DRAFT - Insektovervåking på Østlandet, Sørlandet, Trøndelag og Nord-Norge

Rapport fra feltsesongen 2023

**Notater for dette dokument**

Dette Word-dokument er automatisk konvertert fra et Quarto-dokument skrevet i programmet R og kan brukes for å foreslå endringer eller kommentere på teksten. Bruk i så fall «Track changes», da endringer må føres over manuelt til skriptet som lager rapporten. Figurer og layout har ikke samme kvalitet som PDF-versjonen så dobbeltsjekk gjerne med PDF-versjonen hvis noe ser dårlig ut i denne fil.

## Sammendrag

Denne rapporten beskriver arbeidet med en generell insektovervåking i Norge for 2023, finansiert av Miljødirektoratet. Overvåkingen startet opp på Østlandet i 2020 og ble utvidet til Trøndelag, Sørlandet og Nord-Norge i 2021, 2022, respektive 2023. En utvidelse til Vestlandet er planlagt for 2024, hvilket i så fall vil innebære en nasjonal dekning. Overvåkingen gjennomføres så langt i økosystemet semi-naturlig mark, men på Østlandet kartlegges også økosystemet skog. Så langt har 140 lokaliteter blitt undersøkt, og det langsiktige målet er å utvide programmet med 250 lokaliteter i hvert av disse to økosystemene, fordelt over hele landet. Andre økosystemer som fjell og våtmark kan også være aktuelle for fremtiden.  
  
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. 230 gram) er såpass lav at den ikke forventes å påvirke bestandene negativt. Artene identifiseres ved hjelp av DNA-metastrekkoding og kun enkelte funn blir bekreftet med tradisjonelle morfologiske analyser. Nøyaktigheten på koblingen mellom DNA og artsnavn varierer mellom artsgrupper og er avhengig av kvaliteten i tilgjengelige referansebibliotek. Prosjektet jobber kontinuerlig med utbedring av referansebiblioteket, og bidro med strekkoder for ytterligere 337 norske arter i 2023. Validering av identifiseringen gjennom tradisjonell metodikk viser at DNA-metastrekkoding ikke klarer å fange opp alle artene i hver prøve, og at markøren vi bruker ikke kan skille mellom alle arter (f.eks. noen arter hos blomsterfluer). Spesielt vanskelig er det å fange opp DNA fra biller, gjennom den milde “lyseringen” som brukes, og en knusing av vindusfelleprøvene vil derfor testes ut i 2024. På det store hele er likevel DNA-metastrekkoding den eneste fremkommelige veien for så store materialer og metodikken klarer å fange opp et langt større insektmangfold enn som hadde vært mulig med kun tradisjonell metodikk.  
  
Én fordel ved å bruke en mild lysering og spare insektene etter metastrekkodingen er at identifiseringen kan etterprøves, og at enkelte interessante funn kan valideres i etterkant. For eksempel ble identifiseringen av den antatt utdøde gresmøllen Elachista quadripunctella verifisert i 2024. Prøveflasken var lagret på frys fra innsamlingen under sommeren 2022, og enlig metastrekkodingen inneholdt den over 700 arter, hvorav denne lille møll truligen var representert kun av et individ. Dette eksemplifiserer verdien av å lagre prøvene etter prosessering og er et godt eksempel på hvordan DNA-identifisering kan samvirke med tradisjonelle taksonomiske metoder. En langtidslagring av prøvene i prosjektet er ikke på plass ennå, men vil kunne ordnes med frittstående fryseconteinere. Dette bør ordnes senest til sesong 2025 for å ikke gå tom på lagringsplass.  
  
Basert på de fire første sesongene så har overvåkingsprosjektet funnet et estimert artsantall på litt over 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 taksnonomiske 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, semi-naturlig mark på Sørlandet, og til sist semi-naturlig mark i Nord-Norge. Overvåkingen har funnet 171 truede 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 stedegne men tidligere ikke observerte arter, eller er de ikke registrert i offentlige digitale kilder. Noen av disse artene kan også være feilbestemt, for eksempel fordi strekkodene ikke skiller mellom arter, eller fordi arter i BOLD er feilbestemt. Et mindre antall er også listet opp i Fremmedartslista til Artsdatabanken. De arter som i følge offentlige kilder ikke tidligere er observert i naboland bør vurderes av eksperter som potensielt fremmede arter.  
  
Biomassen av insekter oppviser en nedadgående trend i de 4 årene overvåkingen har pågått så langt. Nedgangene kan til en viss grad forklares med dårligere værforhold, og det er mulig at trenden er kortvarig og vil ta seg opp igjen. Været under fangstperiodene forklarer en stor del av variasjonen i biomasse gjennom sesongen, men det ser også ut til at været utenfor fangstperiodene er viktige forklaringsfaktorer. Særlig er en høy nedbørsmengde under kalde vintre forbundet med en høyere insektbiomasse den påfølgende sommeren, mens varmere og regnfulle vårer er negativt assosiert. Dette har sannsynligvis å gjøre med overlevelsen av individer fra tidligere år. Varmere temperaturer under sommeren ser også ut til å ha vedvarende positive effekter på insektbiomassen for samme periode ett år senere, noe som gjenspeiler effektene av reproduksjon.  
  
Plantesamfunnet og landskapskomposisjonen rundt fellene har en langt svakere og mer usikker forklaringsevne for insektbiomassen enn værforholdene, men dette kan forbedre seg med data fra fler lokaliteter. Forklaringsgraden for semi-naturlig mark ville sannsynligvis også forbedres hvis man innhenter data for arealbruket i omkringliggende landskap, tilsvarende de som samles inn i 3Q. Til sist er mulig at denne typen av forklaringsvariabler kan ha en større betydning på artskomposisjonen av insektsamfunnene enn på den totale biomassen, og her gjenstår fler analysemuligheter for fremtiden.  
  
Forskjellen i artsforekomster mellom ulike lokaliteter (beta-diversitet) er noe lavere enn forventet, sammenlignet med en tilfeldig fordeling av arter. Beta-diversiteten øker svakt med økt avstand mellom lokaliteter, og forklares nesten utelukkende gjennom at lokalitetene har ulike arter (species-turnover), heller enn ulikt antall arter. Disse resultatene er i tråd med tidligere studier som viser at insektfangster ofte varierer kraftig mellom feller og lokaliteter. Likevel er den ekstreme forskjellen i artsforekomster mellom lokaliteter iøyefallende.  
  
Med 4 års data dekker vi snart hele landet i semi-naturlig mark, og kan dokumentere (så langt kortvarige) negative trender i insektmengdene. Prosjektet ser ut til å ha evne til å dokumentere grunnleggende årsaksamband bak storskala utvikling av insektsamfunnene. Vi begynner også å få nok data for å skille ut noen mønstre i distribusjonen av genetisk innenartsvariasjon, men her trengs data fra flere år for å kunne trekke robuste konklusjoner. Prosjektet fortsetter å oppdage interessante arter og det lagrede materialet er av stor verdi for fremtidig forskning.

## Abstract

This report describes the work of a national insect monitoring project in Norway for 2023, funded by the Norwegian Environment Agency. Monitoring began in the Eastern region in 2020 and was expanded to Trøndelag, Southern Norway, and Northern Norway in 2021, 2022, and 2023, respectively. An expansion to the Western region is planned for 2024, which would then entail national coverage. Monitoring is currently conducted in semi-natural habitat ecosystems, but forest ecosystems are also being surveyed in the Eastern region. So far, 140 locations have been surveyed, and the long-term goal is to expand the program to 250 locations in each of these two ecosystems, distributed across the entire country. Other ecosystems such as mountains and wetlands may also be considered in the future.  
  
The project is based on passive trapping of flying insects using Malaise traps, supplemented with window traps in forests to increase beetle capture. The method captures large quantities of insects, but the total biomass per site and year (approximately 230 grams) is low enough not to be expected to negatively affect populations. Species are identified using DNA metabarcoding, with only specific findings confirmed through traditional morphological analysis. Our ability to link the DNA sequences to species names varies among taxonomic groups and depends on the quality of available reference libraries. The project continuously works to improve the reference library and contributed barcodes for an additional 337 Norwegian species in 2023. Validation of identification through traditional methods shows that DNA metabarcoding fails to capture all species in each sample, and the marker we use cannot distinguish between some species (e.g., some genera among flower flies). It is particularly difficult to capture DNA from beetles through the mild lysis protocol, and homogenization of window trap samples will therefore be tested in 2024. Overall, however, DNA metabarcoding is the only feasible approach for such large materials, and this solution manages to capture a much greater diversity of insects than would have been possible with traditional methods alone.  
  
An advantage of using mild lysis and preserving insects after metabarcoding is that the identifications can be verified, and some interesting findings can be validated afterwards. For example, the identification of the presumed extinct grass moth Elachista quadripunctella was verified in 2024. The sample was stored frozen from collection during the summer of 2022, and according to metabarcoding, it contained over 700 species, of which this small moth was probably represented by only one individual. This exemplifies the value of storing samples after processing and is a good example of how DNA identification can interact with traditional methodology. Long-term storage of the samples in the project is not yet in place but can be arranged with standalone freezer containers. This must be arranged no later than the 2025 season to avoid running out of storage space.  
  
Based on the first four seasons, the monitoring project has found an estimated number of species of about 20,000 insects. By comparison, there are approximately 19,500 known insect species in Norway from previous records, so we assume that this monitoring project, combined with further taxonomic analyses, will add many new species to Norway. Potentially new species must be evaluated by taxonomic expertise, where we can lend out samples for morphological verification. With its size and climatic gradient, the Eastern region contributes the most species so far, and we find some more species in semi-natural habitat than in forests here. This is followed by semi-natural habitat in Trøndelag, semi-natural habitat in Southern Norway, and finally semi-natural habitat in Northern Norway. The monitoring has so far found 171 threatened species, and red-listed species have been found in almost all locations. Among the many species not previously recorded in Norway, most are likely native but previously unobserved species, or are not registered in public digital sources. Some of these species may also be misidentified, for example because the barcodes do not distinguish between species, or because species are misidentified in BOLD. However, a smaller number are also listed in the Norwegian Biodiversity Information Centre’s Alien Species List. Species that, according to public sources, have not been observed in neighboring countries before should be considered by experts as potentially alien species.  
  
The biomass of insects shows a downward trend in the 4 years the monitoring has been conducted. The declines can be partly explained by poorer weather conditions, and it is possible that the trend is short-term and will reverse. The weather during trapping periods explains a large part of the variation in biomass throughout the season, but it also appears that the weather outside trapping periods is an important explanatory factor. In particular, a high amount of precipitation during cold winters is associated with a higher insect biomass the following summer, while warmer and rainy springs are negatively associated. This is likely related to the survival of individuals from previous years. Warmer temperatures during the summer also seem to have persistent positive effects on insect biomass for the same period one year later, reflecting the effects of reproduction.  
  
The plant community and landscape composition around the traps have a much weaker and more uncertain effect on insect biomass. The explanatory power for semi-natural habitat would probably be improved if data on land use in surrounding landscapes, similar to those collected in 3Q, were collected. It is possible that the already collected explanatory variables will have a greater significance for the species composition of insect communities, but this aspect of the material has not yet been analyzed in detail.  
  
The difference in species occurrences between different locations (beta-diversity) is somewhat lower than expected, compared to a random distribution of species. The beta-diversity increase slighty with distance between locations and is almost exclusively explained by variation in species-turnover, as opposed to nestedness. These results are in line with previous studies, that insect catches often vary widely between traps and locations. Still, the extreme dominance of species-turnover is striking.  
  
With 4 years of data, we soon cover the entire country in semi-natural habitat, and can document (so far short-term) negative trends in insect populations. The project seems to have the ability to document fundamental causal relationships behind large-scale changes in insect populations. We are also beginning to have enough data to discern some patterns in the distribution of genetic intraspecific variation, but data from more years are needed to draw robust conclusions. The project continues to discover interesting species, and the stored material is of great value for future research.

Table of contents

[1. Innledning 5](#_Toc160181909)

[2. Lokaliteter 6](#_Toc160181910)

[2.1 Utvalg av lokaliteter 7](#_Toc160181911)

[2.2 Landskapskomposisjon for lokaliteter 8](#_Toc160181912)

[3. Felletømminger 13](#_Toc160181913)

[3.1 Ekstremværet Hans 15](#_Toc160181914)

[4. Identifisering av arter med DNA-metastrekkoding 16](#_Toc160181915)

[4.1 Forbehandling av prøvene 16](#_Toc160181916)

[4.2 DNA-ekstraksjon og etterbehandling 16](#_Toc160181917)

[4.3 DNA-amplifisering og sekvensering 17](#_Toc160181918)

[4.4 Bioinformatikk 17](#_Toc160181919)

[4.5 Kvalitetssikring av DNA-basert identifisering av arter 18](#_Toc160181920)

[4.6 Horisontskanning og identifisering av nye arter for Norge 22](#_Toc160181921)

[4.7 Sannsynlighet for klassifisering til artsnivå 24](#_Toc160181922)

[4.8 Sekvenseringsdybde og antall arter påvist med DNA-metastrekkoding 25](#_Toc160181923)

[4.9 Sammenligning mellom DNA-basert og morfologisk artsbestemmelse 26](#_Toc160181924)

[5. Referansestrekkoder for norske insekter 29](#_Toc160181925)

[6. Lagring av felleprøver 30](#_Toc160181926)

[7. Forklaringsvariabler 32](#_Toc160181927)

[7.1 ANO-registreringer 32](#_Toc160181928)

[7.2 Skogsregistreringer 34](#_Toc160181929)

[7.3 Klima og vær 35](#_Toc160181930)

[7.3.1 Mellomårsvariasjon i værforhold 35](#_Toc160181931)

[7.3.2 Innenårsvariasjon i værforhold 39](#_Toc160181932)

[7.4 Mikroklima fra loggere 45](#_Toc160181933)

[7.5 GIS-data 49](#_Toc160181934)

[7.5.1 Arealtyper i AR5 49](#_Toc160181935)

[7.5.2 Skog i AR5 50](#_Toc160181936)

[7.5.3 Romlig komposisjon 51](#_Toc160181937)

[7.5.4 Lineære element 52](#_Toc160181938)

[8. Resultater 54](#_Toc160181939)

[8.1 Variasjon av insektbiomasse gjennom sesongen 54](#_Toc160181940)

[8.2 Variasjon i artsantall gjennom sesongen 59](#_Toc160181941)

[8.3 Årlige tidstrender 64](#_Toc160181942)

[8.4 Modellering av biomasse 66](#_Toc160181943)

[8.4.1 Effekt av værforhold på biomasse av insekter 68](#_Toc160181944)

[8.4.2 Effekter av vær utenfor innsamlingsperiodene 71](#_Toc160181945)

[8.4.3 Viktige variabler for biomasse i Skogslokaliteter 74](#_Toc160181946)

[8.4.4 Viktige variabler for biomasse i semi-naturlig mark 76](#_Toc160181947)

[8.5 Forklaringer av artssamfunn 77](#_Toc160181948)

[8.6 Funn av rødlistede arter (fra 2020 til 2023) 81](#_Toc160181949)

[8.7 Funn av fremmede arter (fra 2020 til 2023) 86](#_Toc160181950)

[8.8 Diversitet 91](#_Toc160181951)

[8.8.1 Oppdeling av biodiversitet i , , komponenter. 94](#_Toc160181952)

[8.8.2 Kilder til diversitet 95](#_Toc160181953)

[8.8.3 Forskjeller i diversitet i forhold til geografisk avstand 96](#_Toc160181954)

[8.8.4 Genetisk diversitet – variasjon innen arter 99](#_Toc160181955)

[9. Dataleveranse til GBIF og dokumentasjon av analyser 101](#_Toc160181956)

[10. Vedlegg I. Fangster på lokalitetsnivå 102](#_Toc160181957)

[11. Vedlegg II. Funn av arter på rødlista 108](#_Toc160181958)

[12. Vedlegg III. Funn av arter på fremmedartslista 116](#_Toc160181959)

[13. Referanser 117](#_Toc160181960)

# 1. Innledning

Denne rapporten sammenfatter virksomheten i 2023, som er det fjerde året i en generell overvåking av terrestriske insekter i Norge. Utforming, analyser og tekst følger i store trekk tidligere rapporter (Åström et al. 2022, 2023), men resultatene er oppdaterte og gjenspeiler funnene i 2023. Vi baserer analyser og figurer på hele datasettet i 2020-2023, hvis ikke annet er angitt.

Siden 2020 har det blitt samlet inn insekter i økosystemene skog og semi-naturlig mark på Østlandet. I 2021 ble programmet utvidet til i semi-naturlig mark i Trøndelag, i 2022 til Sørlandet, og i 2023 til Nord-Norge. I 2024 vil programmet bli landsdekkende da det er planlagt en utvidelse til semi-naturlig mark i Vestlandet. Overvåkingsopplegget bygger på at man gjenbesøker samme lokalitet etter 5 år, og at man i hver periode på 5 år overvåker 50 lokaliteter per habitatstype og region i et fullt omløp. Vi er dermed fortsatt i oppstartfasen, da vi velger ut 10 nye lokaliteter per økosystemtype og region hvert år.

Malaisefeller er den viktigste innsamlingsmetodikken for alle lokaliteter, med 1 felle per lokalitet. I tillegg benytter vi 4 vindusfeller i hver av skogslokalitetene. 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 skogen. Identifiseringen av insektene blir gjort ved hjelp av DNA-metastrekkoding etter en “mild lysering” av fellematerialet, 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 insekter av 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 vel har etablert et overvåkingsprogram er det da 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 har også noen utfordringer, der den største er å plassere DNA-kodene i et taksonomisk tre, og sette kjente artsnavn på dem. Bestemmelse av arter avhenger av hvor komplett referansebiblioteket er med sekvenser og tilhørende artsnavn. Samtidig er man ikke avhengig av at alle DNA-varianter får et artsnavn for å kunne følge med på endringer i biodiversitet over tid, eller for å kunne sammenligne biodiversitet i forskjellige områder. 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. Man vil dermed også kunne sette navn på fler og fler insekter i data fra tidligere år.

I 2023 påviste overvåkingsprogrammet litt mer enn 13 000 ulike insektarter, selv om vi som sagt ikke kan sette navn på alle ennå. Antallet arter vi observerer varierer med opptil flere tusen arter mellom år, men det betyr ikke at artsantallet i naturen forandrer seg så fort. Mye av variasjonen i antallet arter mellom år gjenspeiler isteden værforholdene i enkeltårene, der bedre vær gir større insektfangster, og derigjennom høyere artsantall. Det totale artsantallet for alle 4 år i programmet så langt estimeres til 20691, basert på DNA-analyser. Dette kan sammenlignes med det tidligere totale antallet kjente insektarter i Norge på omtrent 19 500 arter.

Denne rapport inneholder - i tråd med forrige år - 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 forklaringsevnen til disse for variasjonen i insektfangstene, fremst i biomasse. 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.

Nytt for i år er at vi ser på forklaringsverdien av værforholdene utenfor innsamlingsperioden, f.eks. effekten av vinterværet på sommerens insektforekomster.

# 2. Lokaliteter

På Sørlandet, Østlandet og Trøndelag fortsatte feltarbeidet i samme omfang som tidligere år, det vil si 10 lokaliteter i semi-naturlig mark, og i tillegg 10 lokaliteter i skog på Østlandet (Åström et al. 2023). I tillegg ble overvåkingen i 2023 utvidet med til semi-naturlig mark i Nord-Norge ([Figur 1](#fig-lokaler20202023)). 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). Et forskjøvet design gir mer mellomårs-støy i dataene, men øker antallet lokaliteter, og dermed mulighetene for å undersøke effekten av påvirkningsfaktorer på forekomsten av insektene. En stor del av mellomårs-støyen er sannsynligvis forårsaket av storskala variasjon i værforhold, som vil være den samme uavhengig hvilke lokaliteter man besøker. Noe av resten av variasjonen vil man kunne “ta høyde for” ved å inkludere lokale forklaringsvariabler.

