

Miljöövervakning av insekter i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland, Jämtland och Dalarna

Mårten Klinth, Håkan Johansson, Harald Havnås och Dave Karlsson



17 september 2023

Om rapporten

Titel: Miljöövervakning av insekter i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland, Jämtland och Dalarna.

Datum: 17 september 2023.

Citeras: Klinth, Johansson, Havnås, Karlsson (2023). Miljöövervakning av insekter i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland, Jämtland och Dalarna. Station Linné.

Foton: Copyright © 2023 Station Linné där inget annat anges.

Omslag: En Malaisefälla i Kätkesuando, Pajala. Med strategiskt utplacerade Malaisefällor och molekylärbiologisk artbestämning kan miljöövervakningen täcka in majoriteten av Sveriges insektsarter.

Om uppdraget

Utfört av:

Station Linné AB (organisationsnummer: 556762-0389)
Ölands Skogsby 161
386 93 Färjestaden
Hemsida: www.stationlinne.se
Telefon: 0485-385 84
E-post: info@stationlinne.se

På uppdrag av: Länsstyrelsen Norrbotten (dnr. 502-4439-2020).

Projektledare: Dave Karlsson (Station Linné AB).

Rapportförfattare: Märten Klinth, Håkan Johansson, Harald Havnås och Dave Karlsson (Station Linné).

Version

1.0	2023-02-06	
2.0	2023-09-17	Komplementerande sekvensering.

Sammanfattning

Insekterna är den artrikaste djurgruppen i världen och har historiskt varit en utmaning att övervaka med traditionella morfologiska bestämningsmetoder. Men med modern, DNA-baserad, bestämningsteknik kan nu också denna enormt mångfaldiga grupp övervakas. Som ett led i utvecklingen av en regional miljöövervakning av insekter anlätade därför länsstyrelserna i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland, Jämtland och Dalarna gemensamt Station Linné för att artbestämma 390 000 insekter insamlade under en säsong med 10 Malaisefällor. Taxonomisk expertis sorterade först ut hypotetiska arter, baserat på insekternas morfologi, och uppskattade sedan deras abundans. Därefter valdes representativa exemplar ut från respektive art för DNA-baserad artbestämning.

Över 5 600 arter identifierades i det insamlade materialet inklusive flera rödlistade arter och minst 170 nya arter för Sverige. Resultatet visar att när molekylärbiologiska metoder och taxonomisk kompetens kombineras så kan miljöövervakningen av insekter i Sverige ta steget från att endast övervaka en bråkdel av arterna till att bevaka en majoritet av diversiteten.

Innehåll

1. Bakgrund	5
2. Urval och sortering	5
3. DNA-baserad artbestämning	7
4. Resultat	7
5. Diskussion	8
5.1 Vilka fångstmetoder bör användas vid insektsövervakning?	10
5.2 Hur ska insekterna artbestämmas?	11
5.3 Artlistor, populationsstorlekar eller biomassa?	12
5.4 Förslag för framtida insektsövervakning	13
6. Slutsats	13
Referenser	14
Appendix	15
A. Gemensam artlista för Norrbottens, Västerbottens, Västernorrlands och Jämtlands län.	15
B. Artlista för fällor i Norrbottens Län	15
C. Artlista för fällor i Västerbottens Län	15
D. Artlista för fällor i Västernorrlands Län	15
E. Artlista för fällor i Jämtlands Län	15
F. Insamlingsdata för fällokalerna	15
G. Rödlistade arter funna i projektet	16
H. DNA-sekvenser	16

1. Bakgrund

Den största andelen av den biologiska mångfalden och biomassan landlevande djur utgörs av insekter. Som bland annat predatorer, nedbrytare och pollinatörer är de en förutsättning för alla terrestra ekosystem. Fluktuationer i insekternas artsammansättning och populationsstorlekar är viktiga indikationer på underliggande miljöförändringar. Insekternas korta generationstid och stora förökningspotential gör att de snabbt svarar på förändringar vilket gör dem särskilt lämpliga i förebyggande naturvårdsarbeten.

Trots insekternas betydelse är övervakning av dem anmärkningsvärt eftersatt. Av alla Sveriges 33 000 insektsarter omfattas idag bara ett hundratal av övervakningsprogram (dagfjärilar, bin och blomflugor, samt enstaka hotade arter och skadeinsekter). Övervakning av mindre än en procent av landets insektsarter kan inte ge en rättvis bild av förhållandena i de olika ekosystemen, men att artbestämma alla insekter har tidigare varit en orealistisk uppgift. Så är inte längre fallet. De senaste årens framsteg inom molekylärbiologisk artbestämning har drastiskt sänkt både kostnaden och hanteringstiden och därmed gjort en mer omfattande insektsövervakning möjlig.

