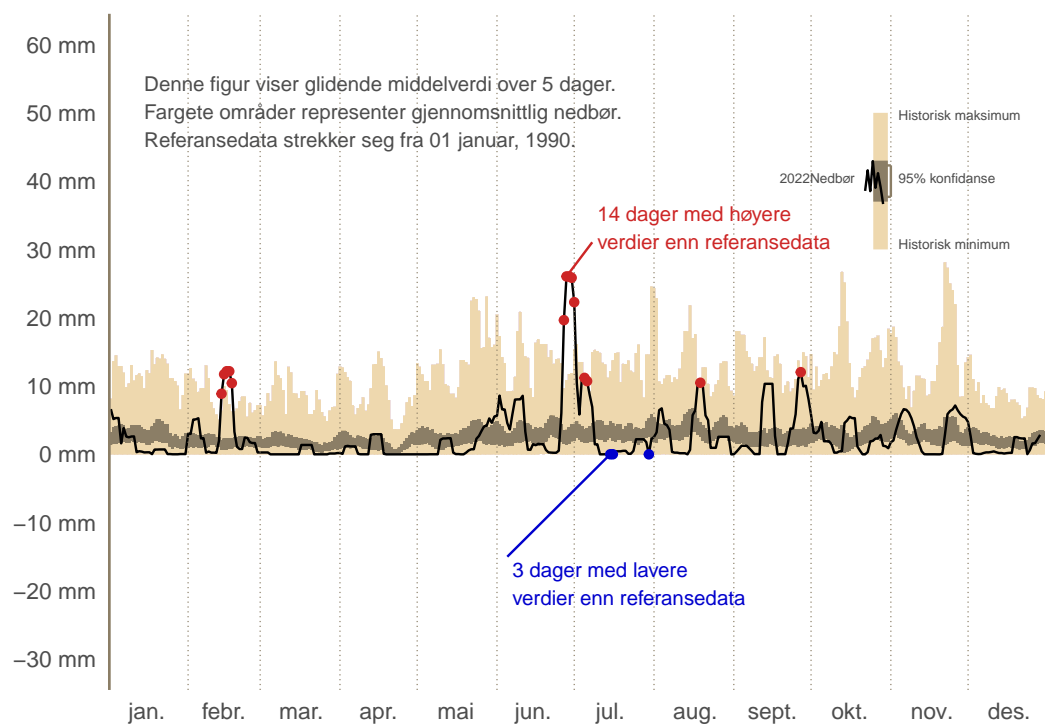
Figur 32. Temperatur i Trondheim 2022, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat_55.



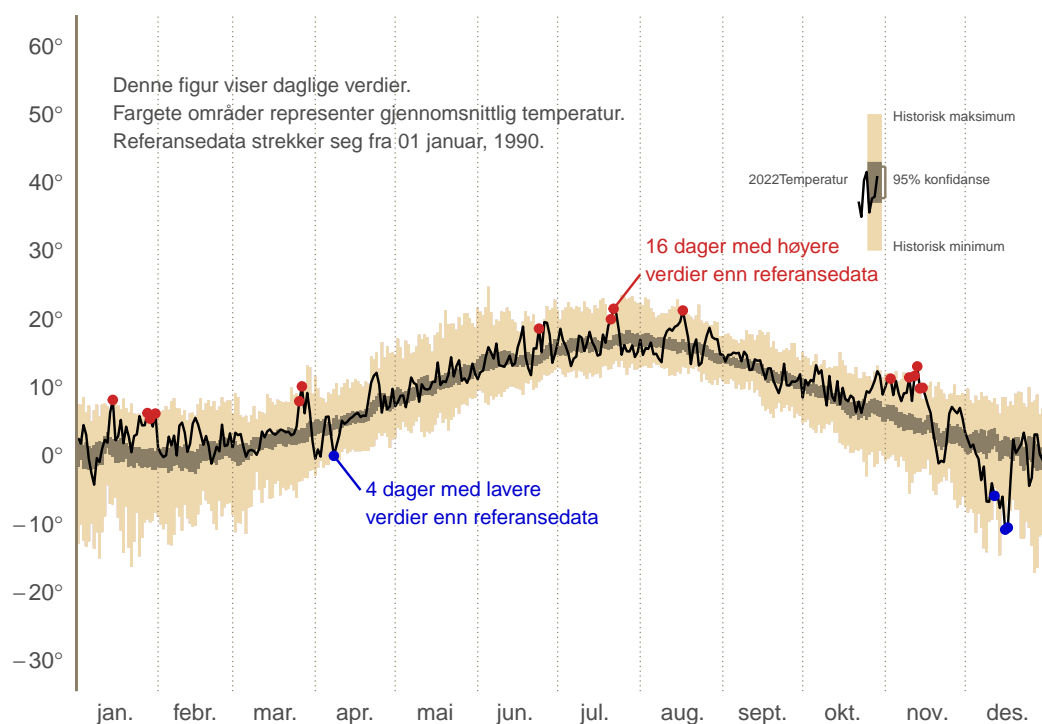
Figur 33. Nedbør i Trondheim 2022, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat_55.



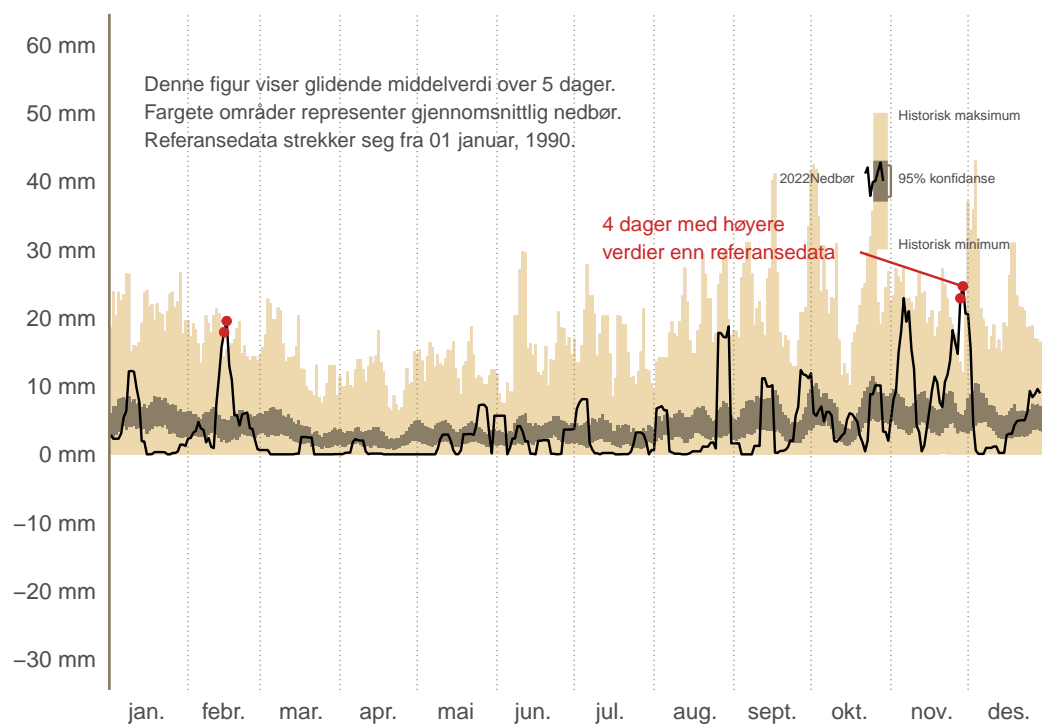
Figur 34. Temperatur i Lillehammer 2022, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat_42.



Figur 35. Nedbør i Lillehammer 2022, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat_42.



Figur 36. Temperatur i Kristiansand 2022, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat_32.



Figur 37. Temperatur i Kristiansand 2022, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat_32.

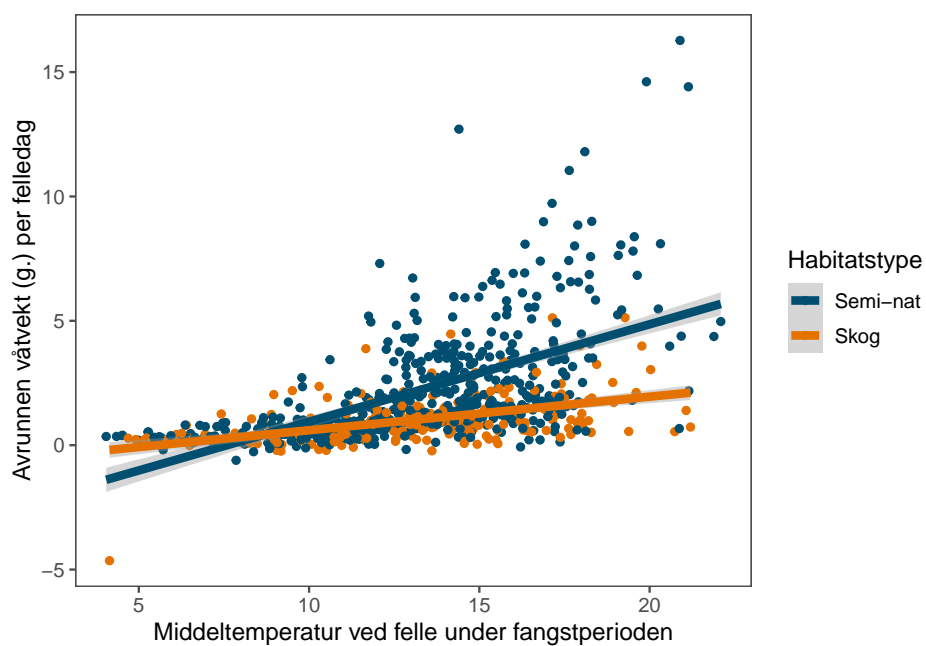
10 Effekt av mikroklima

Værdata fra Meteorologisk institutt er svært verdifulle, da de er heldekkende i tid og rom, og gjen-speiler forholdene på en landskapsskala som er relevant for mange insekter (1 km). Men utover dette spiller også lokal, finskala variasjon en stor rolle for aktiviteten hos insekter. Derfor registrerer vi på hver fellelokalitet også værdata ved hjelp av to loggere, som tilsammen gir hyppige data på temperatur både i skygge og sol, luftfuktighet og mengden sollys (Figur 38). Vi mangler derimot lokale finskala data på vindforhold og nedbør. Dette kan til dels kompenseres for ved å ta i bruk variasjonen i verdiene for temperatur, luftfuktighet og lys, se seksjon 14.1.

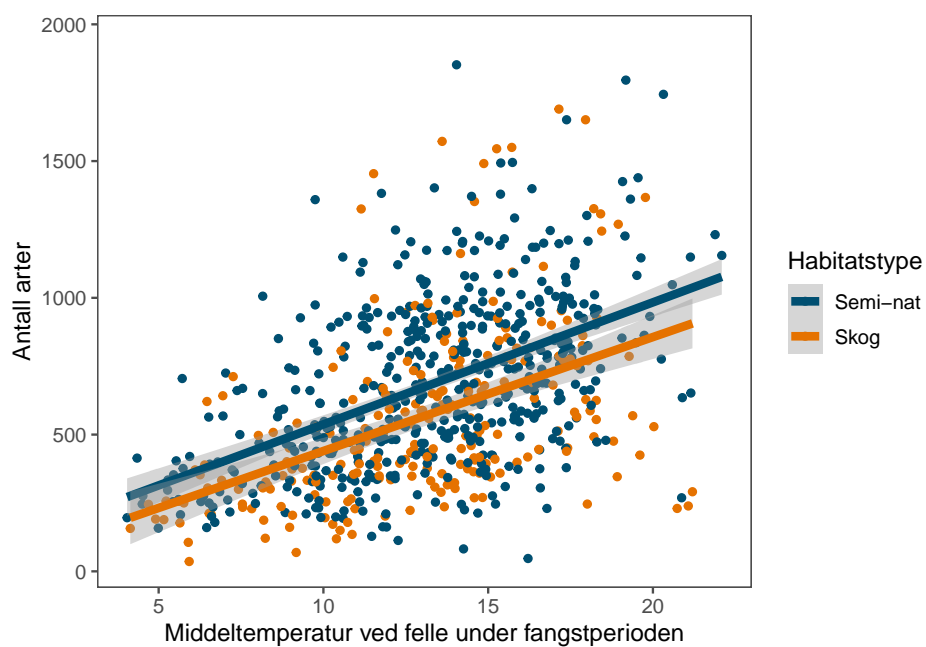
Generelt er det en positiv sammenheng mellom insektfangster og temperatur, da insekter flyr i mindre grad i kaldt vær. Dette viser seg i høyere antall observerte arter i varmere perioder (figur 40), men særlig i mengden biomasse (figur 39). Helningen på forholdet mellom temperatur og biomasse er også høyere for semi-naturlige lokaliteter enn i skog, og de høyeste biomassene finnes også generelt i semi-naturlige lokaliteter.



Figur 38. 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.



Figur 39. Sammenheng mellom temperatur og innsamlet biomasse per fangstperiode i malaisefeller, her vist ved en enkel linjær funksjon, selv om andre funksjoner er tenkbare.



Figur 40. Sammenheng mellom temperatur og antall arter innsamlet per fangstperiode i malaisefeller.

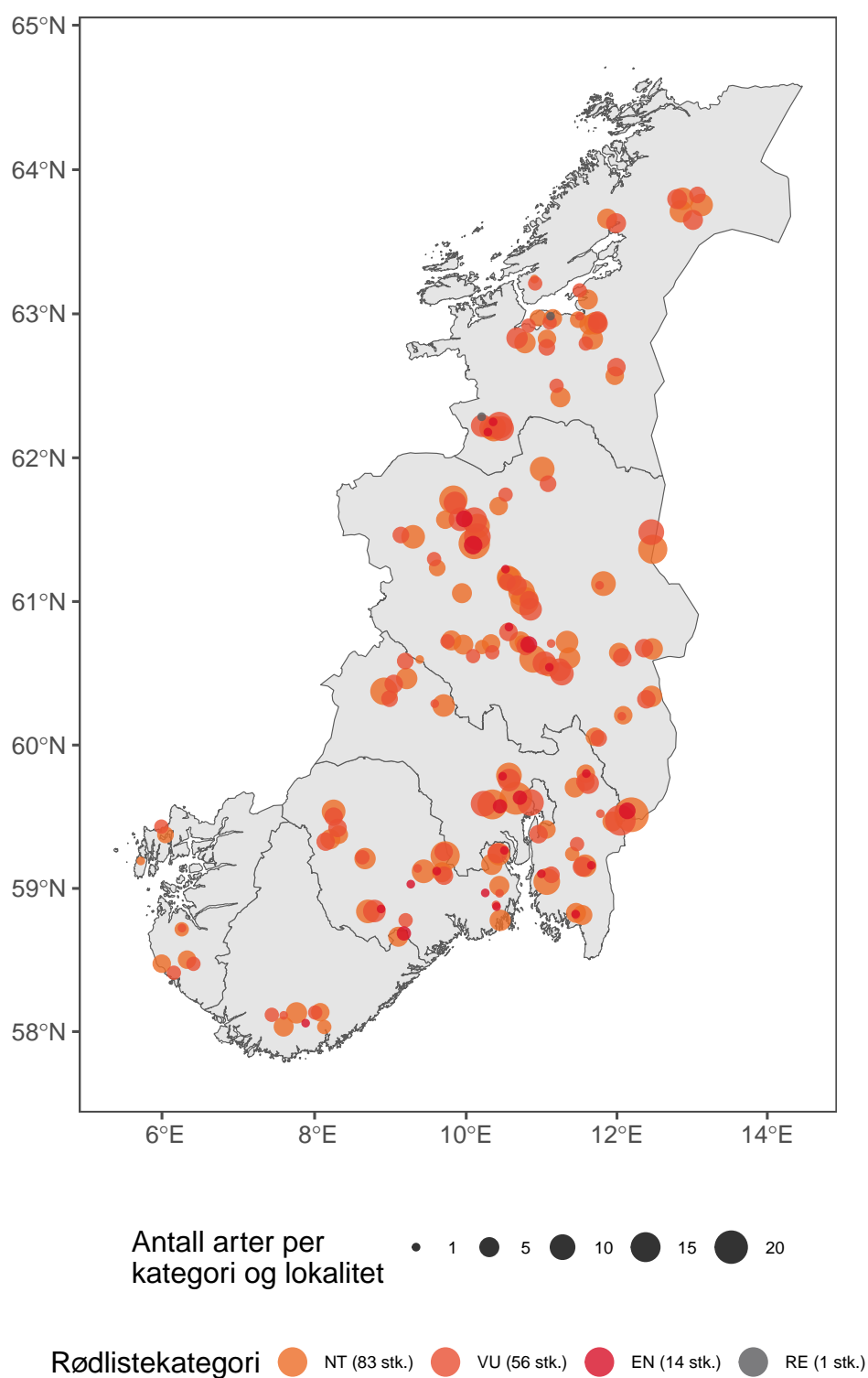
11 Funn av rødlistede arter

Rødlisten fra 2021 inneholder totalt 2256 arter insekter innen kategoriene datamangel (DD), nær truet (NT), sårbar (VU), sterkt truet (EN), kritisk truet (CR) og regionalt utdødd (RE). Kategoriene VU, EN, CR regnes som truede arter, men vi inkluderer også kategorien RE i sammenstillingen da disse arter sannsynligvis ville bli klassifisert som truet hvis de blir konkludert som gjenfunnet. I fjorårets rapport viste vi alle funn fra metastrekkodingen som matchet rødlisten, også de som var bestemt med lav eller middels høy sikkerhet. I år viser vi bare de funn som er navngitt med "høy" sikkerhet, for å redusere mengden feil. Merk at ikke noen kritisk trued art (CR), ble identifisert med høy sikkerhet. Merk også at disse artsbestemmelser ikke er kontrollert morfologisk av en taksonom, og bør ses som ubekreftet. For eksempel kan det hende at noen arter er vanskelige å skille med den markøren som brukes, eller at taksonomien er uklar. Tabell 5 lister artene klassifisert som NT (nær truet) i rødlisten. Tabell 6 lister de 154 truede artene (VU, EN, CR + RE) som overvåkingsprosjektet har observert så langt. De fleste artene er sjeldent observert, men enkelte arter forekommer i mange av lokalitetene vi har besøkt. Derfor observerer vi som regel minst noen truede arter på hver lokalitet. Så langt har vi funnet truede arter (VU-RE) i 89 av de 90 lokalitetene vi har undersøkt.

