

oppdragsmelding



NINA



Norges
forskningsråd

Forskningsprogram
om bevaring av
biologisk mangfold

Fagseminar i Forskningsprogram om bevaring av biologisk mangfold, 22.-23.9.1994



**Norges
forskningsråd**

**Forskningsprogram
om bevaring av
biologisk mangfold**

NORSK INSTITUTT FOR NATURFORSKNING

NINAs publikasjoner

NINA utgir fem ulike faste publikasjoner:

NINA Forskningsrapport

Her publiseres resultater av NINAs eget forskningsarbeid, i den hensikt å spre forskningsresultater fra institusjonen til et større publikum. Forskningsrapporter utgis som et alternativ til internasjonal publisering, der tidsaspekt, materialets art, målgruppe m.m. gjør dette nødvendig.

NINA Utredning

Serien omfatter problemoversikter, kartlegging av kunnskapsnivået innen et emne, litteraturstudier, sammenstilling av andres materiale og annet som ikke primært er et resultat av NINAs egen forskningsaktivitet.

NINA Oppdragsmelding

Dette er det minimum av rapportering som NINA gir til oppdragsgiver etter fullført forsknings- eller utredningsprosjekt. Opplaget er begrenset.

NINA Temahefter

Disse behandler spesielle tema og utarbeides etter behov for å informere om viktige problemstillinger i samfunnet. Målgruppen er "almenheten" eller særskilte grupper, f.eks. landbruket, fylkesmennenes miljøvern avdelinger, turist- og friluftlivskretser o.l. De gis derfor en mer populærfaglig form og med mer bruk av illustrasjoner enn ovennevnte publikasjoner.

NINA Fakta-ark

Hensikten med disse er å gjøre de viktigste resultatene av NINAs faglige virksomhet, og som er publisert andre steder, tilgjengelig for et større publikum (presse, ideelle organisasjoner, naturforvaltningen på ulike nivåer, politikere og interesserte enkeltpersoner).

I tillegg publiserer NINA-ansatte sine forskningsresultater i internasjonale vitenskapelige journaler, gjennom populærfaglige tidsskrifter og aviser.

Tømmerås, B.Å., red. 1994. Fagseminar i Forskningsprogram om bevaring av biologisk mangfold, 22.-23.9.1994. - NINA Oppdragsmelding 305:1-27

Trondheim september 1994

ISSN 0802-4103
ISBN 82-426-0511-4

Rettighetshaver ©:
NINA Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

Redaksjon: Bjørn Åge Tømmerås
NINA, Trondheim

Design og layout: Hilde Meland

Sats: NINA

Kopiering: Norservice

Opplag: 100

Kontaktadresse:
NINA
Tungasletta 2
7005 Trondheim
Tel: 73 58 05 00

Tilgjengelighet: Åpen

Prosjekt nr.: 6390

Oppdragsgiver:

Norges forskningsråd

Forord

Norges forskningsråd etablerte Forskningsprogram om bevaring av biologisk mangfold i 1993. Programmet ligger under områdestyret Miljø og utvikling.

Denne rapporten er utarbeidet i forbindelse med det første seminaret som blir arrangert av programstyret, og er primært tiltenkt deltakerne og andre som har forskningsmidler fra Programmet. Seminaret som avholdes på Rica Hell Hotel i Stjørdal for prosjektledere, programstyret og inviterte, har program og abstracts som kan være av interesse for et bredere publikum. Denne rapporten vil derfor bli tilgjengelig for interesserte også etter seminaret.

Forskningsrådet har lagt sekretariatet for Forskningsprogram om bevaring av biologisk mangfold til Norsk institutt for naturforskning (NINA) som utgir rapporten fra seminaret i en av NINAs rapportserier; - Oppdragsmelding.

Trondheim, september 1994

Bjørn Åge Tømmerås

Innhold

Forord.....	3
Program	4
Deltakerliste.....	6
Abstracts	9

Program

Torsdag 22. september

10.00	Registrering med kaffe	14.45	Kaffe
10.30	Åpning ved Programstyrets leder Else Løbersli Møteleder Else Løbersli		Møteleder Inger Nordal
10.45	Gunn Paulsen, DN. Miljømyndighetenes forskningsbehov	15.10	Grete Rytter Hasle , Biologisk institutt, marin botanikk, UiO Potensielt giftige kiselalger (diatomeer) i norske kystfarvann
11.10	Alf Håkon Hoel, UiTø. Den samfunnsfaglige del av forskningsprogrammet om bevaring av biologisk mangfold	15.35	Berit Riddervold Heimdal , Institutt for fiskeri- og marinbiologi, UiB Coccolithophorider (kalkflagellater), monografi og ETI protist nettverk
11.25	Erling Berge, UNIT. Konvensjonen om biologisk mangfold; en biologisk og samfunnsfaglig utfordring	16.00	Per R. Flood , Zoologisk institutt, UiB Appendikularier i norske farvann
12.00	G. Kristin Rosendal , Fridtjof Nansens institutt Implementering av Konvensjonen om biologisk mangfold; et spill om eienomsrettigheter i internasjonal politikk	16.25	Jan Wesenberg , Institutt for biologi og naturforvaltning, NLH Prosjekt lokalflora for Oslo og Akershus - arbeidsform, erfaringer, resultater, videreutvikling
12.30	Lunsj Møteleder Alf Håkon Hoel	16.50	Pause
13.30	Nils Chr. Stenseth, UiO Forvaltning av truede viltbestander i Etiopia	17.00	Tor Erik Brandrud , NIVA Artsdiversitet og populasjonsdynamikk hos slørsopper (<i>Cortinarius</i>) knyttet til kalklindeskoger - et truet element av mykorrhizasopper i Norge
13.55	Håkan Hytteborn , Botanisk institutt, UNIT Viltforvaltning i naturreservatområder i Tanzania	17.25	Tore R. Nielsen , Sandnes Blomsterfluer (Diptera: Syrphidae) - fargerike nyttedyr i norsk natur
14.20	Diskusjon om samfunnsvitenskapenes plass i programmet og koblingen til biologiske problemstillinger	17.50	Arne Fjellberg , Tjøme Nordens Collembolfauna. Taxonomisk/faunistiske undersøkelser i et videre perspektiv
		19.30	Middag

Fredag 23. september

Møteleder Bernt Erik Sæther

08.30 **Steinar Engen**, Institutt for matematikk og statistikk, UNIT
Dynamiske populasjonsmodeller som genererer de klassiske abundance modellene

09.00 **Kjetil Hindar**, NINA
Bevaringsgenetikk i sommerfugl-perspektiv

09.35 **Jon Aars**, Biologisk institutt, UiO
Genetikk og demografi i små, fragmenterte populasjoner

10.00 **Bernt Erik Sæther**, NINA
Demografi og populasjonsgenetikk i en fragmentert bestand av gråspurv *Passer modellicus*; presentasjon av et modellsystem

10.25 Kaffe

10.55 **Olav Strand**, NINA
Genetiske effekter av økologisk isolasjon, fjellrev som bevaringsbiologisk modellart

11.20 **Jan T. Lifjeld**, Zoologisk museum, UiO
Genetisk variasjon hos norske falger

11.45 Diskusjon

12.30 Lunsj

Møteleder Svein Båtvik

13.30 **Trond Andersen**, Zoologisk museum, UiB
Limnisk økosystemer i Ghana, biodiversitet og bevaringsbiologi

13.55 **Hildur Krog**, Botanisk hage og museum, Oslo
Tidlig lavforskning i tropene - og moderne lavforskning i tropisk Afrika

14.20 **Cornelis C. Berg**, Det norske arboret
Dokumentasjon av floristisk diversitet i Neotropene generelt for familiene Moraceae og Cecropiaceae, og for slekten *Cecropia*