I ljuset av detta tog Länsstyrelsen i Norrbotten under 2021 initiativ till ett samarbetsprojekt med Västerbottens, Västernorrlands, Jämtlands och Dalarnas län (överenskommelse nr 225-20-009, Naturvårdsverket). Syftet var att ta fram och presentera en modell för regional miljöövervakning av insekter insamlade med Malaisefällor och analyserade med moderna molekylärbiologiska metoder.

Station Linné, en forskningsstation med erkända och omfattande erfarenheter av stora insektsinventeringsprojekt, fick i uppdrag att bestämma närmare 400 000 insekter i 56 prover från tio Malaisefällor utplacerade av länsstyrelserna i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland och Jämtland (Figur 1). Insekterna bestämdes med en hybridmetod i vilken klassisk insektsortering kombineras med molekylärbiologisk artbestämning, samtidigt som arternas individantal (abundans) uppskattades. Resultatet i denna rapport redovisas i form av artlistor (Appendix A–E). Dessutom presenteras konkreta förslag på hur kostnadseffektiv och värdefull insektsövervakning i praktiken kan bedrivas, lokalt, regionalt såväl som nationellt.

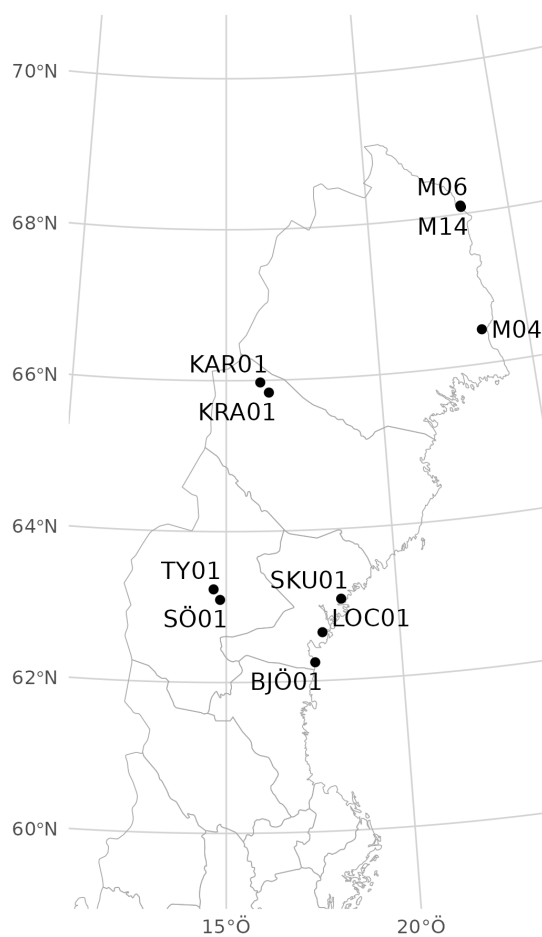
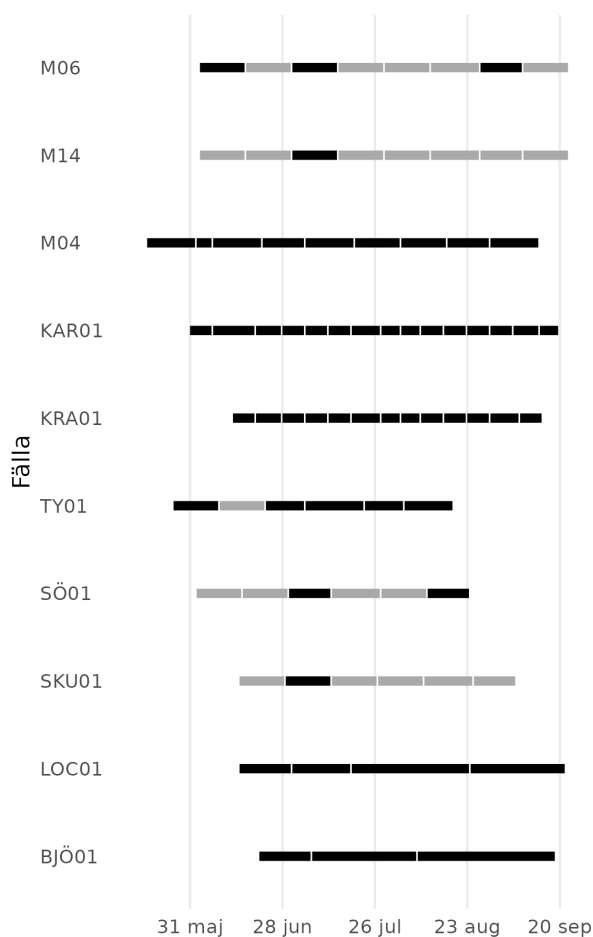
2. Urval och sortering