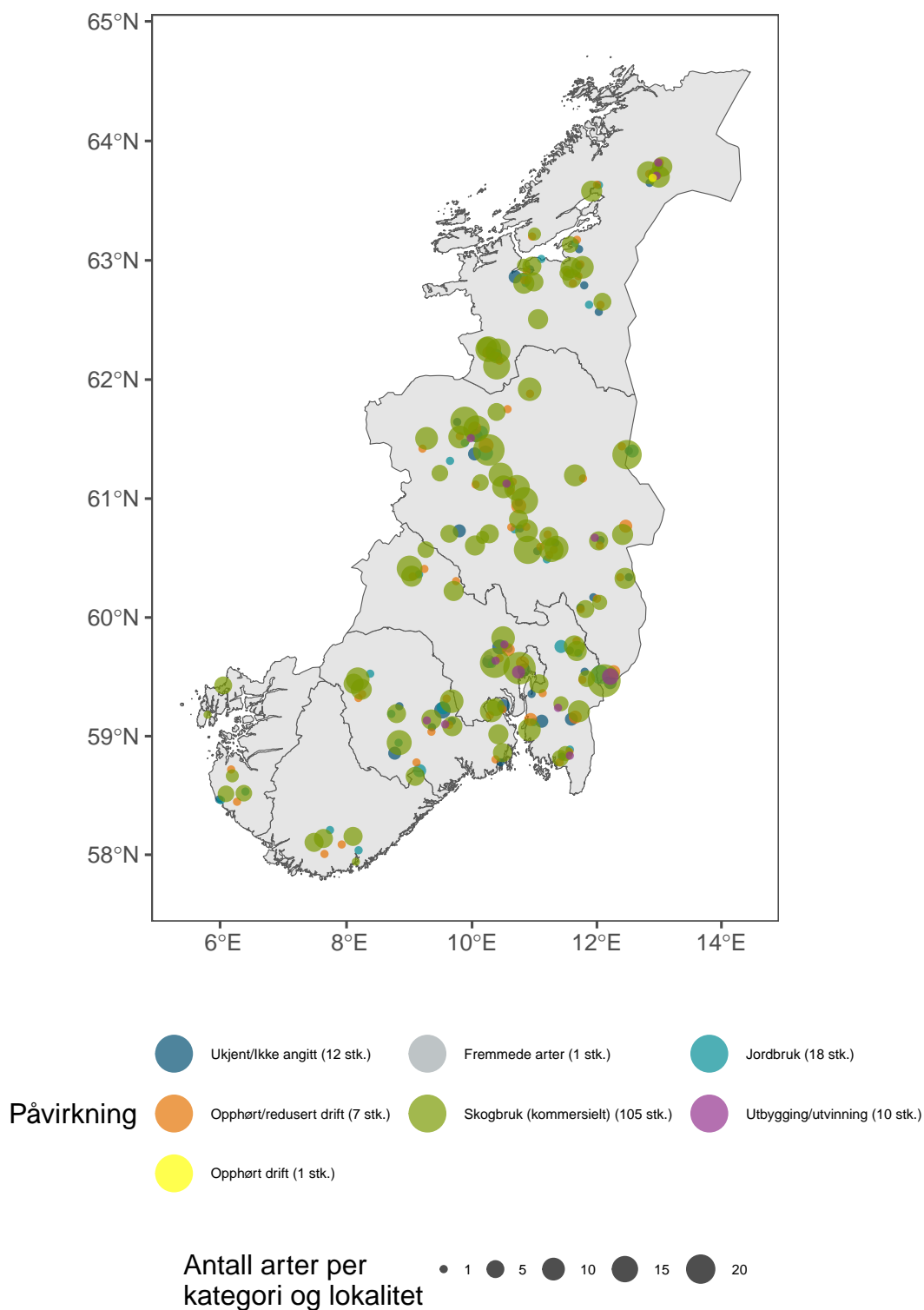
Figur 41 viser hvordan de truede artene fordeler seg i områdene vi har overvåket. Merk at det fortsatt er tidlig å bruke et slikt kart for å konkludere rundt et mønster i fordelingen av rødlistede arter, og at det sannsynligvis vil vises mer tydelig etter et helt omløp av overvåkingen (5 år). Men med disse forbeholdene rundt tolkningen, så ser områdene rundt Oslofjorden samt Gudbrandsdalen ut til å inneholde en relativt høy forekomst av truede arter, mens det så langt ser ut til å være færre truede 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 42 viser funnene av truede 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 tilfeller tredje hierarkiske nivå av den første påvirkningsfaktoren). De aller fleste truede artene som har blitt funnet har skogbruk som viktigste påvirkningsfaktor. Dette gjelder også for mange av de semi-naturlige lokalitetene (se f.eks. Trøndelag og Sørlandet med lokaliteter kun i semi-naturlig mark). Jordbruk er den nest viktigste påvirkningsfaktoren, fulgt av utbygging/utvinning.

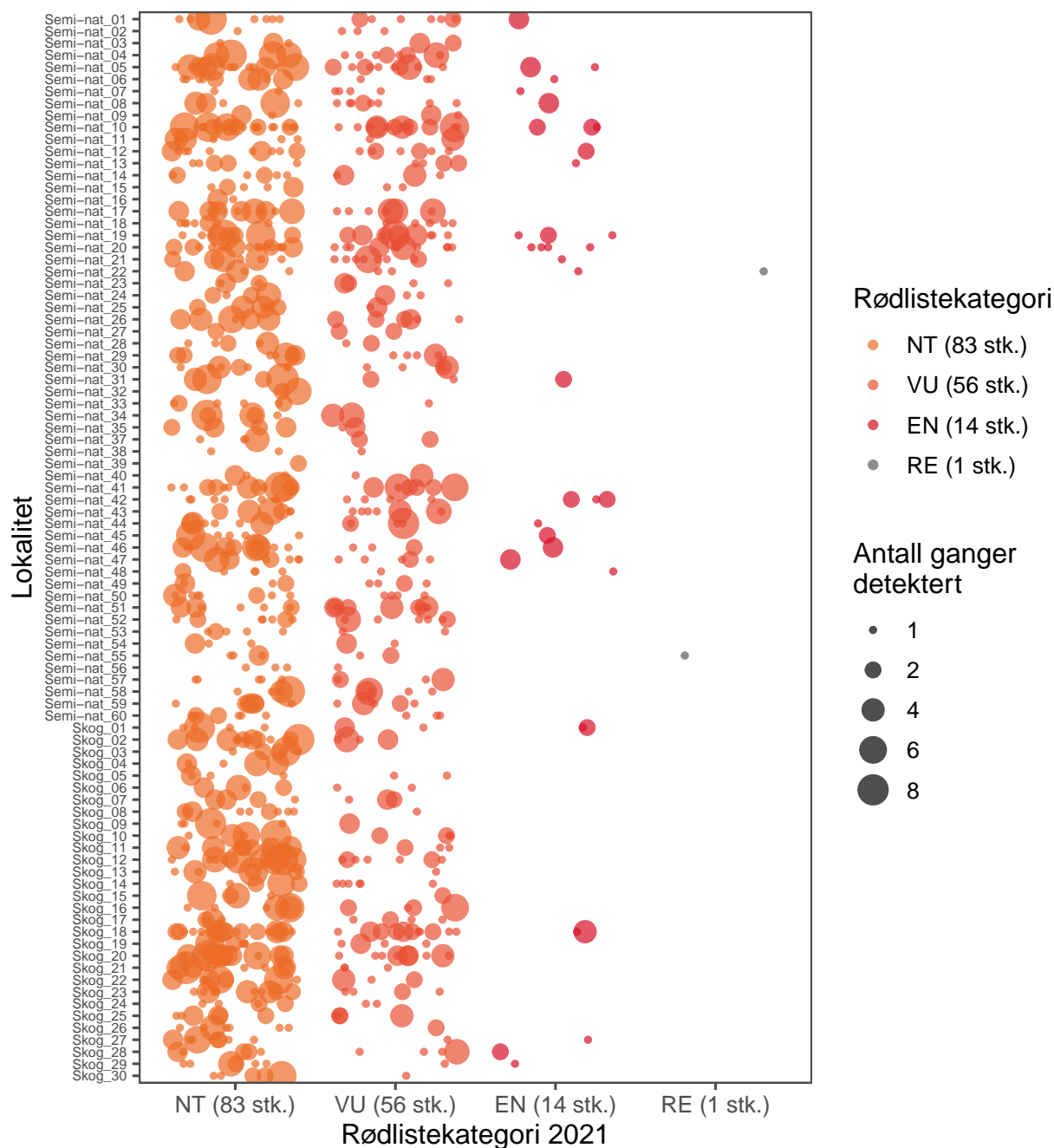
Figur 43 viser hvordan de enkelte truede artene fordeler seg over lokalitetene. Vi kan se at noen lokaliteter har særlig mange rødlistede arter, der semi-naturlig mark dominerer de mest truede kategoriene. Semi-nat 19, 10 og 42 har for eksempel 3 arter som er vurdert som sterkt truet i rødlisten (EN), og Semi-nat_20 har 4, der de fleste er møll.



Figur 41. Fordeling av funn av truede arter (VU, EN, CR, RE), navngitt med 'høy' sikkerhet. Sirkelstørrelsen viser antall arter funnet på hver lokalitet, og fargen viser rødlistekategori. Posisjonene er noe justert på kartet for at de ikke skal skjule hverandre. Prikkene med 'RE' består av funn av 'Elachista quadripunctella', som vil bli morfologisk sjekket. Ikke noen CR arter ble identifisert med 'høy' sikkerhet.



Figur 42. Fordeling av funn av truede arter, navngitt med 'høy' sikkerhet, etter påvirkningsfaktor. Sirkelstørrelsen viser antall arter funnet på hver lokalitet, og fargen viser påvirkningsfaktor (flere nivåer) angitt i rødlisten for 2021. Posisjonene er noe justert på kartet for at de ikke skal skjule hverandre.



Figur 43. Deteksjon av truede arter i hver lokalitet identifisert med 'høy' sikkerhet. Hver sirkel viser funn av en enkelt art i en lokalitet. Størrelsen på sirklene viser antall ganger arten ble detektert på lokaliteten (enkelte felleobservasjoner). Prikkene med 'RE' består av funn av 'Elachista quadripunctella', som vil bli morfologisk sjekket. Ikke noen CR arter ble identifisert med 'høy' sikkerhet.

Kategori	Orden	Latinsk navn	Norsk navn	Funnet i antall lokaliteter	Antall ganger observert
NT	Diptera	<i>Mycetophila sinuosa</i>		59	189
NT	Diptera	<i>Brevicornu arcticoides</i>		50	134
NT	Diptera	<i>Mycetophila pyrenaica</i>		37	85
NT	Diptera	<i>Mycetophila trinotata</i>		33	81
NT	Coleoptera	<i>Strophosoma fulvicorne</i>		31	153
NT	Diptera	<i>Boletina subtriangularis</i>		29	83
NT	Diptera	<i>Mycetophila triangularis</i>		26	42
NT	Diptera	<i>Tetragoneura obirata</i>		21	58
NT	Diptera	<i>Docosia tibialis</i>		21	37
NT	Diptera	<i>Ectrepesthoneura tori</i>		16	28
NT	Diptera	<i>Greenomyia stackelbergi</i>		15	31
NT	Diptera	<i>Boletina kivachiana</i>		14	26
NT	Lepidoptera	<i>Dichrorampha sylvicolana</i>	Nyseryllikrotvikler	12	24
NT	Diptera	<i>Mycomya kurildisa</i>		12	15
NT	Diptera	<i>Trichonta clara</i>		11	22
NT	Lepidoptera	<i>Atolmis rubricollis</i>	Rødhalslavspinner	11	15
NT	Diptera	<i>Anatella crispa</i>		9	9
NT	Diptera	<i>Sciophila antiqua</i>		9	9
NT	Diptera	<i>Mycomya humida</i>		8	14
NT	Lepidoptera	<i>Crambus heringiellus</i>	Svart Nebbmott	8	14
NT	Diptera	<i>Boletina atridentata</i>		7	15
NT	Diptera	<i>Tetragoneura ambigua</i>		7	12
NT	Araneae	<i>Dipoena torva</i>	Barkhjelledderkopp	7	10
NT	Diptera	<i>Dynatosoma dihaeta</i>		7	7
NT	Lepidoptera	<i>Elachista triatomea</i>		6	13
NT	Diptera	<i>Trichonta delicata</i>		6	7
NT	Diptera	<i>Mycomya kuusamoensis</i>		5	12
NT	Diptera	<i>Docosia landrocki</i>		5	11
NT	Diptera	<i>Sciophila balderi</i>		5	5
NT	Diptera	<i>Phronia elegans</i>		4	7
NT	Diptera	<i>Ectrepesthoneura nigra</i>		4	4
NT	Diptera	<i>Hendelia beckeri</i>		4	4
NT	Diptera	<i>Mycetophila nigrofusca</i>		4	4
NT	Diptera	<i>Syntemna daisetsuzana</i>		3	5
NT	Diptera	<i>Beris morrisii</i>		3	4
NT	Diptera	<i>Exechia macula</i>		3	3
NT	Diptera	<i>Xylota ignava</i>	Rød Vedblomsterflue	3	3
NT	Lepidoptera	<i>Calybites phasianipennella</i>		2	4
NT	Coleoptera	<i>Ptinus dubius</i>		2	3
NT	Diptera	<i>Mycomya livida</i>		2	3
NT	Hymenoptera	<i>Halidamia affinis</i>		2	3
NT	Lepidoptera	<i>Acleris schalleriana</i>	Krossvedflatvikler	2	3
NT	Lepidoptera	<i>Lampronia fuscata</i>		2	3
NT	Coleoptera	<i>Aderus populneus</i>		2	2
NT	Diptera	<i>Dioctria oelandica</i>	Svartvinget Engrovflue	2	2
NT	Diptera	<i>Dynatosoma silesiacum</i>		2	2
NT	Diptera	<i>Epistrophe ochrostoma</i>	Gulkinnet Skogbrynflue	2	2
NT	Diptera	<i>Mycomya pseudoapicalis</i>		2	2
NT	Diptera	<i>Phthinia setosa</i>		2	2
NT	Diptera	<i>Sphegina sphegina</i>	Fjellmidjebloomsterflue	2	2
NT	Hymenoptera	<i>Leptothorax kutteri</i>	Snyltesmalmaur	2	2
NT	Hymenoptera	<i>Megachile alpicola</i>	Småbladskjærerbie	2	2
NT	Hemiptera	<i>Psyllopsis fraxinicola</i>	Askegallesuger	1	6
NT	Diptera	<i>Boletina jamalensis</i>		1	5
NT	Coleoptera	<i>Malthinus seriepunctatus</i>		1	3
NT	Hemiptera	<i>Psyllopsis discrepans</i>	Liten Askegallesuger	1	3
NT	Diptera	<i>Synneuron annulipes</i>	Reliktmygg	1	2
NT	Araneae	<i>Cheiracanthium oncognathum</i>	Langsabeledderkopp	1	1

NT	Coleoptera	Ampedus cinnabarinus	Stor Blodsmeller	1	1
NT	Coleoptera	Amphicyllis globiformis		1	1
NT	Coleoptera	Dasytes fuscus		1	1
NT	Coleoptera	Euglenes pygmaeus		1	1
NT	Coleoptera	Gnorimus nobilis	Praktgullbasse	1	1
NT	Diptera	Dynatosoma majus		1	1
NT	Diptera	Gnoriste harcyniae		1	1
NT	Diptera	Mycetophila spectabilis		1	1
NT	Diptera	Mycomya collini		1	1
NT	Diptera	Phronia cordata		1	1
NT	Diptera	Sphagina elegans	Elegant Midjebloomsterflue	1	1
NT	Hemiptera	Hallodapus rufescens		1	1
NT	Hemiptera	Oxycarenus modestus		1	1
NT	Hemiptera	Recilia coronifer		1	1
NT	Hymenoptera	Dolerus genucinctus		1	1
NT	Hymenoptera	Pemphredon clypealis	Liten Knøltregraver	1	1
NT	Hymenoptera	Pristiphora conjugata		1	1
NT	Hymenoptera	Pristiphora testacea		1	1
NT	Hymenoptera	Symmorphus connexus	Ospevedveps	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	Purpurengmåler	1	1
NT	Lepidoptera	Narycia duplicella	Svart Algesekks spinner	1	1

Tabell 5. Arter i rødlistekategori nær truet (NT) i prosjektet så langt. Funnene er basert på DNA-metastrekkoding og er ikke morfologisk verifiserte.