14.45 Diskusjon

15.00 Avslutning

Poster:

Claus Clausen, Zoologisk laboratorium, UiB
En sammenligning mellom den macrodasyide gastrotrichfaunaen i Bergensregionen og Tromsøregionen

Abstract:

Brita Stedje, Biologisk institutt, avd. botanikk, UiO
Studier innen taksonomi og genetisk diversitet innen Afrikanske slekter av familien Hyacinthaceae

Deltakerliste

Andersen, Trond
 Zoologisk museum
 Universitetet i Bergen
 Muséplass 3
 5007 Bergen
 Tlf: 55 21 29 62
 Fax: 55 32 11 53

Backe-Hansen, Per
 Norges forskningsråd
 Postboks 2700 - St.Hanshaugen
 0131 Oslo
 Tlf: 22 03 72 26
 Fax: 22 03 70 01

Berg, Cornelis C.
 Det norske arboret
 5067 Store Milde
 Tlf: 55 99 16 12
 Fax: 55 99 15 46

Berge, Erling
 Institutt for sosiologi og statsvitenskap
 Universitetet i Trondheim
 7055 Dragvoll
 Tlf: 73 59 17 21
 Fax: 73 59 15 64

Brandrud, Tor Erik
 NIVA
 Postboks 173 - Kjelsås
 0411 Oslo
 Tlf: 22 18 51 58
 Fax: 22 18 52 00

Båtvik, Svein
 Direktoratet for naturforvaltning
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 06 07
 Fax: 73 91 54 33

Clausen, Claus
 Zoologisk laboratorium
 Universitetet i Bergen
 Allégt. 41
 5007 Bergen
 Tlf: 55 21 25 90
 Fax: 55 32 91 11

Diserud, Ola
 Institutt for matematikk og statistikk
 Universitetet i Trondheim
 7055 Dragvoll
 Tlf: 73 59 14 45
 Fax: 73 59 10 38

Engen, Steinar
 Institutt for matematikk og statistikk
 Universitetet i Trondheim
 7055 Dragvoll
 Tlf: 73 59 17 47
 Fax: 73 59 10 38

Fjellberg, Arne
 Gonveien 38
 3145 Tjøme
 Tlf: 33 39 17 24

Flood, Per R.
 Zoologisk institutt
 Universitetet i Bergen
 Allégt. 41
 5007 Bergen
 Tlf: 55 21 35 94
 Fax: 55 32 91 11

Hasle, Grete Rytter
 Marin botanikk, Biologisk institutt
 Universitetet i Oslo
 Postboks 1069 - Blindern
 0316 Oslo
 Tlf: 22 85 45 34
 Fax: 22 85 44 38

Heimdal, Berit Riddervold
 Institutt for fiskeri- og marinbiologi, UiB
 Høyteknologisentret
 5020 Bergen
 Tlf: 55 54 44 82
 Fax: 55 54 44 50

Hindar, Kjetil
 NINA
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 06 43
 Fax: 73 91 54 33

Hoel, Alf Håkon
 Norges fiskerihøgskole, UiTø
 9037 Tromsø
 Tlf: 77 64 55 42
 Fax: 77 68 51 38

Hytteborn, Håkan
 Botanisk institutt
 Universitetet i Trondheim
 7055 Dragvoll
 Tlf: 73 59 60 33
 Fax: 73 59 61 00

Krog, Hildur
 Botanisk hage og museum
 Trondheimsvegen 23 B
 0562 Oslo
 Tlf: 22 85 16 21
 Fax: 22 85 18 35

Lifjeld, Jan T.
 Zoologisk museum
 Sarsgate 1
 0562 Oslo
 Tlf: 22 85 17 26
 Fax: 22 85 18 37

Løbersli, Else
 Direktoratet for naturforvaltning
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 05 76
 Fax: 73 91 54 33

Mjølnærød, Ingrid Bysveen
 NINA
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 07 98
 Fax: 73 91 54 33

Nielsen, Tore R.
 Sandvedhagen 8
 4300 Sandnes
 Tlf: (p) 51 66 77 67
 (a) 51 66 57 11

Nordal, Inger
 Biologisk institutt, avd. for botanikk
 Universitetet i Oslo
 Postboks 1045 - Blindern
 0316 Oslo
 Tlf: 22 85 46 64
 Fax: 22 85 46 64

Paulsen, Gunn M.
 Direktoratet for naturforvaltning
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 05 73
 Fax: 73 91 54 33

Rosendal, G. Kristin
 Fridtjof Nansens institutt
 Fridtjof Nansens veg 17
 1324 Lysaker
 Tlf: 67 53 89 12
 Fax: 67 12 50 47

Rye, Simon
 Senter for utvikling og miljø
 Universitetet i Oslo
 Postboks 1116 - Blindern
 0317 Oslo
 Tlf: 22 85 89 27
 Fax: 22 85 89 20

Stenseth, Nils Chr.
 Biologisk institutt, avd. for zoologi
 Universitetet i Oslo
 Postboks 1050 - Blindern
 0316 Oslo
 Tlf: 22 85 45 84
 Fax: 22 85 46 05

Strand, Olav
 NINA
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 07 10
 Fax: 73 91 54 33

Sæther, Bernt Erik
 NINA
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 06 45
 Fax: 73 91 54 33

Tømmerås, Bjørn Åge
 NINA
 Tungasletta 2
 7005 Trondheim
 Tlf: 73 58 06 21
 Fax: 73 91 54 33

Wesenberg, Jan
NLH-IBN
Postboks 5014
1432 Ås
Tlf: 64 94 84 81
Fax: 64 94 85 02

Aars, Jon
Biologisk institutt, avd. for zoologi
Universitetet i Oslo
Postboks 1050 - Blindern
0316 Oslo
Tlf: 22 85 45 91
Fax: 22 85 46 05

Implementering av Konvensjonen om biologisk mangfold: et spill om eiendomsrettigheter i internasjonal politikk

G. Kristin Rosendal
Fridtjof Nansens Institutt

I dette foredraget vil jeg ta for meg de internasjonale forhandlingene om bevaring og bruk av verdens biologisk mangfold fra et statsvitenskapelig perspektiv. Konvensjonen om biologisk mangfold har en to-delt hovedmålsetning: i) bevaring av biologisk mangfold og bærekraftig bruk av dets komponenter; ii) rimelig og likeverdig fordeling av fordelene som følger av utnyttelsen av genressurser. Idet hovedandelen av det biologiske mangfold befinner seg i den fattige del av verden, vil oppfølgingen av den andre delen av målsetningen trolig ha betydning for en vellykket implementering av den første.

To spørsmål står sentralt omkring utviklingen knyttet til biologisk mangfold og fordeling:

1. Vil i-landene følge opp sine forpliktelser i tilknytning til det nye regimet for transaksjon med genressurser som Biokonvensjonen legger opp til?
2. Vil u-landene kunne bruke Biokonvensjonen som et rammeverk for å styrke sin forhandlingsevne mht avtaler for utveksling av genressurser?

Som bakgrunn for vurderingene av hvilke føringer Biokonvensjonen kan legge på disse forholdene, vil jeg starte med å si litt om den økonomiske betydningen av genressursene, og her kommer jeg bl.a. inn på utviklingen innen bioteknologi. Dernest vil jeg presentere de ulike eiendomsforhold genressursene kan være underlagt, og drøfte bakgrunnen for de ulike eiendomsregimene. Til slutt vil jeg kort ta for meg hvilke føringer Konvensjonen om biologisk mangfold legger på eiendomsforhold over genressursene. Som eksempel vil jeg bl.a. trekke på erfaringer fra en pilot case-studie av implementering av Biokonvensjonen i Etiopia.