## 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. Så langt som mulig bruker vi de 1 000 tilfeldige rutene av disse som inngår i Arealrepresentativ Naturovervåking (ANO) (Tingstad et al. 2019). Dette øker sjansen for samlokalisering med annen kartlegging.

Lokalitetene ble i 2023 valgt ut etter samme metode som tidligere år, hvilket i hovedsak er et randomisert utvalg, stratifisert etter habitatstype. For skogslokalitetene tar vi utgangspunkt i de ruter som skal kartlegges samme år i ANO, for å knytte sammen disse datasettene og for å 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 gjør vi 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.

Utvalget er mer utfordrende for semi-naturlig mark (Åström et al. 2020a, 2020b). ANO-kartleggingen treffer sjelden denne habitatstypen og vi er derfor nødt til å velge fra det 10 000 ruter store reserveutvalget til ANO. Som tidligere år brukte vi kriteriene at rutene skulle inneholde minst 30 % fulldyrka mark, overflatedyrka mark eller innmarksbeite til sammen, samt minst 20 % overflatedyrka mark eller innmarksbeite tilsammen. For å utelukke de mer intensivt dyrkede arealene, forkastet vi ruter som inneholdt mer enn 50 % fulldyrka mark. Kartgrunnlaget var også her arealtyper i AR5. 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, 10 på Sørlandet, og 10 i Nord-Norge. Vi gjør leseren oppmerksom på at “Semi-naturlig mark” etter disse kriterier utgjør en mindre del av jordbrukslandskapet i Norge, som typisk domineres av mer intensivt dyrkede arealer, ofte med en enda kraftigere menneskelig påvirkning på insekter. Hvis man hadde brukt en enda mer strikt definisjon av semi-naturlig mark, for eksempel Naturtyper i Norge (NiN) sin “Boreal hei”, “Semi-naturlig eng”, “Semi-naturlig strandeng” og “Kystlynghei” ville dette ha resultert i et utvalg som er enda mindre representativ for dagens jordbruksmark.

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.

|  |
| --- |
| Figur 1: Overvåkingslokaliteter i perioden 2020-2023. |

## 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 også 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 2](#fig-ar5nmds) viser en NMDS-ordinasjon av variasjonen av landskapskomposisjon for de to økosystemtypene i 2023. 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 skogslokaliteter ligger langt til høyre i NMDS-akse 1, hvilket preges av stor andel skog og myr, mens noen ligger ligger inneklemt i kulturlandskap og derfor ligger lengre til venstre. Lokalitetene i semi-naturlig mark preges av relativt store innslag av innmarksbeite, fulldyrka mark, overflatedyrka mark og åpen fastmark. Akse 2 gjenspeiler i jordsmonnet og potensialet for intenst bruk, med overflatedyrket mark eller åpen fastmark nederst, og fulldyrka mark og mer bebyggelse høyest.

|  |
| --- |
| Figur 2: NMDS over variasjonen i landskapskomposisjon (arealtyper i AR5, blå tekst i figuren) i en sirkel med 1km radius rundt lokalitetene besøkt i 2023. Nummer i grønt viser lokaliteter i semi-naturlig mark og nummer i lilla viser lokaliteter i skog. |

|  |
| --- |
| Figur 3: 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. Semi-nat\_87 har lite fulldyrka jord og mye skog og myr, Semi-nat\_71 har mye fulldyrka jord, Semi-nat\_81 har mye veier og bebyggelse, mens Semi-nat\_100 har mye overflatedyrka mark. |

[Figur 3](#fig-semi-nat-ar5-plot) viser variasjonen i landskapene rundt semi-naturlig mark. Semi-nat\_87 ligger langt ned til høyre på NMDS-akse 1 i [Figur 2](#fig-ar5nmds), og karakteriseres av en liten mengde fulldyrka jord og en relativt stor mengde myr og ferskvann. Semi-nat\_71 ligger sentralt på NMDS-akse 1 og høyt på akse 2, som karakteriseres av mye fulldyrka jord. Semi-nat\_81 er et eksempel på et landskap med mer bebyggelse og veier. Til sist ligger Semi-nat\_100 langt ned på NMDS-akse 2, og karakteriseres av høy andel innmarksbeite og overflatedyrka mark.

[Figur 4](#fig-skog-ar5-plot) viser variasjonen i landskapene rundt skogslokalitetene i 2023. Skog\_34 ligger nest lengst til høyre på NMDS-plotten og representerer et skogslandskap med relativt mye myr. Skog\_31 ligger lengst til venstre og representerer et landskap med relativt mye dyrket mark av varierende karakter. Skog\_38 og Skog\_33 ligger langt til høyre og representerer mer homogene skogslandskap med relativt lite fulldyrka mark og bebyggelse.

|  |
| --- |
| Figur 4: 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\_34 inneholder relativt mye myr, Skog\_31 er relativt heterogent med mye dyrket mark, Skog\_38 og Skog\_33 er mer homogene med lite annet en skog. |

# 3. Felletømminger

Datainnsamlingen kunne settes i gang litt tidligere i 2023 enn tidligere år på grunn av tidligere igangsetting fra oppdragsgiver. For Sørlandet ble det start i midten av april og i Trøndelag i første halvdelen av mai. På Østlandet gjorde sein snøsmelting at fellene ble plassert ut litt spredt i tid i løpet av mai. Til sist ble fellene plassert ut i Nord-Norge i løpet av juni. Det langsiktige målet er ellers å fange insekter gjennom hele den dominerende flygeperioden, og samle inn data fra april til oktober i alle lokaliteter, gitt lokale variasjoner i vær og snøforhold.

Fellene ble tømt annenhver uke av åtte ulike team, basert henholdsvis i Stavanger, Oslo, Lillehammer, Trondheim, Brønnøysund, Bodø, Tromsø, og Kirkenes. Antall dager i hver felleperiode varierte noe av praktiske årsaker. Det nøyaktige antallet felledager for hver tømming er notert og kan brukes i analyser for å standardisere funnene. [Tabell 2](#tbl-no-samplings-per-lok) oppsummerer antallet felletømminger og totalt tidsspenn for hver lokalitet i 2023. [Tabell 3](#tbl-antall-prover) viser det totale antallet felleprøver som ble samlet inn.

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 2020-2023 samlet inn 36.2 kg insekter, målt i våtvekt uten etanolen (konserveringsvesken insektene samles i) ([Tabell 1](#tbl-biomass-year)). Fordelt per lokalitet og år tilsvarer det omtrent 231 gram, der den aller meste biomassen utgjøres av relativt vanlige tovinger. Vi vurderer at innsamlingen 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 | Antall prøver | Våtvekt (kg) |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| 2020 | 2020-05-11 | 2020-09-18 | 379 | 8.54 |
| 2021 | 2021-06-07 | 2021-10-18 | 526 | 7.12 |
| 2022 | 2022-05-09 | 2022-10-23 | 750 | 10.33 |
| 2023 | 2023-04-11 | 2023-10-22 | 994 | 10.20 |
| Sum | - | - | 2649 | 36.19 |

Tabell 2: Antall felletømminger per lokalitet i 2023.

| Region | Lokalitet | Antall felletømminger | Start prøvetaking | Slutt prøvetaking |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Østlandet | Skog\_31 | 11 | 2023-05-10 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Skog\_32 | 11 | 2023-05-10 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Skog\_33 | 11 | 2023-05-22 | 2023-10-18 |
| Østlandet | Skog\_34 | 11 | 2023-05-09 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Skog\_35 | 11 | 2023-05-23 | 2023-10-16 |
| Østlandet | Skog\_36 | 11 | 2023-05-22 | 2023-10-16 |
| Østlandet | Skog\_37 | 11 | 2023-05-09 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Skog\_38 | 11 | 2023-05-09 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Skog\_39 | 11 | 2023-05-24 | 2023-10-18 |
| Østlandet | Skog\_40 | 11 | 2023-05-24 | 2023-10-19 |
| Sørlandet | Semi-nat\_61 | 12 | 2023-04-14 | 2023-10-17 |
| Sørlandet | Semi-nat\_62 | 12 | 2023-04-12 | 2023-10-17 |
| Sørlandet | Semi-nat\_63 | 12 | 2023-04-11 | 2023-10-17 |
| Sørlandet | Semi-nat\_64 | 13 | 2023-04-12 | 2023-10-16 |
| Sørlandet | Semi-nat\_65 | 12 | 2023-04-12 | 2023-10-16 |
| Sørlandet | Semi-nat\_66 | 13 | 2023-04-12 | 2023-10-16 |
| Sørlandet | Semi-nat\_67 | 12 | 2023-04-13 | 2023-10-18 |
| Sørlandet | Semi-nat\_68 | 13 | 2023-04-13 | 2023-10-18 |
| Sørlandet | Semi-nat\_69 | 13 | 2023-04-13 | 2023-10-18 |
| Sørlandet | Semi-nat\_70 | 13 | 2023-04-13 | 2023-10-18 |
| Østlandet | Semi-nat\_71 | 11 | 2023-05-10 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Semi-nat\_72 | 11 | 2023-05-22 | 2023-10-17 |
| Østlandet | Semi-nat\_73 | 11 | 2023-05-10 | 2023-10-18 |
| Østlandet | Semi-nat\_74 | 11 | 2023-05-23 | 2023-10-20 |
| Østlandet | Semi-nat\_75 | 11 | 2023-05-23 | 2023-10-20 |
| Østlandet | Semi-nat\_76 | 11 | 2023-05-23 | 2023-10-20 |
| Østlandet | Semi-nat\_77 | 11 | 2023-05-11 | 2023-10-18 |
| Østlandet | Semi-nat\_78 | 11 | 2023-05-11 | 2023-10-18 |
| Østlandet | Semi-nat\_79 | 11 | 2023-05-24 | 2023-10-16 |
| Østlandet | Semi-nat\_80 | 11 | 2023-05-11 | 2023-10-18 |
| Trøndelag | Semi-nat\_81 | 11 | 2023-05-12 | 2023-10-18 |
| Trøndelag | Semi-nat\_82 | 11 | 2023-05-12 | 2023-10-18 |
| Trøndelag | Semi-nat\_83 | 11 | 2023-05-02 | 2023-10-18 |
| Trøndelag | Semi-nat\_84 | 11 | 2023-05-02 | 2023-10-19 |
| Trøndelag | Semi-nat\_85 | 11 | 2023-05-03 | 2023-10-19 |
| Trøndelag | Semi-nat\_86 | 11 | 2023-05-05 | 2023-10-20 |
| Trøndelag | Semi-nat\_87 | 11 | 2023-05-13 | 2023-10-17 |
| Trøndelag | Semi-nat\_88 | 12 | 2023-05-09 | 2023-10-22 |
| Trøndelag | Semi-nat\_89 | 12 | 2023-05-09 | 2023-10-22 |
| Trøndelag | Semi-nat\_90 | 12 | 2023-05-10 | 2023-10-22 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_91 | 9 | 2023-06-15 | 2023-10-22 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_92 | 9 | 2023-06-16 | 2023-10-19 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_93 | 9 | 2023-06-20 | 2023-10-19 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_94 | 9 | 2023-06-18 | 2023-10-19 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_95 | 10 | 2023-06-07 | 2023-10-18 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_96 | 10 | 2023-06-07 | 2023-10-18 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_97 | 10 | 2023-06-07 | 2023-10-18 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_98 | 10 | 2023-06-07 | 2023-10-18 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_99 | 10 | 2023-06-05 | 2023-10-16 |
| Nord-Norge | Semi-nat\_100 | 10 | 2023-06-05 | 2023-10-16 |

Tabell 3: Antall prosesserte prøver i 2023. De 4 vindusfelleprøvene i hver tømmerunde på en plass ble slått sammmen og metastrekkodet sammen.

| Felletype | Antall prosesserte felleprøver |
| --- | --- |
| Malaisefelle | 554 |
| Vindusfelle | 440 |

## 3.1 Ekstremværet Hans

|  |
| --- |
| Figur 5: Istykkerevne malaisefeller på Sørlandet etter ekstremværet Hans, 7-9 august 2023, her i lokalitetene Semi-nat\_65 og Semi-nat\_70 henholdsvis i Sandnes og Vindafjord. Foto: Kjell Mjønes |

Ekstremværet Hans kom inn over Skandinavia fra 7 til 9 august, med harde vinder og stor nedbør. Vindene ødela noen malaisefeller og tømmeskjemaet kunne ikke følges helt etter planen på Østlandet på grunn av stengte veier. Dermed ble det en litt lengre innsamlingsperiode for noen lokaliteter i august. Fellene ble reparert eller erstattet så raskt som mulig, og tømmingen ble etter hvert synkronisert opp mot det vanlige 2-ukers intervallet. På Sørlandet ble det dårlig fangst for noen lokaliteter i innsamlingsrunde 9 på grunn av ødelagte feller. I tillegg ble det noe kortere innsamlingsperiode i runde 10 for noen lokaliteter, da fellene var såpass ødelagte at de var nødt til å erstattes ([Figur 5](#fig-hans-feller)).

# 4. Identifisering av arter med DNA-metastrekkoding

Identifiseringsmetodikken er uforandret siden i fjor dette kapittel er i stort sett en gjentakelse av forrige års rapport (Åström et al. 2023). 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.

Protokollen ser fortsatt ut å fungere greit og vi fulgte samme prosedyre i 2023. Vi følger også den samme pipelinen for bioinformatiske analyser som vi har utviklet tidligere. Referansebasen med strekkoder har derfor ikke blitt oppdatert fra forrige års rapport, men dette vil bli gjort i løpet av 2024.

## 4.1 Forbehandling av prøvene

Forbehandling består i å måle etanolkonsentrasjon, sile av etanolen og veie prøvene før lysering og ekstraksjon av DNA. Etter en del modifiseringer av protokollen i 2021 måler vi nå bare våtvekt (etter at konserveringsvæske, etanolen, er helt av). Vi har også som tidligere år tilsatt ekstra arter til prøvene som en positiv kontroll (spiking). Dette gjør vi for å kunne evaluere protokollen vi bruker og muligens si noen om relativ biomasse av ulike arter mellom prøvene på sikt. I samtlige prøver ble det derfor tilsatt 10 melormer (*Tenebrio molitor*), 3 sirisser (*Gryllus assimilis*) og 10 frøbiller (*Callosobruchus maculatus*). Disse artene representerer ulike størrelser, taksa og hardhet, forekommer ikke vilt i Norge, men er likevel lett tilgjengelige kommersielt eller via egenproduksjon 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. 64 tilfeldige tomme flasker ble veid som referanse, og middelverdien av disse blir trukket fra i beregningen av nettovekten av insektbiomassen.

## 4.2 DNA-ekstraksjon og etterbehandling

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 filtereduk for å fjerne det meste av bufferløsningen. Deretter ble flaskene fylt med den samme etanolen 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.

Prøvene ble midlertidig lagret føre og etter prosessering i et kjølerom i NINA-huset i Trondheim. Etter det blir de langtidslagret i et fryserom i NINA sitt separate lagerbygg (se [Kapittel 6](#sec-lagring)).

## 4.3 DNA-amplifisering og sekvensering

En del av det mitokondrielle genet COI ble oppkopiert (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-indekser ble tilsatt i den andre PCR-kjøringen. PCR-produktene ble kvalitetssikret på en Tape Station (Agilent 4200) og renset med kuler (MAG-BIND RXN PURE PLUS) etter hver PCR. Etter uttesting av antall PCR-sykler gjennom qPCR-analyser i 2021, besluttet vi å redusere antallet sykluser fra 35 til 22. 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 kvalitetssikrete 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-Classifier, som er en «Bayesisk sannsynlighetsestimator» (Wang et al. 2007). Istedenfor å kun bruke en overordnet likhet (identity) mellom en ASV fra våre data og en referanse-DNA-sekvens i Genbank, bruker denne metoden en trenet («trained») database som gir en sannsynlighet for at en ASV tilhører en viss art/slekt/familie osv. Vi bruker en slik trenet database for COI utviklet ved NINA. Den er basert på en insektdatabase laget av Porter and Hajibabaei (2018) med hovedfokus på nordamerikanske arter, men vi har lagt til COI-sekvenser for 4061 norske norske referansearter i 2 021, og 2 908 flere arter i 2022, ([Tabell 4](#tbl-refbase)).

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 betydlig mengde norske arter. Analyser i denne rapport bruker samme versjon av referansedatabasen som i 2022.

| Klasse | Porter | Modifisert 2021 | Modifisert 2022 |
| --- | --- | --- | --- |
| Arachnida (edderkoppdyr) | 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-metastrekkoding er det en stor utfordring å kvalitetssikre artslistene. Falske positiver, dvs. påvisning av en art som egentlig ikke finnes i prøven, og som ofte er feilbestemmelser koblet til feil og mangler ved referansedatabasen, er generelt en utfordring med datasett fra DNA-metastrekkoding. Vi har derfor utviklet et flytskjema for hvordan vi har klassifisert og kvalitetssikret dataene ([Figur 6](#fig-dna-flow-1)), og beskrevet dette nærmere her.