Kategori	Orden	Latinsk navn	Norsk navn	Funnet i antall lokaliteter	Antall ganger observert
EN	Diptera	Macrobrachius kowarzii		10	20
EN	Lepidoptera	Depressaria silesiaca		4	6
EN	Lepidoptera	Epermenia profugella	Gjeldkarvetannmøll	4	6
EN	Lepidoptera	Selenodes karelica	Rødknappvikler	3	6
EN	Diptera	Manota unifurcata		3	4
EN	Diptera	Sciophila minuta		2	5
EN	Lepidoptera	Bryotropha purpurella		2	2
EN	Lepidoptera	Elachista eskoi		2	2
EN	Coleoptera	Ampedus sanguinolentus	Flekkblodsmeller	1	2
EN	Lepidoptera	Coenonympha hero	Heroringvinge	1	2
EN	Lepidoptera	Coleophora cornutella		1	1
EN	Lepidoptera	Coptotriche heinemanni		1	1
EN	Lepidoptera	Elachista cingillella		1	1
EN	Lepidoptera	Elachista pomerana		1	1
RE	Lepidoptera	Elachista quadripunctella		2	2
VU	Diptera	Phronia subsilvatica		35	53
VU	Diptera	Brevicornu glandis		31	87
VU	Diptera	Sciophila karelica		31	50
VU	Diptera	Mycetophila lastovkai		22	40
VU	Diptera	Pachyneura fasciata	Urmygg	22	31
VU	Diptera	Trichonta aberrans		15	26
VU	Diptera	Docosia flavicoxa		14	56
VU	Diptera	Symmerus annulatus		13	15
VU	Diptera	Mycomya danielae		10	23
VU	Diptera	Mycetophila deflexa		9	14
VU	Diptera	Greenomyia mongolica		8	12
VU	Diptera	Boletina gusakovae		7	22
VU	Lepidoptera	Ecliptopera capitata	Springfrødråpemåler	7	8

VU	Diptera	Mycetophila vivida		7	7
VU	Diptera	Phronia mutila		7	7
VU	Diptera	Mycomya bisulca		6	11
VU	Diptera	Impleta consorta		6	8
VU	Diptera	Mycetophila unicolor		5	7
VU	Hymenoptera	Pachyprotasis variegata		5	6
VU	Lepidoptera	Notocelia tetragonana	Svart Rosevikler	5	6
VU	Diptera	Mycomya tridens		5	5
VU	Diptera	Megophthalmidia crassicornis		4	9
VU	Lepidoptera	Elachista elegans		4	8
VU	Diptera	Greenomyia baikalica		4	5
VU	Diptera	Mycomya simulans		4	5
VU	Diptera	Trichomyia urbica		4	5
VU	Lepidoptera	Dichrorampha consortana	Slåttengrotvikler	4	5
VU	Lepidoptera	Priesterognatha penthinana	Springfrøvikler	4	5
VU	Lepidoptera	Agonopterix hypericella		3	8
VU	Hemiptera	Stenodema virens		3	3
VU	Lepidoptera	Coleophora proterella		3	3
VU	Coleoptera	Danosoma conspersum	Barksmeller	2	3
VU	Diptera	Brevicornu occidentale		2	3
VU	Lepidoptera	Depressaria daucella		2	3
VU	Lepidoptera	Phyllonorycter nigrescentella		2	3
VU	Diptera	Ferdinandea ruficornis	Sørlig Bronseblomsterflue	2	2
VU	Hymenoptera	Symmorphus allobrogus	Veggvedveps	2	2
VU	Lepidoptera	Coleophora ahenella		2	2
VU	Lepidoptera	Coleophora potentillae		2	2
VU	Lepidoptera	Elachista compsa		2	2
VU	Lepidoptera	Elachista trapeziella		2	2
VU	Lepidoptera	Eucosma suomiana	Oker Gullrisengvikler	2	2
VU	Lepidoptera	Psychoides verhuella	Svarteburknemøll	2	2
VU	Lepidoptera	Elachista bisulcella		1	5
VU	Diptera	Boletina cordata		1	3
VU	Lepidoptera	Phiaris dissolutana	Lavprydvikler	1	2
VU	Coleoptera	Mycetophagus decempunctatus	Tiflekkvedsoppbille	1	1
VU	Diptera	Rymosia sagulata		1	1
VU	Hymenoptera	Bombus quadricolor	Lundgjøkkhumle	1	1
VU	Hymenoptera	Dryinus niger		1	1
VU	Hymenoptera	Empria excisa		1	1
VU	Hymenoptera	Pristiphora insularis		1	1
VU	Lepidoptera	Callisto insperatella		1	1
VU	Lepidoptera	Nemophora minimella		1	1
VU	Lepidoptera	Oxyptilus chrysodactyla	Skjermsvevfjærmøll	1	1
VU	Lepidoptera	Phyllocnistis saligna		1	1

Tabell 6. Truede arter funne i prosjektet så langt, inklusive en regionalt utdødd art (RE). Funnene er basert på DNA-metastrekkoding og er ikke morfologisk verifiserte. NB at man ikke kan skille *Ampedus sanguinolentus* fra *Ampedus pomonae* med de primers vi bruker. *Elachista quadripunctella* er overraskende og vil bli morfologisk sjekket.

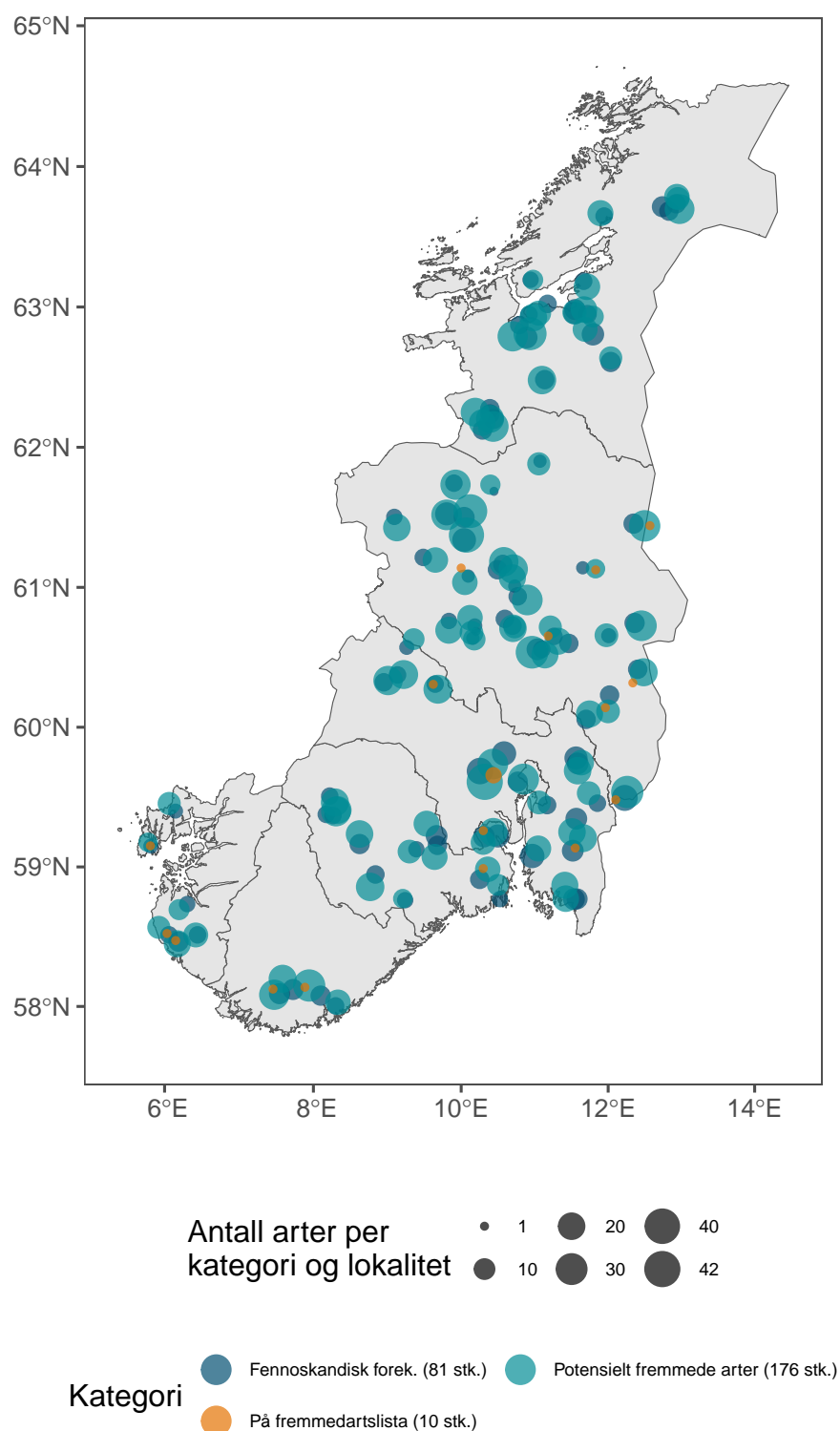
12 Funn av fremmede arter

Det er ikke uventet at dette overvåkingsprogrammet vil finne mange arter som ikke tidligere er kjent fra Norge. Mange av disse er trolig ikke nye for Norge, de har bare ikke blitt observert her tidligere, eller savnes i offentlige digitale kilder. Dette gjelder sannsynligvis de fleste artene som er kjent fra andre fennoskandiske land. Det er ikke mulig for oss å skille mellom nye fremmede arter, og stedege arter som ikke har blitt registrert tidligere. Vi har også 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 7 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. Enkeltstående funn av fremmede eller potensielt fremmede arter bør derfor vurderes kritisk. Som for rødlistete arter, viser vi kun arter med "høy" identifikasjonssikkerhet.

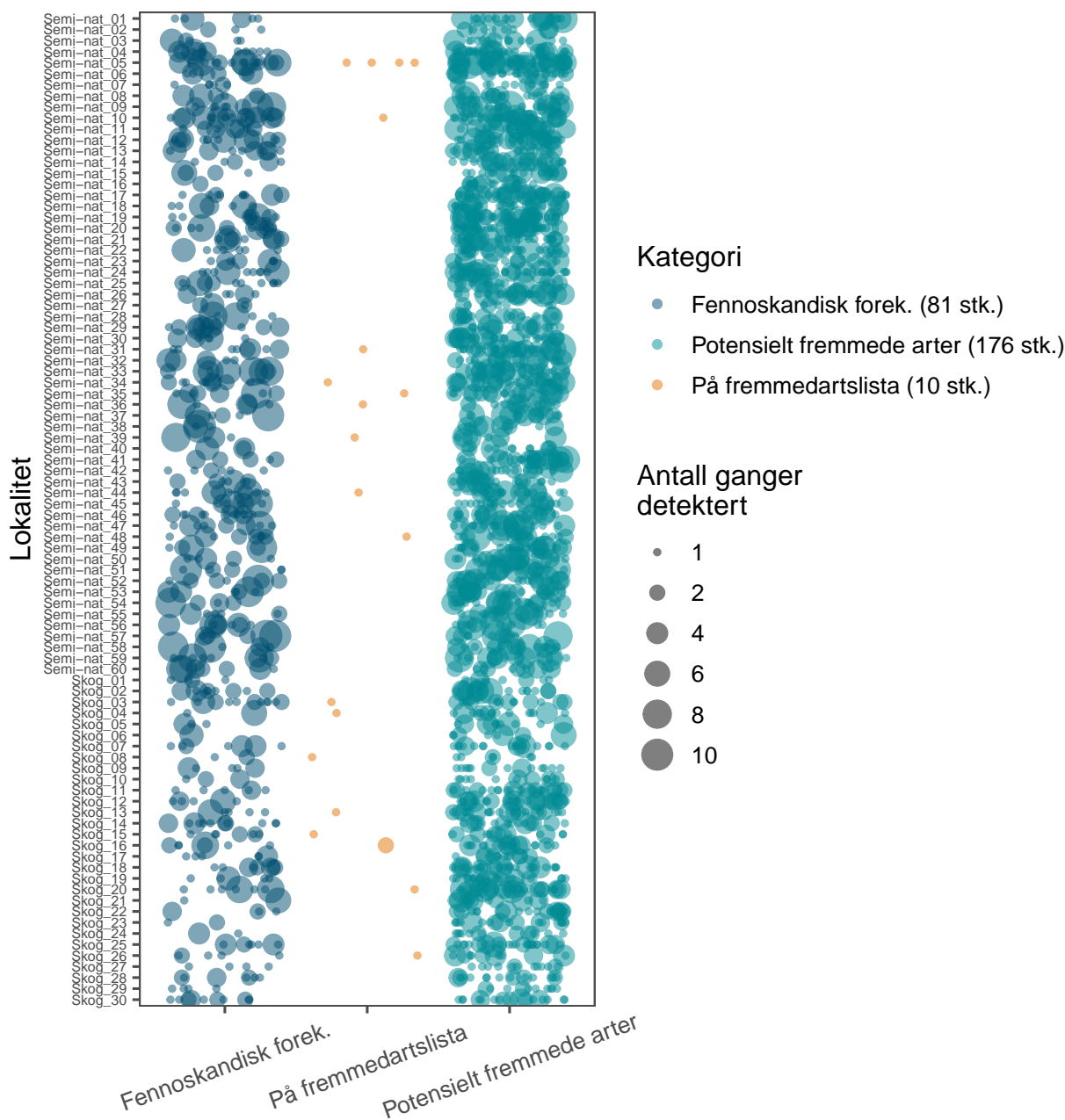
Figur 44 viser hvor artene som ikke er kjent fra Norge er blitt observert. Så langt har vi ikke observert fremmede arter i Trøndelag. Figur 45 viser hvor ofte hver art er blitt funnet i hver lokalitet. Selv om det fortsatt er tidlig å slå fast et mønster, så ser det ut som at semi-naturlig mark kan ha en større forekomst av fremmede arter enn skogslokalitetene.

Tabell 7. Antall taksa og arter påvist med DNA-metastrekoding av alle felleprøver i 2020 - 2022 sortert på orden, finnes i Norge (registrert i artsnavnebasen), kjente fremmede arter for Norge (registrert i fremmedartslista), tilstedeværelse i Fennoskandia (i GBIF), og potensielt fremmede arter (se figur 8). Kun artsidentifiseringer med 'høy' konfidanse er tatt med (unntatt 'Antall takson').

Fylum	Klasse	Orden	Antall takson	Takson bestemt til art	Finnes i Norge	Fremmede arter	Fennoskandiske arter	Potensielt fremmede arter
Arthropoda	Arachnida	Araneae	133	88	88	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Mesostigmata	5	2	2	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Opiliones	7	5	5	1	0	0
Arthropoda	Arachnida	Sarcoptiformes	6	1	0	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Trombidiformes	27	3	3	0	0	0
Arthropoda	Arachnida	Ukjent	2	0	0	0	0	0
Arthropoda	Chilopoda	Lithobiomorpha	1	1	1	0	0	0
Arthropoda	Collembola	Entomobryomorpha	24	13	13	0	0	0
Arthropoda	Collembola	Poduromorpha	7	5	4	0	0	1
Arthropoda	Collembola	Symphyleona	9	5	5	0	0	0
Arthropoda	Collembola	Ukjent	1	0	0	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Blattodea	3	1	1	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Coleoptera	639	376	363	5	1	7
Arthropoda	Insecta	Dermaptera	5	1	0	0	0	1
Arthropoda	Insecta	Diptera	8882	1970	1787	3	61	99
Arthropoda	Insecta	Ephemeroptera	28	18	15	0	2	1
Arthropoda	Insecta	Hemiptera	622	197	179	1	6	12
Arthropoda	Insecta	Hymenoptera	5110	583	523	0	7	45
Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	1226	819	800	0	2	7
Arthropoda	Insecta	Mecoptera	2	1	1	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Neuroptera	44	27	27	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Odonata	5	4	4	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Orthoptera	362	10	9	0	0	1
Arthropoda	Insecta	Plecoptera	22	17	17	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Psocoptera	41	23	21	0	1	1
Arthropoda	Insecta	Raphidioptera	3	3	3	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Strepsiptera	2	1	1	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Thysanoptera	15	2	2	0	0	0
Arthropoda	Insecta	Trichoptera	89	56	54	0	1	1
Arthropoda	Insecta	Ukjent	2936	0	0	0	0	0
		Sum	20258	4232	3928	10	81	176



Figur 44. Observasjoner av insektarter uten tidligere kjent forekomst i Norge i offentlige digitale kilder. Fennoskandisk forekomst baseres på registreringer i GBIF. Potensielt fremmede arter er basert på en sammenveing av flere datakilder, se figur 8. Observasjonene er basert på DNA-metastrekkoding og er ikke morfologisk verifisert. Arter vurdert til NR (Ikke risikovurdert) på fremmedartslista er ikke tatt med. Posisjonene er spredt ut noe på kartet for at de ikke skal skjule hverandre.