De 56 proverna (Appendix F) vägdes och insekterna sorterades i åtta fraktioner: Coleoptera (skalbaggar), Brachycera (flugor exklusive puckelfflugor), Nematocera (myggor), Phoridae (puckelfflugor), Hymenoptera (steklar), Lepidoptera (fjärilar), Hexapoda (övriga insekter) och Chelicerata (palpkäkar; ej målgrupp för denna studie). Från varje fraktion identifierade Station Linnés experter hypotetiska arter baserat på deras morfologi (Figur 2), uppskattade deras abundans enligt en sexgradig skala (Tabell 1) och valde därefter ut representanter för DNA-baserad artbestämning. Arter som snabbt och säkert kunde bestämmas morfologiskt noterades tillsammans med dess abundans direkt i artlistan. Från allmänna arter och erkänt morfologiskt svårbestämda grupper, oftast med särskilt hög artdiversitet och med många kryptiska arter (d.v.s. arter som är mycket svåra att särskilja morfologiskt), valdes ett större

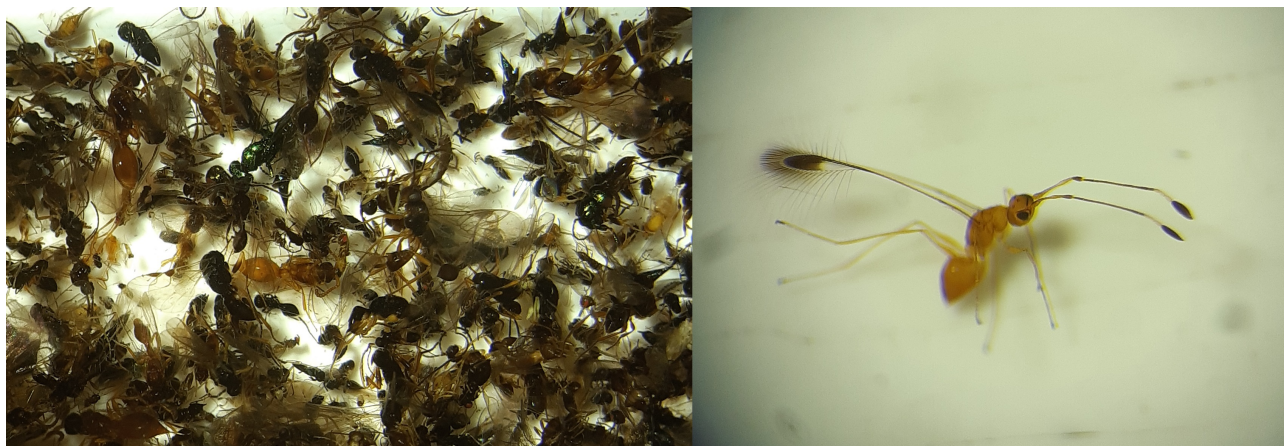
antal exemplar ut för att fånga in både inomartsvariation och hitta morfologiskt dolda taxa. Totalt valdes 20 394 insekter ut för DNA-baserad artbestämning och ytterligare ca 1 800 bestämdes morfologiskt.

Tabell 1: Insektsarternas abundans rangordnades i sex kategorier.

Abundans	Antal individer i provet
Mycket talrik	>1 000
Talrik	101–1 000
Tämligen talrik	26–100
Tämligen fåtalig	11–25
Fåtalig	3–10
Mycket fåtalig	1–2



Figur 1: Karta över Norrland med placeringen av de 10 undersökta Malaisefällorna. Totalt analyserades 56 prover som tillsammans innehöll närmare 400 000 insekter. Strecken i bildens vänstra halva representerar de olika fällproverna; de svarta är processade enligt den i denna rapport presenterade hybridmetoden.



Figur 2: En fraktion steklar (Hymenoptera) (t.v.) och en identifierad individ av *Mymar pulchellum* (t.h.), bägge från fällan i Södergård, Jämtland. Att identifiera och välja ut representanter från alla arterna i ett Malaisefälleprouv är en utmaning också för experter med stor taxonomisk kompetens.