Alle DNA-sekvensene ble først filtrert, kvalitetssikret, og feilrettet for å unngå støy i dataene og unngå et kunstig høyt estimat av arter og genotyper. Selv om vi bruker primere som stort sett amplifiserer DNA fra rekken leddyr (Arthropoda), kan det forekomme amplifisering av små mengder av DNA fra andre organismer. Ved bruk av RDP classifier og vår in-house database fjernet vi først de 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. Vi kvalitetssikret 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-Classifier har vi laget en artsliste basert på målgruppe-sekvensene og vår in-house referansedatabase. Men siden denne databasen ikke er komplett verken for norske eller ikke-norske arter, må vi gjøre en del vurderinger for å si noe om hvor godt et artstreff er, og dette kaller vi arts-konfidens og angir denne som høy, moderat, lav eller dårlig ([Figur 7](#fig-dna-flow-2)). 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. rapportering av rødlistede og fremmede arter, potensielt fremmede arter eller nye arter for Norge).

|  |
| --- |
| Figur 6: Flytskjema for identifisering av målgruppe sekvensene og kvalitetssikring av vår referansedatabase for kontaminasjon og referansesekvensmangel. |

|  |
| --- |
| Figur 7: Flytskjema for klassifisering og kvalitetssikring av arter basert på DNA-metastrekkoding. Kun arter med høy eller moderat konfidens er tatt med i den videre arbeidsflyten som avhenger av artsidentitet. |

## 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 vi oppdager også nye arter som ikke har vært påvist i Norge tidligere. Vi har derfor kryss-sjekket artslistene mot norsk rødliste fra 2021 og fremmedartslisten fra 2023. 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); brundu\_introduction\_2022; Pagad et al. (2018)] har vi også opprettet en liste over arter som er påvist tidligere i Fennoskandia basert på forekomster i GBIF, men ikke i Norge, og en liste over arter som ikke er funnet i Fennoskandia tidligere ([Figur 8](#fig-dna-flow-3)).

|  |
| --- |
| Figur 8: Flytskjema for horisontskanning 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, GRIIS, 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. |

## 4.7 Sannsynlighet for klassifisering til artsnivå

Alle DNA-kopier blir først delt inn i grupper etter metodikken beskrevet ovenfor, der hver gruppe tilsvarer 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 slektsnavn, 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](#fig-artsniva) har vi på x-aksen sortert alle “arter” etter hvor mye DNA vi har samlet totalt 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. I [Figur 9](#fig-artsniva) (A) viser Y-aksen hvor mange av “artene” som har blitt gitt et artsnavn, kun et slektsnavn, kun et familienavn og så videre. Den vertikale streken i [Figur 9](#fig-artsniva) (A) viser grensen for 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 (1608 av totalt 20691arter), dvs at de aller fleste artene i datasettet finnes til høyre for denne streken. Dette samsvarer også med [Figur 69](#fig-spec-occ) 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. I [Figur 9](#fig-artsniva) (B) viser Y-aksen den relative mengden av “artene” som får et artsnavn koblet til seg, det vil si sannsynligheten for å identifisere en DNA-streng til art. Her ser vi store forskjeller mellom ulike ordener. 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, det vil si at det mangler mange referanser for disse grupper. De to sistnevnte gruppene er også svært artsrike, hvilket kan forklare hvorfor disse grupper ikke er strekkodet til samme nivå som enklere grupper.

|  |
| --- |
| Figur 9: Modellering av sannsynligheten for klassifisering til artsnivå (y-aksen) i forhold til hvor mange DNA-kopier vi finner fra arten (x-aksen). Til venstre på figurene er arter med veldig mange DNA-kopier (vanlige arter), mens til høyre er arter med få DNA-kopier (sjeldne arter). A) Totalt antall arter påvist i 2023, der x-aksen viser artsantall og B) fem utvalgte ordener som viser forskjellen mellom ulike grupper av insekter langs en standardisert x-akse. |

## 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 fant i prøven. Dette betyr at vi ikke kunne 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 i antall DNA-kopier. I likhet med fjorårets data finner vi i 2023 ingen sterk sammenheng mellom antall DNA-kopier og antall arter ([Figur 10](#fig-sekvenseringsdybde)), og vi ser derfor fortsatt ut til å ha tilstrekkelig sekvenseringsdybde.

|  |
| --- |
| Figur 10: Sammenhengen mellom antall DNA-kopier (sekvenseringsdybde) per prøve på x-aksen og antall arter påvist i den samme prøven på y-aksen. Prøver med høyere sekvenseringsdybde enn 1 million er fjerenet for en klarere visualisering. |

## 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. Som i 2022 ble dette gjort for gruppen blomsterfluer ([Figur 13](#fig-syrph-sort)), som er en passelig stor gruppe vi har taksonomisk kompetanse på. I tillegg ble vindusfelleprøver fra 5 tømminger (á 4 vindusfeller hver) gjennomgått av en taksonomisk ekspert på biller. Resultatene er noe dårligere enn tidligere år, men forskjellen kan være tilfeldig. Vi finner 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 tilstrekkelig DNA fra dyrene. For blomsterfluene fungerer metodikken bedre sammenlignet med morfologisk artsbestemmelse, men også her er de noen arter som metastrekkodingen ikke fanger opp ([Figur 12](#fig-dna-comp), [Figur 11](#fig-col-lepi-curves)). I tillegg klarer man ikke å skille mellom alle arter blomsterfluer med den markøren vi bruker, ettersom denne delen av genomet ikke har tilstrekkelig variasjon for å skillemellom enkelte nærbeslektede arter.

Noen av forskjellene i artslistene basert på DNA-metastrekkoding og morfologisk bestemmelse kan skyldes ulik navnsetting. Man kan for eksempel bruke synonymer eller feil navn på artene i minst én av metodene. I slike tilfeller vil søylene i [Figur 12](#fig-dna-comp) jevnes ut, og de grå søylene som representerer arter som respektive metodikk ikke oppdaget, ville bli lavere. Man ville da forvente en lik art-akkumuleringskurve i [Figur 11](#fig-col-lepi-curves), da det kun er artsnavnene som er ulike. Vi har prøvd å harmonisere navnebruken så langt som mulig og det ser ikke ut å være en viktig forklaring her.

Det ser altså fortsatt ut som myk lysering og metastrekkoding ikke klarer å oppdage en god del av de innsamlete billeartene. Man bør derfor vurdere å knuse vindusfellematerialet for å øke mengden identifiserte biller. Dette ønsker vi å teste ut i fremtiden. Selv om sammenligningen med morfologisk bestemmelse identifiserer noe mangler i resultatene fra metastrekkodingen, er det fortsatt metastrekkoding vi anbefaler for de fleste prøvene i prosjektet. Det er ikke praktisk gjennomførbart å identifisere alle prøver morfologisk, både med tanke på tidsforbruk og den taksonomiske kompetansen det ville kreve. Dessuten ville store deler av de artsrike og mindre kjente gruppene allikevel ende opp uten artsnavn fordi de er ukjente for vitenskapen eller tilhører komplekse artsgrupper med behov for taksonomisk revisjon. Ved å benytte metastrekkoding til identifiseringen vil også hittil ukjente arter få en ‘merkelapp’ som kan benyttes i overvåkningssammenheng til tross for manglende artsnavn.

|  |
| --- |
| Figur 11: Artsakkumulasjonskurver 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 til sammen 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 til sammen oppdaget i hver prøve, og de fargete søylene representerer de arter som hver respektive metodikk oppdaget. For blomsterfluer kan DNA-markøren ikke brukes for å skille mellom flere arter. Disse artsbestemmingene kan iblant revideres basert på kjente forekomster. Merk at de manuelle artsbestemmelsene heller ikke er 100 % sikre, og at særlig noen blomsterfluer har vært vanskelige å skille mellom. |

|  |
| --- |
| Figur 13: Blomsterfluer sortert ut for validering etter lysering. Her et eksempel fra tredje samplingen i lokalitet Semi-nat 43 i 2022. |

# 

# 5. Referansestrekkoder for norske insekter

Som tidligere år, har vi tatt vevsprøver av arter som mangler eller har lav representasjon i Barcode of Life Data Systems (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 705 prøver fra 340 arter, hvorav 311 sekvenser fra 181 arter foreløpig er prosessert med DNA sekvens. Ikke alle prøvene har blitt sekvensert enda, og suksessraten for Heteroptera var lavere enn det vi tidligere har registrert. Vi vil undersøke muligheten for forbedringer av resultatene med vår samarbeidspartner, og forventer sekvenser fra flere arter i mars 2024. Blant artene som foreløpig er lagt til med referansestrekkoder i 2023 finner vi 9 Coleoptera (Biller), 48 Hemiptera (Nebbmunner), 85 Hymenoptera (Veps) og 39 Lepidoptera (sommerfugler), de fleste samlet sør for Nordland. Alle data er tilgjengelig gjennom det åpne datasettet DS-ENTONOR5 i BOLD.

Nye strekkoder blir regelmessig lagt til i referansebiblioteket til prosjektet. Dette ble senest gjort ett år tilbake, men vil bli gjentatt igjen i løpet av 2024. 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 i Norge prioritert. Finnes de ikke fra Norge, letes det etter sekvenser fra Norden, deretter Europa og til slutt resten av verden. Den oppdaterte referansebasen blir videre kvalitetssikret for å unngå innsetting av feilbestemte sekvenser.

# 6. Lagring av felleprøver

Det viktigste poenget med å bruke en mild lysering for ekstraksjon av DNA fra felleprøvene, isteden for å knuse dem, er at insektene blir bevart for fremtiden. Man kan da etterprøve enkelte mistenkte feilbestemminger gjennom en morfologisk kontroll, lete opp uvanlige funn, eller komplettere DNA-bibliotekene gjennom å plukke ut og strekkode individer det mangler referanser for. Dette kan for eksempel være arter som DNA-metodikken har klart å bestemme til en gitt slekt, men der det mangler referanser for flere av artene i slekten, slik at vi ikke kan si hvilken av artene i slekten det er. Vi har allerede blitt kontaktet av forskere som ønsker å validere funn registrert på GBIF. Vi har da flere ganger klart å gjenfinne individet i de lagrete flaskene og fått bekreftet identifiseringen. Som eksempel kan vi nevne møllen Elachista quadripunctuella som senest var funnet i 1934 i Norge, og som er oppført i rødlista som regionalt utdødd (RE). Denne identifiseringen ble verifisert av Kai Berggren etter gjenfunn i en av flaskene fra prosjektet, etter prøven hadde vært lagret i over 1 år. Det er positivt at kvaliteten på de lagrete prøvene er så pass god at så skjøre arter som møll kan identifiseres manuelt. I tillegg til verifisering av enkelte funn kan de lagrete prøvene også brukes mer systematisk i forskningen. Vi har for eksempel inngått en intensjonserklæring for å bistå et artsprosjekt ved Vitenskapsmuseet som skal utrede taksonomien for stråfluer (Chloropidae), ved å gi de tilgang til de lagrete prøvene fra prosjektet. Verdien av å bevare prøvene etter metastrekkoding er rett og slett svært stor, og muliggjør en kvalitetskontroll og en forbedring av referansebibliotekene for metastrekkodingen.

Et annet poeng ved å lagre felleprøvene er at man beholder muligheten til å telle individene i fremtiden, kanskje med robot-teknikk som ikke ennå er utviklet. Det er flere forskergrupper som aktivt arbeider med utstyr som både kan identifisere og telle enkelte individer, men teknikken er ikke helt på plass for å tas i bruk i dette prosjektet enda. Materialet fra dette overvåkingsprogrammet er gjennom sin mengde og omfang helt unikt, i hvert fall i nasjonal sammenheng, og har potensielt en stor verdi for fremtidig forskning. Men dette er selvsagt avhengig av at man klarer å lagre prøvene. Prøvemengdene blir etterhvert svært store i et så omfattende prosjekt som dette.

Prøvene bør oppbevares så kaldt som mulig for å sikre kvaliteten på DNA best mulig. Kjølelager er bra, men optimalt bør prøvene oppbevares i frys. Prøvene er midlertidig lagret i et relativt stort fryselager til NINA, men der vil plassen etter hvert ta slutt. Overvåkingsprogrammet genererer ca. 1 000 flasker per år med det omfanget det har i 2024, det vil si 5 regioner med økosystemet semi-naturlig mark og 1 region med økosystemet skog. En malaiseflaske er på 700 ml og en plastboks i [Figur 14](#fig-frysereol) rommer 24 slike flasker. Hvis prosjektet kunne bruke all nåværende ledig kapasitet NINA sitt fryselager, det vil si at vi ikke ville konkurrere med andre lagringsbehov, ville vi ha plass for maksimalt 5 år til med prøvetaking, dvs. inklusive sesong 2028. Dette er lite sannsynlig, selv om vi ikke kan beregne andre prosjekters behov. Den beste løsningen er derfor at prosjektet ordner en dedikert lagringsplass med en forutsigbar kapasitet, i hvert fall til sesong 2025.

|  |
| --- |
| Figur 14: Lagring av felleprøver i NINA sitt fryserom. I en plastboks er det plass til 24 prøver. |

En fleksibel løsning som kan ordnes allerede til neste år er å bruke en ekstern frysecontainer. Det er i prinsippet en semi-trailer som er laget som et fryserom. En eller flere slike kan ligge ved siden av NINA sitt lagerbygg og driftes med elektrisitet. Vi har undersøkt mulighetene for leie eller kjøpe disse i to størrelser, 20 fot (ca. 6 meter, se [Figur 15](#fig-container)) og 40 fot (ca. 12 meter). Prisforskjellen er så pass liten at det er mest økonomisk å velge varianten på 40 fot. Leieprisene er så pass høye at man tjener på å kjøpe en container hvis man skal bruke den lengre enn 2 år. Pris for kjøp av en 40 fots container ligger på ca 150 000 NOK. Leieprisen for arealet å parkere en container på er ca 50 000 per år. I tillegg kommer kostnader med strømforbruk og periodisk service, som vurderes bli relativt lave.

Etter våre beregninger vil en 40 fots container romme nok prøver til ca 15 års drift av programmet, gitt at det foregår i dagens omfang (semi-naturlig mark i hele landet + skog i én region). Hvis man utøker programmet til å dekke skog i hele landet blir materialet omtrent det dobbelte, og en 40 fots container vil romme ca. 7 års innsamling. Foreløpig vurderer vi at vi har plass for 3-4 slike containere ved NINA sitt lager. Med en slik løsning kunne man da ha sikret lagring i 20 til 60 år, avhengig omfanget på programmet. Det er ikke helt kjent hvor lenge DNAet blir bevart ved en slik lagring, og dette bør følges med på fortløpende. Midlertidig er det vår vurdering at DNAen vil være rimelig godt bevart i en slik lagring, og at dette vil være en kostnadseffektiv løsning. Vi skal også i 2024 teste ut å komprimere prøvene, ved å helle av inneholdet på mindre flasker, slik at man kan få inn flere flasker i en boks. Hvis dette er vellykket, kunne man muligens få inn dobbelt så mange flasker per boks, og dermed doble lagringskapasiteten. Det er dog ikke opplagt at dette lønner seg, da arbeidskostnadene med å sile av insektene i hver flaske, og føre over dem til mindre flasker kan overstige kostnadene for å utvide lagringskapasiteten.

|  |
| --- |
| Figur 15: Foto av 20 fots frysecontainer fra en norsk leverandør. |

# 

# 7. Forklaringsvariabler

I tillegg til selve innsamlingen av insekter registrerer vi også en rekke potensielle forklaringsvariabler, ved fellene og i det omkringliggende landskapet. Dette er viktig for å kunne forklare forekomstene og forandringene, og for å kunne isolere ut effektene av enkelte påvirkningsfaktorer. Alle faktorer som kan påvirke insektforekomster er naturligvis ikke kjente, og dette prosjektet klarer heller ikke å samle inn alle variabler som vi mener er potensielt viktige. Nedenfor følger en beskrivelse av de forklaringsfaktorer prosjektet samler inn i, både i felt og via PC.

## 7.1 ANO-registreringer

Lokalitetene i skog blir ANO-kartlagt innenfor den regulære ANO-kartleggingen (Tingstad et al. 2019). I disse lokalitetene har vi derfor som regel data fra 18 sirkler á 250 i hver rute. I de semi-naturlige lokalitetene blir av kostnadsgrunner kun én tilsvarende sirkel kartlagt.

En sentral måling i ANO-kartleggingen er dekningsgrad og antall karplanter innenfor ANO-rutene (1 ). [Figur 16](#fig-ano-herb-spec-nor) viser variasjonen i disse målingene, der dataene er delt opp etter år og region for å kunne se eventuelle trender og forskjeller. I utgangspunktet ønsker vi ikke en tidstrend i disse figurene, 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 mer detaljert kartlegging. Vi ser derfor færre lokaliteter med 0 % dekningsgrad av karplanter i 2022. Fra og med 2023 ble sirkelen som undersøkes fritt plassert, i stedet for å velge en sirkel etter ANO sitt vanlige nettverk. Sirkelen plasseres så nære som mulig til insektfellen, hvilket gjør at vi kan unngå fulldyrket mark. Posisjonene ble målt inn med høypresisjons-GPS med en typisk nøyaktighet på mellom 1-5 og i verste fall i underkant av 1 . Det ser ut å være en del variasjon i dekningsgrad mellom år, men det trenger ikke bety at det er en trend, da det kan skyldes naturlig variasjon, for eksempel i utvalget av undersøkningslokaliteter.

|  |
| --- |
| Figur 16: 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). |

## 7.2 Skogsregistreringer

På skogslokalitetene er også en forenklet landsskogstaksering gjennomført (Ørka et al. 2019), etter samme metode som tidligere år (Åström et al. 2020b). Her velger vi den av ANO-sirklene på 250 som var nærmest insektfellene og som samtidig gjenspeiler skogstypen i hele ruta (500x500m). Posisjonene ble som i ANO-kartleggingen målt inn med høypresisjons-GPS, og registreringene ble foretatt av samme personell som den øvrige ANO-kartleggingen.

[Figur 17](#fig-tree-age-type) viser skogkarakteren i prosjektet i årene 2020-2023. I lokalitetene fra 2022 ser vi liten nedgang i alder av skogbestandene, men i 2023 var skogalderen igjen noe høyere, med to lokaliteter som hadde en alder på over 200 år. Så gamle skoger er relativt sjeldne i dagens skogsbruk. [Figur 18](#fig-skog-38) viser lokaliteten “Skog\_38”, som hadde en estimert bestandsalder på hele 226 år, dominert av furu. Den ligger i Kongsvinger kommune, omtrent 1.5 km nord for Vålerberget naturresservat.

|  |
| --- |
| Figur 17: Dominerende treslag og skogsalder (eldste trer) i den forenklete landsskogstakseringeren gjennom årene 2020-2023. Punktene er noe spredt ut for å kunne skille mellom region (x-akse) og overlappende verdier (y-akse). |

|  |
| --- |
| Figur 18: Vindusfelle i den eldste skogslokaliteten i 2023, Skog-38, med en estimert alder av de eldre furuene på 226 år. Foto: Jon Peder Lindemann |

## 7.3 Klima og vær

### 7.3.1 Mellomårsvariasjon i værforhold

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 minske 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 (men ikke nedbør, som kan hindre flyving). Værforholdene i kritiske utviklingsfaser kan ha særskilt stor effekt på senere populasjonsstørrelser, som for eksempel i løpet av larveutviklingen eller i overvintringen. 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.

[Figur 19](#fig-clim-trend-trond), [Figur 20](#fig-clim-trend-ost) og [Figur 21](#fig-clim-trend-sor) viser en tidstrend fra 2013 til 2023 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 2023 var varmere og tørrere enn 2022, men skiller seg ikke ut særlig i et lengre perspektiv. Tidsseriene viser også en normal varm, men veldig bløt sommer på Sørlandet og Østlandet. Den store nedbørsmengden kan i hovedsak skyldes ekstremværet Hans i starten av august (se [Kapittel 3.1](#sec-hans)). Nord-Norge, som var med for første gang i 2023, viser en stadig oppadgående trend i temperatur de seneste 5 årene. 2023 var i tillegg en særdeles tørr sommer i denne regionen.

|  |
| --- |
| Figur 19: 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 20: 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 21: 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. |

|  |
| --- |
| Figur 22: Klimatrend juni-juli i Nord-Norge. Øverste figur viser summen av daglig gjennomsnittstemperatur, nedre figur viser summen av daglig nedbørsum. Feillinjer viser +- 1 standardavvik basert på alle lokaliteter i regionen. |

### 7.3.2 Innenårsvariasjon i værforhold

Insekter kan reagere på mye mer finskala værforhold enn årlige gjennomsnitt og figurene ovenfor vil derfor utelate mye interessant informasjon. Vi eksemplifiserer variasjonen i det lokale været med døgnverdier fra 1 sentral lokalitet i hver region. [Figur 23](#fig-trond-temp-2023) viser døgnmiddeltemperaturen for lokalitet “Semi-nat\_86”, som ligger i Bymarka i Trondheim. Bortsett fra en kort periode med varmt vær i månedsskiftet juni-juli så var sommertemperaturen slående normal. Våren hadde derimot flere svært kalde perioder, der to av dem også hadde kraftig nedbør ([Figur 24](#fig-trond-precip-2023)).

Tilsvarende figur fra Østlandet representeres av lokalitet “Semi-nat\_73” nær Hamar. Bortsett fra noen korte kalde perioder i løpet av vintermånedene, var 2023 relativt normal i temperaturen ([Figur 25](#fig-ost-temp-2023)). 2023 var dog svært nedbørrik i området kring Hamar, og ikke bare i perioden rundt Hans ([Figur 26](#fig-ost-precip-2023)).

[Figur 27](#fig-sor-temp-2023) viser temperaturen i “Semi-nat\_61” utenfor Lyngdal, der temperaturen var relativt normal, bortsett fra en varm periode i september. [Figur 28](#fig-sor-precip-2023) viser også flere perioder med særlig mye nedbør på lokaliteten, og dette gjentar seg for flere lokaliteter på Sørlandet (ikke vist her).