Figur 45. Deteksjon av arter uten tidligere har kjent forekomst i Norge. Hver sirkel viser funn av en enkelt art i en lokalitet. Størrelsen på sirklene viser antall ganger arten ble detektert på lokalet (enkelte felleobservasjoner). Fennoskandisk forekomst baseres på registreringer i GBIF. Potensielt fremmede arter er basert på en sammenveing av flere datakilder, se figur 8. Observasjonene er basert på DNA-metastrekkoding og er ikke morfologisk verifisert. Arter vurdert til NR (Ikke risikovurdert) på fremmedartslista er ikke tatt med.

13 Diversitet

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 insektarter fra alle habitatstyper og ikke alle substrater i hvert habitat. Vi samler heller ikke nok individer til å finne alle arter som er tilstede i hvert substrat, hvilket hadde krevet en svært stor innsamlingsinnsats på hver lokalitet. Utfordringene med dette er tidligere beskrevet i Åström et al. (2020a), der vi ender opp med et opplegg for å overvåke forekomsten av så mange arter som er praktisk mulig i et stort overvåkingsopplegg, men som ikke er beregnet for å kartlegge alle arter. Likevel samler vi nok til å fange opp en stor diversitet i fellene, der svært mange av artene forekommer bare et fåtall ganger på hver lokalitet, og bare i noen få lokaliteter. Dette er karakteristisk for slike overvåkingsopplegg av insekter, og skiller seg fra overvåking av mindre diverse systemer.

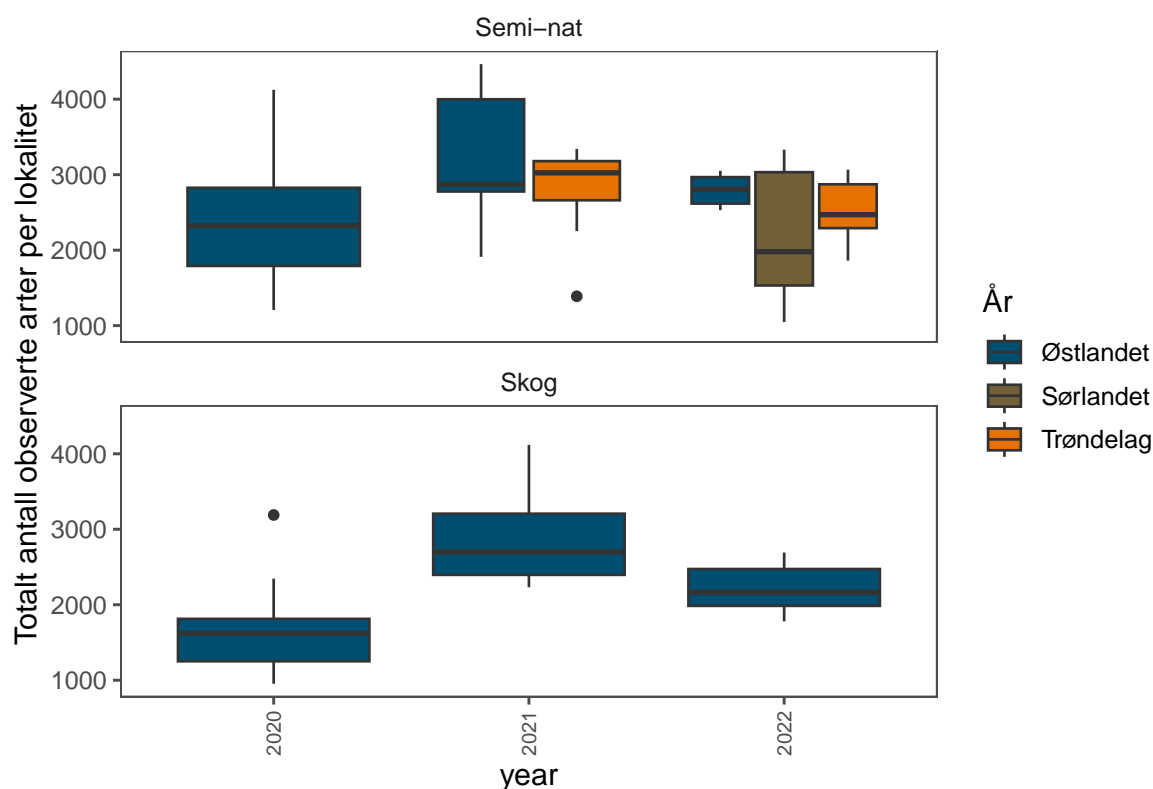
Tabell 8. Totalt antall identifiserte taksa fra overvåkingen i 2020-2022.

År	Habitat-type	Region	Antall arter
2020	Semi-nat	Østlandet	9823
2020	Skog	Østlandet	7470
2021	Semi-nat	Trøndelag	8648
2021	Semi-nat	Østlandet	11250
2021	Skog	Østlandet	10253
2022	Semi-nat	Sørlandet	6679
2022	Semi-nat	Trøndelag	7161
2022	Semi-nat	Østlandet	9078
2022	Skog	Østlandet	8164
Alle	Alle	Alle	20258

Tabell 8 oppsummerer den totale mengden taksa vi har observert i hver region og habitattype frem til idag. Merk 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 genetikk og artsnavn kan kjøres om igjen etter hvert som referansebiblioteket blir mer komplett. Da vil flere "arter" bli koblet sammen med et artsnavn, og noen artsnavn vil endres. Den oppmersomme leseren noterer også at det nå rapporterte artsantallet for 2020 og 2021 er høyere enn tidligere rapporter. Dette skyldes at vi har utvidet referansebasen med flere sekvenser, hvilket resulterer at flere av DNA-sekvensene vi finner i fellene kan klassifiseres som insektarter.

Ennå har vi bare 3 år med data (og kun 2 år for Trøndelag og ett år for Sørlandet), så generaliseringer må gjøres med omhu. Så langt ser det ut som at Østlandet er mer artsrik enn Trøndelag, og at semi-naturlig mark er mer artsrik enn skog (Figur 46). Det er større variasjon i totalt antall arter for lokaliteter på Sørlandet i semi-naturlig mark, og disse ligger også generelt lavest. Den lavere diversiteten i 2020 er sannsynligvis påvirket av at vi brukte en eldre sekvenseringsmaskin det året (se mer i kapittel 5). Forskjellene mellom regioner og habitat er ikke uventede, men den totale mengden arter vi observerer er bemerkelsesverdig høy. Vi estimerer per i dag det totale antallet arter i de 90 lokalitetene vi har undersøkt til 20258. Merk at dette artsantall er svært høyt sammenlignet med det totale antallet kjente insektarter i hele Norge, som per i dag er ca. 19 500.

Usikkerheten på dette estimat er vanskelig å kvantifisere. Den er fremst avhengig kvaliteten på referansebasen, der en utvidet referansebase vil lede til at mer DNA kan identifiseres som insekt-DNA. I tillegg påvirkes resultatene også noe av grensesetting i bioinformatikken, knyttet til hvilke arter man velger å betegne som insekter, når man ennå ikke kan knytte dem til et artsnavn. Som eksempel hadde vi, med årets forbedringer i databasen, mulighet å klassifisere ytterligere 18 301 ASVer som insekter,

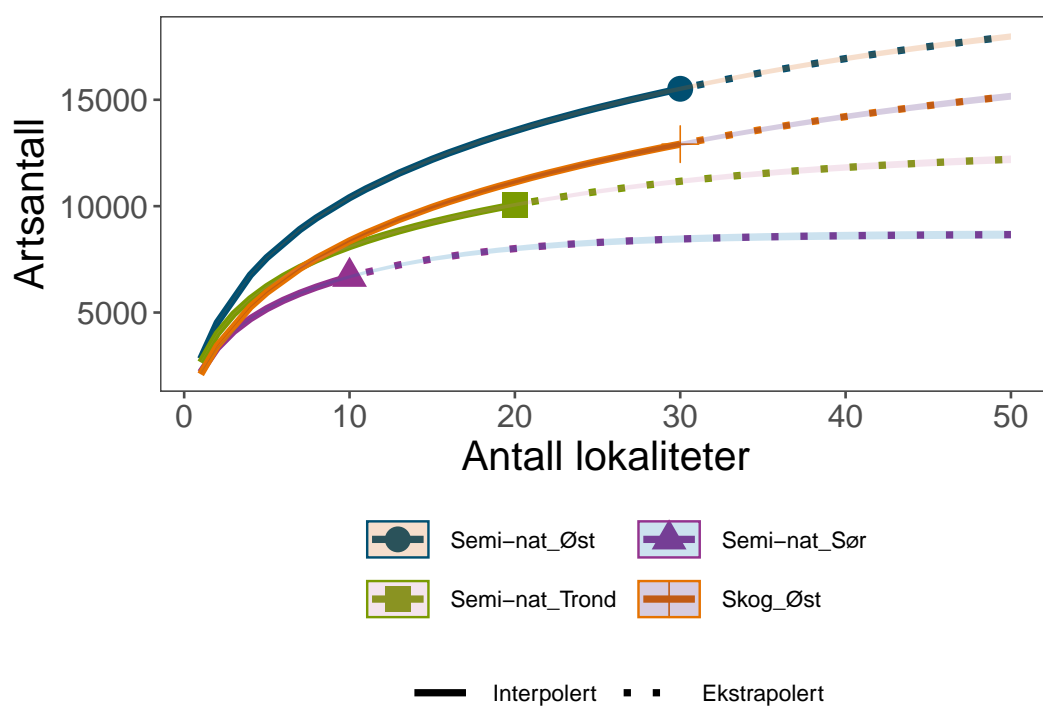


Figur 46. Totalt observert artsantall per lokalitet. Merk at DNA-metastrekkodingsrutinen ble oppdatert i 2021 og at dette kan forklare der lavere artsantallet i 2020.

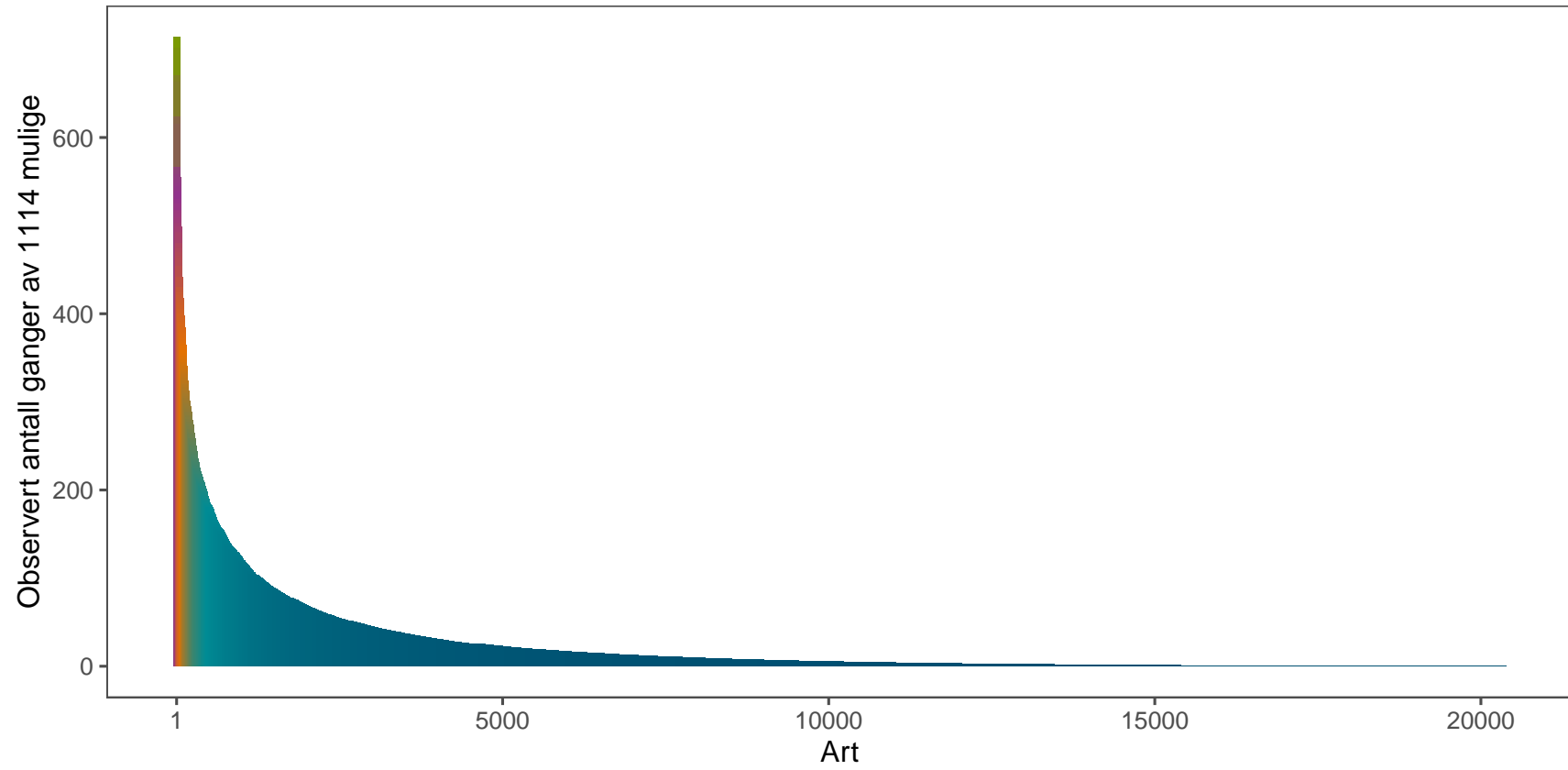
i dataene fra tidligere år (2020-2021). Vi estimerer at disse ASVer tilhører 4 776 arter, av hvilke 781 nå ble bestemt til artsnivå med høy eller moderat konfidens. Dette viser hvor ekstremt viktig referansebasen er, og at strekkoding av norske arter er en kjernevirksomhet i den nasjonale insektovervåkingen.

Siden vi ikke undersøker alle typer habitat og substrat 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 til 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 47 viser at artsakkumuleringskurvene ennå er langt ifra å flate ut, og at vi kan forvente å observere mange flere arter i fremtiden, gitt at overvåkingen fortsetter. Dette kommer blant annet av at det er så mange insekter som har så flyktig forekomst, og som svært sjeldent flyr inn i en felle. Figur 48 viser en såkalt rank-abundans kurve der y-aksen viser i hvor mange felleprøver hver art er funnet. Det er flere tusen arter som er fanget mer enn 100 ganger i prosjektet så langt, men det store flertallet av arter er kun fanget én eller et fåtall ganger.



Figur 47. Oppmålt og estimert total artsantall (Chao) i malaisefeller i de undersøkte regionene. Merk at ekstrapoleringen forutsetter en perfekt deteksjonsevne. Usikkerhetene kring estimatene er så små at de dekkes av linjene.



Figur 48. Rangering av i hvor mange felleprøver de ulike insektartene er blitt funnet.

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

Liksom i fjorårets rapport ser vi her nærmere på de hierarkiske nivåene som artsmangfoldet kan deles opp i. 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 (alfa-diversitet) er betegningen på diversiteten i en enkelt lokalitet. I denne sammenhengen definerer vi α -nivåer som diversiteten i en lokalitet i en fellelesong. 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 β_i = β -diversitet-ID. Tabell 9 viser fordelingen av diversiteten i α -, β - og γ -komponenter, og et resultat av et randomiseringstest. Testen sammenligner den observerte fordelingen av diversitetskomponenter, med hva man hadde forventet seg hvis alle arter hadde blitt plassert ut i lokalitetene helt tilfeldig. Det er ikke noen grunn til å forvente at naturen fordeler arter helt tilfeldig, men en slik test hjelper oss å vurdere den observerte fordelingen. Tabell 9 viser at vi observerte en noe mindre β -diversitet enn hva som tilsvarer en tilfeldig fordeling av arter. Artsamfunnene er altså noe mer like enn hva man hadde forventet seg ved rent tilfeldig fordeling av arter.

α - og β -nivåer i Tabell 9 er middelerverdier beregnet over alle lokaliteter. I disse analysene bruker vi insektdata fra både malaisefeller og vindusfeller.

Tabell 9. Randomiseringstest av alpha, beta og gamma-komponenter av diversitet (N = 999).

Nivå	Målt verdi	Stand. Effekt	Forventet verdi	Prob (sim)
α	2532.722	275.141	2122.948	0.001
β	7.999	-230.614	9.542	0.001
γ	20258.000	0.000	20258.000	1.000

13.2 Kilder til β -diversitet

β -diversitet er altså 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 10), 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 relativt 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-sør gradient. Tendensen med dominanse av species turnover er om mulig enda tydeligere når vi inkluderer data fra 2022, sammenlignet med fjorårets resultater. En økt species-turnover er forventet når vi inkluderer nye regioner der artsamfunnene kan forventes å være ulike de fra tidligere år.