Wildlife management related to conservation areas in Tanzania

Håkan Hytteborn

Abstract

The project will study East-african savanna ecosystem, the interactions between important organisms in the system and its potential economic significance for the local human communities, using the Serengeti region as a test case. Tropical savannas are relatively unstable ecosystems, where the impact from macroclimate and soil parent material is strongly modified by fire, herbivory and short term variations in rainfall. The varying environment causes pronounced fluctuations in the population size and composition of most savanna species.

The high natural production of savanna ecosystems in Africa with little human influence is associated with a large diversity and biomass of large herbivores. The herbivore biomass exceeds that recorded in other ecosystems. Large herbivores influence their environment on different scales, directly and indirectly and may maintain, change or create patch structure and patch dynamics.

There are five sub-populations of wildebeest in the Serengeti area, the largest one is the migratory population and the Serengeti ecosystem is largely defined by these migratory herds. The large scale pattern of their annual wanderings is presumably based on differences in rainfall. Within this large scale pattern, preferentially grazed areas, "grazing lawns" or "hot spots", are mainly defined by the sedentary herds. These preferentially grazed areas have a different species composition from the surrounding vegetation and the intense grazing keeps the grasses in a young, nutritious vegetative stage with low biomass, but with high shoot density and high leaf/stem ratio. To what extent the origin of these "hot spots" is abiotic, caused by soils or topography, or biotic, created by the grazing animals is not well understood. Nor is their relationship to the surrounding matrix vegetation or their long term dynamics known. Grazing are also directly and indirectly affecting the woody species by modifying the fire regime and by changing the competition between the grassy and the woody layers.

Aerial censuses and radio telemetry will be used to study population ecology and habitat utilization by the migrating ungulates, particularly the wildebeest. The direct influence by the migratory and sedentary herds of wildebeest on the vegetation structure and composition as well as indirect effects via induced changes in fire regime and nutrient turnover will be studied. The subsequent response by herbivores on the changes in the vegetation will be recorded. Effort will be made to construct a bioeconomic management model, which will identify optimal sustainable offtake and consumptive and non-consumptive tourism.

Tema: Dokumentasjon av biologisk mangfold

Grethe Rytter Hasle, Marin botanikk, Biologisk institutt, UiO

Potensielt giftige kiselalger (diatomeer) i norske kystfarvann

Blåskjellforgiftning og fiskedød forårsaket av toksiske fureflagellater (dinoflagellater) er kjent fra kystområder verden over. Inntil sist i 1980-årene var toksiske marine planktonalger identisk med dinoflagellater. Algekatastrofen i Skagerrak i mai 1988 forårsaket av *Chrysochromulina polylepes* og alvorlige tilfeller av muslingforgiftninger i Canada høsten 1987 forårsaket av en kiselalge viste at også andre grupper av planktonalger kunne være toksiske.

I Canada døde tre mennesker og flere ble syke etter å ha spist muslinger som inneholdt neurotoksinet, "domoic acid" (DA) produsert av en diatome. Sykdomssymptomene var kvalme og maveproblemer og varig tap av kort-tids-hukommelse, og syndromet fikk navnet "amnesic shellfish poisoning" (ASP). En annen art av samme slekten var ansvarlig for dødsfall av pelikaner og andre store fugler på California kysten ved at DA gikk gjennom kjeden alge-små fisk-fugl.

Fem *Pseudo-nitzschia* arter er funnet å produsere DA i kulturer; tre av dem er funnet i naturen sammen med DA i muslinger, og av disse tre er to, *P. multiseriata* (Hasle) Hasle og *P. pseudodelicatissima* (Hasle) Hasle, til stede i norske farvann. Tester på DA i muslinger og algemateriale fra norske områder har hittil vært negative. Algeovervåkning, inklusiv *Pseudo-nitzschia* spp. pågår imidlertid, men stort sett til slektsnivå idet artsidentifisering er vanskelig og tidkrevende. De tre toksiske artene i kanadiske og amerikanske farvann var således ingen nykommere i 1980-90-årene, men var i tidligere undersøkelser blitt feilbestemt.

I dette prosjektet er *Pseudo-nitzschia* undersøkt i håvtrekk fra Norskekysten, vesentlig fra Skagerrak innsamlet månedlig 1980-93. Åtte arter er identifisert ved elektromikroskopi. Sesong- og langtidsutbredelse er registrert og viser forandringer i sammensetningen av planktonfloraen i området. Mens *P. multiseriata* var dominerende innen slekten i Skagerrak og Oslofjorden i 1960- og begynnelsen av 1970-årene, forekommer den nå sparsomt og i det vesentlige bare om høsten. *P. pseudodelicatissima* derimot har tiltatt i hyppighet og mengde og er nå den dominerende arten innen slekten i norske og sannsynligvis også i andre skandinaviske kystfarvann. Den begynte særlig å gjøre seg gjeldende i 1992 da den dannet masseforekomst i juli-november fra Oslofjorden i nord til Øresund og Kielerbucht i syd. I 1993 og 1994 er det registrert gjentatte oppblomstringer langs størsteparten av Norskekysten gjennom det meste av året.

Pseudo-nitzschia multiseriata ble beskrevet som en form av *P. pungens* (Cleve) Hasle i 1965 med Drøbak som type-lokalitet. Nye morfologiske undersøkelser viser ytterligere skillende karakterer. Sammenholdt med andre forskeres resultater som viser fysiologiske (*multiseriata* toksisk, *pungens* ikke toksisk), immunofluoresens og genetiske ulikheter, er formen hevet til art.

COCCOLITHOPHORIDER, MONOGRAFI OG ETI PROTIST NETTVERK

Berit Riddervold Heimdal
Institutt for fiskeri- og marinbiologi
Universitetet i Bergen
Høyteknologisenteret
5020 BERGEN

Bakgrunn

Havet både tar opp og avgir karbondioksid til atmosfæren. Opptaket skjer ved forskjellige prosesser eller pumper som senker partialtrykket av karbondioksid i overflatevannet slik at det blir lavere enn i atmosfæren. Dette fører til at det løses opp ny gass som kan transporteres med vannmassene nedover i dypet. Det biologiske karbonforbruket er knyttet til en organisk pumpe som forsyner primærprodusentene med karbon til fotosyntesen og en kalsiumkarbonatpumpe som underholder kalkdannende planter og dyr med karbonat. Coccolithophorider (kalkflagellater) med kosmopolitten *Emiliana huxleyi* som den absolutt viktigste er hovedprodusenter av kalsiumkarbonat i dagens plankton. Som produsent av organisk materiale (fotosyntese) og kalk som avleires i coccolithene griper de inn samspillet mellom vann og luft på to måter. Under oppblomstringer trekker den organiske pumpen karbondioksid ned i havet fra luften for å kompensere for forbruket under fotosyntesen, mens utfellingen av kalk i coccolithene bidrar til å frigjøre karbondioksid. Begge disse prosessene gjør coccolithophoridene særlig interessante i dagens klimadebatt.

Beskrivelse av prosjektet

Sammenlignet med diatomeer og dinoflagellater representerer nålevende coccolithophorider en liten, eksklusiv gruppe som jevnt over har blitt tatt hånd om av et fåtall spesialister. Dette kommer nok i stor grad av at de er så små. De fleste er <10 μm og bare få er >30 μm , slik at identifiseringen som stort sett baserer seg på coccolith-morfologi og bare i mindre grad vektlegger andre karakterer som cellens form, krever spesialkompetanse. Til nå er det beskrevet ca. 200 arter. Disse er fordelt på nærmere 70 slekter, klassifisert på forskjellige måter av ulike forfattere. Det beskrives fortsatt nye taxa, blant annet fra subfotisk sone som har vært lite studert tidligere. Beskrivelsene forekommer i mange forskjellige, til dels ukjente og vanskelig tilgjengelige tidsskrift.