Til sist viser [Figur 29](#fig-nord-temp-2023) og [Figur 30](#fig-nord-precip-2023) temperaturen og nedbøren for “Semi-nat\_96” som ligger nær Tromsø. Der hadde forsommeren flere relativt kalde perioder, men været svingte siden om til en svært varm sommer. Fra slutten av juni inn i september var det flere relativt varme perioder. Men det store utropstegnet for Nord-Norge er at hele året var svært tørt, bortsett fra noen korte våtere perioder i februar-mars.

|  |
| --- |
| Figur 23: Temperatur i Trøndelag 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_86. |

|  |
| --- |
| Figur 24: Nedbør i Trøndelag 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_86. |
| Figur 25: Temperatur på Østlandet 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_73, nær Hamar. |

|  |
| --- |
| Figur 26: Nedbør på Østlandet 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_42, nær Hamar. |
| Figur 27: Temperatur på Sørlandet 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_61, nær Lyngdal. |

|  |
| --- |
| Figur 28: Temperatur på Sørlandet 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_61, nær Lyngdal. |
| Figur 29: Temperatur i Nord-Norge 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_96, nær Tromsø. |

|  |
| --- |
| Figur 30: Temperatur i Nord-Norge 2023, eksemplifisert av lokalitet Semi-nat\_96, nær Tromsø |

## 7.4 Mikroklima fra loggere

Værdata fra Meteorologisk institutt er svært verdifulle, da de er heldekkende i tid og rom, og gjenspeiler forholdene på en landskapsskala som er relevant for mange insekter (1 km). Men utover dette spiller også enda mer finskala variasjon en stor rolle for aktiviteten hos insektene. Derfor registrerer vi på hver fellelokalitet værdata ved hjelp av to loggere som tilsammen gir hyppige data. Vi måler temperatur både i skygge og sol, luftfuktighet og mengden sollys ([Figur 31](#fig-templogger), [Figur 32](#fig-lyslogger)). 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 [Kapittel 7.3](#sec-var).

|  |
| --- |
| Figur 31: Temperatur og luftfuktighetsmåler av typen Hobo MX2301A. MX2301A er plassert i skygge og data kan hentes med blåtann til en skyløsning. |

|  |
| --- |
| Figur 32: Temperatur og lysmåler av typen Hobo MX2202 (grønn knapp). MX2202 er plassert i sol og data kan hentes med blåtann til en skyløsning. |

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 34](#fig-locality-sampling-biodiv-loggerdata)), men særlig i mengden biomasse ([Figur 33](#fig-locality-sampling-biomass-loggerdata)). Helningen på forholdet mellom temperatur og biomasse er også høyere for semi-naturlig mark enn i skog, og de høyeste biomassene finnes også generelt i semi-naturlig mark. Særlig sammenhengen mellom temperatur og biomasse insekter ser ut å være ikke-lineær, og vi bruker derfor den logaritmiske verdien av biomassen i de statistiske modellene nedenfor.

|  |
| --- |
| Figur 33: Sammenheng mellom temperatur og innsamlet biomasse per fangstperiode i malaisefeller, her vist ved en GAM-modell. Dataene antyder en logaritmisk sammenheng, særlig i semi-naturlig mark. |
| Figur 34: Sammenheng mellom temperatur og antall arter innsamlet per fangstperiode i malaisefeller, her vist som en lineær funksjon. |

## 7.5 GIS-data

I tillegg til de forklaringsvariabler vi samler inn i felt, finnes det mye tilgjengelig informasjon via offentlige GIS-kilder. Vi beskriver her de variabler vi samler inn fra fjernanalyse, som potensielle forklaringsvariabler for insektforekomstene. Listen er på ingen måte komplett, og en mer utdypende analyse kan gjøres i fremtiden.

### 7.5.1 Arealtyper i AR5

AR5 står for arealressurskart, der ressurskartleggingen “ARTYPE” gjenspeiler det økonomiske potensialet til et areal (Ahlstrøm et al. 2019). Selv om den faktiske bruken ikke alltid er den samme, gir denne datakilden verdifull kunnskap om komposisjonen av et landskap (se f.eks. [Figur 3](#fig-semi-nat-ar5-plot) og [Figur 4](#fig-skog-ar5-plot)). I tillegg har AR5 nå for tiden også informasjon om skogstype og skogsbonitet, hentet fra skogresurskartet SR16 (Astrup et al. 2019). Fordelen 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 landskapet 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 skogtype og bonitet. Disse til sammen 30 forklaringsvariablene er altfor mange til å teste individuelt, med tanke på deres potensielle innvirkning på insektforekomster. Vi reduserer derfor antallet forklaringsvariabler gjennom en ordinasjon, der man samler så mye variasjon som mulig i et overkommelig antall “akser”. Vi begynner med å sammenstille det totale arealet innen en buffer på 1000 m radius rundt lokalitetene, for hver av disse 30 “forklaringsvariablene”. Vi gjør deretter en separat PCA-ordinasjon for “ARTYPE” og skogvariablene, og bruker de to første PCA-aksene fra disse ordinasjoner til å modellere fellefangstene. Disse to aksene fanger opp det meste av variasjonen i arealtype og skogtype.

[Figur 35](#fig-ar5-PCA) 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 ordinasjonen har vi ikke skalert variasjonen av de ulike arealtypene da vi ønsker å inkludere arealene på likt grunnlag. Ellers ville den i høy grad overensstemme med NMDS-plottet av variasjonen i landskap, vist i [Figur 2](#fig-ar5nmds).

|  |
| --- |
| Figur 35: PCA-analyse over landskapskomposisjon i arealtype etter AR5. Verdiene er ikke normalisert, da alle er fra samme datakilde og samme skala (km2). |

### 7.5.2 Skog i AR5

[Figur 36](#fig-skog-PCA) viser tilsvarende PCA for skogtype. PCA-akse 1 dekker først og fremst variasjonen i mengden skog kontra ikke tresatt mark, der mengden skog minker langs aksen. PCA-akse 2 dekker først og fremst variasjonen i bonitet, der boniteten øker langs aksen. Disse to variabler inngår i forklaringsmodellene nedenfor.

|  |
| --- |
| Figur 36: 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). |

### 7.5.3 Romlig komposisjon

I tillegg til disse variablene beregner vi også Shannon-indeks av arealtyper (AR5-ARTYPE) innenfor landskapsbufferne, der en høy Shannon-indeks indikerer et landskap som er komponert til like deler av mange forskjellige arealtyper. Shannon-indeks av arealtyper ble beregnet gjennom rutinen lsm\_l\_shdi fra pakken landscapemetrics (Hesselbarth et al. 2019). Dette ble gjort på en rastrert versjon av AR5-arealtype på en skala av 10m x 10m. [Figur 37](#fig-ar5-shannon-plot) viser fordelingen av disse verdiene i datasettet.

|  |
| --- |
| Figur 37: Fordeling av Shannon indeks av AR5:arealtype innen en buffer med radius 1000m rundt lokalitetene. |

### 7.5.4 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 flygende insekter enten samles ved, eller følger i sin ferd mellom områder. [Figur 38](#fig-ar5-perimeter-plot) 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 stort areal. [Figur 39](#fig-perim-shann-plot) 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 38: Fordeling av total lengde av grenser mellom arealtyper, innen et buffetområde på 1 km rundt lokalitetene. |
| Figur 39: Sammenheng mellom diversiteten av arealtyper (Shannon-indeks) og mengden lineære element i landskapene rundt skogslokalitetene. |

# 8. Resultater

Vi er fortsatt bare i starten av overvåkingsprogrammet med data fra 4 år på Østlandet, 3 i Trøndelag, 2 på Sørlandet og 1 i Nord-Norge. Det går derfor ikke å trekke konklusjoner om vedvarende trender. Forekomster og mengder av insekter kan variere kraftig mellom år grunnet variasjoner i værforhold, men også på grunn av intern populasjonsdynamikk eller spredning. Hver måling av tilstanden vil også være forbundet med en viss usikkerhet. Basert på designen av overvåkingsopplegget og tidligere studier regner vi ikke med å kunne oppdage realistiske trender før ca. etter 10 år (Lebuhn et al. 2013; White 2019). De figurer vi presenterer nedenfor skal derfor vurderes med en klype salt, og man må tenke på at kortvarige trender kan snu

## 8.1 Variasjon av insektbiomasse gjennom sesongen

Insektaktiviteten i tempererte miljøer varierer kraftig gjennom sesongen, og tidspunktet for toppene i aktiviteten kan variere mellom årene. Denne dynamikken påvirkes sannsynligvis mest av lokale værforhold. [Figur 40](#fig-skog-ost-biomass), [Figur 42](#fig-semi-nat-ost-biomass), [Figur 43](#fig-semi-nat-trond-biomass), [Figur 41](#fig-semi-nat-sor-biomass) og [Figur 44](#fig-semi-nat-nord-biomass) viser biomassen for enkelte lokaliteter gjennom sesongene, delt opp etter geografisk område og habitatstype. Toppene i aktivitet ligger for de fleste områder i andre halvparten av juli, men Nord-Norge ser ut til å ha mest insektaktivitet litt senere, i starten av august.

Semi-nat\_66 på Sørlandet skiller seg ut med en markant topp på slutten av sesongen. Etter samtale med grunneiere er det fortsatt uklart hva årsaken kan være, men området hadde en kort topp med varmt vær og mye nedbør i september så det er mulig at dette kan ha startet en klekking av en gruppe insekter.

Biomassen ser ut til å sprike mest mellom lokalitetene på Østlandet, muligen fordi det er et stort spenn i klimaforhold i denne regionen. Mange områder på Østlandet hadde mye snø langt ut i april/mai i 2023, hvilket gjorde at fellene ikke kunne plasseres ut før andre uken i mai. For de fleste lokaliteter ser det ut å ha fungert greit, men én lokalitet kunne gjerne ha blitt startet noe tidligere.

Lokaliteten i Trøndelag med desidert mest insekter lå i Fannrem, ved et aktivt jordbruk.

Ettersom overvåkingen ble utvidet til Nord-Norge for første gang i 2023 kom selve innsamlingen der i gang noe senere enn ønskelig. Særlig for to lokaliteter ser vi ut til å ha gått glipp av den tidlige aktiviteten, dette gjelder lokaliteter som ligger langt ute ved kysten Leirfjord og Bodø. For øvrig ser vi ut til å ha rukket få med den første økningen i aktivitet på de fleste lokaliteter i 2023.

|  |
| --- |
| Figur 40: Variasjon i biomasse over tid for skogslokaliteter på Østlandet. |

|  |
| --- |
| Figur 41: Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark i Sørlandet. |

|  |
| --- |
| Figur 42: Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark på Østlandet. |

|  |
| --- |
| Figur 43: Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark i Trøndelag. |

|  |
| --- |
| Figur 44: Variasjon i biomasse over tid for semi-naturlig mark i Nord-Norge. |

## 8.2 Variasjon i artsantall gjennom sesongen

Tilsvarende figurer for artsantallet, [Figur 45](#fig-semi_nat_sor_div), [Figur 46](#fig-skog-ost-div), [Figur 47](#fig-semi-nat-div), [Figur 48](#fig-semi-nat-trond-div), og [Figur 49](#fig-semi-nat-nord-div) viser at dette varierer minst like mye som biomassen, både innen sesong og mellom lokaliteter. Her syns det 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 45: Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark i Sørlandet. |

|  |
| --- |
| Figur 46: Variasjon i artsantall over tid for skogslokaliteter på Østlandet. |

|  |
| --- |
| Figur 47: Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark på Østlandet. |

|  |
| --- |
| Figur 48: Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark i Trøndelag. |

|  |
| --- |
| Figur 49: Variasjon i artsantall over tid for semi-naturlig mark i Nord-Norge. |

## 8.3 Årlige tidstrender

Som tidligere nevnt bør man vurdere en tidsserie på bare 4 år med en stor klype salt, da det ikke er sikkert at mønstre i en så kort tidsserie representerer en langvarig trend. [Figur 50](#fig-biomass-year-hab) viser middelverdien av biomassen fra malaisefeller i hver felletømming. Figuren inkluderer kun data fra perioden juli-august, for å få en sammenlignbar innsamlingsinnsats for alle år. Vi har en tilsynelatende tydelig negativ utvikling i insektbiomasssen gjennom perioden 2020 til 2023, særlig i semi-naturlige habitat. I [Kapittel 8.4](#sec-mod-biomasse) undersøker vi hvorvidt værforholdene kan være en potensiell forklaring for den observerte nedgangen.

[Figur 51](#fig-div-year-hab) 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 det totale artsantallet avspeiler sannsynligvis at vi endret på en labprotokoll og skiftet sekvenseringsmaskin til en som gir oss flere DNA-kopier per prøve. Dermed kan vi detektere flere arter per prøve med start i 2021. [Figur 51](#fig-div-year-hab) B viser tilsvarende figur for pollinatorer, der vi har valgt ut de familier av bier, sommerfugler og fluer som er ansett være viktige pollinatorer (se Åström et al. (2022) for mer info).

|  |
| --- |
| Figur 50: Middelverdi og 95% konfidensintervall for biomasse insekter i malaisefeller per dag og lokalitet, fra juli-august. Merk at populasjonstopper kan skille seg noe i tid mellom de ulike årene, og at disse måneder ikke representerer hele sesongen. |
| Figur 51: A) Middelverdi av antall arter fanget per lokalitet og år i skog og semi-naturlig mark i alle regioner. B) Middelverdi 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 som påviser flere arter grunnet større sekvenseringsdybde. Begge figurer viser data kun fra malaisefeller. Feillinjer viser 95 % konfidensintervall. |

## 8.4 Modellering av biomasse

I dette avsnittet undersøker vi sammenhengen mellom biomassen av insekter og værforholdet samt det omkringliggende landskapet. Vi har brukt miljøfaktorer som er tilgjengelig via offentlige kilder i tillegg til de vi selv har samlet inn. Dette ikke en fullstendig liste over hva som påvirker insektene, og flere forklaringsvariabler kan legges til i fremtiden.

Modelleringsøvelsen nedenfor har noen endringer sammenlignet med tidligere år. Vi bruker nå den logarmitmiske verdien av biomassen per dag, istedenfor faktisk biomasse per dag. Dette er vanlig ved modellering av insektbiomasse, og det ser også ut til å være et passende valg, gitt forholdet mellom biomasse og temperatur ([Figur 33](#fig-locality-sampling-biomass-loggerdata)). Merk at en slik tilnærming innebærer at forklaringsvariablene (og residualene) modelleres som multiplikative og ikke som additive. Vi går også bort i fra modell-gjennomsnitt (model averaging), der man vekter sammen resultater fra flere modeller, og presenterer i stedet resultater fra en fullstendig modell. Ved en sammenligning gir en enkelt modell kvalitativt like resultater som modellvekting av flere modeller (ikke vist her).

Som tidligere år tar vi høyde for storskala romslig og temporær variasjon ved å inkludere lokalitet og ukenummer som tilfeldige effekter i modellen. På den måten vil værvariablene forklare forskjellene mellom lokaliteter innen samme tidsperiode, istedenfor den storskala svingningen innen sesongen eller vedvarende forskjeller mellom lokaliteter. Vi inkluderer ikke lengre en tilfeldig effekt av ukenummer innen hvert år (1 | år:uke), da dette kan skjule effekten av noen av de påvirkningsfaktorene som varierer på samme skala. Vekter fra vindusfellene i skog er ikke tatt med da de veier så lite at de mest vil bidra med støy (fra eksempelvis blad og annet rusk som falt ned i flasken).

Vi starter med å modellere tidstrenden av insektbiomassen i de forskjellige regionene, ([Figur 50](#fig-biomass-year-hab)). Vi inkluderer region, habitattype og år som fikserte faktorer. Analysen gjøres med funksjonen lmer i R-pakken lme4, hvilket innebærer at vi antar normalfordelte feil (på logskala). Merk at vi først ikke tar med en tilfeldig effekt av år, hvilket vi kommer tilbake til. Med andre ord modellerer vi:

Tabell 5: Parameterestimat fra modell av årstrend i biomasse. Parameterestimatene vises på tilbaketransformert (Estimate.norm) og lineær skala.

| Parameter | Estimate.norm | Estimate | Std. Error | t value |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Intercept | 0.621 | -0.477 | 0.192 | -2.484 |
| Region: Sørlandet | 0.970 | -0.030 | 0.111 | -0.273 |
| Region: Trøndelag | 1.421 | 0.351 | 0.108 | 3.241 |
| Region: Nord-Norge | 1.149 | 0.139 | 0.143 | 0.967 |
| Habitat: Semi-nat | 2.079 | 0.732 | 0.094 | 7.765 |
| År | 0.858 | -0.153 | 0.044 | -3.505 |
| Figur 52: Parameterestimat fra modell over årstrenden i insektbiomasse. (A) viser den estimerterte tidstrenden (År), uten å inkludere også en tilfeldig effekt av år, og (B) viser estimatet når man inkluderer år som tilfeldig effekt. Estimatene for habitat og region er i forhold til referansenivåene skog og Østlandet. | | | | |

[Tabell 5](#tbl-year-mod) og [Figur 52](#fig-year-mod) viser resultatene fra modellen over biomasse. Semi-naturlig mark har en markant høyere biomasse enn skog ( biomassen i skog), og Trøndelag har mer biomasse enn referansenivået Østlandet ( % mer biomasse). Man kan også se at det finnes en klar negativ trend i insektbiomasse for årene 2020 til 2023 ([Figur 52](#fig-year-mod) (A), [Tabell 5](#tbl-year-mod)) i disse data på omtrent 14.18 % nedgang per år .

I tidsserier som denne kan trender være årsaket av noen tilfeldige dårlige år eller usikkerhet i samplingen, f. eks i utvalget av lokaliteter. Det er derfor vanlig å ta høyde for den tilfeldige variasjonen mellom år gjennom å inkludere år som en tilfeldig effekt (se f.eks. kritikken i Daskalova et al. (2021) av analysen til Seibold et al. (2019)). Ved å gjøre det vil man vekte ned påvirkningen av “ekstreme år”, basert på hva modellen mener er “normal” variasjon, gjennom å bruke så kalt “partial pooling”. Men denne nedvekting er avhengig at man har gode estimat på hva “normal” variasjon er. Med kun 4 år av data er dette vanskelig å estimere, og estimatene blir mer usikre.

Hvis man likevel velger å ta høyde for tilfeldigheten i år (gjennom at inkludere en tilfeldig effekt av år i tillegg til den fikse effekten), blir den generelle tidstrenden mye mindre sikker ([Figur 52](#fig-year-mod) (B)). Punktestimatet på tidstrenden forandrer seg ikke nevneverdig, men usikkerheten for effekten blir større (og overlapper null). Dette gjenspeiler den faktiske usikkerheten vi har med en så kort tidsserie. For å konkludere kan vi si at vi ser en nedgang i insektbiomasse mellom 2020 og 2023, men vi kan ikke utelukke at dette er grunnet “normal” mellom-årsvariasjon.

Selv om nedgangen i insektbiomasse derfor er usikker, er det verdt å undersøke om trenden kan forklares av de forklaringsvariabler vi har tilgang til.

### 8.4.1 Effekt av værforhold på biomasse av insekter

Tidligere år har vi undersøkt om temperatur, luftfuktighet- og lys målt på insektfellene kunne forklare biomasse av insektene (Åström et al. 2022, 2023). Særlig temperatur og lys har vist seg som viktige variabler. Variasjonen i værvariablene, det vil si hvor mye værforholdene forandret seg innen hver innsamlingsperiode, var også viktige forklaringsvariabler for insektbiomasse.

Variasjon i været har neppe en direkte mekanistisk påvirkning på insektene. Det er derimot sannsynlig at de fanger opp noe av de kortvarige værforholdene i løpet av fangstperioden, som ikke gjenspeiles en middelverdi. For eksempel kan variabelt vær gjenspeile en periode med generelt varmt vær, blandet med korte regnbyger. Slikt vær er ofte bedre for insekter enn vedvarende varmt og tørt vær, eller vedvarende fuktig vær, som mangler varmere perioder.