Merk at det er mulig at den store dominansen av species-turnover er en gjenspeiling av den i stor grad

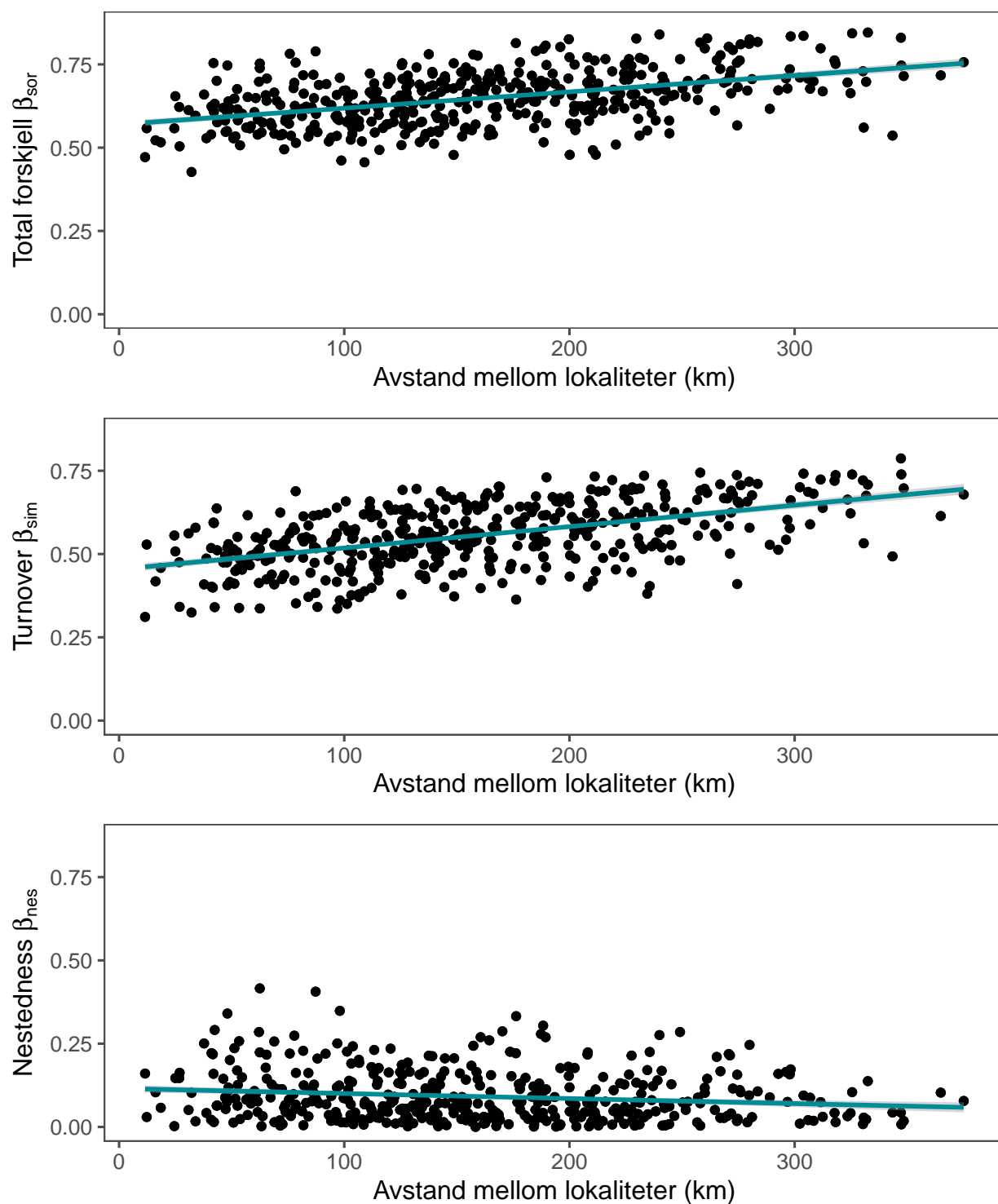
tilfeldige forekomsten av insekter i en felle. Det meste av diversiteten utgjøres av en lang hale av arter som har en tilsynelatende tilfeldig forekomst, og som forekommer i små mengder når de vel observeres. Det er altså ikke klarlagt til hvilken grad de svært ulike insektsamfunnene i lokalitetene gjenspeiler tilfeldigheter i samplingen, og i hvilken grad de gjenspeiler stabile forskjeller mellom lokaliteter. Det skal dog nevnes at vi har testet å fjerne de artene som bare har blitt funnet én eller et fåtall ganger i hver lokalitet 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 der vi ofte bare påviser små mengder DNA. 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.

Tabell 10. Komponenter i oppmålt beta-diversitet mellom lokalitetene i overvåkingen. $\beta_{SIM}\%$ står for 'species turnover', $\beta_{NES}\%$ for 'nestedness' og $\beta_{SOR}\%$ for den totale β -diversiteten.

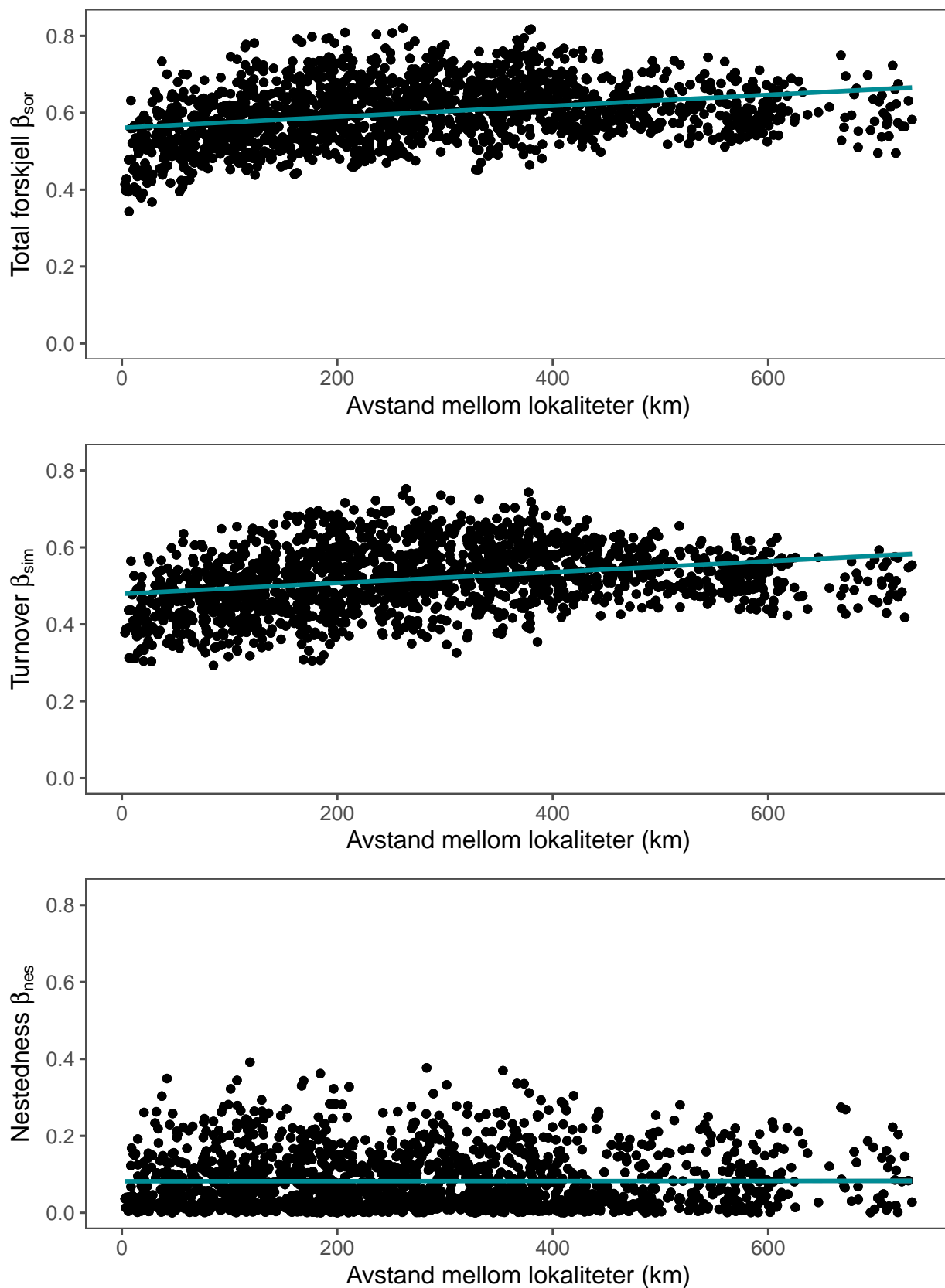
$\beta_{SIM}\%$	$\beta_{NES}\%$	$\beta_{SOR}\%$
98.88	1.12	100.00

13.3 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 49 plotter 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 60 lokaliteter og spenner over lengre avstand (Figur 50).



Figur 49. Oppdeling av β -diversitet i turnover og nestedness, og dess sammenheng med avstand mellom lokaliteter. Skogslokaliteter på østlandet, alle felletyper.



Figur 50. Oppdeling av β -diversitet i turnover og nestedness, og dess sammenheng med avstand mellom lokaliteter. Semi-naturlige lokaliteter på Østlandet, i Trøndelag og på Sørlandet, kun malaisefeller.

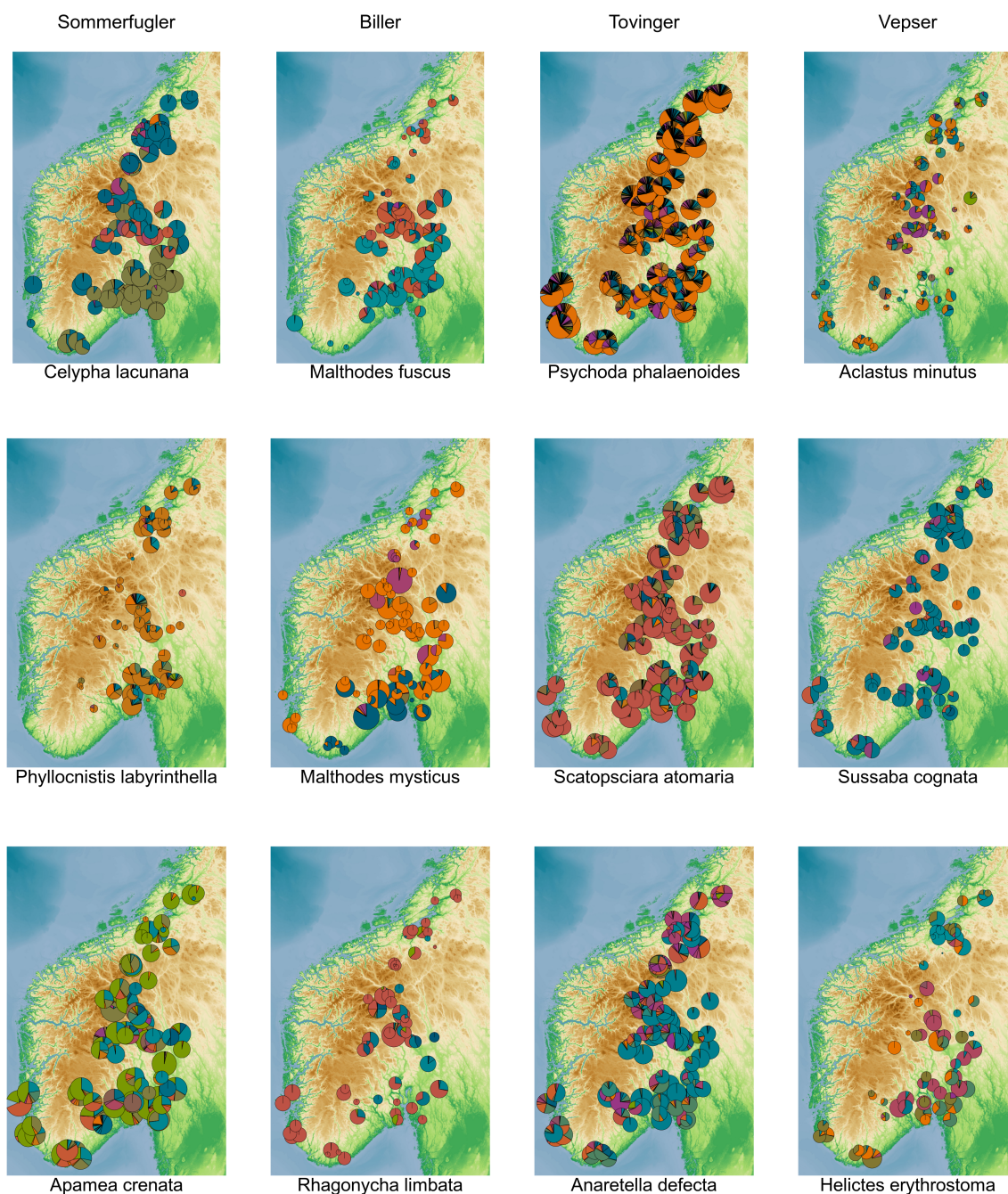
13.4 Genetisk diversitet – variasjon innen arter

DNA-metastrekkoding gir store mengder data, og lar oss bestemme hundrevis av insekter fra malaise-feller 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 (populasjonsgenetikk).

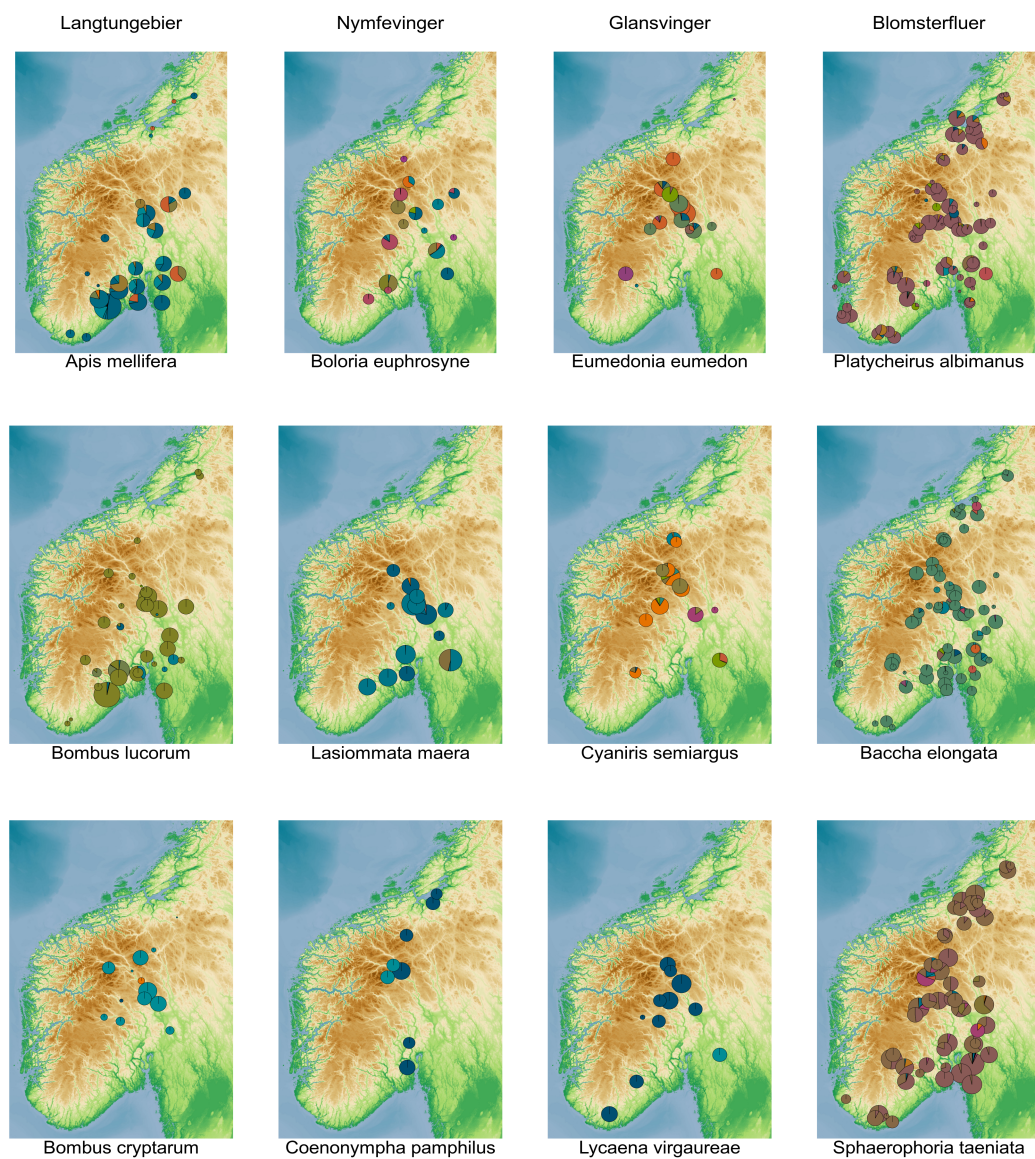
Figur 51 viser de tre artene med flest DNA-kopier innenfor hver av ordenene sommerfugler (Lepidoptera), biller (Coleoptera), tovinger (Diptera) og vepser (Hymenoptera). Her ser man tydelig at for de fleste av disse artene finner vi den samme dominerende haplotypen i hele Sør-Norge. Det betyr at det er liten genetisk struktur hos disse artene. Men så har vi arter som for eksempel billen *Malthodes fuscus* der vi har to ulike haplotyper som dominerer i sør og nord, og vepsen *Aclastus minutus* der flere genotyper ser ut å dominere i ulike områder. Det er også tydelig at tovingene generelt ser ut til å ha høyere diversitet enn de andre ordene. Dette kan være et resultat av at malaisefellene fanger særdeles stort antall individer tovinger, og at diversiteten kan antas øke med innsamlet mengde.

