



NINA • NIKU

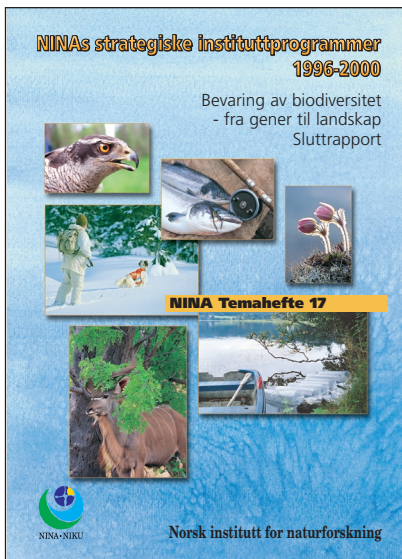
FAKTA

Stiftelsen for naturforskning og kulturminneforskning er et nasjonalt og internasjonalt kompetansesenter innen miljøvernforskning. Stiftelsen har ca. 230 ansatte (1999) og omfatter NINA - Norsk institutt for Naturforskning og NIKU - Norsk institutt for kulturminneforskning. FAKTA-ark gir populariserte sammendrag av publikasjoner fra stiftelsen.

Nr. 15 - 2001

Bevaring av det biologiske mangfoldet

Bevaring av det biologiske mangfoldet er tema for NINAs 17. temahefte. Instituttprogrammet «Bevaring av biodiversitet - fra gener til landskap» har hatt som hovedmål å utvikle metoder for sårbarhetsvurderinger av bestander, arter og biologiske samfunn. På ulike organisasjonsnivåer - fra gener til landskap - har NINAs forskere studert små og isolerte bestanders biologi, effekter av fragmentering, effekter av introduksjoner, og utvikling av sårbarhetsanalyser.



Mor laks og far ørret

Laks og ørret er ikke alltid enkle å skille fra hverandre. Vandrende bestander av de to artene har et ganske likt levevis og har overlappende gytesteder og gytetid. Av og til danner de to artene hybrider med hverandre. De fleste hybridene har laks til mor og ørret til far. Vi fant at et høyt innslag av rømt oppdrettslaks økte andelen hybrider, og kan vise at rømt laks har en større sannsynlighet for å gyte med ørret enn det vill laks har. Mest sannsynlig befruktes noen lakserogn av små, kjønnsmodne ørrethaner, som sniker seg til muligheten for befruktning i stedet for å slåss for den.

Lav genetisk variasjon hos skandinaviske jerver

Bjørnens genetiske situasjon er komplisert



Den beskjedne genetiske variasjon hos den skandinaviske jerven kan skyldes at få individer har dannet utgangspunkt for dagens bestander.

Foto: ROY ANDERSEN

Bestanden av jerv i Skandinavia ble kraftig redusert fra midten av 1800-tallet og fram til 1970-tallet. Årsaken til dette var offentlige program for å bekjempe rovdyr. Etter at fredninger og jaktrestriksjoner ble innført på 1970- og 1980-tallet, økte jerven igjen i utbredelse og antall. Genetiske prøver ble samlet inn fra Nord-Sverige, Nord-Norge og Sør-Norge fra perioden før og etter 1970. DNA-analyser viser at det er svært liten genetisk variasjon hos skandinaviske jerver sammenlignet med jerver fra Nord-Amerika. Dette kan skyldes tidligere eller mer nylige flaskehalseffekter ved at få individer har dannet utgangspunktet for dagens bestander.

Forskjeller likevel

På tross av den lille genetiske variasjonen, er det forskjeller mellom de ulike innsamlingsområdene. Dette tyder på at det er en begrenset utveksling av gener mellom bestandene. Den observerte oppdelingen mellom bestandene tilsier aktsomhet i forvaltningen når det utstedes lisenser og fellingstillatelser, spesielt for den relativt isolerte bestanden av jerv i Sør-Norge.

Fire bjørnebestander

Bjørnens genetiske situasjon er komplisert i Skandinavia. Bestanden består av to svært

forskjellige enheter når det gjelder mitokondrie-DNA. Dette tolker vi som et resultat av innvandring fra sør og nordøst etter den siste istiden. Dessuten består den av fire forskjellige genetiske enheter når det gjelder kjerne-DNA. Dette mener vi er et resultat av at arten overlevde i fire områder under utryddelsesforsøket. Sveriges mål er å tillate disse fire bjørnebestandene å øke i utbredelse og vokse sammen. I dagens situasjon anbefaler vi at forvaltningen fortsatt tar utgangspunkt i de fire bestandene, som er geografisk, demografisk og genetisk forskjellige.

Bjørnen innvandret fra sør og øst etter siste istid.

Foto (under kontrollerte betingelser): ROAR LUND



Ukjente arter

Kystgran-skogen i Trøndelag har et betydelig antall arter av virvelløse dyr.



Foto: ODDVAR HANSEN

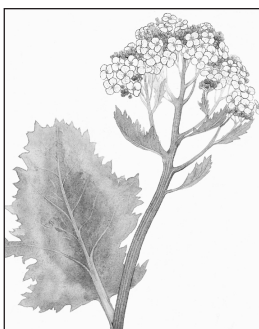
Dette er vist gjennom et intensivt innsamlingsopplegg for leddyr i Mosvik kommune i Nord-Trøndelag. Flere av artene utgjør hva vi kan kalle et svakt oseanisk element i faunaen.