Vi skalerer alle variabler etter ligningen for å kunne sammenligne parameterestimatene på likt grunnlag. Med 4 års data har vi nå litt over 1 000 innsamlingstilfeller, og vi tillater oss derfor at også se på eventuelle interaksjonseffekter mellom værvariablene.

Den undersøkte modellen ble dermed:

Modellen ble kjørt gjennom rutinen lmer i pakken lme4 (Bates et al. 2015), med estimering gjennom “maximum likelihood”. [Figur 53](#fig-var-mod) og [Tabell 6](#tbl-var-mod) viser parameterestimatene til modellen.

|  |
| --- |
| Figur 53: Parameterestimat fra modellen over klimaloggerdata. Avhengig variabel er biomasse insekter per dag (avrent våtvekt (g/dag)). Feillinjer viser 95 % konfidensintervall, og variabler som ikke overlapper med 0 er i fet stil (eller som har en interaksjoin som ikke overlapper med 0). |

Tabell 6: Parameterestimat fra klimaloggermodell. Parameterestimatene vises på tilbaketransformert (Estimate.norm) og linejær skala.

| Parameter | Estimate.norm | Estimate | Std. Error | t value |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Intercept | 0.846 | -0.168 | 0.151 | -1.107 |
| Temperatur | 1.611 | 0.477 | 0.045 | 10.481 |
| Luftfuktighet | 1.111 | 0.106 | 0.040 | 2.639 |
| Lys | 1.485 | 0.395 | 0.108 | 3.676 |
| Variasjon\_temp. | 1.009 | 0.009 | 0.042 | 0.221 |
| Variasjon\_fukt | 1.115 | 0.109 | 0.047 | 2.347 |
| Variasjon\_lys | 0.790 | -0.235 | 0.091 | -2.574 |
| Region: Sørlandet | 0.805 | -0.217 | 0.137 | -1.589 |
| Region: Trøndelag | 1.336 | 0.290 | 0.136 | 2.133 |
| Region: Nord-Norge | 1.115 | 0.109 | 0.179 | 0.606 |
| Habitat\_semi-nat | 1.594 | 0.466 | 0.121 | 3.864 |
| År | 0.883 | -0.125 | 0.054 | -2.288 |
| Temp.:fukt | 0.977 | -0.023 | 0.030 | -0.774 |
| Temp.:lys | 1.055 | 0.054 | 0.032 | 1.705 |
| Fukt:lys | 1.030 | 0.030 | 0.028 | 1.084 |
| Var.temp.:Var.fukt | 1.055 | 0.054 | 0.027 | 1.963 |
| Var.temp.:Var.lys | 0.859 | -0.153 | 0.037 | -4.085 |
| Var.fukt:Var.lys | 1.057 | 0.055 | 0.034 | 1.647 |

Da forklaringsvariablene er normalisert til Z-verdier (skalert) kan alle parameterestimatene tolkes på en lik måte. De beskriver alle den estimerte effekten av å endre forholdene med et standardavvik. For eksempel er et standardavvik av temperaturen innen en tømmeperiode (3.62 Celsius). Hvis temperaturen øker med så mye så tilsier modellen at biomassen vil øke 1.66 ganger, dvs med 61.1 % (ikke medregnet interaksjoner). Med andre ord har temperatur en svært sterk positiv effekt på innsamlet biomasse.

Lysintensitet ser også ut å ha en sterkt positiv effekt på insektbiomassen, da en økning i lysintensitet (med 1 standarddavvik av variasjonen i lysintensitet) er forknippet med en økning av insektbiomassen med 48.51 %. Temperaturen og lysintensitet ser også ut til å interagere svakt positivt med hverandre, slikt at effekten av lys er litt sterkere ved varmere vær, men denne effekten er statistisk usikker.

I tillegg hadde også variasjonen i lys en sterk negativ effekt. Variasjon i lys kan være grunnet overskyet vær, men også skygge fra for eksempel trær. Effekten interagerte med variasjonen i temperatur. Med andre ord var effekten av variabel lysintensitet enda mer negativ ved variable temperaturer. Luftfuktighet har også en positiv effekt, og interagerte med lys. Dette gjelde også variasjonen luftfuktighet som interagerte med variasjonen av lys og variasjonen av temperatur, selv om disse interaksjonene var statistisk usikre.

Mange av disse værvariablene korrelerer med hverandre, og vi har flere interaksjoner i modellen. Det er derfor vanskelig å tolke den isolerte effekten av en enkelt variabel. I tillegg er det ikke opplagt at det finnes én modell som er desidert bedre enn alle andre. Men en konklusjon vi tror holder er at i hvert fall lys og temperatur har svært positive effekter på insektbiomassen, og at luftfuktighet også virker positivt, selv om dette er en svakere forklaringsvariabel. I tillegg kan variasjonen i været og interaksjoner mellom værvariabler forklare en del av variasjonen i biomasse.

Det kan også noteres at estimatet for tidstrenden (År i [Tabell 5](#tbl-year-mod), [Tabell 6](#tbl-var-mod)) i hovedsak er uforandret, etter å ha “tatt høyde” for disse lokale værvariabler. Med andre ord ser det ikke ut som at tidstrenden kan forklares av dårlig vær i innsamlingsperiodene.

Modellen i [Tabell 6](#tbl-var-mod) hadde en R2-verdi på 44.8 % (marginal R2, dvs ikke gitt de tilfeldige effektene). Med andre ord kan vi forklare nesten halvparten av variasjonen i innsamlet biomasse i fellene kun ut fra region, habitatstype, temperatur, luftfuktighet og lys. Dette kan sammenlignes med modellen uten klimaloggervariabler som hadde en R2-verdi på 11.8 % ([Tabell 5](#tbl-year-mod)). De lokale klimaforholdene er altså en svært viktig forklaringsvariabel for mengdene insekter man fanger. Dette er ikke uventet, da den største variasjonen i fangstene gjenspeiler variasjonen over sesongen, fra kaldt vårvær, over en varm sommer, og sist en kald høst. Det kan også nevnes at hvis man tar høyde for de tilfeldige effektene av lokalitet og ukenummer (dvs. bruker kondisjonal R2), kan modellen forklare betydelig mer av variasjonen, nærmere bestemt 73.7 %. Med andre ord kan vi forklare 73.7 % av variasjonen i en av de kjente lokalitetene og innsamlingstilfellene, hvis vi også har lokale værdata, men “bare” 44.8 % av variasjonen for en ukjent (f.eks. en ny) lokalitet og tidspunkt.

Til sist, hvis man forenkler modellen, og fjerner de værvariabler som ser ut å være mindre viktige (variablene som overlapper med 0 i [Figur 53](#fig-var-mod)), så er forklaringsevnen uforandret. Denne mindre værmodellen danner grunnlaget for etterfølgende modeller.

### 8.4.2 Effekter av vær utenfor innsamlingsperiodene

Den studien som kanskje har gjort mest for å sette fokus på insekters tilbakegang er Hallmann et al. (2017). I vernede områder i Tyskland hadde insektbiomassen blitt redusert med 75 % over en periode på 27 år.

I 2023 argumenterte Müller et al. (2023) for at den nedadgående trenden vist av Hallmann et al. (2017) i stor grad kunne forklares av ekstreme værforhold utenfor sommermånedene. Ved å erstatte den årlige trenden med 12 parametere for værforhold utenfor innsamlingsperioden, kunne de forklare omtrent like mye variasjon som den opprinnelige modellen. Fremfor alt mente de at temperaturen og nedbøren i løpet av vintermånedene var viktige forklaringsfaktorer til nedgangen på 2000 og 2010-tallet. Dette kunne også forklare hvorfor biomassen tok seg opp igjen i årene etter, da det var mer gunstige værforhold. De fant også at været på våren (april) samt forrige års vår (april) var viktige, og at været ett år tidligere, regnet fra hvert innsamlingstilfelle, spilte en viktig rolle for insektbiomassen.

Det er kanskje ikke så uventet at 12 parametere til sammen kan forklare like mye variasjon som 1 parameter (tidstrenden). Men Müller et al. gjennomførte også en slags validering av modellen på nye data. Denne viste at de “nye” værparameterne, estimert på historiske data fra Hallmann et al. (2017) var positivt korrelert med biomassen i en ny periode, med en tilsynelatende høy korrelasjonskoeffisient på 0.61. Men denne “validering” er ikke så overbevisende. For det første er korrelasjonskoeffisienten (Spearman) ikke sammenlignbar med f.eks. R2-verdier fra selve modellen. Som eksempel på dette viser vi i [Figur 54](#fig-logg-sub-mod-corr) tilsvarende korrelasjonstall samt R2-verdi for den forenklede modellen av værlogger-data (fet stil i [Figur 53](#fig-var-mod)). Her bruker vi altså, likt Müller et al., summen av modellparametrene som modellprediksjon, og korrelerer det med log(biomasse). Denne forenklede vær-modell hadde som nevnt en R2-verdi på 0.45, mens Spearman-rank koeffisienten er hele 0.72. Müller sin korrelasjonskoeffisient på 0.61 kan derfor være konsistent med en betydelig lavere R2-verdi.

For det andre er været *i løpet av* innsamlingsperioden også inkludert i denne validering, og det er ikke uventet at dette påvirker fangsten. Til sist måler værparametrene til Müller et al. (2023) forskjellen i været sammenlignet med historiske trender. Hvis poenget til artikkelen er at været nå har gått tilbake til “normale” forhold, og at insektforekomstene derfor har gått tilbake til “normalen”, så ville forskjellen mellom nåværende vær og historiske middeltall nå i stor grad være borte. Det gir derfor liten mening i å vise en korrelasjon mellom denne (lille) forskjell i vær og nåtida insektforekomster.

|  |
| --- |
| Figur 54: Korrelasjon mellom værvariabler i den forenklete modellen av værloggerdata og log biomasse. Marginal R2-verdi fra modellen og Spearman rank (rho) fra korrelasjonen for sammenligning. |

Denne kritikk til tross er grunnidéen til Müller et al. interessant og det er absolutt meningsfylt å teste effekten av været utenfor innsamlingsperioden på insektbiomassen. Vi gjentar derfor en variant av analysen med data fra den norske insektovervåkingen. Vi bruker her interpolerte værdata fra met.no på 1 x 1 km skala, tilsvarende de som ble brukt i Müller et al., men gjør noen tilpassinger. I steden for å bruke været i april bruker vi været i mai, for å ta høyde for en senere vår i Norge, enn i Sør-Tyskland. I tillegg bruker vi “råverdiene” av værvariablene, i steden for å beregne “vær-anomalier” (definert som forskjellen fra et 30 årig gjennomsnitt per lokalitet). For det første er det ikke opplagt at klimaforholdene har forandret seg like mye i Norge som i Tyskland i denne perioden. For det andre påvirkes insektene ikke direkte av eventuelle *forskjeller* i været sammenlignet med historiske gjennomsnitt, men av selve været. Det er derfor bedre - og enklere å tolke - å se på den effekten av vær direkte.

Vi legger til disse nye forklaringsvariabler - det vil si været utenfor innsamlingsperioden- til de værvariabler fra innsamlingsperioden som viste seg å være viktige i analysen ovenfor (dvs uthevede parametrene i [Figur 53](#fig-var-mod), eller den mindre modellen referert til over). Da geografisk region korrelerer sterkt med været på vinteren, som vi nå vil undersøke, er region utelatt fra disse nye analysene.

|  |
| --- |
| Figur 55: Parameterestimat fra modell over værforhold utenfor innsamlingsperioden. Avhengig variabel er biomasse insekter per dag (avrunnen våtvekt (g/dag)). Feillinjer viser 95 % konfidensintervall, og parametere i fetstil angir de som ikke overlapper med 0. Estimatene for variablene for værforhold under innsamlingsperioden var lite påvirket av de nye variablene og vises ikke her, for å forenkle figuren. |

[Figur 55](#fig-anom-mod) viser parameterestimatene til denne modellen. Merk at værvariablene fra den tidligere modellen ikke vises, for å gjøre figuren lettere å lese. Flere av variablene ser ut å være relativt sterkt assosiert med insektbiomassen. Først og fremst er mer nedbør på vinteren assosiert med høyere insektbiomasse, men den positive effekten synker jo høyere vintertemperaturen er. Dette kan tolkes som at et kraftig snødekke øker overlevelsen av insektene gjennom vinteren, mens nedbør som regn (eller tøvær) senker overlevelsen. Værforholdene på våren ser også ut til å ha en sterk påvirkning. Her er nedbør i mai eller varme temperaturer forbundet med lavere insektbiomasse, men effekten ser ut til å være svakere hvis nedbøren og varmen inntreffer samtidig. Det kunne tolkes som at snø i mai er dårlig, liksom varmt og tørt vær, men at det går bedre med en varm vår hvis man samtidig har nedbør.

Temperaturen ett år før innsamlingen ser også ut til å ha en tydelig positiv effekt, men effekten synker med økende nedbørsmengde i samme periode. Alternativt viser det at det er dårlig med regn året før, hvis det samtidig er kaldt. Effekten av været på våren året før er mer usikker, men det kan hende at en lengre tidsserie hadde gitt andre resultater.

Ved å inkludere disse værvariabler minker den negative tidstrenden fra -11.27 % hvert år (i modellen med bare værvariabler under innsamlingsperioden), til -5.14 % hvert år. Forklaringsgraden av modellen blir også høyere ved å inkludere disse værvariablene, fra 45 % til hele 60 % (ikke medregnet tilfeldige effekter), og AIC minker betydelig (). Været utenfor innsamlingsperiodene ser derfor ut å være viktige forklaringsvariabler for insektbiomassen. Estimatene fra denne modell er ikke helt sammenlignbare med de fra Müller et al. (2023), ettersom de modellerte avviket i variablene fra historiske nivåer mens vi modellerer kun det nåværende været. Likevel er det slående at vinterværet kommer ut som de viktigste forklaringsvariablene i begge modeller, og at effektene går samme vei.

I tillegg ser været om våren ut til å ha vedvarende effekter på insektbiomassen gjennom hele sesongen, og været i løpet av innsamlingsperioden ser ut til å påvirke også insektforekomstene året etter. En slik vedværende effekt fra forrige år kan tolkes som et produkt av reproduksjonen og larveoverlevelse året før, mens vårværet er en del av vinteroverlevelsen. Det er viktig å huske på at fellene bare faner voksne individer, med en begrenset flygetid. Tiden delever som larve er normalt mye lengre enn tiden de lever som voksne.

Været på vinteren, våren, og året før innsamlingen ser ut å kunne forklare noe, men ikke alt av nedgangen i insektbiomasse de siste 4 årene, da estimatet på trenden minker, men ikke forsvinner helt. Det er også sannsynlig at både vinterværet og vårværet vil ha bestandige endringer i fremtiden (dvs klimaendringer), og at disse faktorer derfor vil fortsette påvirke insektmengdene. Derfor virker det relevant å gjenta og utvikle slike analyser i fremtiden.

### 8.4.3 Viktige variabler for biomasse i Skogslokaliteter

Vi testet også hvilke andre av de innsamlede miljøvariablene som kunne forklare biomassen. Dette ble gjort gjennom en multippel regresjon der også de lokale værvariabler som viste seg være betydningsfulle var inkludert ([Figur 53](#fig-var-mod)). Dette betyr at vi tester miljøvariablene på landskapsnivå, samtidig som vi tar høyde for været ved hver felle. I likhet med modelleringen med kun værdata, brukte vi skalerte variabler, slik at størrelsen på parameterestimatene kan sammenlignes. Vi splittet opp analysen med separate modeller for skog og semi-naturlig mark. Dette var gjort for å undersøke ulike forklaringsvariabler i de to habitatene, samt for å kunne inkludere alle data som var samlet inn i hvert habitat.

Tabell 7: Parameterestimat fra modell over insektbiomasse i skogslokaliteter. Værvariabler ikke vist.

| Parameter | Estimate.norm | Estimate | Std. Error | t value |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| AR5-arealtype: PCA-akse 1 | 0.874 | -0.135 | 0.241 | -0.558 |
| AR5-arealtype: PCA-akse 2 | 1.030 | 0.030 | 0.137 | 0.219 |
| AR5-arealtype: Shannon indeks | 1.022 | 0.022 | 0.352 | 0.063 |
| AR5-arealtype: lineære elementer | 1.040 | 0.040 | 0.196 | 0.203 |
| AR5-skog: PCA-akse 1 | 0.960 | -0.041 | 0.218 | -0.189 |
| AR5-skog: PCA-akse 2 | 0.674 | -0.395 | 0.151 | -2.612 |
| ANO: artsantall karpl. | 1.132 | 0.124 | 0.103 | 1.199 |
| ANO: dekningsgrad karpl. | 0.892 | -0.114 | 0.111 | -1.030 |
| Landsskog: skogalder | 0.953 | -0.048 | 0.100 | -0.480 |
| Dom. treslag: Dunbjørk | 0.885 | -0.122 | 0.555 | -0.219 |
| Dom. treslag: Furu | 1.081 | 0.078 | 0.509 | 0.154 |
| Dom. treslag: Gran | 1.079 | 0.076 | 0.502 | 0.152 |
| Dom. treslag: Hengebjørk | 1.895 | 0.639 | 0.624 | 1.024 |
| Dom. treslag: Selje | 1.281 | 0.247 | 0.608 | 0.407 |
| År | 1.205 | 0.187 | 0.148 | 1.258 |

|  |
| --- |
| Figur 56: Parameterestimat fra modell over insektbiomasse i skogslokaliteter. Værvariabler ikke vist. |

[Tabell 7](#tbl-forest-mod) og [Figur 56](#fig-forest-mod) viser parameterestimater fra modellen av insektbiomasse i skog. Som i tidligere år har flere forklaringsvariabler usikker betydning. De fleste variabler har en lav estimert effekt og/eller mye usikkerhet. Bildet av hva som påvirker insektbiomassen i skog har forandret seg noe, da vi har fått flere år med data. Skogalder er nå en mindre sikker indikasjon på insektmengdene. Skogalder hadde særlig en sterk (negativ) påvirkning på insektbiomasse de 2 første årene, men denne effekten ser altså ikke ut til å være gjeldende.

Den variabel som har klarest samband med insektbiomasse i skog er Skog-PCA-akse 2 (Impediment / ikke tresatt, se [Kapittel 7.5](#sec-gisdata)). I tillegg ser det muligens ut til å være en forskjell mellom skoger av ulike treslag, der særlig furuskoger og hengebjørkskoger har høy insektbiomasse. Denne effekten er dog statistisk usikker.

Vi så i [Kapittel 7.3](#sec-var) at fellene i skog generelt fanger mindre insektbiomasse enn de i semi-naturlig mark. Her i modellen kun for skog, ser det ut som at biomassen øker jo mer landskapet ligner på åpen mark. I landskap med lite skog (mer jordbruksmark, lite tresatt), og (muligens) i skoger med treslag med mer åpen trekrone, ser vi høyere insektbiomasse. Dette kan også gjenspeile en høyere flygeaktivitet i åpnere omgivelser, med mindre tett skog, hvilket vil fanges opp i feller som fanger flygende insekter.

Modellen av biomasse i skogslokalitetene hadde en R2-verdi på 55.4% (marginal R2, dvs ikke gitt lokalitet-id). Vi ser ikke noen klar tidstrend i dette økosystem, etter å ha tatt høyde for de andre forklaringsvariablene. Tidstrenden i råverdiene for skog er også svak i [Figur 50](#fig-biomass-year-hab).

### 8.4.4 Viktige variabler for biomasse i semi-naturlig mark

For semi-naturlig mark gjentok vi modelleringen på samme måte som for skog. Forskjellen er at vi her ikke har landskogstakseringsdata, og at ANO-dataene er mer usikkere da de bare kommer fra en ANO-sirkel, mot 18 i skogslokalitetene. Vi har også data fra flere geografiske regioner, med varierende antall år per region.