Prosjektet er ledd i utarbeidelsen av en monografi over nålevende coccolithophorider. Informasjonene som skaffes til veie vil samtidig bli brukt som basis i et computerbasert identifikasjonsprogram for protister som er under utarbeiding ved The Expert-center for Taxonomic Identification ved Universitetet i Amsterdam.

Appendicularia in norwegian waters.

Per R. Flood, Institute of Zoology, University of Bergen.

Allegaten 41, N-5007 Bergen. Tlph. 55 21 35 94, Fax 55 32 91 11.

Several lines of evidence, based on old and new knowledge, indicate that the zooplankton organisms named Appendicularia (Tunicata), play important roles in the marine ecosystem. Yet these delicate and fragile organisms have received little attention among norwegian marine biologists for several decades. Up till now, >3 species of appendicularia have been identified only in three reports (Apstein 1911, Runnström 1931 and Wiborg 1954). Taken together, these reports identify a total of 8 species of appendicularia in norwegian waters. In comparison 32 species were identified in the northern northatlantic ocean by Bückmann (1970).

In numerous additional norwegian plankton surveys the appendicularia are not commented upon at all, given a very summarily treatment, or the animals are identified only to genus level. Based on a detailed literature survey, it may therefore be concluded that we have a rudimentary and fragmentary knowledge of appendicularia in norwegian waters. Further, in consideration of our numerous deep fjords, our long and varied coastline and our extensive shelf and off shelf seas, that the biodiversity of this important group of planktonic animals is probably severely underestimated. In fact, the likeliness that hitherto undescribed species of appendicularia may exist in our deep fjords and varied waters is considerable.

An explanation for our lacking knowledge about appendicularia may be their extreme fragility and the delicacy of their taxonomic characters. In this context traditional sampling by plankton nets from great depth is inadequate and results in animals damaged by collisions with net meshes or with other plankton organisms long before they reach the deck and our fixatives. An important part of the project is therefore to develop a large volume (10m³) water sampler that may be filled at any depth and winched to the surface. From here its content may be sucked gently through an on deck observation and filtration device before it reaches the pump. Hereby the delay between plankton concentration and fixation may be minimized. Technical problems involved in preventing leakage of water from the sampler during winching to the surface have delayed its practical use so far. However, other sampling approaches are tested as well.

As this project is still in an early phase and suffers from lack of technical/preparative assistance, its background, problems and possibilities, rather than the results obtained so far, will be discussed during the seminar.

Referanser:

- Apstein, C. (1911): Tunicata. Cons. perm. internat. Explor. Mer, Bull. Trimens. Res. Crios. period. Resume Plankton 1902-1908. 150-162.
- Bückmann, A. (1970): Mar. Biol. 5, 35-56.
- Runnström, S. (1931): Bergen Mus. Årb. 1931, no 7, 67pp.
- Wiborg, K.F. (1954): Rep. Norw. Fishery Mar. invest. 11, no 1, 242pp.

Lokalflora for Oslo og Akershus - arbeidsform, erfaringer, resultater, videreutvikling. Abstract.

Jan Wesenberg

Lokalfloraprojektet for Oslo og Akershus, som drives av Østlandsavdelingen i Norsk Botanisk Forening, oppsto våren 1988. Prosjektet administreres av en komite under NBF-ØLA, og arbeidet skjer hovedsaklig på frivillig basis. En følge av dette er sterkt varierende kapasitet og nødvendigheten av smidighet m.h.p. ambisjoner og framdrift. I 1993 fikk prosjektet tildelt kr. 40 000 over Forskningsprogram om bevaring av biologisk mangfold, som ble brukt til innløsning av litteratordata. Prosjektet er organisert som en abonnementsordning, som p.l. omfatter rundt 100 abonnenter. Abonnentene er delvis medlemmer av NBF (både amatører og fagfolk), delvis organer innen kommunal og fylkeskommunal naturforvaltning. Sentralt bygges det opp en databasestruktur basert på ulike kildetyper (herbariedata, krysslistedata, litteratordata, tilbakemeldinger fra abonnentene). Fra databasen produseres maskinelt utbredelseskart og lokalitetslister. Med mer eller mindre jevne mellomrom mottar abonnentene en utsending med kart og lister over et visst antall arter. Ca 10 % av abonnentene bidrar mer eller mindre jevnlig med tilbakemeldinger om funn. Fram til nå er 309 arter kartlagt, og den operative databasen omfatter ca 30 000 poster.

De produserte kartene er å betrakte som "førsteverjonskart", de baserer seg på et begrenset kildemateriale (som for ulike arter kan vurderes å være alt fra godt dekkende til svært mangelfullt). Filosofien bak prosjektet er likevel at å sirkulere slike uferdige kart kan provosere folk til å rapportere nye opplysninger som ellers ikke ville blitt formidlet videre, samtidig som flest mulig personer kan få del i kunnskapen underveis (og ikke bare når et "endelig" bokverk foreligger). Slik sett kan prosjektet karakteriseres som en "neverending story", der veien er alt og målet er intet.

Den viktigste motivasjonsfaktoren bak prosjektet var ønsket om å kunne ha et fortløpende oppdaterbart bilde av den enkelte arts utbredelse og status utifra naturverns- og naturforvaltningshensyn. Slikt arbeid har tradisjonelt falt mellom to stoler: det har vært vurdert som for faglig spesielt (og delvis krevd kompetanse en ikke har besittet) av naturforvaltningsorganer, samtidig som det har vært for lite frontlinjepreget til å vekke interesse i forskningsmiljøene. Derfor har slikt arbeid i offentlig regi blitt konsentrert rundt nasjonalt trua arter, mens storskala florakartlegging har blitt frivillige organisasjoners domene. Artene som kartlegges i vårt prosjekt er i mellomstadiet mellom de trivielle og de nasjonalt trua artene, og ofte arter med enten en generelt fragmentert/spredt utbredelse eller med utbredelsesgrense som går gjennom vårt område. Prosjektet innebærer koordinatfesting av tidligere funn som grunnlag for oppsøking i felt, noe som gir mulighet for å kunne følge med eventuell tilbakegang og trusselfaktorer. Vårt ønske er da også i langt større grad enn hittil å fange opp organer innen naturforvaltninga som medarbeidere/abonnenter i prosjektet.

Også som publikumsrettet initiativ har prosjektet et stort potensiale. Det er vårt ønske å fange opp flest mulig planteinteresserte uansett kunnskapsnivå, og tilby en virksomhet som både er utfordrende for den enkelte og meningsfylt for prosjektet. Prosjekter som dette kan være viktige kulturskapere ved å formidle interesse for faget, for naturvermtanken, og for lokal identitet og stolthet over nærmiljøet.

Prosjektet kan som leverandør av oppdaterte utbredelsesdata være en støttespiller for spesielle forskningsprosjekter innen felter som populasjonsbiologi, systematikk, økofysiologi osv. Også i seg selv representerer prosjektet et stort og relativt lett håndterbart datamateriale som kan analyseres utifra mange ulike vinkler: fordeling av biodiversiteten innen området, økologiske endringer utifra arealendringer for indikatorarter, studier av lokale utbredelsestyper og karakterisering av delarealer i forhold til ulike miljøforhold og gradienter (oseanitetsgradienten, sonegradienten) utifra områdenes flora.

Av framtidsvyer må først og fremst utvidelse av klidegrunnet nevnes. Det viktigste her er igangsetting av systematisk inventeringsarbeid for å få en jevn bakgrunnsdekning av hele området (dette har pløyd å være første trinn i andre tilsvarende prosjekter, men har blitt nedprioritert i vårt tilfelle). Videre kursvirksomhet, både i floristisk inventering og i database- og kartleggingsarbeid (metoden kan lett overføres til andre områder og andre organismegrupper), overvåking av interessante populasjoner (ved hjelp av NBFs medlemsstøtte) og produksjon av faktaark om de enkelte artene. Den viktigste flaskehalsen i prosjektet er at det drives på frivillig basis, noe som begrenser den sentrale innsatsen vesentlig. For å realisere prosjektets potensiale behøves en fast stab og dermed ekstern finansiering.