Den regionale kunnskapen om disse dyrenes forekomst er svært dårlig. Hele 30 prosent av de ca 500 artene av biller, tege, maur og edderkopper som ble funnet, var ikke tidligere kjent fra denne delen av Nord-Trøndelag.

Vi trenger derfor store løft innen dette feltet for å oppnå den grunnleggende kunnskap som er nødvendig for å forvalte naturområdene våre på en forsvarlig måte.

Strandplanter

Tre sjeldne strandplanter i Oslofjorden er analysert genetisk. To av artene, gul hornvalmue og østersurt, har gjennomgått en reduksjon i antall bestander de siste 100 år, mens strandkål (bildet) har hatt en betydelig framgang i den samme perioden. For de to artene i tilbakegang ble det ikke funnet genetisk variasjon i de undersøkte enzymene. En mulig årsak til liten genetisk variasjon er at området ligger i utkanten av artenes utbredelsesområde. For strandkål ble det påvist stor genetisk variasjon. Variasjonen var minst i den nordlige delen av fjorden, et område som først nylig er kolonisert av arten.



Akvarell: SVETLANA VORONKOVA

Stoffet er hentet fra

NINA Temahefte 17

NINAs strategiske instituttprogrammer 1996-2000:

«Bevaring av biodiversitet - fra gener til landskap - Sluttrapport»

Redaksjon: Kjetil Hindar og Bror Jonsson

Treslags-skifte i nord

Gran plantet i bjørkeskog har effekt på dyrelivet.

Foto: ODD TERJE SANDLUND



I de siste 30-40 år er det skjedd en utstrakt planting av gran i Nord-Norge, særlig på de begrensede arealene med høyproduktiv bjørkeskog. Ved NINAs avdeling for arktisk økologi i Tromsø ble det i 1997 satt i gang et femårig prosjekt for å belyse hvordan dette treslagsskiftet påvirker utvalgte dyresamfunn på landskapsnivå i Troms og Nordland. Til tross for at plantasjene fremdeles er relativt små, kan vi fastslå at granplantingene har klare effekter på de dyresamfunn som er studert. Nye

arter av fugl har kommet til, mens andre arter av både løpebiller, fugl og småpattedyr blir sjeldnere etter treslagsskiftet. Vi har også sett at det er store, sannsynligvis naturlige, geografiske forskjeller i dyresamfunnene i skogen i Nord-Norge. Denne store geografiske variasjonen må det tas hensyn til i planleggingen av framtidige økologiske studier, i overvåkningsprogrammer og når man legger strategier for forvaltning av det biologiske mangfoldet i skogen i Nord-Norge.

Fragmentering

Fragmentering av habitater, slik som skog og gressmark, er trolig en sentral trussel mot biologisk mangfold. Vi valgte sommerfugler for å studere effekter av fragmentering av kulturlandskapet, siden sommerfugler er følsomme for forandringer i habitatkvalitet og mye anvendt i miljøovervåking. Habitatets kvalitet og dets størrelse, historie og grad av fragmentering var viktige for forekomsten av sommerfugler. Vi fant også at små, isolerte habitatflekker sjelden hadde sommerfugler, selv om habitatkvaliteten var god. Korridorer med egnet habitat som binder sammen flekker og større områder, er viktige for å sikre sommerfuglenes spredning i landskapet og deres totale habitatutnyttelse. Resultatene fra dette studiet kan brukes til å utvikle bevaringsplaner i landbruket.

Spredning av gener

Kjennskap til hvor langt gener spres fra én generasjon til en annen, er en viktig del av kunnskapen som trengs for å vurdere risiko i tilknytning til utsetting av genmodifiserte organismer. Vi har utviklet en generell modell som gjør det mulig å trekke slutninger om spredningsmønstret ut fra data på genetisk variasjon mellom bestander. Videre har vi utviklet en modell som beskriver genspredning i forsøk som måler pollenspredning fra en

sentral kilde. Begge typer modeller er testet for planter som er eller kan bli gjenstand for genmodifikasjon.

Villaksen trues

I elven Imsa, der all opp- og nedvandrende laks kontrolleres i en fiskefelle, har NINA som de første i verden kvantifisert oppdrettslaksens suksess i naturen gjennom en hel laksegenerasjon.

Oppdrettslaks var villaksen underlegen og oppnådde mindre enn en tredjedel av gytesuksessen til villfisk. Reduksjonen i gytesuksess var sterkere hos oppdretts-hanner enn -hunner, og medførte at mesteparten av genstrømmen fra oppdrettslaks inn i den ville laksestammen kom fra gyting mellom ville hanner og oppdretts-hunner. Det var også indikasjon på seleksjon mot oppdrettsgenotyper i tidlige livsstadier, men ikke senere. Vi fant tegn på konkurransemessig fortrenging, siden produktiviteten til den ville bestanden ble redusert med mer enn 30 prosent. Kontrollerte krysninger identifiserte medfødte forskjeller i atferd og vekst mellom oppdretts- og villaks på grunn av domestisering. Reproduktiv suksess over en generasjon hos oppdrettslaks var 16 prosent av den hos den ville bestanden. Våre resultater indikerer at årlige invasjonene av kan redusere ville populasjoners produktivitet, bryte ned lokale tilpasninger, og redusere det genetiske mangfoldet til villaksen.