Figur 52 viser tilsvarende figur for et utvalg av insektfamilier som fungerer som pollinatorer. Honningbienen *Apis mellifera* forekommer utelukkende fra birøktere, og har derfor en svært variabel og iblant svært tett forekomst. Den genetiske variasjonen her gjenspeiler avling av bestemte genetiske linjer, og den genetiske variasjonen kan være viktig for motstandskraft mot sykdommer og varroa-midd (Espregueira Themudo et al. 2020). *Bombus lucorum* (lys jordhumle), og *Bombus cryptarum* kan være vanskelig å skille i felt og samles ofte i artskomplekset *Bombus sensu strictu*. Konsentrasjonen til høyereleggende områder samsvarer med kjente utbredelsemønstre, og resultatene er lovende for kunne definere utbredelsesområder mer nøyaktig i fremtiden, gjennom dette prosjektet. De to sommerfuglfamiliene nymfevinger og glansvinger inneholder flere av de mest vanligste dagsommerfuglene i landet, eksempelvis neslesommerfugl og dagpåfugløy, respektive blåvinger og gullvinger. Som for langtungebiene går ikke disse arter i fellene i høye antall og disse kart vil derfor bli mer robuste etter noen år. Blomsterfluene forekommer i høyere tetthet i fellene, og de genetiske kartene gjenspeiler en større variasjon i genetiske varianter.

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 populasjonsnedganger 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.



Figur 51. Frekvenser av haplotyper (varianter av ASV/DNA-kopier) for ulike lokaliteter som viser genetisk variasjon innen hver enkeltart. Her er de tre artene som er fanget i flest tilfeller innenfor hver av ordenene sommerfugler (Lepidoptera), biller (Coleoptera), tovinger (Diptera) og vepser (Hymenoptera) valgt ut som eksempler. Størrelsen på sirklene er logaritmisk skalert etter mengden DNA av arten i hver lokalitet.



Figur 52. Frekvenser av haplotyper (varianter av ASV/DNA-kopier) for et utvalg av pollinatorer-familier, langtungebier (Apidae), nymfevinger (Nymphalidae), glansvinger (Lycaenidae), og blomsterfluer (Syrphidae). Størrelsen på sirklene er logaritmisk skalert etter mengden DNA av arten i hver lokalitet.

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-data og annen fjernmålingsdata-data som kan vise seg å være anvendbar i dette prosjektet. Men innsamling av forklaringsvariabler er kostbart, særlig på den landskapsskala som ofte påvirker insekter. Vi har derfor begrenset evne til å selv samle inn ytterligere forklaringsvariabler i felt.

14.1 Effekt av værforhold på biomasse av insekter

I rapporten fra forrige års overvåking undersøkte vi forholdet mellom data fra temperatur-, fukt- og lysloggere på den innsamlede insektbiomassen (Åström et al. 2022). Vi har gjentatt denne øvelse også med data fra 2022, i stort sett med samme resultat. Igjen hadde både middelverdier av temperatur, luftfuktighet og lys, samt variasjon i disse verdier for innsamlingsperioden betydelig forklaringsevne for den totale biomassen insekter. De beste modellene fra 2021 forklarte en forbausende stor andel av variasjonen i insektbiomassen. Dette skyldes sannsynligvis at de store mønstrene i loggerdataene gjenspeiler sesongsvariasjonen gjennom vår, sommer og høst, og at dette hadde et likt forhold disse årene. Dataene fra 2022 skiller seg ut noe fra tidligere år, sannsynligvis grunnet storskala variasjon i vær, og modellen forklarer derfor nå en mindre del av den totale variasjonen i datasettet, sammenlignet med tidligere år.

For å unngå å kun modellere sesongsmessig variasjon og andre storskala mønstre innen år med loggerdata, tar vi høyde for dette gjennom å inkludere ukenummeret for felletømming kombinert med år som tilfeldige effekter i modellen. Ved å inkludere dette vil dataen fra loggene forklare forskjellene mellom lokaliteter innen samme tidsperiode, istedenfor de storskala variasjonene innen sesongen. Derfor vil de marginale R2-verdiene (forklaringsgraden av variasjonen utover de tilfeldige effektene) være lavere, mens de kondisjonale R2-verdiene (forklaringsgraden inkludert de tilfeldige effektene) blir høyere. I tillegg inkluderer vi en fast effekt av habitattype og år, som estimerer den linjære trenden av biomasse over år. Den globale modellen ble dermed:

$$\frac{\text{biomasse}}{\text{antallfelledager}} \sim \text{habitattype} + \text{scale}(\text{avg_temperatur}) + \text{scale}(\text{avgluftfuktighet}) + \text{scale}(\text{avglys}) + \text{scale}(\text{stddev_temperatur}) + \text{scale}(\text{stddev}_r, h) + \text{scale}(\text{stddev}_l, ys) + \text{habitat_type} + \text{år} + (1 \mid \text{år} : \text{uke}) + (1 \mid \text{lokalitet})$$

Som tidligere inkluderer vi bare de innsamlingstilfellene der vi har komplette data av alle variabler (ca. 66 %) og skalerer alle variabler etter $\text{skalert_}x_i = \frac{x_i - \text{mean}(x)}{\text{stddev}(x)}$ for å kunne sammenligne alle variabler på likt grunnlag. Den største grunnen til manglende loggerdata er at lysloggene bare vær tilfeldigvis inkludert på noen lokaliteter i 2020, men deretter ble standard.

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` (Bartoń 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 11 viser en AIC-tabell over de beste modellene ($\Delta\text{AIC} \leq 4$). Den beste modellen inneholdt lys,

temperatur, variasjon-lys, variasjon-temp og variasjon-luftfuktighet. Den nest beste modellen innholdt i tillegg også variasjon-lys.

Tabell 11. AICc-vekting 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
54	10.00	1629.93	0.00	0.53	0.53
62	11.00	1631.74	1.80	0.21	0.74
56	11.00	1632.02	2.09	0.19	0.92
64	12.00	1633.81	3.87	0.08	1.00

Tabell 12. Vekter av parametere i de beste modellene (delta-AICc < 4) av innsamlet biomasse og deres vektete parameterestimater.

Parameter	Total vekt	Med i antall modeller	Parameterestimat
Lys	1.000	4.000	0.576
Temperatur	1.000	4.000	0.445
Variasjon-Luftfuktighet	1.000	4.000	-0.321
Variasjon-Temperatur	1.000	4.000	0.438
Year	1.000	4.000	-0.430
Variasjon-Lys	0.289	2.000	-0.034
Luftfuktighet	0.261	2.000	0.002

Tabell 12 viser vekten og estimatene for de forklaringsvariablene fra loggerne som var med i de beste modellene for innsamlet biomasse ($\Delta AICc \leq 4$). Middelerdi av lys og temperatur, variasjon av lys og temperatur, samt år var svært viktige variabler og var med i alle de beste modellene. Parameterestimaterne for disse var også høye, med 0.576, 0.445, -0.034, 0.438, respektivt -0.43. Dette betyr at ved en økning av det gjennomsnittlige lyset gjennom en innsamlingsperiode på et standardavvik (5911.97 Lux), øker innsamlet biomasse insekter per dag i middeltall med 0.576 gram. Ved en økning av middeltemperaturer gjennom en tømmeperiode på et standardavvik (3.496 Celsius), øker biomassen av innsamlet insekter i middeltall med 0.445 gram. Middelerdien i biomasse per felledag er sammenligningsvis 1.71 gram. Til sist hadde variasjonen i lys en liten negativ påvirkning av insektmengdene, og middelerdien av luftfuktighet en svært lav påvirkning (0.0018). Variasjonen av luftfuktighet gjenspeiler sannsynligvis regnvær, men i øvrig ser det altså ut som luftfuktighet ikke er en begrensende faktor for insektmengdene i prøveområdene. Det er viktig å huske at alle parameterestimater 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. Til sammen 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 R²-verdi på 34.2% (marginal R², dvs ikke gitt de tilfeldige effektene). Med andre ord kan vi forklare omtrent 1/3 av variasjonen i innsamlet biomasse i fellene kun ut fra habitatstype, prøvetakingslengde, temperatur, luftfuktighet og lys. Med de tilfeldige effektene tatt med (kondisjonal R²), altså ukenummer og år, kan modellen forklare betydelig mer av variasjonen, nærmere bestemt 74.2%.

14.2 Effekt av andre miljøvariabler på biomasse

14.2.1 ANO-kartlegging og landsskogstaksering

Som tidligere beskrevet samler vi også inn informasjon om den lokale urtefloraen gjennom en ANO-kartlegging. Disse dataene inneholder artsinformasjon og dekningsgrad av karplanter i marksjiktet,

samt generell naturtype etter Natur i Norge (NiN). Vi gjennomfører også en forenklet landsskogstaksering, der vi får data på treslag, høyde og diameter på alle trær, samt alder på de to største trærne. Landsskogstakseringen foregår kun i én sirkel på 250 m^2 i nærheten av 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, og man kan derfor forvente seg at verdiene inneholder en god del tilfeldig 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 sammenheng med forklaringssevnen til andre data som er tilgjengelig f.eks. i AR5. Vi begrenser her undersøkelsene til de mest grunnleggende målene fra ANO og landsskogstakseringen.

14.2.2 Arealtyper i AR5

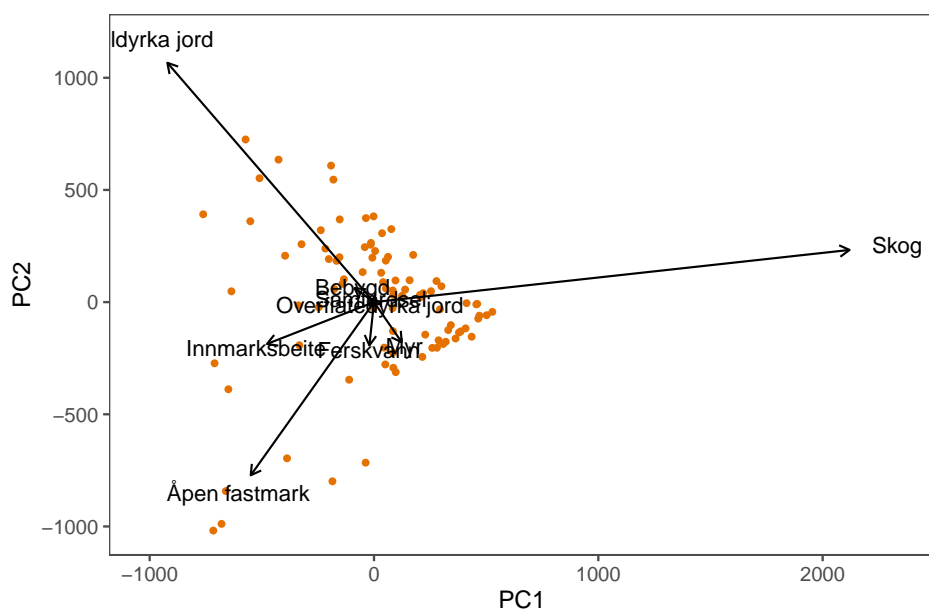
AR5 står for arealressurskart, der ressurskartleggingen "ARTYPE" er en ofte brukt forklaringsvariabel, hvilket gjenspeiler det økonomiske potensialet til et areal (Ahlstrøm et al. 2019). Selv om den faktiske bruken ikke alltid gjenspeiler potensialet, gir denne datakilden verdifull kunnskap om komposisjonen av et landskap (se f.eks. Figurer 4 og 5). I tillegg har AR5 nå for tiden også informasjon om skogstype og skogsbonitet, hentet fra skogressurskartet SR16 (Astrup et al. 2019). Den store fordelene med å bruke disse datakildene er at de er heldekkende, og at man derfor kan trekke ut informasjon for 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 stor arbeidsinnsats.

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 til å teste individuelt, med tanke på deres potensielle 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 og skogtype.

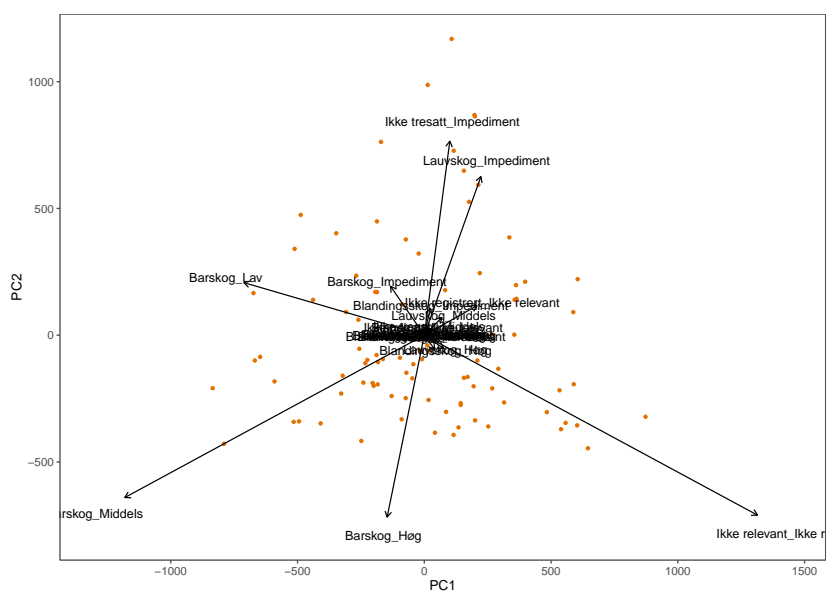
Figur 53 viser resultatet av ordinasjonen av arealtype. Vi ser at landskapene rundt våre insektfeller fremst varierer i hvor mye dyrket mark de har, kontra skog (første akse), og i tillegg hvor mye åpen fastmark de har (akse 2). Disse aksene inngår i forklaringsmodellene nedenfor med navnene AR5-arealtype: 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 3.

14.2.3 Skog i AR5

Figur 54 viser tilsvarende PCA for skogtype. AR5-skog: PCA-akse 1 dekker først og fremst variasjonen i mengde barskog kontra løvskog eller ikke tresatt mark, 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.



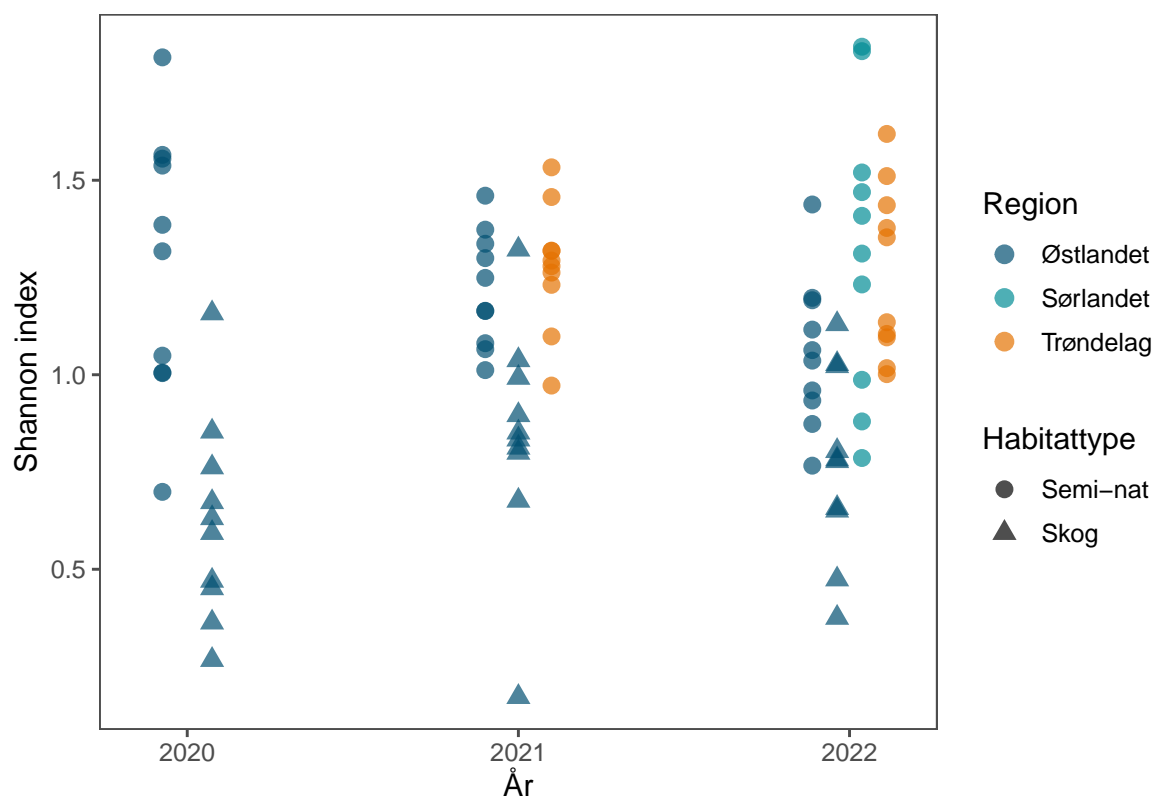
Figur 53. PCA-analyse over landskapskomposisjon i arealtype etter AR5. Verdiene er ikke normalisert, da alle er fra samme datakilde og samme skala (km²).