Tabell 8: Parameterestimat fra modell over insektbiomasse i semi-naturlig mark Værvariabler ikke vist.

| Parameter | Estimate.norm | Estimate | Std. Error | t value |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| AR5-arealtype: PCA-akse 1 | 1.009 | 0.009 | 0.089 | 0.104 |
| AR5-arealtype: PCA-akse 2 | 1.073 | 0.070 | 0.084 | 0.840 |
| AR5-arealtype: Shannon indeks | 0.896 | -0.110 | 0.092 | -1.187 |
| AR5-arealtype: lineære elementer | 1.037 | 0.037 | 0.065 | 0.570 |
| AR5-skog: PCA-akse 1 | 1.014 | 0.014 | 0.091 | 0.150 |
| AR5-skog: PCA-akse 2 | 0.900 | -0.105 | 0.067 | -1.579 |
| ANO: artsantall karpl. | 1.024 | 0.023 | 0.056 | 0.420 |
| ANO: dekningsgrad karpl. | 1.107 | 0.102 | 0.062 | 1.648 |
| Sørlandet | 0.897 | -0.109 | 0.151 | -0.718 |
| Trøndelag | 1.464 | 0.381 | 0.136 | 2.809 |
| Nord-Norge | 1.155 | 0.144 | 0.202 | 0.714 |
| År | 0.793 | -0.232 | 0.070 | -3.321 |

|  |
| --- |
| Figur 57: Parameterestimat fra modell over insektbiomasse i semi-naturlig mark. Værvariabler ikke vist. |

[Tabell 8](#tbl-seminat-mod) og [Figur 57](#fig-seminat-mod) viser modellresultatene for insektbiomasse i semi-naturlig mark. For forklaring av PCA-aksene, se [Kapittel 7.5](#sec-gisdata). Som tidligere år er det flere variabler som fortsatt har en statistisk usikker effekt. Flere av disse forklaringsvariablene er også korrelert med hverandre, og det er ikke helt rett frem å tolke effektestimatene økologisk fra en slik modell.

Selv i denne modellen, som inkluderer mange mulige forklaringsfaktorer, gjenstår det en negativ trend av biomassen over tid (variabelen År). I tillegg er det forskjell mellom de ulike landsdelene, der Trøndelag ligger klart høyere enn referansenivået Østlandet. Sørlandet har noe lavere biomasse enn Østlandet, og Nord-Norge noe høyere, men disse effektene er statistisk usikre.

Den beste modellen for biomasse i semi-naturlig mark hadde en R2-verdi på 47% (marginal R2, dvs ikke gitt lokalitet-id). Ved å inkludere disse forklaringsvariablene på landskapsnivå forklarer vi altså altså bare marginalt mer av variasjonen i biomasse enn vær-modellen, og mindre enn modellen for skog.

## 8.5 Forklaringer av artssamfunn

Insektsamfunnene vi måler er svært diverse, og det er sannsynlig at ulike arter 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. Som i tidligere rapporter gjør vi en ordinasjonsanalyse (NMDS) ved hjelp av pakken vegan (Oksanen et al. 2020) på artsamfunnet. Vi deler opp analysen i to deler; først ser vi på effekter av habitatstype og tømmetilfelle på Østlandet, den eneste regionen med 2 forskjellige habitatstyper, etter det ser vi på regionale forskjeller hos semi-naturlig mark over hele landet.

Hovedmønsteret på Østlandet i 2023 er det samme som vi fant i tidligere år: insektsamfunnet er påvirkes kraftig av habitatstype og tidspunkten under sesongen ([Figur 58](#fig-beta-div-patterns-ost)). Vi ser at samfunnene i skog og semi-naturlig mark skiller seg godt fra hverandre (akse 2) og at det er en konsekvent trend i komposisjon i løpet av sesongen (akse 1). Forskjellene bland semi-naturlig mark i ulike regioner er forholdsvis små og artssamfunnene mellom de ulike regionene overlapper kraftig ([Figur 59](#fig-beta-div-patterns-semi)). Derimot ser man også her en tydelig forandring i artsamfunnene i løpet av sesongen (akse 1).

|  |
| --- |
| Figur 58: Ordinasjon som viser hovedmønstrene i betadiversitet i insektprøvene innsamlet på Østlandet i 2023. Punktene er farget etter innsamlingsdato og ellipsene viser et 95% konfidens-intervall for hvert habitat. |

|  |
| --- |
| Figur 59: Ordinasjon som viser hovedmønstrene i betadiversitet i insektprøvene innsamlet på i semi-naturlig mark i 2023. Punktene er farget etter innsamlingsdato og ellipsene viser et 95% konfidens-intervall for hvert habitat. Data fra Sørlandet er ikke tatt med da rutinen ikke ville finne en løsning med denne inkludert. |

Vi går så et steg videre i analysen gjennom å se på mulige forklaringsvariabler for mønster i artskomposisjon innen de to habitatene. Dette gjør vi gjennom funksjonen envfiti R-pakken vegan. Vi inkluderer (skalerte middelverdier av) temparatur, lys og luftfuktighet, de 2 NMDS-aksene fra analysen av arealtyper fra AR5, samt 2 akser fra analysen av skogskarakterer, mengden liniere element, shannon diversitet av arealtyper, dekkingsgrad av karplanter fra ANO-kartleggingen, samt antallet arter karplanter fra ANO-kartleggingen.

I store trekk ser det ut som værforholdene spiller den største rollen for variasjonen i samfunnskomposisjon. Flere av de andre variablene ser også ut å være viktige, men tilsammen ser de ut å gjenspeile forskjellen i mengde fulldyrka mark (ar5\_PC2) kontra andre landskapsegenskaper ([Figur 60](#fig-betadiv-pattern-semi-nat)). [Figur 61](#fig-betadiv-pattern-ost) viser tilsvarende figur for både semi-naturlig mark og skog på Østlandet.

|  |
| --- |
| Figur 60: Ordinasjon som viser sammenheng mellom forklaringsvariabler og mønster i samfunnskomposisjon i semi-naturlig mark. Solide linjer viser signifikante sammenhenger med forklaringsvariabler. Data fra Sørlandet er ikke tatt med da rutinen ikke ville finne en løsning for hele datasettet. |

|  |
| --- |
| Figur 61: Ordinasjon som viser sammenheng mellom forklaringsvariabler og mønster i samfunnskomposisjon på Østlanet. Solide linjer viser signifikante sammenhenger med forklaringsvariabler. |

## 8.6 Funn av rødlistede arter (fra 2020 til 2023)

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. Vi inkluderer også kategorien RE da det faktisk ble gjort et funn av en RE-art i 2021 og 2022, som ble verifisert morfologisk i 2024 av Kai Berggren. Det var gressmøllen *Elachista quadripunctella* som ikke var funnet i Norge siden 1934. Larven lever på frytle, og både Engfrytle og Hårfrytle ble registrert på lokaliteten gjennom ANO-kartleggingen.

Vi viser bare de artsfunn som er identifisert med “høy” sikkerhet, for å redusere feil. Merk at ikke noen kritisk truet art (CR), ble identifisert med høy sikkerhet. Merk også at de fleste av disse artsbestemmelsene ikke er kontrollert morfologisk, og derfor 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. Tabellene i vedlegg II lister NT-artene (nær truet), og de 171 truede artene (VU, EN, CR + RE) som overvåkingsprosjektet har observert så langt. 115 truede arter er funnet i skogslokalitetene og 136 i semi-naturlig mark. De fleste artene er sjeldent observert, men enkelte arter forekommer i mange av lokalitetene vi har besøkt. Derfor observerer vi som oftest minst noen truet art på hver lokalitet. Så langt har vi funnet truede arter (VU-RE) i 139 av de 140 lokalitetene vi har undersøkt.

[Figur 62](#fig-redlist-map) 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 arter 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 63](#fig-redlist-map-expl) viser funnene av truede arter i forhold til den viktigste påvirkningsfaktoren i rødlisten for 2021. Rødlisten inneholder en rekke 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 64](#fig-redlist-detection) 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 62: 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 er bekreftet morfologisk av Kai Berggren. Ingen CR arter ble identifisert med ‘høy’ sikkerhet. |
| Figur 63: 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 64: 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 er bekreftet morfologisk av Kai Berggren. Ikke noen CR arter ble identifisert med ‘høy’ sikkerhet. |

## 8.7 Funn av fremmede arter (fra 2020 til 2023)

Dette overvåkingsprogrammet er den største sammenhengende innsamlingen av insekter i Norge, og har praktisk mulighet å identifisere mye høyere antall arter enn tidligere gjennom sitt bruk av metastrekkoding. Derfor er det ikke uventet at prosjektet vil finne 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. Denne del av prosjektet handler derfor mest om å tette kunnskapshull, og mindre om å observere nylig etablerte arter, selv om det også vil kunne skje.

Det er ikke mulig for oss å skille mellom nye fremmede arter og stedegne arter som ikke har blitt registrert tidligere. På grunn av det store antallet arter er vi også nødt til å bruke offentlig tilgjengelige artslister, selv om enkelte eksperter kan være kjent med at noen av artene er tidligere observert i landet. Vi observerer også arter som er registrert på fremmedartslisten, som enten SE, HI, LO, PH eller LO i risikovurdering, som per definisjon er fremmede arter. [Tabell 9](#tbl-no-species-order) 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 positiver, eller bestemt til feil art. Enkeltstående funn av fremmede eller potensielt fremmede arter bør derfor vurderes kritisk. Som for rødlistede arter, viser vi kun arter med “høy” identifikasjonssikkerhet.

[Figur 65](#fig-non-native-species-kat) viser hvor artene som ikke er kjent fra Norge er blitt observert. Så langt har vi ikke observert fremmede arter i Trøndelag. [Figur 66](#fig-alien-detection) 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 9: Antall taksa og arter påvist med DNA-metastrekkoding av alle felleprøver i 2020 - 2023 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’ konfidens 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 | 134 | 100 | 99 | 0 | 0 | 1 |
| Arthropoda | Arachnida | Mesostigmata | 5 | 3 | 3 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Arachnida | Opiliones | 7 | 5 | 4 | 1 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Arachnida | Sarcoptiformes | 6 | 3 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| Arthropoda | Arachnida | Trombidiformes | 27 | 15 | 11 | 0 | 2 | 2 |
| Arthropoda | Arachnida | Ukjent | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Chilopoda | Lithobiomorpha | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Collembola | Entomobryomorpha | 24 | 16 | 16 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Collembola | Poduromorpha | 7 | 6 | 5 | 0 | 0 | 1 |
| Arthropoda | Collembola | Symphypleona | 9 | 7 | 7 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Collembola | Ukjent | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Blattodea | 3 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Coleoptera | 647 | 504 | 482 | 10 | 10 | 1 |
| Arthropoda | Insecta | Dermaptera | 3 | 2 | 2 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Diptera | 9122 | 3361 | 2990 | 4 | 287 | 83 |
| Arthropoda | Insecta | Ephemeroptera | 29 | 25 | 21 | 0 | 3 | 1 |
| Arthropoda | Insecta | Hemiptera | 634 | 339 | 301 | 5 | 11 | 21 |
| Arthropoda | Insecta | Hymenoptera | 5260 | 1418 | 1281 | 2 | 77 | 58 |
| Arthropoda | Insecta | Lepidoptera | 1247 | 950 | 927 | 0 | 11 | 10 |
| Arthropoda | Insecta | Mecoptera | 2 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Neuroptera | 44 | 31 | 30 | 0 | 0 | 1 |
| Arthropoda | Insecta | Odonata | 4 | 4 | 4 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Orthoptera | 376 | 17 | 12 | 0 | 2 | 5 |
| Arthropoda | Insecta | Plecoptera | 22 | 18 | 18 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Psocoptera | 41 | 34 | 30 | 0 | 3 | 1 |
| Arthropoda | Insecta | Raphidioptera | 3 | 3 | 3 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Strepsiptera | 2 | 2 | 1 | 0 | 1 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Thysanoptera | 15 | 10 | 9 | 0 | 0 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Trichoptera | 89 | 68 | 67 | 0 | 1 | 0 |
| Arthropoda | Insecta | Ukjent | 2924 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
|  |  | Sum | 20690 | 6944 | 6327 | 22 | 408 | 186 |
| 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. | | | | | | | | |

A map of norway with orange dots

Description automatically generated

Figur 65: Insektarter uten tidligere kjent forekomst i Norge i offentlige digitale kilder, registrert i overvåkingen i 2020-2023. Fennoskandisk forekomst baseres på registreringer i GBIF. Potensielt fremmede arter er arter som ikke er registrert observert i Norge eller Fennoskandia. Observasjonene er basert på DNA-metastrekkoding og er ikke morfologisk

|  |
| --- |
| Figur 66: 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. |

## 8.8 Diversitet

Dette overvåkingsprogram er ikke er beregnet for å kartlegge alle landets insektarter, men heller å overvåke tilstedeværelsen av insekter over et stort areal. Likevel fanger vi opp en stor diversitet i fellene, men der svært mange av artene forekommer bare et fåtall ganger på hver lokalitet, og bare i noen få lokaliteter. Dette er karakteristisk for overvåkingsopplegg av insekter, der man ofte har hyperdiverse samfunn.

Tabell 10: Totalt antall identifiserte taksa fra overvåkingen i 2020-2023.

| År | Habitat-type | Region | Antall arter |
| --- | --- | --- | --- |
| 2020 | Semi-nat | Østlandet | 10220 |
| 2020 | Skog | Østlandet | 7695 |
| 2021 | Semi-nat | Trøndelag | 8657 |
| 2021 | Semi-nat | Østlandet | 11284 |
| 2021 | Skog | Østlandet | 10272 |
| 2022 | Semi-nat | Sørlandet | 6680 |
| 2022 | Semi-nat | Trøndelag | 7160 |
| 2022 | Semi-nat | Østlandet | 9075 |
| 2022 | Skog | Østlandet | 8166 |
| 2023 | Semi-nat | Nord-Norge | 6048 |
| 2023 | Semi-nat | Sørlandet | 6479 |
| 2023 | Semi-nat | Trøndelag | 7537 |
| 2023 | Semi-nat | Østlandet | 9033 |
| 2023 | Skog | Østlandet | 6674 |
| Alle | Alle | Alle | 20691 |

[Tabell 10](#tbl-div-tab) 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.

Ennå har vi ikke komplette data fra hver region, så generaliseringer må gjøres med omhu. Etter 4 års innsamling kan vi dette til tross være ganske sikre på at Østlandet er mer artsrik enn Trøndelag, og at semi-naturlig mark er mer artsrik enn skog ([Figur 67](#fig-richness-locality)). Sørlandet og Nord-Norge ser ut å være mindre artsrike enn de både Østlandet og Trøndelag, men her har vi fortsatt kun 2 respektive 1 års data. Den lavere diversiteten i 2020 er sannsynligvis påvirket av at vi brukte en eldre sekvenseringsmaskin det året (se mer i [Kapittel 4](#sec-dna)). Vi estimerer per i dag det totale antallet arter i de 140 lokalitetene vi har undersøkt til 20691. Merk at dette artsantallet er svært høyt sammenlignet med det totale antallet kjente insektarter i hele Norge, som per i dag er ca. 19 500.

Usikkerheten på dette estimatet er vanskelig å kvantifisere. Den er først og 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 oppdaterte vi referansebasen i 2022, hvilket ga oss mulighet å klassifisere ytterligere 18 301 ASVer som insekter, sammenlignet med en tidligere versjon. Dette viser hvor ekstremt viktig referansebasen er, og at strekkoding av norske arter er en kjernevirksomhet i den nasjonale insektovervåkingen.

|  |
| --- |
| Figur 67: Totalt observert artsantall per lokalitet. Merk at DNA-metastrekkodingsrutinen ble oppdatert i 2021 og at dette kan forklare der lavere artsantallet i 2020. |

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 til stede 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 68: Oppmålt og estimert totalt artsantall (Chao) i malaisefeller i de undersøkte regionene. Merk at ekstrapoleringen forutsetter en perfekt deteksjonsevne. Usikkerhetene rundt estimatene er så små at de dekkes av linjene. |

[Figur 68](#fig-div-est) 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 69](#fig-spec-occ) 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 69: Rangering av i hvor mange felleprøver de ulike insektartene er blitt funnet. |

### 8.8.1 Oppdeling av biodiversitet i , , komponenter.

Vi ser her nærmere på de hierarkiske nivåene som artsmangfoldet kan deles opp i. Metodikken og resultatene er i stort sett de samme som tidligere år (Åström et al. 2023). diversitet (gamma-diversitet) er betegnelsen på den totale diversiteten i et område, diversiteten (beta-diversitet) betegner forskjellen i diversitet mellom ulike lokaliteter, og diversitet (alfa-diversitet) er betegnelsen på diversiteten i en enkelt lokalitet. I denne sammenhengen definerer vi nivåer som diversiteten i en lokalitet i en fellesesong. diversiteten er den totale diversiteten i en region, og diversitet er da forskjellen i biodiversitet mellom lokaliteter.

Vi bruker pakken vegan for å partisjonere artsantall i regional, inter-lokalitet og lokalitetsnivå (Oksanen et al. 2020). Vi bruker den multiplikative definisjonen av diversitet: der = lokalitet-ID. [Tabell 11](#tbl-div-part-tab) viser fordelingen av diversiteten i , og komponenter, og et resultat av en 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 11](#tbl-div-part-tab) viser at vi observerer en noe mindre diversitet enn hva som tilsvarer en tilfeldig fordeling av arter. Artssamfunnene er altså noe mer like enn hva man hadde forventet seg ved rent tilfeldig fordeling av arter.

og nivåer i [Tabell 11](#tbl-div-part-tab) er middelverdier beregnet over alle lokaliteter. I disse analysene bruker vi insektdata fra både malaisefeller og vindusfeller.

Tabell 11: Randomiseringstest av alpha, beta og gamma-komponenter av diversitet (N = 999).

| Nivå | Målt verdi | Stand. Effekt | Forventet verdi | Prob (sim) |
| --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 2480.857 | 330.903 | 2074.485 | 0.001 |
|  | 8.330 | -276.714 | 9.962 | 0.001 |
|  | 20666.000 | 0.000 | 20666.000 | 1.000 |

### 8.8.2 Kilder til diversitet

diversitet er altså et mål på forskjellen i artssamfunn mellom ulike lokaliteter. Disse forskjellene i artssamfunn kan forklares ved to årsaker. Enten ved at ulike lokaliteter inneholder ulike antall arter. De mer artsrike lokalitetene kan da inneholde alle de arter 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 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 diversiten et resultat av begge disse “mønstrene”. Vi kan kvantifisere bidraget fra både nestedness og species turnover til den totale 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.

diversiteten i dette datasettet forklares nesten helt av artsomsetning ([Tabell 12](#tbl-beta-tab)), 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 utelukking av noen arter som ikke klarer å leve hvisse områder, for eksempel i en nord-sør gradient. Tendensen med dominans av species turnover har blitt større og større jo flere år med data vi har lagt til i denne analyse. En økt species-turnover er riktignok forventet når vi inkluderer nye regioner der artssamfunnene kan forventes å være ulike, men en så ekstrem dominanse av species-turnover som denne kan ikke skylles regionale forskjeller.