3. DNA-baserad artbestämning

De utvalda insekterna bestämdes med DNA-streckkodning (eng. *DNA-barcoding*; Hebert, Cywinska m. fl. 2003). En DNA-streckkod är en mindre del av en organisms arvs massa som har mindre variation inom arter än mellan arter och på så vis kan användas för att skilja dem åt. För att behålla insekterna i bästa möjliga skick och därmed möjliggöra kompletterande morfologiska studier extraherades DNA med en icke-destruktiv metod. DNA-extrakten användes sedan för att framställa den för insekter *de facto* standardiserade streckkoden, 658 baspar av den mitokondriella genen COI (Cytokrom c oxidas subenhet I).

De framtagna DNA-streckkoderna jämfördes mot referensdatabasen Barcode Of Life Data Systems (BOLD; Ratnasingham och Hebert 2007) som, i skrivande stund, innehåller DNA-streckkoder från strax över 250 000 insektsarter från hela jorden. En träff i databasen med 98 % genetisk likhet eller högre ansågs som en matchning till art, baserat på tidigare kunskap om insekters variation i COI (Hebert, Ratnasingham och De Waard 2003; Virgilio m. fl. 2010; Lin, Stur och Ekrem 2015). Sekvenser vars bästa träff hade en genetisk likhet under 98 %, eller där matchningen saknade taxonomisk information, bestämdes till släkte om den genetiska likheten översteg 96 % och till familj om den genetiska likheten översteg 90 %.

4. Resultat

Totalt innehöll de 56 analyserade Malaisefälleprouverna över 390 000 insekter. Av dessa valdes 20 394 ut för DNA-baserad artbestämning, vilka resulterade i streckkoder för 14 882 (73 %) av de utvalda exemplaren (Figur 3). Av dessa identifierades totalt 5 608 olika arter (Tabell 2) vilket motsvarar 17 % av de uppskattningsvis ca 33 000 insektsarter som förekommer i Sverige (Ronquist m. fl. 2020).

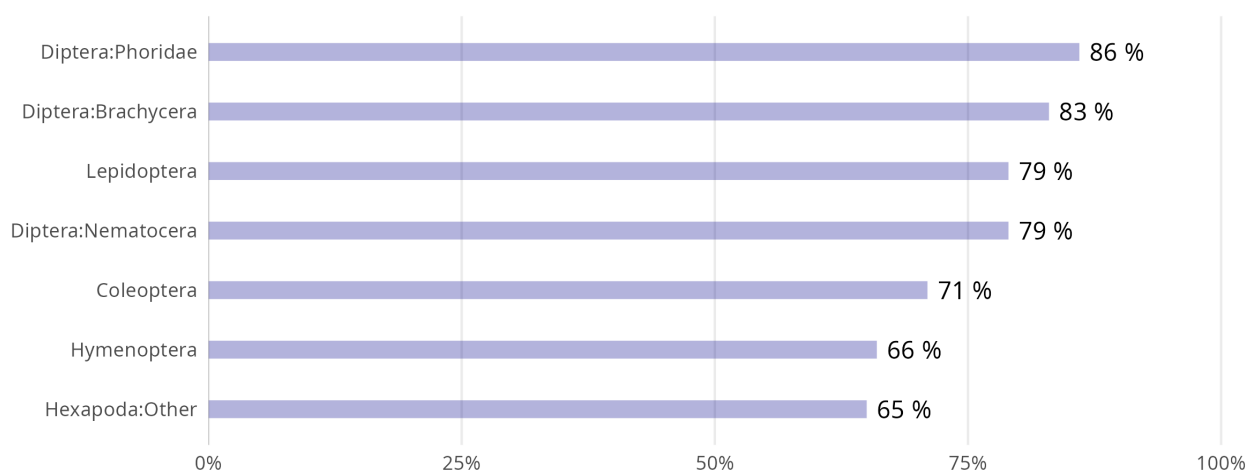
Av de 5 608 identifierade arterna kunde 3 299 (59 %) kopplas till ett artnamn i BOLD. Ytterligare 1 362 arter (24 %) fanns representerade i databasen men kunde inte kopplas till

ett unikt artnamn eftersom ett sådant antingen saknades eller var i konflikt med ett eller flera andra namn. För resterande 947 arter (17 %) saknades publicerad sekvens i databasen. Detta kan antingen bero på att dessa arters COI-sekvenser ännu inte är registrerade i BOLD, eller så rör det sig om obeskrivna, tidigare okända arter och som därmed är nya för vetenskapen. Av de 3 299 identifierade arterna som kunde kopplas till ett artnamn var 357 potentiellt kryptiska. Detta innebär att den genetiska variationen överskred den av oss satta gränsen om högst 2 % inomartsvariation, men exemplaren i databasen hade likväl identifierats som samma art morfologiskt. Dessa 357 kryptiska arter fördelade sig på 166 olika artnamn i BOLD men kunde alltså separeras genetiskt till två eller fler arter, vilket indikeras i artlistorna (Appendix A–E).