Artsdiversitet og populasjonsdynamikk hos slørsopper (*Cortinarius*) knyttet til kalklindeskoger - et truet element av mykorrhizasopper i Norge

Tor Erik Brandrud, NIVA & Egil Bendiksen, NINA

Den rike mykorrhizasopp-floraen av slørsopper (*Cortinarius*) i kalklinde(-hassel)skoger i Oslofjordsområdet er undersøkt gjennom en 15-års periode. Ialt er det registrert 49 slørsopparter fordelt på 16 lokaliteter. Av disse synes omtrent halvparten (26) å være strengt bundet til lind eller lind/hassel innenfor sitt norske utbredelsesområde, mens de forekommer under bøk, agnbøk eller eik lenger sør i Europa. Mykorrhiza med lind er påvist for flere av artene ved anatomisk og kjemisk undersøkelse av pigmentert mycel og mykorrhiza.

To arter i materialet er nye for vitenskapen; *C. osloensis* (ined.) og *C. tiliae* (ined.). Artene har mykorrhiza med lind, og ser med nåværende kunnskap ut til å være endemiske for kalklindeskoger i Oslofjordsområdet. Tretten av de registrerte artene er ført opp som akutt truede eller sårbare på den norske rødlisten, og ytterligere arter vil bli foreslått. Mange av artene er sjeldne i hele sitt europeisk-nordafrikanske utbredelsesområde og forekommer bare med et titalls lokaliteter i Europa nord for Alpene, og seks av artene er ikke registrert i Norden forøvrig. Artsdiversiteten av dette elementet viser bare en meget svak nedgang langs akse Midt-Tyskland - Danmark - Skåne/Gotland - Oslofjordsområdet, noe som kan indikere at utbredelsen primært er begrenset av egnede mykorrhizapartnere og edafiske forhold, og ikke klimatiske faktorer.

Felles for de fleste slørsoppartene i kalklinde(hassel-)skog er at de opptrer i små og ofte isolerte bestander, og at de har en populasjonsstruktur som tilsier at de er meget gamle. Bestander synes også å representere stabile miljøer lang skoglig kontinuitet, og det antas derfor at dette spesialiserte sopp-elementet representerer meget gamle reliktføremønstre med svært begrenset spredningsevne. En artsrik og velutviklet mykorrhizasoppflora i lindeskoger er ikke kjent fra andre deler av Europa, og det antas at dette er en regional tilpasning grunnet mangel på andre, egnede vertstrær i området. Det er også mulig at (deler av) mykorrhiza-floraen er arvet fra eikeskoger som tidligere spilte en større rolle i Oslofjordsområdet.

Dronningberget på Bygdøy peker seg ut som den mest artsrike og mest verneverdige lokaliteten i materialet, med 35 slørsopp-arter registrert 1979-1993, hvorav 11 rødlistearter. Fruktifiseringen er her, som på de andre lokalitetene meget ustadig, og høy diversitet (bl.a. mer enn 4 rødlistearter) er bare registrert i sesongene 1980, 1982, 1985 og 1993, dvs. i mindre enn en tredjedel av tidsserie-materialet. Tre av rødliste-artene er bare registrert ett år gjennom undersøkelsesperioden 1979-1993. En fullstendig undersøkelse av denne type truede og sårbare sopp-elementer er m.a.o. en meget tidkrevende prosess. På den annen side vil alltid noen av de sjeldne/sårbare artene fruktifisere i en normal soppesong, og dette slørsopp-elementet er derfor egnet som et indikatorelement for særlig artsrike og interessante edelløvskoger med lang skoglig kontinuitet.

Tore R. Nielsen:

Blomsterfluer (Diptera: Syrphidae) - fargerike nytte dyr i norsk natur

Mimikry - evnen til å etterligne andre insekter - er dekkende for de fleste blomsterfluer i norsk natur. Mange har form og farger som veps, i gult, orange og svart. Andre er brune som bier, eller breibygde og lodne som humler. Den store likheten til stikkende insekter, og deres raske flukt, gjør at blomsterfluerne får større evne til å "bløffe" og unngå å bli tatt av rovdyr.

Blomsterfluene er en økologisk viktig insektgruppe. De voksne insektene er ivrige blomsterbesøkere og gir et stort bidrag i bestøvning, frukt- og frøsetting i naturen og i landbruket. Larvene til en lang rekke arter livnærer seg dessuten av bladlus og demper derfor skaden av disse plantesugerne. Andre larver lever av dødt plantemateriale og bidrar til resirkulering av plantenæringsstoffer i naturen.

Norsk fauna omfatter bortimot 300 blomsterflue-arter. Artsrikdommen er stor i alle landsdeler. I Sør-Norge finnes flere kontinentale arter med sin europeiske nordgrense hos oss, og i Nord-Norge en rekke sirkumpolare arter. 6-8 arter er beskrevet som nye for vitenskapen fra Norge.

Noen av våre arter er sjeldne og er i dag trolig truet pga. spesielle biotopkrav og menneskeskapt landskapsforandringer.

Arne Fjellberg:

Nordens Collembolfauna. Taxonomisk/faunistiske undersøkelser i et videre perspektiv.

Prosjektet tar sikte på geografisk registrering og beskrivelse av samtlige collebolarter (spretthaler) i de nordiske land (Danmark m. Færøyene, Island, Norge m. ishavsoyene, Sverige, Finland). Faunaen antas å romme bortimot 400 arter, hvorav mange nye for vitenskapen. Eldre litteratur og museumssamlinger blir gjennomgått og nytt materiale innsamles ved utstrakt feltarbeid. Resultatene presenteres i form av håndbøker med bestemmelsestabeller til artsnivå.

I foredraget vektlegges betydningen av "det ennå ukjente" og konsekvensen dette har både for praktisk forvaltning/bevaringsbiologi og i ren grunnforskning.

Dynamiske populasjonsmodeller som genererer de klassiske abundansem modellene.

Steinar Engen, Universitetet i Trondheim

Foredraget er basert på 4 fellesarbeider med Russell Lande som er under utarbeidelse.

De klassiske abundansem modellene, Fishers modell, lognormalmodellen, MacArthurs modell og gammamodellen vil kort bli oppsummert. Det vil bli presentert en ny klasse abundansem modeller, Poisson abundansem modeller, der abundansene er beskrevet som realiseringen av en inhomogen Poissonprosess. Disse modellene genereres ved at dannelse av nye arter modelleres som en Poissonprosess, mens artenes utvikling i tid modelleres som diffusjonsprosesser. Det vil bli demonstrert hvordan forskjellige former for intra-spesifikk tetthetsregulering leder til abundansem modeller som er ekvivalente med de forskjellige klassiske modellene. Modellene er i utgangspunktet helt generelle og de forskjellige artene som er i samfunnet til enhver tid kan følge diffusjoner med forskjellige parametre, dvs. parametre hentet fra en fordeling.

Inter-spesifikk konkurranse kompliserer modellene. For lognormalmodellen viser det seg likevel at en veldig generell type inter-spesifikk konkurranse og korrelert miljøstøy kan innarbeides slik at man fremdeles er innenfor klassen av lognormalmodeller. For den generelle gammamodellen, som inkluderer Fishers og MacArthurs modeller, vil denne type regulering generelt endre abundansem modellen. Hvis man imidlertid modellerer slik at samfunnets totale abundanse er konstant, viser det seg at man igjen er innenfor samme klasse av modeller, men med litt endrede parameterverdier.