Det er da mer trolig at den store dominansen av species-turnover er en gjenspeiling av den tilfeldige forekomsten av mange arter i enkelte feller (og dermed lokaliteter). 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 observeres (se [Figur 69](#fig-spec-occ)). 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 artssomsetningsmønsteret 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 12: Komponenter i oppmålt beta-diversitet mellom lokalitetetene i overvåkingen. beta\_SIM står for ‘species turnover’, beta\_NES for ‘nestedness’ og beta\_SOR for den totale beta-diversiteten.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 99.33 | 0.67 | 100 |

### 8.8.3 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 70](#fig-skog-ost-dist-beta) 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 (artssomsetning), men 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-naturlig mark der vi har totalt 100 lokaliteter og spenner over lengre avstand ([Figur 71](#fig-semi-nat-dist-beta)).

|  |
| --- |
| Figur 70: Oppdeling av diversitet i turnover og nestedness, og sammenheng med avstand mellom lokaliteter. Skogslokaliteter på Østlandet, alle felletyper. |
| Figur 71: Oppdeling av diversitet i turnover og nestedness, og dess sammenheng med avstand mellom lokaliteter. Semi-naturlig mark (kun malaisefeller) på Østlandet, Sørlandet, Trøndelag, og Nord-Norge. |

### 8.8.4 Genetisk diversitet – variasjon innen arter

DNA-metastrekkoding gir store mengder data, og lar oss bestemme hundrevis av insekter fra malaisefeller 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 enkelt art varier over ulike geografiske avstander (populasjonsgenetikk).

[Figur 72](#fig-haplotype-kart) viser de tre artene med flest DNA-kopier innenfor hver av ordenene sommerfugler (Lepidoptera), biller (Coleoptera), tovinger (Diptera) og vepser (Hymenoptera). For noen arter ser vi i en kraftig dominanse av én haplotype over store områder, se for eksempel darwinvepsen *Plectiscidea hyperborea* eller sommerfuglmyggen (tovinge) *Phychoda phalaenoides*. For andre arter ser vi større regionale forskjeller i genetiske varianter, for eksempel Olivenprydvikler (sommerfugl) *Celypha lacunana* eller bløtvingen (bille) *Malthodes fuscus*. 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. Forskjeller i antall genetiske varianter mellom arter kan også påvirkes av alderen på artene, der unge arter har hatt mindre tid å samle på seg genetisk variasjon, eller at populasjonene har gjennomgått en genetisk flaskehals med lave populasjoner i historisk tid.

[Figur 73](#fig-poll-haplotype-kart) viser tilsvarende figur for et utvalg av insektfamilier som fungerer som pollinatorer. Honningbien *Apis mellifera* forekommer utelukkende der den holdes som husdyr av birøktere, og har derfor en svært variabel og iblant svært tett forekomst. Den genetiske variasjonen gjenspeiler her avling av bestemte genetiske linjer, der den genetiske variasjonen kan være viktig for motstandskraft mot sykdommer og varroa-midd (Espregueira Themudo et al. 2020). Lys jordhumle (*Bombus lucorum*) , og kilejordhumle (*Bombus cryptarum*) er eksempler på arter som er vanskelig å skille i felt. De samles ofte i artskomplekset *Bombus sensu strictu*, og skilles sjelden ut som her. Konsentrasjonen av *Bombus cryptarum* til høyereliggende områder samsvarer med kjente utbredelsesmønstre. De to sommerfuglfamiliene nymfevinger og glansvinger inneholder flere av de mest vanligste dagsommerfuglene i landet, for eksempel nymfevingene neslesommerfugl og dagpåfugløye, og blåvinger og gullvinger blant glansvingene. Her representeres de henholdsvis av bland annet Rødflekket perlemorvinge (*Boloria euphrosyne*) og Fløyelsringvinge (*Erebia ligea*), samt Brun blåvinge (*Eumedonia eumedon*) og Engblåvinge (*Cyaniris semiargus*). De vanligste blomsterfluene forekommer over større regioner, men oppviser ikke like stor genetisk variasjon som de mest vanlige av de øvrige fluene.

Med flere års data vil vi kunne se om disse mønstrene opprettholdes og vi vil kunne lage slike haplotype kart over intraspesifikk genetisk variasjon for svært mange av de insektarter vi finner i overvåkingen. 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, eller så kalt kryptisk invasjon av fremmede haplotyper. 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.

På nettsiden til prosjektet kan man se nærmere på disse kart for en tilfeldig valgt art (se [Kapittel 9](#sec-nettside)).

|  |
| --- |
| Figur 72: 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 73: 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. |

# 

# 9. Dataleveranse til GBIF og dokumentasjon av analyser

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

Denne rapport er skriven i programmet R, og skript for analysene 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>

# 10. 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.) |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 1 | Semi-nat\_01 | Semi-nat | Østlandet | 2932 | 1788.53 | NA |
| 1 | Semi-nat\_02 | Semi-nat | Østlandet | 1213 | 1003.88 | NA |
| 1 | Semi-nat\_03 | Semi-nat | Østlandet | 1554 | 990.94 | NA |
| 1 | Semi-nat\_04 | Semi-nat | Østlandet | 3090 | 1527.58 | NA |
| 1 | Semi-nat\_05 | Semi-nat | Østlandet | 4137 | 2083.81 | NA |
| 1 | Semi-nat\_06 | Semi-nat | Østlandet | 2261 | 1437.46 | NA |
| 1 | Semi-nat\_07 | Semi-nat | Østlandet | 1804 | 1143.17 | NA |
| 1 | Semi-nat\_08 | Semi-nat | Østlandet | 2640 | 1816.59 | NA |
| 1 | Semi-nat\_09 | Semi-nat | Østlandet | 1996 | 990.72 | NA |
| 1 | Semi-nat\_10 | Semi-nat | Østlandet | 3870 | 2154.98 | NA |
| 1 | Skog\_01 | Skog | Østlandet | 1311 | 666.59 | NA |
| 1 | Skog\_02 | Skog | Østlandet | 3181 | 1897.74 | NA |
| 1 | Skog\_03 | Skog | Østlandet | 1821 | 1072.92 | NA |
| 1 | Skog\_04 | Skog | Østlandet | 1281 | 517.79 | NA |
| 1 | Skog\_05 | Skog | Østlandet | 1864 | 939.53 | NA |
| 1 | Skog\_06 | Skog | Østlandet | 949 | 667.34 | NA |
| 1 | Skog\_07 | Skog | Østlandet | 2433 | 1192.50 | NA |
| 1 | Skog\_08 | Skog | Østlandet | 1290 | 686.94 | NA |
| 1 | Skog\_09 | Skog | Østlandet | 1840 | 993.48 | NA |
| 1 | Skog\_10 | Skog | Østlandet | 1668 | 972.38 | NA |
| 2 | Semi-nat\_21 | Semi-nat | Trøndelag | 3193 | 1942.01 | NA |
| 2 | Semi-nat\_22 | Semi-nat | Trøndelag | 3159 | 1713.73 | NA |
| 2 | Semi-nat\_23 | Semi-nat | Trøndelag | 2660 | 1595.46 | NA |
| 2 | Semi-nat\_24 | Semi-nat | Trøndelag | 3177 | 1756.68 | NA |
| 2 | Semi-nat\_25 | Semi-nat | Trøndelag | 3085 | 1470.06 | NA |
| 2 | Semi-nat\_26 | Semi-nat | Trøndelag | 2948 | 1419.21 | NA |
| 2 | Semi-nat\_27 | Semi-nat | Trøndelag | 1388 | 770.01 | NA |
| 2 | Semi-nat\_28 | Semi-nat | Trøndelag | 2245 | 1256.32 | NA |
| 2 | Semi-nat\_29 | Semi-nat | Trøndelag | 2660 | 1161.76 | NA |
| 2 | Semi-nat\_30 | Semi-nat | Trøndelag | 3351 | 1575.91 | NA |
| 2 | Semi-nat\_11 | Semi-nat | Østlandet | 2854 | 1770.04 | NA |
| 2 | Semi-nat\_12 | Semi-nat | Østlandet | 3167 | 2048.91 | NA |
| 2 | Semi-nat\_13 | Semi-nat | Østlandet | 2636 | 1157.68 | NA |
| 2 | Semi-nat\_14 | Semi-nat | Østlandet | 2755 | 1656.30 | NA |
| 2 | Semi-nat\_15 | Semi-nat | Østlandet | 2843 | 1767.52 | NA |
| 2 | Semi-nat\_16 | Semi-nat | Østlandet | 1914 | 1195.88 | NA |
| 2 | Semi-nat\_17 | Semi-nat | Østlandet | 4270 | 2462.93 | NA |
| 2 | Semi-nat\_18 | Semi-nat | Østlandet | 2892 | 1559.31 | NA |
| 2 | Semi-nat\_19 | Semi-nat | Østlandet | 4469 | 2724.28 | NA |
| 2 | Semi-nat\_20 | Semi-nat | Østlandet | 4398 | 2758.10 | NA |
| 2 | Skog\_11 | Skog | Østlandet | 2814 | 1475.04 | NA |
| 2 | Skog\_12 | Skog | Østlandet | 4116 | 2240.10 | NA |
| 2 | Skog\_13 | Skog | Østlandet | 2568 | 1495.47 | NA |
| 2 | Skog\_14 | Skog | Østlandet | 2276 | 1180.93 | NA |
| 2 | Skog\_15 | Skog | Østlandet | 2426 | 1289.20 | NA |
| 2 | Skog\_16 | Skog | Østlandet | 3226 | 1700.40 | NA |
| 2 | Skog\_17 | Skog | Østlandet | 2390 | 1540.13 | NA |
| 2 | Skog\_18 | Skog | Østlandet | 3998 | 2714.88 | NA |
| 2 | Skog\_19 | Skog | Østlandet | 2232 | 1288.76 | NA |
| 2 | Skog\_20 | Skog | Østlandet | 3152 | 1597.94 | NA |
| 3 | Semi-nat\_31 | Semi-nat | Sørlandet | 3322 | 2069.28 | NA |
| 3 | Semi-nat\_32 | Semi-nat | Sørlandet | 2806 | 1764.52 | NA |
| 3 | Semi-nat\_33 | Semi-nat | Sørlandet | 3194 | 2174.83 | NA |
| 3 | Semi-nat\_34 | Semi-nat | Sørlandet | 3105 | 1935.38 | NA |
| 3 | Semi-nat\_35 | Semi-nat | Sørlandet | 2107 | 1102.64 | NA |
| 3 | Semi-nat\_36 | Semi-nat | Sørlandet | 1282 | 682.65 | NA |
| 3 | Semi-nat\_37 | Semi-nat | Sørlandet | 1847 | 942.68 | NA |
| 3 | Semi-nat\_38 | Semi-nat | Sørlandet | 1500 | 716.09 | NA |
| 3 | Semi-nat\_39 | Semi-nat | Sørlandet | 1051 | 585.90 | NA |
| 3 | Semi-nat\_40 | Semi-nat | Sørlandet | 1634 | 858.22 | NA |
| 3 | Semi-nat\_51 | Semi-nat | Trøndelag | 3060 | 1844.79 | NA |
| 3 | Semi-nat\_52 | Semi-nat | Trøndelag | 2799 | 1709.77 | NA |
| 3 | Semi-nat\_53 | Semi-nat | Trøndelag | 2913 | 1542.73 | NA |
| 3 | Semi-nat\_54 | Semi-nat | Trøndelag | 2117 | 1096.18 | NA |
| 3 | Semi-nat\_55 | Semi-nat | Trøndelag | 2500 | 1346.05 | NA |
| 3 | Semi-nat\_56 | Semi-nat | Trøndelag | 2286 | 1156.61 | NA |
| 3 | Semi-nat\_57 | Semi-nat | Trøndelag | 2300 | 1025.79 | NA |
| 3 | Semi-nat\_58 | Semi-nat | Trøndelag | 2434 | 1145.51 | NA |
| 3 | Semi-nat\_59 | Semi-nat | Trøndelag | 2886 | 1470.16 | NA |
| 3 | Semi-nat\_60 | Semi-nat | Trøndelag | 1860 | 908.44 | NA |
| 3 | Semi-nat\_41 | Semi-nat | Østlandet | 3049 | 2085.43 | NA |
| 3 | Semi-nat\_42 | Semi-nat | Østlandet | 2681 | 1605.62 | NA |
| 3 | Semi-nat\_43 | Semi-nat | Østlandet | 2985 | 1961.67 | NA |
| 3 | Semi-nat\_44 | Semi-nat | Østlandet | 2817 | 1757.24 | NA |
| 3 | Semi-nat\_45 | Semi-nat | Østlandet | 2552 | 1407.08 | NA |
| 3 | Semi-nat\_46 | Semi-nat | Østlandet | 2595 | 1886.23 | NA |
| 3 | Semi-nat\_47 | Semi-nat | Østlandet | 2944 | 1993.86 | NA |
| 3 | Semi-nat\_48 | Semi-nat | Østlandet | 2526 | 1771.74 | NA |
| 3 | Semi-nat\_49 | Semi-nat | Østlandet | 2970 | 1971.70 | NA |
| 3 | Semi-nat\_50 | Semi-nat | Østlandet | 2776 | 1820.69 | NA |
| 3 | Skog\_21 | Skog | Østlandet | 2071 | 1265.62 | NA |
| 3 | Skog\_22 | Skog | Østlandet | 2181 | 1340.35 | NA |
| 3 | Skog\_23 | Skog | Østlandet | 2513 | 1822.03 | NA |
| 3 | Skog\_24 | Skog | Østlandet | 1779 | 1090.60 | NA |
| 3 | Skog\_25 | Skog | Østlandet | 2686 | 1735.61 | NA |
| 3 | Skog\_26 | Skog | Østlandet | 1924 | 1174.67 | NA |
| 3 | Skog\_27 | Skog | Østlandet | 2147 | 1314.86 | NA |
| 3 | Skog\_28 | Skog | Østlandet | 2568 | 1724.17 | NA |
| 3 | Skog\_29 | Skog | Østlandet | 1953 | 1431.77 | NA |
| 3 | Skog\_30 | Skog | Østlandet | 2368 | 1622.50 | NA |
| 4 | Semi-nat\_100 | Semi-nat | Nord-Norge | 1501 | 1024.57 | NA |
| 4 | Semi-nat\_91 | Semi-nat | Nord-Norge | 2115 | 1099.05 | NA |
| 4 | Semi-nat\_92 | Semi-nat | Nord-Norge | 2096 | 1028.65 | NA |
| 4 | Semi-nat\_93 | Semi-nat | Nord-Norge | 2403 | 1498.86 | NA |
| 4 | Semi-nat\_94 | Semi-nat | Nord-Norge | 1438 | 940.91 | NA |
| 4 | Semi-nat\_95 | Semi-nat | Nord-Norge | 2433 | 1625.84 | NA |
| 4 | Semi-nat\_96 | Semi-nat | Nord-Norge | 1800 | 893.35 | NA |
| 4 | Semi-nat\_97 | Semi-nat | Nord-Norge | 1970 | 1236.43 | NA |
| 4 | Semi-nat\_98 | Semi-nat | Nord-Norge | 2102 | 1409.89 | NA |
| 4 | Semi-nat\_99 | Semi-nat | Nord-Norge | 1791 | 1098.11 | NA |
| 4 | Semi-nat\_61 | Semi-nat | Sørlandet | 2461 | 1669.30 | NA |
| 4 | Semi-nat\_62 | Semi-nat | Sørlandet | 2368 | 1496.09 | NA |
| 4 | Semi-nat\_63 | Semi-nat | Sørlandet | 3045 | 1761.70 | NA |
| 4 | Semi-nat\_64 | Semi-nat | Sørlandet | 2222 | 1168.28 | NA |
| 4 | Semi-nat\_65 | Semi-nat | Sørlandet | 1583 | 978.80 | NA |
| 4 | Semi-nat\_66 | Semi-nat | Sørlandet | 1863 | 968.24 | NA |
| 4 | Semi-nat\_67 | Semi-nat | Sørlandet | 2368 | 1417.36 | NA |
| 4 | Semi-nat\_68 | Semi-nat | Sørlandet | 1853 | 1055.99 | NA |
| 4 | Semi-nat\_69 | Semi-nat | Sørlandet | 2041 | 1107.25 | NA |
| 4 | Semi-nat\_70 | Semi-nat | Sørlandet | 1870 | 936.12 | NA |
| 4 | Semi-nat\_81 | Semi-nat | Trøndelag | 3073 | 1936.05 | NA |
| 4 | Semi-nat\_82 | Semi-nat | Trøndelag | 2989 | 2024.89 | NA |
| 4 | Semi-nat\_83 | Semi-nat | Trøndelag | 2684 | 1640.11 | NA |
| 4 | Semi-nat\_84 | Semi-nat | Trøndelag | 2815 | 1292.81 | NA |
| 4 | Semi-nat\_85 | Semi-nat | Trøndelag | 3126 | 1832.88 | NA |
| 4 | Semi-nat\_86 | Semi-nat | Trøndelag | 2198 | 1343.25 | NA |
| 4 | Semi-nat\_87 | Semi-nat | Trøndelag | 2623 | 1613.24 | NA |
| 4 | Semi-nat\_88 | Semi-nat | Trøndelag | 2406 | 1288.19 | NA |
| 4 | Semi-nat\_89 | Semi-nat | Trøndelag | 2756 | 1480.40 | NA |
| 4 | Semi-nat\_90 | Semi-nat | Trøndelag | 2491 | 1449.80 | NA |
| 4 | Semi-nat\_71 | Semi-nat | Østlandet | 2660 | 1582.81 | NA |
| 4 | Semi-nat\_72 | Semi-nat | Østlandet | 2722 | 1507.16 | NA |
| 4 | Semi-nat\_73 | Semi-nat | Østlandet | 2677 | 1684.60 | NA |
| 4 | Semi-nat\_74 | Semi-nat | Østlandet | 2486 | 1305.03 | NA |
| 4 | Semi-nat\_75 | Semi-nat | Østlandet | 2030 | 1032.47 | NA |
| 4 | Semi-nat\_76 | Semi-nat | Østlandet | 2908 | 1708.03 | NA |
| 4 | Semi-nat\_77 | Semi-nat | Østlandet | 3092 | 1741.35 | NA |
| 4 | Semi-nat\_78 | Semi-nat | Østlandet | 3000 | 1643.81 | NA |
| 4 | Semi-nat\_79 | Semi-nat | Østlandet | 3537 | 2074.64 | NA |
| 4 | Semi-nat\_80 | Semi-nat | Østlandet | 2852 | 1877.27 | NA |
| 4 | Skog\_31 | Skog | Østlandet | 2928 | 1835.12 | NA |
| 4 | Skog\_32 | Skog | Østlandet | 2126 | 1281.92 | NA |
| 4 | Skog\_33 | Skog | Østlandet | 2581 | 1526.66 | NA |
| 4 | Skog\_34 | Skog | Østlandet | 2207 | 1417.45 | NA |
| 4 | Skog\_35 | Skog | Østlandet | 1797 | 1018.52 | NA |
| 4 | Skog\_36 | Skog | Østlandet | 2308 | 1401.24 | NA |
| 4 | Skog\_37 | Skog | Østlandet | 2420 | 1317.32 | NA |
| 4 | Skog\_38 | Skog | Østlandet | 1953 | 1189.36 | NA |
| 4 | Skog\_39 | Skog | Østlandet | 1460 | 792.18 | NA |
| 4 | Skog\_40 | Skog | Østlandet | 1681 | 1042.66 | NA |