Majoriteten av arterna tillhörde antingen ordningen tvåvingar (Diptera, 42 %) eller ordningen steklar (Hymenoptera, 40 %) (Figur 4). Den i särklass individrikaste ordningen var tvåvingarna (Diptera) som utgjorde hela 75 % av den totala fångsten (Figur 4).

5. Diskussion

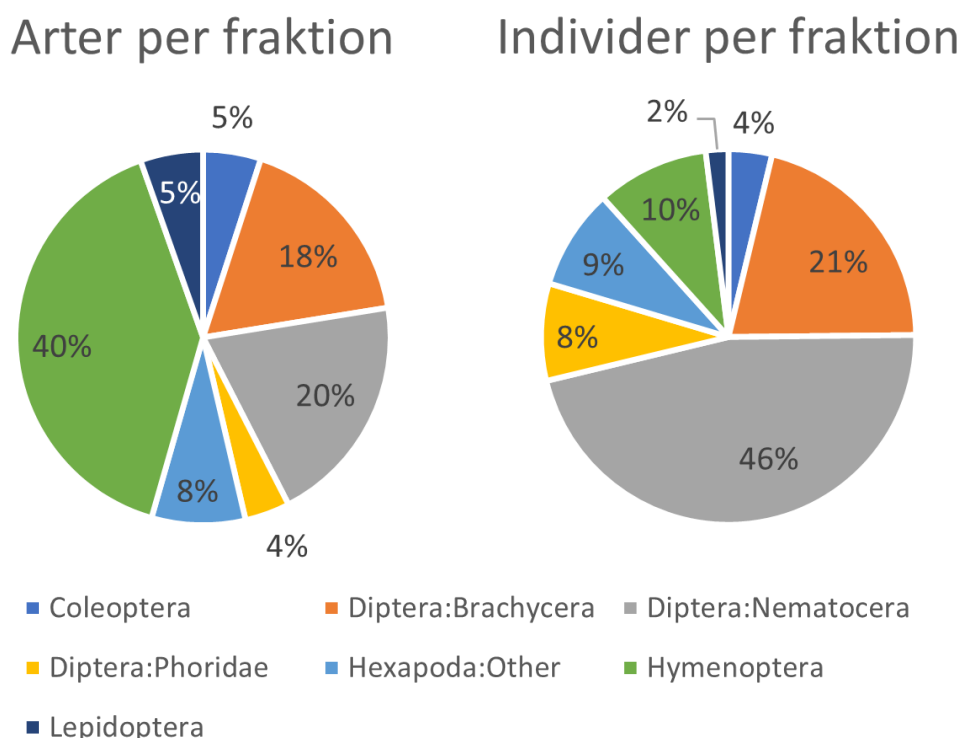
Denna rapport visar vilken resurs DNA-baserad identifiering utgör för miljöövervakning av insekter. 5 608 arter, motsvarande en sjättedel av Sveriges insektsfauna, funnen under en säsong i 10 norrländska Malaisefällor talar sitt tydliga språk. Det stora antalet arter blir än mer uppseendeväckande med tanke på att bara en tredjedel av Sveriges insektsarter är rapporterade från de fyra aktuella länen enligt Artfakta.se (2023-02-03). En traditionell miljöövervakning inriktad på dagfjärilar, blomflugor och bin hade missat nästan hela diversiteten, och riskerat missa de 13 identifierade rödlistade arterna (Appendix G) och de åtminstone 170 nya insektsarterna för Sverige som här rapporteras. Dessutom hade traditionell miljöövervakning missat de ytterligare flera hundra nya arterna för landet och för vetenskapen som troligen döljer sig bland de ännu ej identifierade arterna.



Figur 3: Andelen erhållna streckkoder i de olika fraktionerna.

Tabell 2: Sammanfattning av fällornas fångst.