Til slutt gis en kort vurdering av hvordan modellene kan anvendes, og hvilke problemstillinger det gjenstår å løse, f.eks. estimeringsproblemer, før anvendelsene kan realiseres.

Bevaringsgenetikk i sommerfuglperspektiv

Kjetil Hindar, Kaare Aagaard, Torveig Balstad og Oddvar Hanssen

Norsk institutt for naturforskning (NINA), Trondheim

Abstract

Prosjektets målsetting er å formulere bevaringsgenetiske strategier for terrestre invertebrater basert på en komparativ genetisk analyse av sommerfugler. Vi har utført en småskala undersøkelse av den genetiske strukturen til fire ulikt utbredte arter av *Coenonympha*, hvorav to (*hero* og *arcania*) har en begrenset utbredelse i Norge, og de andre (*tullia* og *pamphilus*) har en vid utbredelse. Artene ble analysert med enzyrnelektroforese, og inntil 25 enzymkodende gener ble funnet å være tolkbare for genetisk analyse. De viktigste resultatene var: (1) heterozygositeten (H) i de 19 genene som er tolket for alle fire artene, ble beregnet til $H = 0,019$ for *hero*, $0,149$ for *arcania*, $0,214$ for *tullia*, og $0,167$ for *pamphilus*, (2) graden av genetisk differensiering mellom populasjoner (F_{ST}), som i vårt begrensede materiale bare kunne måles med noen sikkerhet hos *C. pamphilus*, var liten ($F_{ST} = 1,0\%$) mellom nærliggende lokaliteter (4 km) og betydelig ($F_{ST} = 17,5\%$) mellom fjerntliggende (120 km) lokaliteter: de to verdiene representerer henholdsvis utveksling av 25 og 1 migrant per generasjon.

En foreløpig sammenlikning av våre resultater med et tysk diplomarbeid fra 1994 gir grunnlag for følgende tilleggsresultater: (3) den truede herosommerfuglen er den minst variable *Coenonympha*-arten (dvs. har lavest heterozygositet) både i Mellom-Europa og i Norge, og (4) i de genene som er funnet variable i alle fire arter både i Mellom-Europa og Norge, har norske *hero* 1/5 av variasjonen til *hero* fra kontinentet, norske *arcania* har 1/3, norske *tullia* har 1/1 og norske *pamphilus* 1/2 av den kontinentale variasjonen. Det ser altså ut til å være de to artene som så vidt har kolonisert Norge som har mistet mest genetisk variasjon på veien.

Full utnyttelse av dataene fra tyske (og i tillegg svenske) undersøkelser av *Coenonympha* krever ytterligere støtte til prosjektet i to år. Samarbeidet med tyske og svenske forskere vil gjøre det mulig å teste to bevaringsbiologiske hypoteser av generell interesse: (1) små (og isolerte) populasjoner har mindre genetisk variasjon enn store (og sammenhengende) populasjoner, og (2) liten genetisk variasjon er forbundet med dårlig levedyktighet.

Genetikk og demografi i små, fragmenterte populasjoner

Jon Aars

Ødeleggelse av habitat fører i vår tid til at en rekke arters leveområder splittes opp og i større eller mindre grad blir isolert. Slike fragmenterte landskap vil kunne resultere i små populasjoner truet av utdøelse p.g.a. demografiske stokastiske prosesser, innavlsdepresjon eller tap av genetisk variasjon p.g.a. genetisk drift. Korridorer av habitat mellom ulike leveområder antas å minke sannsynligheten for utdøelse ved å fungere som en ferdselsåre og dermed forbinde flere populasjoner. Selv om vi vet at korridorer kan binde populasjoner sammen, er det ikke opplagt om virkningene delpopulasjonene har på hverandre er positive eller negative for populasjonen totalt sett. Det er mangel på empirisk kunnskap som viser hvordan korridorer påvirker demografi og genetikk hos vertebratpopulasjoner.

I dette studiet vil vi manipulere habitatkonfigurasjon for å se på effekten av korridorer på demografi og genetikk hos fjellrottepopulasjoner. Forsøkene utføres i et åkerlandskap på Evenstad i Østerdalen. I seks adskilte innhegninger på 100x50 m er leveområder isolert av ikke-habitat. Hver innhegning har to 750 kvadratmeter store habitatområder som ligger i en avstand av 50 m fra hverandre. I hver annen innhegning bindes habitatene sammen av en habitatkorridor. Forsøket blir replikert over tre sesonger (1994-1996), noe som totalt gir ni replikater av hver habitatkonfigurasjon.

Først i juli settes tre mødre med kull ut i hvert fragment. I hver ende av en innhegning slippes dyr som er motsatt homozygote m.h.p. alleler fra et to-allel en-locus isoenzym. Siden følges populasjonene ved hjelp av intensiv fangst-gjenfangst gjennom sommer og høst med utfangst av hele populasjonene den påfølgende våren. Høy fangbarhet gir mulighet for en svært god oversikt over den genetiske (det tas prøver av dyrene) og demografiske utviklingen i populasjonene. Smågnagernes raske reproduksjon gir oss sjansen til å følge flere generasjoner dyr, og vil gi stor demografisk variasjon i tid og rom.

Demografi og populasjonsgenetikk i en fragmentert bestand av gråspurv *Passer modellicus*; presentasjon av et modellsystem.

Bernt-Erik Sæther

Norsk institutt for naturforskning (NINA), Tungasletta 2, 7005 Trondheim

Gråspurven på Helgelandskysten lever i små isolerte bestander. Formålet med prosjektet er å undersøke hvilke faktorer som påvirker slike små bestanders evne til å overleve. Prosjektet er konsentrert om tre problemstillinger:

1. Hvilke faktorer påvirker den effektive bestandsstørrelsen og dermed tapet av genetisk variabilitet?
2. Hvilke demografiske faktorer styrer bestandsutviklingen i store og små bestander?
3. Hvordan varierer seleksjonsprosessene i tid og rom i en bestand med en slik fragmentert struktur?

I foredraget vil det bli gitt en nærmere utdyping av disse problemstillingene.

Oppsummering av erfaringer på prosjektet «Genetiske effekter av økologisk isolasjon, fjellrev som bevaringsbiologisk modellart».

Olav Strand¹, Kjetill Jakobsen², Terje Skogland¹ og Ingrid Bysveen Mjølnerød¹.

¹ Norsk institutt for naturforskning, Tungasletta 2, 7005 Trondheim, ² Biologisk institutt, avd. for generell genetik, universitetet i Oslo, postboks 1031 Blindern, 0315 Oslo.

Sammendrag.

Bestandene av de fleste skandinaviske rovpattedyrene har i løpet av det siste århundret blitt sterkt desimert. Disse artene er i dag svært fåtallige og mer eller mindre funksjonelt utryddet fra den norske faunaen. Fåtalige bestander finnes fortsatt av enkelte arter, deriblant gaupe, jerv og fjellrev, mens brunbjørn og ulv bare finnes i tilknytning til svenske stammer. Disse stammene framtidige overlevelse er avhengig av demografisk variasjon og populasjonsstørrelse. På sikt kan også lav arvbarhet eller redusert vitalitet ha betydning for disse stammene overlevelse. I forvaltningen av slike stammer er det av betydning å kjenne effektiv populasjonsstørrelse og graden av utveksling mellom lokale stammer. Med dette utgangspunktet startet vi et forskningsprosjekt på fjellrev som tar sikte på å bruke DNA baserte teknikker i populasjonsgenetiske studier på denne arten. Målsetningen er at disse teknikkene senere også skal kunne brukes på andre rovdyrarter. Ansvarlig for prosjektet er seniorforsker Terje Skogland, Olav Strand og Ingrid Bysveen Mjølnerød er prosjektmedarbeidere ved NINA. De genetiske analysene utføres av Kjetill Jakobsen ved avd. for generell genetik ved Universitetet i Oslo.