Figur 54. 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 (km²).

14.2.4 Romlig komposisjon

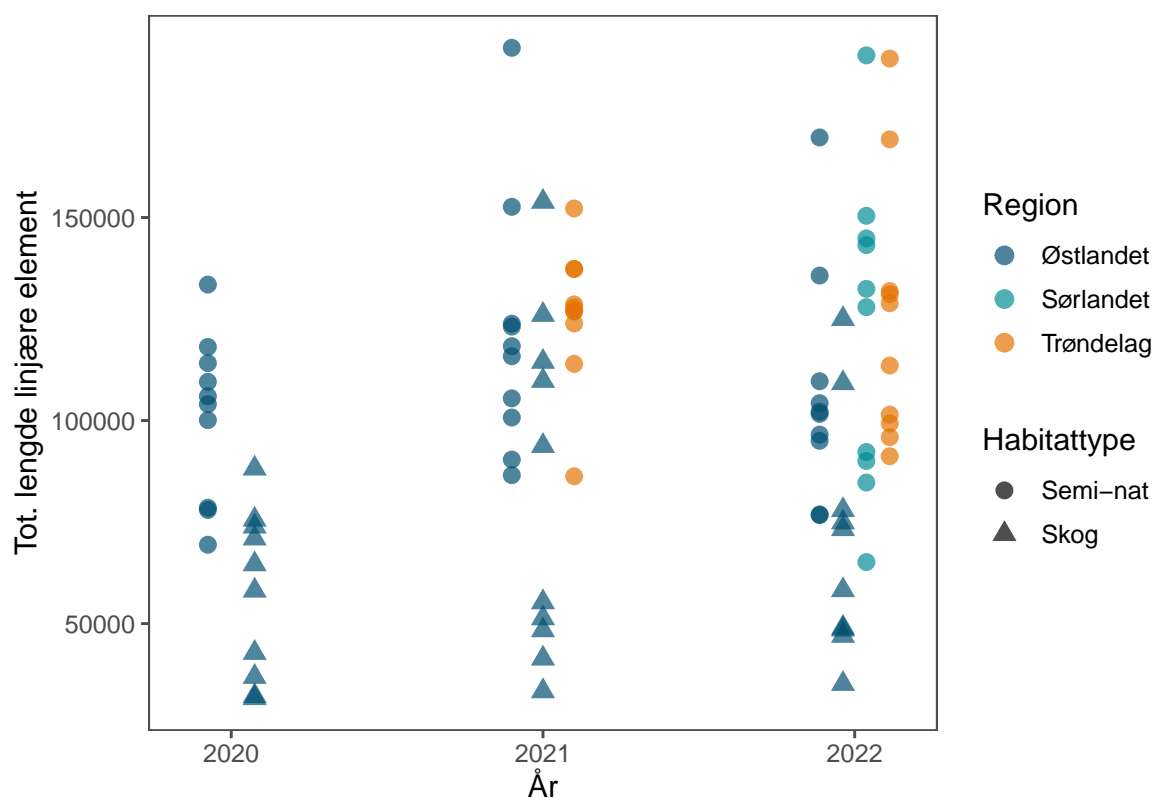
I tillegg til disse variablene beregner vi også Shannon-indeks av arealtype innenfor landskapsbufferne, der en høy Shannon-indeks indikerer et landskap komponert av mange forskjellige arealtype, der det totale arealet av dem er jevnt fordelt. Shannon-indeks av arealtype ble beregnet gjennom rutinen `lsm_1_shdi` fra pakken `landscapemetrics` (Hesselbarth et al. 2019). Dette ble gjort på en rasterisert versjon av AR5-arealtype på en skala av 10m x 10m. Figur 55 viser fordelingen av disse verdiene i datasettet.



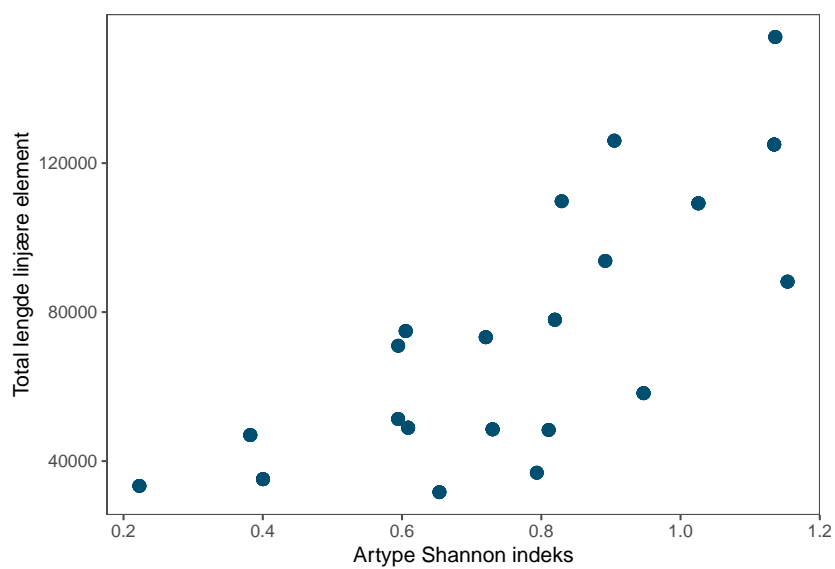
Figur 55. Fordeling av Shannon index av AR5:arealtype innen en buffer med radius 1000m kring lokalitetene.

14.2.5 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 arealtyper 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 skille i landskapet som flyvende insekter enten samles ved, eller følger i sin ferd mellom områder. Figur 56 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 arealtyper utgjør et relativt stor areal. Figur 57 viser sammenhengen mellom mengden lineære elementer og Shannon indeks av arealtyper i landskapet. Den tydelige positive sammenhengen betyr at man må tolke effekten av disse sammen.



Figur 56. Fordeling av total lengde av grenser mellom arealtyper, innen et buffertområde på 1 km kring lokalitetene.



Figur 57. Sammenheng mellom diversiteten av arealtyper (Shannon-indeks) og mengden linjære element i landskapene rundt skoglokalitetene.

14.2.6 Modellering

Når disse forklaringsvariablene var samlet for alle lokalitetene, gjennomførte vi en modellvekting 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 parameterestimatene direkte kan sammenlignes. Vi inkluderte her loggerdata fra den topprangerte 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 "fellelømmingsnivå". 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 øvrig fulgte modellseleksjonen og vektingen samme rutine som tidligere beskrevet for loggerdataene.

14.2.7 Forklaringsevne for biomasse i Skogslokaliteter

Tabell 13 viser de beste modellene for forklaringsvariablene for skogslokalitetene. Det er ikke en åpenbar beste modell og mange av påvirkningsfaktorene har en usikker betydelse, hvilket gjør at de hopper inn og ut av de beste modellene. Tabell 14 viser vektete parameterestimat for forklaringsvariablene som inngikk i disse modellene.

Spesielt skogsalder, estimert fra den forenklete landsskogstakseringen, samt PCA-akse 2 fra AR5-skog er viktige forklaringsvariabler, som fanger variasjon i produktivitet / bonitet. En økt skogsalder er som tidligere år assosiert med en mindre mengde insekter, og en lav bonitet er assosiert med en større mengde insekter. Dette er noe overraskende, men kan gjenspeile mindre insektfangster i tettere skog. Men betydningen av de øvrige påvirkningsfaktorene er mer usikre, med lave parameterestimat.

Tabell 13. AICc-vekting av de beste modellene av biomasse fra skogslokaliteter. 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
1948	20.00	258.04	0.00	0.47	0.47
1980	21.00	258.73	0.69	0.34	0.81
1952	21.00	259.86	1.81	0.19	1.00

Tabell 14. Vekter av miljøparametere i de beste modellene av innsamlet biomasse i skog (delta-AICc <= 4). .

Parameter	Total vekt	Med i antall modeller	Parameterestimat
ANO: dekningsgrad karpl.	1.00	7.00	0.49
AR5-arealtype: PCA-akse 1 (ikke skog/skog)	1.00	7.00	0.35
AR5-arealtype: PCA-akse 2 (åpen mark/fulldyrka mark)	1.00	7.00	-0.39
AR5-arealtype: linjære elementer	1.00	7.00	0.47
AR5-skog: PCA-akse 1 (Løv/Barr)	1.00	7.00	0.42
Landsskog: dominerende treslag	1.00	7.00	
År	1.00	7.00	-0.66
AR5-skog: PCA-akse 2 (Bonitet)	0.95	6.00	-0.31
Landsskog: skogsalder	0.38	3.00	0.03
ANO: artsantall karpl.	0.21	2.00	-0.01
AR5-arealtype: Shannon indeks	0.15	2.00	

Den beste modellen av biomasse i skogslokalitetene hadde en R2-verdi på 47.3% (marginal R2, dvs ikke gitt lokalitet-id). Ved å inkludere disse forklaringsvariablene på landskapsnivå forklarer vi altså, ca

1/2 av variasjonen i biomasse av insekter i skogslokalitetene, som kan sammenlignes med den 1/3 vi klarte å forklare i modellen med bare værdata.

14.2.8 Forklaringsevne for biomasse i semi-naturlige lokaliteter

For semi-naturlige lokaliteter gjorde vi en modellvektning på samme måte som for skog. Forskjellen er at vi her ikke har landskogstakseringsdata, og at ANO-dataen er mer usikker da den bare kommer fra en ANO-sirkel, mot 18 i skogslokalitetene.

Tabell 15 viser de beste modellene for biomasse for semi-naturlige lokaliteter. I dette økosystemet er det ikke like enkelt å identifisere de beste modellene som for skogslokalitetene. Mange mulige modeller presterer nærmest like bra, men inneholder ulike forklaringsvariabler. Dette viser seg også i Tabell 16, der 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. PCA-akse 2 (lav bonitet) og artsantallet karplanter hadde et noe positiv sammenheng med insektbiomassen i semi-naturlige lokaliteter, og vi ser utover det tegn på en negativ tidstrend.

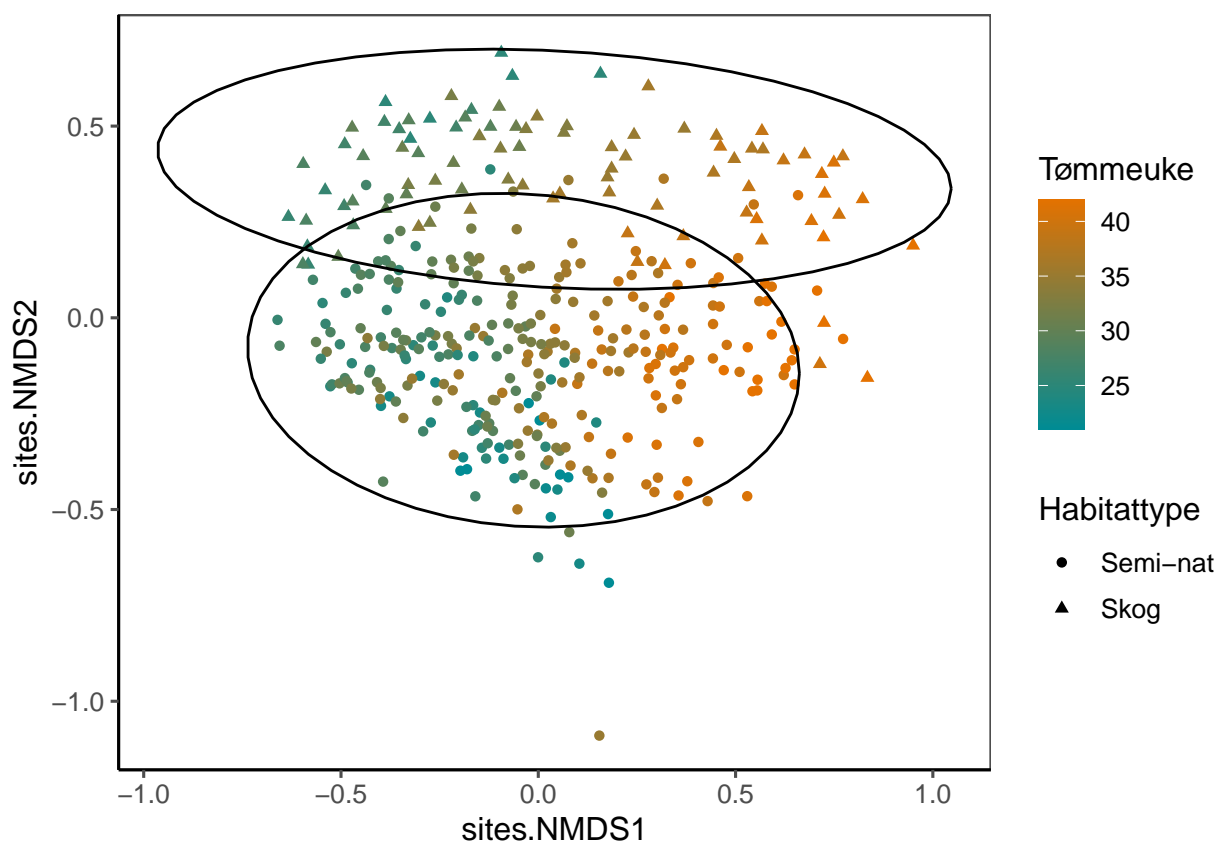
Den beste modellen av biomasse i semi-naturlige lokaliteter hadde en R²-verdi på 34.5% (marginal R², dvs ikke gitt lokalitet-id). Ved å inkludere disse forklaringsvariablene på landskapsnivå forklarer vi altså ca. 1/3 av variasjonen i biomasse av insekter i de semi-naturlige lokalitetene, altså en lavere forklaringsevne enn i skogslokalitetene.

Tabell 15. AICc-vekting av de beste modellene av biomasse fra semi-naturelle lokaliteter. Kun de modeller med max 2 delta-AIC fra den beste modellen er tatt med.

Modnames	Antall par.	AICc	Delta AICc	AIC-vekt	Kum.AIC-vekt
326	14.00	1262.96	0.00	0.04	0.04
71	13.00	1263.16	0.19	0.04	0.08
3	11.00	1263.21	0.25	0.04	0.11
257	11.00	1263.37	0.41	0.03	0.15
258	12.00	1263.49	0.52	0.03	0.18
67	12.00	1263.54	0.57	0.03	0.21
321	12.00	1263.66	0.70	0.03	0.24
322	13.00	1263.70	0.74	0.03	0.27
259	12.00	1263.73	0.76	0.03	0.29
65	11.00	1263.76	0.79	0.03	0.32
289	12.00	1263.81	0.84	0.03	0.35
7	12.00	1263.88	0.92	0.03	0.37
290	13.00	1263.91	0.95	0.03	0.40
69	12.00	1263.95	0.98	0.02	0.42
325	13.00	1263.96	0.99	0.02	0.45
70	13.00	1263.97	1.00	0.02	0.47
35	12.00	1264.01	1.04	0.02	0.50
338	14.00	1264.02	1.05	0.02	0.52
1	10.00	1264.02	1.06	0.02	0.55
262	13.00	1264.03	1.07	0.02	0.57
327	14.00	1264.15	1.19	0.02	0.59
83	13.00	1264.17	1.21	0.02	0.61
353	13.00	1264.18	1.22	0.02	0.64
354	14.00	1264.21	1.24	0.02	0.66
79	14.00	1264.27	1.31	0.02	0.68
75	13.00	1264.29	1.33	0.02	0.70
291	13.00	1264.32	1.36	0.02	0.72
323	13.00	1264.34	1.38	0.02	0.74
99	13.00	1264.37	1.41	0.02	0.76
97	12.00	1264.48	1.52	0.02	0.78
263	13.00	1264.49	1.53	0.02	0.80
261	12.00	1264.57	1.61	0.02	0.82
73	12.00	1264.58	1.62	0.02	0.84
66	12.00	1264.60	1.63	0.02	0.85
334	15.00	1264.67	1.71	0.02	0.87
33	11.00	1264.67	1.71	0.02	0.89
19	12.00	1264.73	1.77	0.02	0.91
72	14.00	1264.81	1.85	0.02	0.92
329	13.00	1264.82	1.85	0.02	0.94
328	15.00	1264.90	1.93	0.02	0.95
454	15.00	1264.91	1.95	0.02	0.97
274	13.00	1264.92	1.96	0.02	0.98
337	13.00	1264.95	1.99	0.02	1.00

Tabell 16. Vekter av miljøparametere i de beste modellene av innsamlet biomasse i semi-naturelle lokaliteter ($\Delta AICc \leq 4$).