Fälla	Fångstdygn	Antal arter	Antal insekter	Biomassa (g)
Norrbotten, Kätkesuando (slåtteräng, fälla M06)	41	623	23 300	90,094
Norrbotten, Kätkesuando (barrblandskog, fälla M14)	14	260	11 900	91,356
Norrbotten, Hanhinvittikko (slåtteräng, fälla M04)	119	1 639	91 900	Data saknas
Västerbotten, Karsbäcksleden (björkmyrkant, fälla KAR01)	112	1 376	52 400	121,779
Västerbotten, Kraipe (videbältet, fälla KRA01)	94	963	33 700	86,336
Jämtland, Tysjöarna (rikkärr, fälla TY01)	70	1 133	64 000	176,677
Jämtland, Södergård (slåtteräng, fälla SÖ01)	26	921	44 400	119,484
Västernorrland, Skuleberget (gräsmark, fälla SKU01)	14	384	9 500	43,444
Västernorrland, Lockeby 375 (lövskog, fälla LOC01)	99	1 168	28 800	63,266
Västernorrland, Björköviken (sandblandskog, fälla BJÖ01)	90	736	31 000	78,158



Figur 4: Fördelningen av de 5 608 arterna och ca 390 000 individerna över de 7 fraktioner insekterna sorterades i.

Att bevaka hotade och invasiva arter är av högsta prioritet för miljöövervakning men har traditionellt endast kunnat utföras på små fraktioner av mångfalden. DNA-baserad insektsövervakning kommer att leda till drastiska förändringar av detta. Rödlstade arter kommer att påträffas utanför deras tidigare kända utbredningsområden och nya arter för landet kommer snabbt kunna upptäckas så att nödvändiga åtgärder kan sättas in. Obeskrivna arter kommer att upptäckas och beskrivas i en aldrig tidigare skådad takt. DNA-baserat bestämningsarbete kommer helt enkelt att resultera i en bättre kännedom om den mångfald som vi har runt omkring oss.

Nedan presenteras Station Linnés förslag på hur utformningen av en framtida insektsövervakning kan se ut.

5.1. Vilka fångstmetoder bör användas vid insektsövervakning?

Malaisefällor är mycket effektiva fångstredskap för stora insektsinventeringar och insektsövervakning. Under en säsong fångar de ofta uppemot två tredjedelar av insektsarterna på platsen de står på; ingen annan insamlingsmetod kommer ens i närheten av ett sådant resultat. Dock missas de arter som vid kontakt med fällan faller ihop sina vingar och faller ner på marken, ett vanligt beteende hos t.ex. många skalbaggsarter och halvvingar. Dessa arter kan fångas genom att på platsen komplettera Malaisefällor med fönsterfällor (eng. *flight interception traps*), vilket uppskattas kunna öka den totala fångsten med ytterligare ca 15 %-enheter. Ytterligare en fördel med dessa båda fälltyper är att de samlar in

passivt, d.v.s. de lockar inte aktivt till sig insekter, utan fångar bara in de exemplar som råkar träffa fällan. De har därmed en mycket begränsad påverkan på de lokala populationerna. I kontrast kan attraherande insamlingsmetoder som t.ex. guleskålar, betesfällor eller feromonfällor ha stor påverkan på lokala insektspopulationer och i värsta fall leda till lokala utdöenden.

En kombination av Malaisefällor och fönsterfällor – som båda är lättskötta fälltyper – är därför Station Linnés rekommendation vid storskaliga insektsinventeringar och insektsövervakningsprogram.

5.2. Hur ska insekterna artbestämmas?

Den globala bristen på taxonomisk expertis och bristen på utbildade taxonomer och kuratorer beskrivs emellanåt som det ”taxonomiska impedimentet”. Detta blir särskilt tydligt när det kommer till jordens mest divers organismgrupp – insekterna. Vid storskalig miljöövervakning av insekter blir dessutom traditionell artbestämning som baseras på morfologisk bestämningsteknik både långsam och dyr, och bör istället baseras på molekylärbiologiska metoder. I dagsläget finns i princip två tillvägagångssätt för detta: *Single Specimen Barcoding* (SSB) eller *metabarcoding*.

I SSB sekvenseras samtliga insamlade insekter individuellt. Metoden är mycket noggrann, genererar närmast kompletta artlistor och underlättar abundansuppskattning. Problem och felaktigheter är dessutom lätta att spåra eftersom såväl lyckade som misslyckade sekvenseringar tydligt framgår av resultaten. SSB *kan* vara snabbare och billigare än morfologisk artbestämning, undantagen gäller små prover, med få exemplar av välkända arter och tillgång till taxonomisk kompetens. SSB är dock betydligt dyrare och långsammare än *metabarcoding*.