# 

# 11. Vedlegg II. Funn av arter på rødlista

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

| Rødlistekat. | Orden | Latinsk navn | Norsk navn | Antall lokaler | Antall tilfeller |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| NT | Araneae | Cheiracanthium oncognathum | Langsabeledderkopp | 1 | 1 |
| NT | Araneae | Dipoena torva | Barkhjelmedderkopp | 11 | 16 |
| NT | Coleoptera | Aderus populneus | NA | 2 | 2 |
| NT | Coleoptera | Ampedus cinnabarinus | Stor Blodsmeller | 1 | 1 |
| NT | Coleoptera | Amphicyllis globiformis | NA | 1 | 1 |
| NT | Coleoptera | Cantharis nigra | NA | 1 | 2 |
| NT | Coleoptera | Dasytes fusculus | NA | 1 | 1 |
| NT | Coleoptera | Euglenes pygmaeus | NA | 1 | 1 |
| NT | Coleoptera | Gnorimus nobilis | Praktgullbasse | 1 | 1 |
| NT | Coleoptera | Malthinus seriepunctatus | NA | 1 | 3 |
| NT | Coleoptera | Ptinus dubius | NA | 2 | 3 |
| NT | Coleoptera | Scopaeus laevigatus | NA | 1 | 1 |
| NT | Diptera | Anatella crispa | NA | 10 | 10 |
| NT | Diptera | Beris morrisii | NA | 6 | 11 |
| NT | Diptera | Boletina atridentata | NA | 8 | 16 |
| NT | Diptera | Boletina jamalensis | NA | 1 | 5 |
| NT | Diptera | Boletina kivachiana | NA | 17 | 30 |
| NT | Diptera | Boletina subtriangularis | NA | 41 | 109 |
| NT | Diptera | Bombylius minor | Liten Humleflue | 1 | 1 |
| NT | Diptera | Brevicornu arcticoides | NA | 73 | 202 |
| NT | Diptera | Dioctria oelandica | Svartvinget Engrovflue | 3 | 3 |
| NT | Diptera | Docosia landrocki | NA | 8 | 14 |
| NT | Diptera | Docosia tibialis | NA | 25 | 42 |
| NT | Diptera | Dynatosoma dihaeta | NA | 10 | 10 |
| NT | Diptera | Dynatosoma majus | NA | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Dynatosoma silesiacum | NA | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Ectrepesthoneura nigra | NA | 6 | 7 |
| NT | Diptera | Ectrepesthoneura tori | NA | 19 | 33 |
| NT | Diptera | Epistrophe ochrostoma | Gulkinnet Skogbrynflue | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Exechia macula | NA | 6 | 6 |
| NT | Diptera | Gnoriste harcyniae | NA | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Greenomyia stackelbergi | NA | 22 | 47 |
| NT | Diptera | Hendelia beckeri | NA | 9 | 11 |
| NT | Diptera | Macrorrhyncha flava | NA | 11 | 33 |
| NT | Diptera | Mycetophila gemerensis | NA | 13 | 43 |
| NT | Diptera | Mycetophila nigrofusca | NA | 5 | 6 |
| NT | Diptera | Mycetophila pyrenaica | NA | 51 | 110 |
| NT | Diptera | Mycetophila sinuosa | NA | 91 | 265 |
| NT | Diptera | Mycetophila spectabilis | NA | 4 | 4 |
| NT | Diptera | Mycetophila triangularis | NA | 46 | 75 |
| NT | Diptera | Mycetophila trinotata | NA | 50 | 113 |
| NT | Diptera | Mycomya collini | NA | 1 | 1 |
| NT | Diptera | Mycomya humida | NA | 13 | 24 |
| NT | Diptera | Mycomya kurildisa | NA | 24 | 34 |
| NT | Diptera | Mycomya kuusamoensis | NA | 8 | 17 |
| NT | Diptera | Mycomya livida | NA | 3 | 4 |
| NT | Diptera | Mycomya pseudoapicalis | NA | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Neuratelia subulata | NA | 1 | 1 |
| NT | Diptera | Panimerus integellus | NA | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Phronia cordata | NA | 1 | 1 |
| NT | Diptera | Phronia distincta | NA | 2 | 3 |
| NT | Diptera | Phronia elegans | NA | 4 | 7 |
| NT | Diptera | Phthinia setosa | NA | 3 | 3 |
| NT | Diptera | Sciophila antiqua | NA | 11 | 12 |
| NT | Diptera | Sciophila balderi | NA | 6 | 7 |
| NT | Diptera | Sphegina elegans | Elegant Midjeblomsterflue | 1 | 1 |
| NT | Diptera | Sphegina spheginea | Fjellmidjeblomsterflue | 2 | 2 |
| NT | Diptera | Synneuron annulipes | Reliktmygg | 2 | 3 |
| NT | Diptera | Syntemna daisetsuzana | NA | 4 | 7 |
| NT | Diptera | Tetragoneura ambigua | NA | 9 | 14 |
| NT | Diptera | Tetragoneura obirata | NA | 27 | 68 |
| NT | Diptera | Trichonta clara | NA | 16 | 27 |
| NT | Diptera | Trichonta delicata | NA | 9 | 10 |
| NT | Diptera | Xylota ignava | Rød Vedblomsterflue | 5 | 5 |
| NT | Hemiptera | Hallodapus rufescens | NA | 1 | 1 |
| NT | Hemiptera | Oxycarenus modestus | NA | 1 | 1 |
| NT | Hemiptera | Psyllopsis discrepans | Liten Askegallesuger | 1 | 3 |
| NT | Hemiptera | Psyllopsis fraxinicola | Askegallesuger | 2 | 9 |
| NT | Hemiptera | Recilia coronifer | NA | 1 | 1 |
| NT | Hemiptera | Ribautiana ulmi | Almebladsikade | 4 | 4 |
| NT | Hemiptera | Trioza galii | Mauresuger | 2 | 2 |
| NT | Hymenoptera | Anteon ephippiger | NA | 1 | 1 |
| NT | Hymenoptera | Dolerus genucinctus | NA | 1 | 1 |
| NT | Hymenoptera | Halidamia affinis | NA | 2 | 3 |
| NT | Hymenoptera | Leptothorax kutteri | Snyltesmalmaur | 2 | 2 |
| NT | Hymenoptera | Megachile alpicola | Småbladskjærerbie | 2 | 2 |
| NT | Hymenoptera | Pemphredon clypealis | Liten Knøltregraver | 2 | 3 |
| NT | Hymenoptera | Pristiphora conjugata | NA | 1 | 1 |
| NT | Hymenoptera | Pristiphora testacea | NA | 2 | 2 |
| NT | Hymenoptera | Rhogogaster viridis | NA | 10 | 11 |
| NT | Hymenoptera | Symmorphus connexus | Ospevedveps | 2 | 2 |
| NT | Lepidoptera | Acleris schalleriana | Krossvedflatvikler | 2 | 3 |
| NT | Lepidoptera | Atolmis rubricollis | Rødhalslavspinner | 11 | 15 |
| NT | Lepidoptera | Calybites phasianipennella | NA | 2 | 3 |
| NT | Lepidoptera | Crambus heringiellus | Svart Nebbmott | 9 | 15 |
| NT | Lepidoptera | Cyclophora pendularia | Seljeløvmåler | 1 | 1 |
| NT | Lepidoptera | Dichrorampha sylvicolana | Nyseryllikrotvikler | 14 | 27 |
| NT | Lepidoptera | Elachista triatomea | NA | 9 | 20 |
| NT | Lepidoptera | Eucosma conterminana | Skogsalatengvikler | 1 | 1 |
| NT | Lepidoptera | Eupithecia expallidata | Blek Dvergmåler | 1 | 1 |
| NT | Lepidoptera | Eupithecia immundata | Trollbærdvergmåler | 2 | 2 |
| NT | Lepidoptera | Idaea muricata | Purpurengmåler | 1 | 1 |
| NT | Lepidoptera | Lampronia fuscatella | NA | 2 | 3 |
| NT | Lepidoptera | Narycia duplicella | Svart Algesekkspinner | 1 | 1 |
| NT | Lepidoptera | Scoparia basistrigalis | Rotstrekmosemott | 7 | 14 |

Truede arter funne i prosjektet så langt, inklusive en regionalt utdødd art (RE). Funnene er basert på DNA-metastrekkoding og er ikke morfologisk verifiserte, bortsett fra Elachista quadripunctella som ble bekreftet morfologisk på våren 2024 av Kai Berggren. NB at man ikke kan skille Ampedus sanguinolentus fra Ampedus pomonae med de primers vi bruker.

| Rødlistekat. | Orden | Latinsk navn | Norsk navn | Antall lokaler | Antall tilfeller |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| EN | Coleoptera | Ampedus sanguinolentus | Flekkblodsmeller | 1 | 2 |
| VU | Coleoptera | Danosoma conspersum | Barksmeller | 2 | 3 |
| VU | Coleoptera | Mycetophagus decempunctatus | Tiflekkvedsoppbille | 1 | 1 |
| VU | Diptera | Boletina cordata | NA | 1 | 3 |
| VU | Diptera | Boletina gusakovae | NA | 8 | 23 |
| VU | Diptera | Brevicornu glandis | NA | 51 | 145 |
| VU | Diptera | Brevicornu occidentale | NA | 2 | 3 |
| VU | Diptera | Docosia flavicoxa | NA | 24 | 78 |
| VU | Diptera | Exechiopsis forcipata | NA | 2 | 3 |
| VU | Diptera | Ferdinandea ruficornis | Sørlig Bronseblomsterflue | 2 | 2 |
| VU | Diptera | Greenomyia baikalica | NA | 5 | 6 |
| VU | Diptera | Greenomyia mongolica | NA | 12 | 17 |
| VU | Diptera | Impleta consorta | NA | 8 | 12 |
| EN | Diptera | Macrobrachius kowarzii | NA | 12 | 23 |
| EN | Diptera | Manota unifurcata | NA | 3 | 4 |
| VU | Diptera | Megophthalmidia crassicornis | NA | 4 | 8 |
| VU | Diptera | Mycetophila deflexa | NA | 11 | 16 |
| VU | Diptera | Mycetophila lastovkai | NA | 34 | 56 |
| VU | Diptera | Mycetophila vivida | NA | 10 | 10 |
| VU | Diptera | Mycomya bisulca | NA | 10 | 15 |
| VU | Diptera | Mycomya danielae | NA | 14 | 27 |
| VU | Diptera | Mycomya simulans | NA | 6 | 7 |
| VU | Diptera | Mycomya tridens | NA | 6 | 7 |
| VU | Diptera | Pachyneura fasciata | Urmygg | 32 | 47 |
| VU | Diptera | Phronia mutila | NA | 7 | 7 |
| VU | Diptera | Phronia subsilvatica | NA | 51 | 83 |
| VU | Diptera | Rymosia sagulata | NA | 1 | 1 |
| VU | Diptera | Sciophila karelica | NA | 41 | 72 |
| EN | Diptera | Sciophila minuta | NA | 2 | 5 |
| VU | Diptera | Symmerus annulatus | NA | 19 | 22 |
| VU | Diptera | Tonnoiriella nigricauda | NA | 1 | 1 |
| VU | Diptera | Trichomyia urbica | NA | 5 | 7 |
| VU | Diptera | Trichonta aberrans | NA | 23 | 39 |
| VU | Hemiptera | Arboridia pusilla | NA | 5 | 7 |
| VU | Hemiptera | Eupteryx tenella | NA | 5 | 17 |
| VU | Hemiptera | Stenodema virens | NA | 4 | 5 |
| VU | Hymenoptera | Bombus quadricolor | Lundgjøkhumle | 1 | 1 |
| VU | Hymenoptera | Dryinus niger | NA | 1 | 1 |
| VU | Hymenoptera | Empria excisa | NA | 1 | 1 |
| VU | Hymenoptera | Pachyprotasis variegata | NA | 5 | 6 |
| VU | Hymenoptera | Pristiphora insularis | NA | 1 | 1 |
| VU | Hymenoptera | Symmorphus allobrogus | Veggvedveps | 3 | 3 |
| VU | Lepidoptera | Agonopterix hypericella | NA | 3 | 9 |
| EN | Lepidoptera | Bryotropha purpurella | NA | 4 | 4 |
| VU | Lepidoptera | Callisto insperatella | NA | 1 | 1 |
| EN | Lepidoptera | Coenonympha hero | Heroringvinge | 1 | 2 |
| VU | Lepidoptera | Coleophora ahenella | NA | 2 | 2 |
| EN | Lepidoptera | Coleophora cornutella | NA | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Coleophora potentillae | NA | 2 | 2 |
| VU | Lepidoptera | Coleophora proterella | NA | 3 | 3 |
| VU | Lepidoptera | Coleophora uliginosella | NA | 2 | 2 |
| EN | Lepidoptera | Coptotriche heinemanni | NA | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Depressaria daucella | NA | 2 | 3 |
| EN | Lepidoptera | Depressaria silesiaca | NA | 4 | 6 |
| VU | Lepidoptera | Dichrorampha consortana | Slåttengrotvikler | 4 | 5 |
| VU | Lepidoptera | Ecliptopera capitata | Springfrødråpemåler | 8 | 9 |
| VU | Lepidoptera | Elachista bisulcella | NA | 1 | 5 |
| EN | Lepidoptera | Elachista cingillella | NA | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Elachista compsa | NA | 2 | 2 |
| VU | Lepidoptera | Elachista elegans | NA | 5 | 9 |
| EN | Lepidoptera | Elachista eskoi | NA | 2 | 2 |
| EN | Lepidoptera | Elachista pomerana | NA | 1 | 1 |
| RE | Lepidoptera | Elachista quadripunctella | NA | 2 | 2 |
| VU | Lepidoptera | Elachista trapeziella | NA | 2 | 2 |
| EN | Lepidoptera | Epermenia profugella | Gjeldkarvetannmøll | 4 | 6 |
| VU | Lepidoptera | Eucosma suomiana | Oker Gullrisengvikler | 2 | 2 |
| EN | Lepidoptera | Eupithecia ochridata | Okerdvergmåler | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Melitaea diamina | Mørk Rutevinge | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Nemophora minimella | NA | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Notocelia tetragonana | Svart Rosevikler | 5 | 6 |
| VU | Lepidoptera | Oxyptilus chrysodactyla | Skjermsvevefjærmøll | 1 | 1 |
| VU | Lepidoptera | Phiaris dissolutana | Lavprydvikler | 2 | 3 |
| VU | Lepidoptera | Phyllonorycter nigrescentella | NA | 3 | 4 |
| VU | Lepidoptera | Pristerognatha penthinana | Springfrøvikler | 6 | 8 |
| VU | Lepidoptera | Psychoides verhuella | Svarteburknemøll | 2 | 2 |
| EN | Lepidoptera | Selenodes karelica | Rødknappvikler | 4 | 7 |

# 

# 12. Vedlegg III. Funn av arter på fremmedartslista

Påvisning av arter i insektovervåkingen i 2020-2023 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 |
| --- | --- | --- | --- |
| Coleoptera | Acrotona pseudotenera | LO | Semi-nat |
| Coleoptera | Acrotrichis insularis | PH | Skog |
| Coleoptera | Atomaria lewisi | LO | Skog |
| Hymenoptera | Bombus terrestris | SE | Semi-nat |
| Coleoptera | Cartodere nodifer | PH | Skog |
| Hemiptera | Deraeocoris lutescens | HI | Skog |
| Diptera | Dohrniphora cornuta | LO | Skog |
| Diptera | Drosophila busckii | PH | Semi-nat |
| Diptera | Drosophila melanogaster | LO | Semi-nat |
| Diptera | Feltiella acarisuga | LO | Skog |
| Diptera | Haematobosca stimulans | LO | Skog |
| Diptera | Haematobosca stimulans | LO | Semi-nat |
| Hemiptera | Kybos abstrusus | LO | Semi-nat |
| Coleoptera | Omalium rugatum | LO | Skog |
| Coleoptera | Omonadus floralis | LO | Semi-nat |
| Opiliones | Opilio canestrinii | SE | Semi-nat |
| Coleoptera | Oxytelus migrator | LO | Semi-nat |
| Coleoptera | Stricticollis tobias | LO | Semi-nat |
| Hemiptera | Tremulicerus fulgidus | LO | Semi-nat |
| Coleoptera | Trichiusa immigrata | PH | Semi-nat |
| Hemiptera | Trioza apicalis | LO | Skog |
| Coleoptera | Trixagus atticus | LO | Semi-nat |

# 

# 13. 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., Brandsegg, H., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Fossøy, F., Hanssen, O., Laugsand, A., Majaneva, M., Staverløkk, A., Sverdrup-Thygeson, A., and Ødegaard, F. 2023. Insektovervåking på østlandet, Sørlandet og i Trøndelag. Rapport fra feltsesong 2022. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://brage.nina.no/nina-xmlui/handle/11250/3053636>.

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>.

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>.

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.

Daskalova, G.N., Phillimore, A.B., and Myers-Smith, I.H. 2021. Accounting for year effects and sampling error in temporal analyses of invertebrate population and biodiversity change: A comment on Seibold et al. 2019. Insect Conservation and Diversity **14**(1): 149–154. doi:[10.1111/icad.12468](https://doi.org/10.1111/icad.12468).

Elbrecht, V., Braukmann, T.W.A., Ivanova, N.V., Prosser, S.W.J., Hajibabaei, M., Wright, M., Zakharov, E.V., Hebert, P.D.N., and Steinke, D. 2019. Validation of COI metabarcoding primers for terrestrial arthropods. PeerJ **7**: e7745. doi:[10.7717/peerj.7745](https://doi.org/10.7717/peerj.7745).

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).

Hallmann, C.A., Sorg, M., Jongejans, E., Siepel, H., Hofland, N., Schwan, H., Stenmans, W., Müller, A., Sumser, H., Hörren, T., Goulson, D., and Kroon, H. de. 2017. More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. PLOS ONE **12**(10): e0185809. doi:[10.1371/journal.pone.0185809](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185809).

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).

Müller, J., Hothorn, T., Yuan, Y., Seibold, S., Mitesser, O., Rothacher, J., Freund, J., Wild, C., Wolz, M., and Menzel, A. 2023. Weather explains the decline and rise of insect biomass over 34 years. Nature: 1–6. doi:[10.1038/s41586-023-06402-z](https://doi.org/10.1038/s41586-023-06402-z).

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.

Pagad, S., Genovesi, P., Carnevali, L., Schigel, D., and McGeoch, M.A. 2018. Introducing the Global Register of Introduced and Invasive Species. Scientific Data **5**(1): 170202. doi:[10.1038/sdata.2017.202](https://doi.org/10.1038/sdata.2017.202).

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 metabarcode classification. Scientific Reports **8**(1): 4226. doi:[10.1038/s41598-018-22505-4](https://doi.org/10.1038/s41598-018-22505-4).

Roy, H.E., Bacher, S., Essl, F., Adriaens, T., Aldridge, D.C., Bishop, J.D.D., Blackburn, T.M., Branquart, E., Brodie, J., Carboneras, C., Cottier-Cook, E.J., Copp, G.H., Dean, H.J., Eilenberg, J., Gallardo, B., Garcia, M., García-Berthou, E., Genovesi, P., Hulme, P.E., Kenis, M., Kerckhof, F., Kettunen, M., Minchin, D., Nentwig, W., Nieto, A., Pergl, J., Pescott, O.L., M. Peyton, J., Preda, C., Roques, A., Rorke, S.L., Scalera, R., Schindler, S., Schönrogge, K., Sewell, J., Solarz, W., Stewart, A.J.A., Tricarico, E., Vanderhoeven, S., Velde, G. van der, Vilà, M., Wood, C.A., Zenetos, A., and Rabitsch, W. 2019. Developing a list of invasive alien species likely to threaten biodiversity and ecosystems in the european union. Global Change Biology **25**: 1032–1048.

Saul, W.-C., Roy, H.E., Booy, O., Chen, L.C.H.-J., Genovesi, P., Harrower, C.A., Pagad, P.E.H.S., Pergl, J., and Jeschke, J.M. 2017. Assessing patterns in introduction pathways of alien species by linking major invasion data bases. Journal of Applied Ecology **54**: 657–669.

Seibold, S., Gossner, M.M., Simons, N.K., Blüthgen, N., Müller, J., Ambarlı, D., Ammer, C., Bauhus, J., Fischer, M., Habel, J.C., Linsenmair, K.E., Nauss, T., Penone, C., Prati, D., Schall, P., Schulze, E.-D., Vogt, J., Wöllauer, S., and Weisser, W.W. 2019. Arthropod decline in grasslands and forests is associated with landscape-level drivers. Nature **574**(7780): 671–674. doi:[10.1038/s41586-019-1684-3](https://doi.org/10.1038/s41586-019-1684-3).

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).