Parameter	Total vekt	Med i antall modeller	Parameterestimat
AR5-skog: PCA-akse 2 (Bonitet)	0.59	110.00	0.14
År	0.53	99.00	-0.26
ANO: artsantall kartpl.	0.43	84.00	0.08
ANO: dekningsgrad kartpl.	0.37	75.00	0.07
AR5-arealtype: PCA-akse 1 (ikke skog/skog)	0.36	71.00	0.07
AR5-skog: PCA-akse 1 (Løv/Barr)	0.27	59.00	-0.03
AR5-arealtype: PCA-akse 2 (åpen mark/fulldyrka mark)	0.23	54.00	0.02
AR5-arealtype: Shannon indeks	0.22	54.00	-0.01
AR5-arealtype: linjære elementer	0.16	44.00	0.00



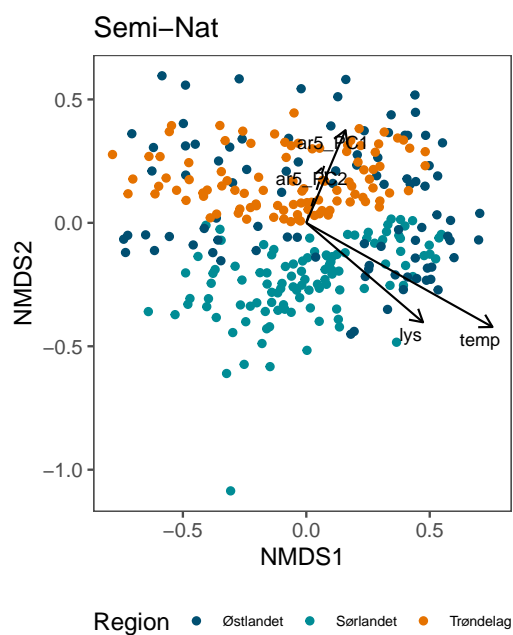
Figur 58. Ordinasjon som viser hovedmønstrene i betadiversitet i alle insektprøvene innsamlet i 2022. Punktene er farget etter innsamlingsdato og ellipsene viser et 95% konfidens-intervall for hvert habitat.

14.3 Forklaringer av artssamfunn

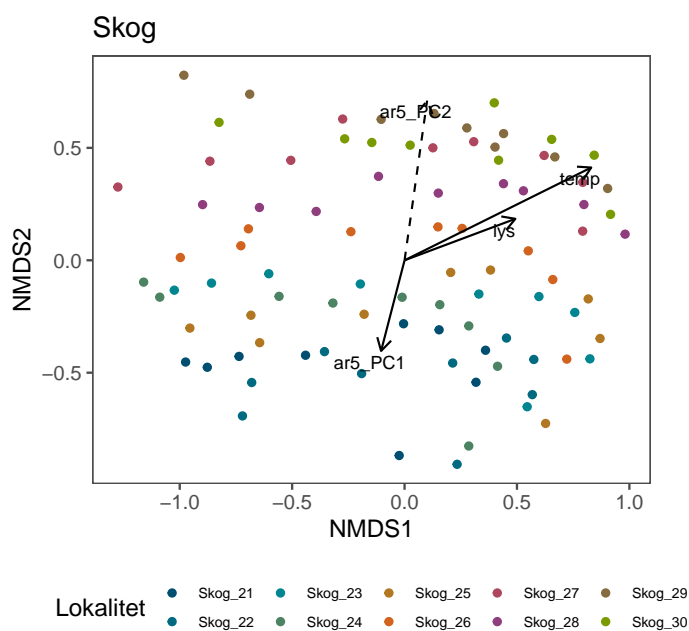
Insektsamfunnene vi måler er svært diverse, og det er sannsynlig at ulike taksa eller funksjonelle grupper reagerer ulikt på ulike påvirkningsfaktorer. Her er mulighetene for analysene nærmest uendelige, og vi begrenser oss her til den mest grunnleggende øvelsen, å undersøke hvilke forklaringsvariabler 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 artssamfunnet.

Hovedmønsteret i artssamfunn på tvers alle prøvene innsamlet i 2022 er det samme som vi fant i 2020 og 2021: insektsamfunnet er hovedsakelig strukturert av habitat og årstid (Figur 58). Vi bruker her tømmeuke som proxy for tid 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 for mønstre i artskomposisjon innen de to habitatene, ser vi at temperatur, lys forklarer det meste av variasjonen mellom prøvene. Temperatur og lys er sannsynligvis koblet til prøvetakingsdato. Komposisjonen i artssamfunnene var også påvirket av mengden skogsmark i de omkringliggende landskapet (AR5 PCA-akse 1), (Figur 59 og 60). Figur 59 viser også at de ulike regionene klusterer seg sammen, fremst i forhold til akse 2 som sammenfaller med arealkomposisjon. Vi kunne ikke se en statistisk sikker påvirkning av andre tilgjengelige forklaringsvariabler.



Figur 59. Ordinasjon som viser sammenheng mellom forklaringsvariabler og mønstre i samfunnskomposisjon i semi-naturlig mark. Solide linjer viser signifikante sammenhenger med forklaringsvariabler.



Figur 60. Ordinasjon som viser sammenheng mellom forklaringsvariabler og mønstre i samfunnskomposisjon i skog. Solide linjer viser signifikante sammenhenger med forklaringsvariabler.

14.4 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 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 verdifullt 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 artssamfunnene i fellene, som ellers varierte med temperatur/tid på året.

15 Dataleveranse til GBIF og dokumentasjon av analyser

Data innsamlet i prosjektet er fritt tilgjengelig via GBIF (<https://doi.org/10.15468/2jwnc6>).

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

På prosjektets hjemmeside finnes mer informasjon, linker til tidligere rapporter, og en innsynsløsning til utvalgte resultat. (<https://www.nina.no/Naturmangfold/Insekter/Overv%C3%A5king-av-insekter>)

16 Vedlegg I. Fangster på lokalitetsnivå

Her summerer vi fangstene så langt per lokalitet i tabellform.

År	Lokalitet	Økosystemtype	Region	Antall arter	Shannon div.	Våtvekt (middelv.)
2020	Skog_01	Forest	Østlandet	1308	7.18	16.00
2020	Skog_02	Forest	Østlandet	3189	8.07	34.30
2020	Skog_03	Forest	Østlandet	1820	7.51	18.48
2020	Skog_04	Forest	Østlandet	1232	7.12	9.42
2020	Skog_05	Forest	Østlandet	1629	7.40	29.81
2020	Skog_06	Forest	Østlandet	953	6.86	16.58
2020	Skog_07	Forest	Østlandet	2346	7.76	19.88
2020	Skog_08	Forest	Østlandet	1211	7.10	13.35
2020	Skog_09	Forest	Østlandet	1791	7.49	11.74
2020	Skog_10	Forest	Østlandet	1612	7.39	19.39
2020	Semi-nat_01	Semi-nat	Østlandet	2872	7.96	51.80
2020	Semi-nat_02	Semi-nat	Østlandet	1208	7.10	57.10
2020	Semi-nat_03	Semi-nat	Østlandet	1341	7.20	30.42
2020	Semi-nat_04	Semi-nat	Østlandet	2689	7.90	72.48
2020	Semi-nat_05	Semi-nat	Østlandet	4125	8.32	50.22
2020	Semi-nat_06	Semi-nat	Østlandet	2119	7.66	40.56
2020	Semi-nat_07	Semi-nat	Østlandet	1723	7.45	35.40
2020	Semi-nat_08	Semi-nat	Østlandet	2527	7.83	54.45
2020	Semi-nat_09	Semi-nat	Østlandet	1997	7.60	33.64
2020	Semi-nat_10	Semi-nat	Østlandet	3746	8.23	55.01
2021	Semi-nat_21	Semi-nat	Trøndelag	3199	8.07	54.29
2021	Semi-nat_22	Semi-nat	Trøndelag	3157	8.06	32.62
2021	Semi-nat_23	Semi-nat	Trøndelag	2661	7.89	48.73
2021	Semi-nat_24	Semi-nat	Trøndelag	3187	8.07	72.51
2021	Semi-nat_25	Semi-nat	Trøndelag	3098	8.04	36.42
2021	Semi-nat_26	Semi-nat	Trøndelag	2951	7.99	58.61
2021	Semi-nat_27	Semi-nat	Trøndelag	1389	7.24	12.60
2021	Semi-nat_28	Semi-nat	Trøndelag	2252	7.72	22.53
2021	Semi-nat_29	Semi-nat	Trøndelag	2662	7.89	57.24
2021	Semi-nat_30	Semi-nat	Trøndelag	3342	8.11	39.70
2021	Skog_11	Forest	Østlandet	2819	7.94	55.32
2021	Skog_12	Forest	Østlandet	4118	8.32	25.73
2021	Skog_13	Forest	Østlandet	2578	7.85	12.05
2021	Skog_14	Forest	Østlandet	2278	7.73	14.95
2021	Skog_15	Forest	Østlandet	2427	7.79	10.16
2021	Skog_16	Forest	Østlandet	3224	8.08	13.79
2021	Skog_17	Forest	Østlandet	2386	7.78	7.37
2021	Skog_18	Forest	Østlandet	4011	8.30	27.87
2021	Skog_19	Forest	Østlandet	2232	7.71	7.24
2021	Skog_20	Forest	Østlandet	3152	8.06	8.90
2021	Semi-nat_11	Semi-nat	Østlandet	2846	7.95	47.05
2021	Semi-nat_12	Semi-nat	Østlandet	3176	8.06	24.63
2021	Semi-nat_13	Semi-nat	Østlandet	2642	7.88	54.59
2021	Semi-nat_14	Semi-nat	Østlandet	2758	7.92	26.67
2021	Semi-nat_15	Semi-nat	Østlandet	2836	7.95	59.73
2021	Semi-nat_16	Semi-nat	Østlandet	1912	7.56	35.64
2021	Semi-nat_17	Semi-nat	Østlandet	4273	8.36	41.01
2021	Semi-nat_18	Semi-nat	Østlandet	2894	7.97	35.13
2021	Semi-nat_19	Semi-nat	Østlandet	4465	8.40	37.82
2021	Semi-nat_20	Semi-nat	Østlandet	4394	8.39	38.59
2022	Semi-nat_31	Semi-nat	Sørlandet	3332	8.11	42.01
2022	Semi-nat_32	Semi-nat	Sørlandet	2798	7.94	13.37
2022	Semi-nat_33	Semi-nat	Sørlandet	3200	8.07	37.94
2022	Semi-nat_34	Semi-nat	Sørlandet	3111	8.04	28.20
2022	Semi-nat_35	Semi-nat	Sørlandet	2109	7.65	30.28

2022	Semi-nat_36	Semi-nat	Sørlandet	1282	7.16	13.61
2022	Semi-nat_37	Semi-nat	Sørlandet	1851	7.52	18.85
2022	Semi-nat_38	Semi-nat	Sørlandet	1497	7.31	23.87
2022	Semi-nat_39	Semi-nat	Sørlandet	1048	6.95	12.74
2022	Semi-nat_40	Semi-nat	Sørlandet	1639	7.40	12.80
2022	Semi-nat_51	Semi-nat	Trøndelag	3066	8.03	38.58
2022	Semi-nat_52	Semi-nat	Trøndelag	2808	7.94	33.39
2022	Semi-nat_53	Semi-nat	Trøndelag	2915	7.98	25.21
2022	Semi-nat_54	Semi-nat	Trøndelag	2117	7.66	20.14
2022	Semi-nat_55	Semi-nat	Trøndelag	2505	7.83	26.14
2022	Semi-nat_56	Semi-nat	Trøndelag	2289	7.74	15.90
2022	Semi-nat_57	Semi-nat	Trøndelag	2300	7.74	35.54
2022	Semi-nat_58	Semi-nat	Trøndelag	2436	7.80	25.68
2022	Semi-nat_59	Semi-nat	Trøndelag	2894	7.97	34.39
2022	Semi-nat_60	Semi-nat	Trøndelag	1862	7.53	57.64
2022	Skog_21	Forest	Østlandet	2079	7.64	16.59
2022	Skog_22	Forest	Østlandet	2187	7.69	16.31
2022	Skog_23	Forest	Østlandet	2508	7.83	12.56
2022	Skog_24	Forest	Østlandet	1780	7.48	1.54
2022	Skog_25	Forest	Østlandet	2692	7.90	15.09
2022	Skog_26	Forest	Østlandet	1921	7.56	9.39
2022	Skog_27	Forest	Østlandet	2140	7.67	5.41
2022	Skog_28	Forest	Østlandet	2570	7.85	13.44
2022	Skog_29	Forest	Østlandet	1954	7.58	8.95
2022	Skog_30	Forest	Østlandet	2368	7.77	14.59
2022	Semi-nat_41	Semi-nat	Østlandet	3051	8.02	25.87
2022	Semi-nat_42	Semi-nat	Østlandet	2680	7.89	18.09
2022	Semi-nat_43	Semi-nat	Østlandet	2990	8.00	31.49
2022	Semi-nat_44	Semi-nat	Østlandet	2827	7.95	23.55
2022	Semi-nat_45	Semi-nat	Østlandet	2552	7.84	29.82
2022	Semi-nat_46	Semi-nat	Østlandet	2596	7.86	17.12
2022	Semi-nat_47	Semi-nat	Østlandet	2948	7.99	28.94
2022	Semi-nat_48	Semi-nat	Østlandet	2530	7.84	11.19
2022	Semi-nat_49	Semi-nat	Østlandet	2974	8.00	24.58
2022	Semi-nat_50	Semi-nat	Østlandet	2782	7.93	42.72

17 Vedlegg II. Funn av arter på fremmedartslista

Påvisning av arter i insektovervåkingen i 2020-2022 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 klarer å sette navn på og koble til fremmedartslista.

Orden	Artsnavn	Risikovurdering	Habitatstype
Hemiptera	<i>Deraeocoris lutescens</i>	HI	Skog
Diptera	<i>Drosophila busckii</i>	PH	Semi-nat
Diptera	<i>Drosophila melanogaster</i>	LO	Semi-nat
Diptera	<i>Feltiella acarisuga</i>	LO	Skog
Coleoptera	<i>Omalium rugatum</i>	LO	Skog
Coleoptera	<i>Omonadus floralis</i>	LO	Semi-nat
Opiliones	<i>Opilio canestrinii</i>	SE	Semi-nat
Coleoptera	<i>Oxytelus migrator</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Stricticollis tobias</i>	LO	Semi-nat
Coleoptera	<i>Trichiusa immigrata</i>	PH	Semi-nat

18 Referanser

- Ahlstrøm, A., Bjørkelo, K., and Fadnes, K.D. 2019, May. 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>.
- 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 nyttekostnadsanalyse. Norsk institutt for naturforskning NINA. <http://hdl.handle.net/11250/2646943>.
- Åström, J., Birkemoe, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, A., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A., and Ødegaard, F. 2022. Insektovervåking på østlandet og i trøndelag. Rapport fra feltsesong 2021. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://brage.nina.no/nina-xmlui/handle/11250/2976316>.
- 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. <http://hdl.handle.net/11250/2583168>.
- 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, August. Forest information at multiple scales: Development, evaluation and application of the Norwegian forest resources map SR16. 6. <https://doi.org/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., Villeger, S., De Bortoli, J., Leprieur, F., and Logez, M. 2021. Betapart: 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](https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01).
- 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](https://doi.org/10.1038/nmeth.3869).

- 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.
- Espregueira Themudo, G., Rey-Iglesia, A., Robles Tascón, L., Bruun Jensen, A., Fonseca, R.R. da, and Campos, P.F. 2020. Declining genetic diversity of European honeybees along the twentieth century. *Scientific Reports* **10**(1): 10520. doi:[10.1038/s41598-020-67370-2](https://doi.org/10.1038/s41598-020-67370-2).
- Hesselbarth, M.H.K., Sciaini, M., With, K.A., Wiegand, K., and Nowosad, J. 2019. Landscapemetrics: 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>.
- Lebuhn, G., Droege, S., Connor, E.F., Gemmill-Herren, B., Potts, S.G., Minckley, R.L., Griswold, T., Jean, R., Kula, E., Roubik, D.W., Cane, J., Wright, K.W., Frankie, G., and Parker, F. 2013. Detecting Insect Pollinator Declines on Regional and Global Scales: Detecting Pollinator Declines. *Conservation Biology* **27**(1): 113–120. doi:[10.1111/j.1523-1739.2012.01962.x](https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2012.01962.x).
- 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.
- 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](https://doi.org/10.1038/s41598-018-22505-4).
- Rosenberg, Y., Bar-On, Y.M., Fromm, A., Ostikar, M., Shoshany, A., Giz, O., and Milo, R. 2023, February. The global biomass and number of terrestrial arthropods. 5. doi:[10.1126/sciadv.abq4049](https://doi.org/10.1126/sciadv.abq4049)<https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.abq4049>.
- 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.

- Tingstad, L., Evju, M., Sickel, H., and Töpper, J. 2019. Utvikling av nasjonal arealrepresentativ naturovervåking (ANO). Forslag til gjennomføring, protokoller og kostnadsvurderinger med utgangspunkt i erfaringer fra uttesting i trøndelag. Norsk Institutt for Naturforskning (NINA).
- 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](https://doi.org/10.1128/AEM.00062-07).
- White, E.R. 2019. Minimum Time Required to Detect Population Trends: The Need for Long-Term Monitoring Programs. *BioScience* **69**(1): 40–46. doi:[10.1093/biosci/biy144](https://doi.org/10.1093/biosci/biy144).
- 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 natursammfunn.

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, sammfunnets bruk av naturen og sammenhenger med de store drivkreftene i naturen.

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-5037-5

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>