I *metabarcoding* sekvenseras hela prov med alla (ofta upp till tiotusentals, men det finns egentligen ingen övre gräns) insekter tillsammans vartefter sekvenserna från provet sorteras till de separata arterna. Redan för måttligt stora prover eller när taxonomisk kompetens saknas är *metabarcoding* betydligt billigare än både morfologisk artbestämning och SSB. *Metabarcoding* lider dock av minst två begränsningar: osäkra abundansuppskattningar och missade arter. I *metabarcoding* måste antalet individer uppskattas utifrån det relativa antalet sekvenser för varje art, en process som lider av tekniska begränsningar. Den stora mängden insekter som sekvenseras samtidigt i *metabarcoding* medför dessutom att små arter med låg abundans och som därmed genererar relativt små mängder DNA riskerar att missas.

Station Linnés hybridmetod kombinerar SSB med traditionell, morfologisk bestämning av insekter. Genom att sortera ut ett representativt urval av ca 5 % av individerna från de hypotetiska arterna så minskar såväl hanteringstiden som kostnaden jämfört med fullständig SSB. I samband med sorteringsprocessen räknas även individantalet för en uppskattning av de utsorterade arternas abundans. Tillgången på referensexemplaren som hybridmetoden genererar möjliggör granskning av resultaten samtidigt som de är av stort intresse för taxonomisk forskning och bidrar därmed dessutom till utvecklingen av referensbiblioteken. En nackdel med hybridmetoden är dock att man vid urvalet av insekter riskerar att missa morfologiskt snarlika arter. Erfarna taxonomer med kunskap om vilka insektsgrupper som

ofta innehåller sådana arter kan dock minska den risken genom att välja ett större antal individer från dessa grupper.

Trots att hybridmetoden ofta är mer kostnadseffektiv och tidsbesparande än både morfologisk artbestämning och fullständig SSB så medför den likväl en ansevärd kostnad, något som blir särskilt tydligt vid större inventeringar och långsiktig miljöövervakning. För att få väl förankrade utgångsvärden är det lämpligt att majoriteten av första årets fältprover analyseras med hybridmetoden. Därefter kan dock ett urval av säsongens prover analyseras med hybridmetoden, medan majoriteten av proverna analyseras med *metabarcoding* för att minska kostnaderna.

En kombination av hybridmetoden och *metabarcoding* är därför Station Linnés rekommendation vid storskaliga insektsinventeringar och insektsövervakningsprogram.

5.3. Artlistor, populationsstorlekar eller biomassa?

Insektsövervakning med Malaisefällor låter oss uppskatta antalet insektsarter, samt deras abundans och biomassa. Alla tre faktorer är betydelsefulla i förståelsen av ett ekosystems funktion och kondition. Antal arter är ett mått på biologisk mångfald, abundansen ett mått på systemets jämnhet ("är det endast ett fåtal arter som dominerar?") och biomassan ett mått på andelen insekter i ett ekosystem. Förändringar i en eller flera av dessa faktorer signalerar ett ekosystem i förändring. Förändringen behöver inte vara negativ, men för att förstå förändringens natur behövs de tre faktorerna i kombination. Som ett exempel kan en stor biomassa insekter med enskilda dominerande arter i en annars artfattig miljö indikera en natur i obalans, som är fallet för t.ex. vandringsgräshoppor och granbarkborren.

Ett enskilt Malaisefällprov ger en bra uppskattning om vilka insekter som funnits i ett område under insamlingsperioden samt hur många de var. Prover från en hel säsong ger en bild om olika arters säsongsvariation. Prover från flera säsonger kan användas för att skilja ut vad som är naturliga fluktuationer från viktiga signaler på minskade populationer och lokala utdöenden. Om proverna dessutom kommer från flera fällor över en större geografisk yta kan förändringar drivna av klimatförändringar spåras, t.ex. i form av nordligare utbredning av arter. Sammanfattningsvis kan den data som projektet samlat in ligga till grund för både bevarandebiologi och miljöövervakning och framtida tillägg från fler prover mångdubblar värdet i datan.

Att uppskatta antalet arter, samt deras abundans och biomassa, och göra det med tillräckligt hög provtagningsfrekvens för att kunna särskilja naturlig variation i en stabil miljö från miljöförändringar är därför Station Linnés rekommendation vid storskaliga insektsinventeringar och insektsövervakningsprogram.

5.4. Förslag för framtida insektsövervakning

- En kombination av Malaisefällor och fönsterfällor används vid insamling av insekter. Båda dessa fälltyper är mycket lättskötta och de fångar tillsammans in flertalet av insektsarterna i ett område.
- Fällorna bör tömmas ofta för att ge en rättvisande bild av säsongsvariationer vad gäller såväl antal arter som abundans. Under högsäsong veckovis, i övrigt varannan vecka eller mer sällan. Åtminstone vad gäller hybridmetoden så underlättas dessutom labb-arbetet om proverna inte innehåller alltför mycket insekter.
- Insekterna från de insamlade proverna artbestäms med DNA-streckkodning. Majoriteten av proverna analyseras med *metabarcoding* och ett urval med Station Linnés hybridmetod.
- Artlistor i kombination med abundans och biomassa används för att spåra förändringar över tid, men även för att erhålla jämförandedata mellan olika platser och miljöer. Sådan data kan användas vid allt från att skydda enskilda arter eller habitat till att spåra effekter av miljöförändringar.