Utprøving av metoder og prosedyrer for isolering av DNA er blant annet gjort på fjellrev fra pelsdyrfarmer. Så langt har vi sett at DNA-fingerprinting setter store krav til konservering av vevsprøver. Frysing og gjentatt tining ved -20°C har ikke gitt prøve kvalitet som er tilfredsstillende for DNA-fingerprint analyser. Fra fallvilrutiner og rovdyr som er skutt på betingete fellingstillatelser er det i flere år samlet et betydelig materiale som muliggjør populasjonsgenetiske studier av de større rovdypene. Dette forutsetter imidlertid analyseteknikker som tillater vevsprøver av varierende kvalitet. Vi skal derfor prøve PCR baserte teknikker som normalt kan benyttes på materiale av dårligere kvalitet. Hittil har vi sekvensert noe mitokondrie-DNA fra fjellrev. Det gjenstår imidlertid noe kontroll av disse sekvensene før de kan brukes til å sammenligne populasjoner. I tillegg til å sekvensere mitokondrie-DNA fra fjellrev, kommer vi også til å sekvensere noen få prøver fra gaupe og jerv med tanke på tilpasning til andre rovdyrarter. Sekvensering har også en fordel ved at resultatene fra slike analyser tillater direkte sammenligninger på individnivå, eksempelvis så vil overvåking av små stammer over tid kunne gjøres med disse metodene.

For å sammenligne genetisk variasjon i små og store fjellrevstammer har vi samlet inn materiale fra tre mindre og antatt isolerte fjellrevstammer. Disse blir sammenlignet med to store populasjoner. I DNA-fingerprint analysene har vi så langt funnet fram til preserverings prosedyrer og vevstyper som muliggjør en DNA-fingerprint analyse. Vi har prøvd to ulike restriksjonsenzymmer for kutting av DNA sekvenser. Begge enzymene ga bånddelingsmønster som. Etter at 30 % av materialet er fingerprintet ser vi indikasjoner på en populasjons differensiering mellom de største og de minste fjellrevstammene. Analysene av bånddelingsmønster i de ulike populasjonene skal avsluttes i løpet av høsten 1994, etter planen vil også de første resultatene av mitokondrie-DNA sekvensene foreligge da.

Prosjektet er finansiert av Norges forskningsråd, NINA og Direktoratet for naturforvaltning.

GENETISK VARIASJON HOS NORSKE FALKER

Jan T. Lifjeld, Zoologisk museum, Sars gate 1, 0562 Oslo.

Fem falke-arter hekker i Norge. Blant de tre "små" falkene har tårnfalk og dvergfalk gode, solide bestander, mens lerkéfalken teller kun noen få hekkende par begrenset til de sørøstlige deler av landet. De to store falkeartene, jaktfalk og vandrefalk, har begge en bestand på bare noen få hundre par hver. Bestandsnivået for jaktfalk har trolig vært relativt stabilt i lang tid, mens vandrefalken var nær utryddelse på 1970-tallet i hele Skandinavia. Bestanden har vokst betydelig de siste tyve årene, trolig godt hjulpet av et avlsprosjekt "Prosjekt Pilgrimsfalk" som drives av den svenske Naturskyddforeningen. På denne bakgrunn viser norske/skandinaviske falker et interessant spekter av bestandsstørrelser og bestandsutvikling for en komparativ analyse av populasjonsgenetiske parametre.

Hensikten med det pågående studiet er å få et mål på den genetiske variasjonen hos våre falkearter, spesielt med tanke på i hvilken grad vandrefalken viser redusert genetisk variasjon etter bestandssammenbruddet på syttitallet. Metoden som benyttes er multilocus DNA fingerprinting. DNA ekstraheres fra blodprøver som er tatt fra reirunger i forbindelse med pågående hekkebiologiske undersøkelser av falker i Sørøst-Norge. Blodprøver er samlet inn i 1993 og 1994 fra alle de fem artene. Materialet er særlig omfattende for vandrefalk, hvor det svenske vandrefalkprosjektet har bidratt med blodprøver både fra Lappland og den svenske vestkysten. I tillegg disponeres blodprøver fra de svenske avlsparene ($n=15$) og deres kull. DNA fra komplette familier er her av stor betydning for å teste visse forutsetninger for å bruke DNA fingerprint-profiler som uttrykk for genetisk variasjon.

Fingerprintanalysene pågår ved Zoologisk museums molekylærgenetiske laboratorium. Metodikken er vel utprøvet og fungerer godt, og eksempler på en del fingerprint-profiler vil bli vist. Av spesiell populasjonsgenetisk interesse er visse kjønns-spesifikke bånd som muligens kan tjene som markører på populasjonsnivå. Progresjonen i analyse-arbeidet er imidlertid lav på grunn av mangel på teknisk assistanse. Noen foreløpige resultater vil bli presentert og perspektiver for det videre arbeid vil bli diskutert.

Limniske økosystemer i Ghana, biodiversitet og bevaringsbiologi

Trond Andersen, Zoologisk Museum, Universitetet i Bergen.

Prosjektet gjennomføres i regi av biodiversitetsgruppen ved Zoologisk Museum, Universitetet i Bergen, arbeid med å kartlegge og bevare klodens biologiske mangfold. Prosjektet må således sees i sammenheng med våre andre aktiviteter, spesielt aktiviteter rettet mot den afrotropiske faunaen. Sentralt i denne sammenheng er vårt NUFU-prosjekt i Ghana *Freshwater entomology* (1992-95), et samarbeidsprosjekt med Department of Zoology, University of Ghana, Legon, Ghana og med Institute of Aquatic Biology, C.S.I.R., Accra, Ghana. Det må også sees i sammenheng med NAVF-stipendiat Jostein Kjærandsens prosjekt *Vårfluer i Ghanas kystregnskoger*. Det foreliggende prosjektet er hovedsakelig ment å dekke driftsutgifter i Norge og lønnsutgifter til teknisk hjelp.

Prosjektene i Ghana er rettet mot ferskvannsinsekter, spesielt, fjærmygg og vårfluer. Innsamling er foretatt på en rekke lokaliteter i det sydlige og sentrale Ghana. I to områder med relativt urørt kystregnskog, Agumatsa Waterfalls, Wli, Volta Region og Ankasa Game Production Reserve, Western Region er det ble foretatt mer omfattende innsamlinger, bl.a. langs gradienter. Et omfattende materiale er innsamlet med forskjellige metoder som håv, lysfelle, malaisefelle, driftnett, klekking etc. Sortering, identifikasjon og beskrivelse pågår. Av vårfluer har vi anslagsvis tatt 240 arter i 45 slekter i 11 familier. Av familien Hydroptilidae, som vi har arbeidet mest med, er det tatt 54 arter i 12 slekter, hvorav 39 arter og 3 slekter later til å være ubeskrevne. Representative sampler av fjærmygg er sortert ut fra en rekke lokaliteter. Materiale er meget omfattende og selv om prepareringen har pågått for fullt siden i fjor høst er bare en liten del av materialet ferdig preparert som slides for mikroskopering. Tre underfamilier, Tanypodinae, Orthocladinae og Chironominae forekommer, men det er for tidlig og komme med estimater over antall arter og slekter.