6. Slutsats

Rapporten visar att med DNA-baserad artbestämning, effektiva insamlingsmetoder och gedigen taxonomisk kompetens så kan insektsövervakningen i Sverige ta steget från att omfatta en bråkdel till en majoritet av faunan. Artlistorna med abundanser har skapat en unik tidsstämpel för framtida jämförelser. Grunden är därmed lagd för en effektiv och modern miljöövervakning av insekter.

Station Linnés förhoppning är att den regionala insektsövervakning i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland, Jämtland och Dalarna får en fortsättning och att projektets resultat inspirerar och sporrar flera länsstyrelser, kommuner och andra aktörer med intresse för den biologiska mångfalden att utnyttja möjligheterna som ges av en heltäckande insektsövervakning.

Referenser

- Folmer, Ole m. fl. (1994). "DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates". I: *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3.5, s. 294–9.
- Hebert, Paul DN, Alina Cywinska m. fl. (2003). "Biological identifications through DNA barcodes". I: *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 270.1512, s. 313–321.
- Hebert, Paul DN, Sujeevan Ratnasingham och Jeremy R De Waard (2003). "Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species". I: *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 270, S96–S99.
- Lin, Xiaolong, Elisabeth Stur och Torbjørn Ekrem (2015). "Exploring genetic divergence in a species-rich insect genus using 2790 DNA barcodes". I: *PLOS ONE* 10.9, e0138993.
- Ratnasingham, Sujeevan och Paul DN Hebert (2007). "BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>)". I: *Molecular Ecology Notes* 7.3, s. 355–364.
- Ronquist, Fredrik m. fl. (2020). "Completing Linnaeus's inventory of the Swedish insect fauna: Only 5,000 species left?" I: *PLOS ONE* 15.3, e0228561.
- Virgilio, Massimiliano m. fl. (2010). "Comparative performances of DNA barcoding across insect orders". I: *BMC bioinformatics* 11.1, s. 1–10.

Appendix

A. Gemensam artlista för Norrbottens, Västerbottens, Västernorrlands och Jämtlands län.

AppendixA.ArtlistaKombinerad.xlsx (Excel Workbook)

Förklaring till namngivning: Namn av typen "NORCO040-14" är direkt kopplade till en sekvens i BOLD som kan sökas upp. Dessa koder användes då referenserna i BOLD antingen saknade namn eller när det fanns en konflikt mellan olika artnamn.

Artnamn följda av en parentes "Entomobrya marginata(LPASA3721-22)" indikerar potentiellt kryptiska arter, genetiskt skilda och matchade till olika referenser men med samma namn. Även här kan koden användas för att söka upp referensen i BOLD.

De sekvenser som inte kunde matchas i BOLD tilldelades unika koder för att kunna särskilja dessa tills vidare okända arter från varandra i formatet sp.SL001. SekvensID kopplar ihop en artbestämning med dess sekvens i Appendix H.

Provbeteckningen kan kopplas till mer utförlig beskrivning i Appendix F.

Taxon-ID, Svensk förekomst och Invandringshistoria från Artfakta.se.

B. Artlista för fällor i Norrbottens Län

AppendixB.ArtlistaNorrbotten.xlsx (Excel Workbook)

C. Artlista för fällor i Västerbottens Län

AppendixC.ArtlistaVästerbotten.xlsx (Excel-arbetsbok)

D. Artlista för fällor i Västernorrlands Län

AppendixD.ArtlistaVästernorrland.xlsx (Excel-arbetsbok)

E. Artlista för fällor i Jämtlands Län

AppendixE.ArtlistaJämtland.xlsx (Excel-arbetsbok)

F. Insamlingsdata för fällokallerna

AppendixF.InsamlingsdataFällokaller.xlsx (Excel-arbetsbok)

G. Rödlistade arter funna i projektet

AppendixG.RödlistadeArter.xlsx (Excel-arbetsbok)

H. DNA-sekvenser

AppendixH.Sekvensfiler.txt (FASTA)

COI-sekvenser framtagna med hjälp av de universella primrarna LCO1490 och HCO2198 vilket resulterar i en ca 658 baspar lång sekvens (Folmer m. fl. 1994).