Foreløpige resultater viser en langt artsrikere og mangfoldig fauna med sterkere tilknytning til andre faunaregioner enn det vi forventet ut fra litteraturen. Vi har f.eks. funnet en ubeskrevet art av vårflue-slekten *Jabirichia*, tidligere kun kjent fra Australia og Indonesia. Vi har påvist larver av den afrotropiske slekten *Dahtrichia*, plassert i tribus Hydroptilini, som viser store likhetstrekk med larvene av den neotropiske slekten *Kumanskiella*, plassert i tribus Neotrichini. Innen fjærmygg har vi funnet en ubeskrevet art som later til å kunne plasseres i slekten *Doitrix*, tidligere kun kjent fra Nord-Amerika. Vi har også funnet arter av klart ubeskrevne slekter, og et par av disse viser meget spesielle karakterkombinasjoner. Resultatene kan således ha betydning for forståelsen av utviklingen av hele Gondwanaland faunaen. Men den afrotropiske faunaen er generelt dårlig kjent og særlig later faunaen i mindre elver og bekker i regnskogsområder til å være nærmest ukjent. Vi arbeider også i et av Afrikas viktigste endemismeområder.

Hildur Krog

Tidlig lavforskning i tropene - og moderne lavforskning i tropisk Afrika

Abstract:

Gjennom hele forrige århundre og i begynnelsen av dette århundre ble utallige lavarter nye for vitenskapen beskrevet, vesentlig på basis av tropisk ekspedisjonsmateriale sendt ut til den tids eksperter for bearbeidelse. Mer eller mindre inhomogent originalmateriale ble spredt til en rekke naturhistoriske museer, ble i noen tilfelle tatt dårlig vare på, og var av og til utilgjengelig for utlån. Store ubearbeidede innsamlinger fra tropene hopet seg etter hvert opp i flere av Europas viktigste museer.

Omkring 1970, etter introduksjon av SEM, tynnsjiktskromatografi til analyse av lavsyrer, og vanlig bruk av frysemikrotom for anatomiske studier, lå forholdene til rette for en mer moderne arts- og slektsoppfatning og en fornyet interesse for lavtaksonomi. Dette førte bl.a. til at lichenologene T.D.V. Swinscow, UK og Hildur Krog, Oslo startet et samarbeidsprosjekt i tropisk Østafrika i 1972. Taksonomiske revisjoner, basert på typestudier og moderne teknikk, resulterte i 38 større og mindre publikasjoner (ca. 550 sider) i internasjonale tidsskrift. I disse arbeidene ble 63 arter beskrevet som nye for vitenskapen og mer enn 130 artsnavn ble redusert til synonymer. I 1988 ble "Macrolichens of East Africa" publisert, den første moderne lavflora for et større tropisk område, basert på egne innsamlinger. Den representerte 15 forskningsårsverk for hver av forfatterne.

I 1989 startet Krog sitt nåværende prosjekt "Makrolavfloraen i lavtliggende fjellregnskoger i det østlige Tanzania", senere utvidet til også å omfatte Mauritius. Feltarbeide i Tanzania pågikk i Usambara Mts under et forprosjekt i 1988 og i Nguru Mts, på Mufindi Escarpment, og i Poroto og Rungwe Mts i 1989; på Mauritius i 1991. Prosjektet har som siktemål å dokumentere den nåværende status for makrolavfloraen i fjellregnskogene i Tanzania og å sammenligne med det tilsvarende element på Mauritius. Resultatene av undersøkelsen vil danne basis for fremtidige registreringer av forandringer i lavvegetasjonen.

POSTER ABSTRACT

En sammenligning mellom den macrodasyide gastrotrichfaunaen i Bergensregionen og Tromsøregionen

Claus Clausen

Antall dokumenterte macrodasyide gastrotricharter fra Bergens- og Tromsøregionen var hittil 20 (Clausen 1965, 1967, 1968, 1991; Schmidt, 1972). Nyere undersøkelser har brakt antallet opp til 44, hvorav 14 er ubeskrevne.

Nedenstående oversikt viser artsantallet fra i alt 35 studerte lokaliteter i Bergensregionen og 10 lokaliteter i Tromsøregionen (antall kjente taxa i parentes, alle kjente familier er representert):

<u>Familie</u>	<u>Slekter</u>	<u>Arter</u>	<u>B</u>	<u>T</u>	<u>B og T</u>	<u>Bare B</u>	<u>Bare T</u>
Dactylopodolidae	1 (15)	1 (15)	0	1	0	0	1
Lepidodasyidae	5 (7)	5 (25)	4	4	3	1	1
Macrodasyidae	2 (2)	4 (24)	4	2	2	2	0
Planodasyidae	1 (2)	1 (4)	1	1	1	0	0
Turbanellidae	4 (5)	6 (37)	4	5	3	1	2
Thaumastodermatidae	6 (8)	25 (65)	17	16	9	8	8
	<u>Genus (?)</u>	<u>2</u>	<u>1</u>	<u>1</u>	<u>0</u>	<u>1</u>	<u>1</u>
Sum	19-21 (28)	44 (170)	31	30	18	13	13

Andelen av felles arter (18) utgjør 41 %, mens 59 % er særegne for den ene eller den andre regionen (29,5 % for hver). Denne markante forskjellen regionene i mellom har trolig blant annet både med geografisk beliggenhet og sedimentbeskaffenhet å gjøre.

Et interessant forhold er også helhetspreget av gastrotrichfaunaen i hver region i forhold til andre, geografisk atskilte regioner. For Bergensregionen viser den regionspesifikke fraksjonen stor likhet med Færøysbankens og Roscoffregionens arter. Tromsøregionens spesifikke fraksjon slutter seg nær til arter fra Middelhavet og sørlige og østlige del av Nordsjøen (Belgia - Helgoland).

Det faktum at Tromsøregionen til tross for langt færre undersøkte lokaliteter framviser like stort artsantall som Bergensregionen, skyldes sannsynligvis at sedimentene i Bergensregionen gjennomgående er grovere enn sedimentene i Tromsøregionen (finere sedimenter framviser jevnt over et høyere artsantall). Den store andelen av Thaumastodermatidae i begge regioner gjenspeiler den store spennvidde i kornstørrelse mellom lokalitetene - én fraksjon av familien (*Platydasys*) er vanligst i grovere sedimenter; en annen fraksjon (*Tetranchyroderma*) i finere sedimenter.

Av funnene framheves spesielt: 1. En ny art av den monotype slekten *Desmodasys* (hittil bare kjent fra Bergen) er funnet i Tromsø. 2. Innen slekten *Ptychostomella* er for første gang påvist kutikulære dannelser (karakteristisk for fire av de seks slektene innen Thaumastodermatidae).

I illustreringen er det lagt vekt på å framheve diskriminerende taksonomiske karakterer.

Studier innen taksonomi og genetisk diversitet innen tropisk afrikanske slekter av familien Hyacinthaceae

Brita Stedje, Biologisk inst., Avd. botanikk, Boks 1045, Blindern, 0316 Oslo

En av de mest alvorlige sider ved miljøkrisen i dagens verden er tap av biologisk diversitet. For økologiske prosjekter i tropene har mangel på taksonomisk oversikt vist seg å være den store flaskehalsen. Formålet med dette prosjektet er å kartlegge den taksonomiske og genetiske diversitet innen Hyacinthfamilien i tropisk Afrika, og å revidere familien for floraprojektene Flora of Tropical East Africa, Flora of Ethiopia og Flora Zambesiaca.

Metodene som brukes er morfologiske studier både på levende materiale og herbariemateriale, krysningsforsøk, kromosomcytologiske undersøkelser og DNA-metoder. DNA-metodene omfatter sekvensiering av en region av kloroplastgenomet som inneholder tre tRNA gener, to intergeniske spacer og ett selvspleisende intron. Ved å bruke fylogenetiske analysemetoder på disse sekvensdataene er det framsatt hypoteser om evolusjon og fylogeni innen arts- og slektskomplekser innen Hyacinthfamilien.

305

nina
oppdrags-
melding

ISSN 0802-4103
ISBN 82-426-0511-4

Norsk institutt for
naturforskning
Tungasletta 2
7005 Trondheim
Tel. 73 58 05 00