

Slåtter eller inte slåtter

– en molekylär jämförelsestudie av insektsfaunan på
Pyöreänoja slåttermyr

Mårten Klinth och Dave Karlsson



16 januari 2026

Om rapporten

Titel: Slåtter eller inte slåtter – en molekylär jämförelsestudie av insektsfaunan på Pyöreänoja slåttermyr

Datum: 16 januari 2026.

Citeras: Klinth, Karlsson (2026). Slåtter eller inte slåtter – en molekylär jämförelsestudie av insektsfaunan på Pyöreänoja slåttermyr. Station Linné.

Foton: Copyright © 2026 Station Linné där inget annat anges.

Omslag: Renens nässtyg (*Cephenemyia trompe*) ser ut som en söt liten humla, men dess larver orsakar stort lidande hos renar. Individen på bilden hittades i ett prov insamlat på Pyöreänoja slåttermyr.

Om uppdraget

Utfört av:

Stiftelsen Station Linné (organisationsnummer: 802426-3744)

Skogsby 161

386 93 Färjestaden

Hemsida: www.stationlinne.se

Telefon: 0485-385 84

E-post: info@stationlinne.se

På uppdrag av: Länsstyrelsen i Norrbottens län (ref. Jörgen Naalisvaara).

Projektleddare: Mårten Klinth (Station Linné).

Rapportförfattare: Mårten Klinth och Dave Karlsson (Station Linné).

Version

1.0	2026-01-16
-----	------------

Bakgrund (Ur: *Norrbottens kulturmiljöprogram 2010-2020*)

"Pyöreänoja (Bild 1) är en slåttermyr som fortfarande nyttjas för slåtter. Myren slås med lie och höet används för stödutfodring av renar. Denna myr dämades förr upp för att på så sätt gödsla den och få bättre avkastning. Diken och dammanläggningar visar på detta bruk. På denna myr finns idag fem lador och flera hässjor.

Området är ett klass I objekt i inventeringen av naturliga fodermarker, nr 1, och ett klass I objekt i inventeringen av naturliga fodermarker. För slåttermyren gäller miljöbalkens bestämmelser om miljöhänsyn i jordbruket (kap 12). Området är ett natura 2000-område och ingår i myrskyddsplanen."



Bild 1. Översiktskarta med Pyöreänoja slåttermyr markerad med blått nätmönster. Överst habitatbilder av platsen, ur *Norrbottens kulturmiljöprogram 2010-2020*.

Uppdrag

Från juni till september 2023 samlade länsstyrelsen i Norrbotten in insekter vid Pyöreänoja med hjälp av två Malaisefällor, en på den slåtrade delen av myren och en på den oslåtrade delen (Bild 2). Totalt samlades fem prover från respektive fälla in. Dessa skickades därefter till Station Linné för att analyseras enligt följande:

- Vägning av biomassa (våtvikt).
- Metastreckkodning och framtagande av artlistor med hjälp av aktuella referensbibliotek.
- Kompletterande morfologisk abundansuppskattning.
- Sammanfattning i rapportform.



Bild 2. Satellitbild över Pyöreänoja där slåttermyrer ligger norr om vägen och den oslåtrade delen av myren ligger söder om vägen. De två Malaisefällorna som användes i denna studie är markerade med orangea cirklar. Bild från Google Maps.

Metod

De 10 Malaisefälleproverna analyserades med metastrekkodning genom att följa FAVIS-protokollet (Iwazskiewicz-Eggebrecht m.fl. 2023), beskrivet i detalj i länken nedan och här i en kort sammanfattning.

<https://www.protocols.io/view/favis-fast-and-versatile-protocol-for-metabarcoding-kqdg36261q25/v2?step=9>

Metastrekkodning

Först mättes provernas biomassa genom att dekantera etanolen och väga de insamlade djurens våtvikt. Därefter tillsattes biologiska "spike-ins", dvs. insekter som inte finns vilt i Sverige, där ett känt antal av sex olika arter tillsätts i varje prov som en referens för att möjliggöra senare abundansuppskattning. Av *Drosophila bicornuta* tillsattes två individer i stället för tre, i avvikelse från protokollet.

För DNA-extraktion tillsattes en buffertlösning samt enzymet proteinase K i en mängd som var proportionell mot provernas vikt. Proverna inkuberades därefter först i vattenbad under 30 minuter och sedan i ett värmeskåp under 2 timmar och 45 minuter, där de skakades med en hastighet av 90 varv per minut. Utöver de tio proverna inkluderades även en negativ kontroll bestående av enbart buffertlösning och enzym.

Efter inkubationen dekanterades buffertlösningen från proverna, och en delmängd sparades för fortsatt analys, medan proverna återfylldes med etanol. Lösningen med det extraherade DNA:t renades med magnetiska pärlor enligt steg 17 i protokollet. Därefter amplifierades 418 baspar av streckkoden COI (Cytokrom c-oxidas subenhet 1) med hjälp av PCR, även här inkluderades en negativ kontroll. Produkten renades och unika index samt adaptrar för sekvensering tillsattes till respektive prov. Sekvenseringen utfördes av SciLifeLab med NovaSeq SPrime 2x250bp flödesceller.

Bioinformatik

Sekvenseringsdatan processades med hjälp av HAPP (High-accuracy pipeline for processing deep metabarcoding data; Sundh m.fl. 2025). Kortfattat filtrerar pipelinen bort lågkvalitativa och felaktiga sekvenser, kopplar sekvenser till respektive prov, grupperar likartade sekvenser till genetiska arthypoteser (kluster) samt tilldelar taxonomiska namn genom matchning mot referensdatabaserna BOLD (Barcode of Life Data System) och GBIF (Global Biodiversity Information Facility). Totalt identifierades 2 006 genetiska arthypoteser.

En äldre version av BOLD (2022) användes initialt, varvid 151 arthypoteser inte kunde identifieras till lägre nivå än familj. Dessa kluster kontrollerades därefter manuellt genom matchning mot den senaste versionen av BOLD, vilket resulterade i att 66 % kunde identifieras till familjenivå och 40 % till artnivå.

Med de uppdaterade taxonomiska identifikationerna jämfördes antalet DNA-läsningar mellan de tio proverna och de två negativa kontrollerna. Totalt identifierades 64 kluster i de negativa kontrollerna, varav 25 endast förekom i kontrollerna och inte i proverna; dessa exkluderades. De återstående 39 kluster som påträffades i både negativa kontroller och faktiska prover användes för att subtrahera antalet DNA-läsningar i kontrollerna från motsvarande värden i proverna. Efter denna korrigering saknade 19 kluster DNA-läsningar i proverna och exkluderades därför från den slutgiltiga artlistan

(men redovisas i Appendix 1). Detta resulterade i en slutgiltig, rensad artlista omfattande 1 962 kluster, varav 1 094 kunde identifieras till artnivå.

Morfologisk abundansuppskattning

De metastreckkodade proverna analyserades även visuellt genom att innehållet hälldes ut i tråg och studerades i en stereolupp. I trågen gjordes en översiktlig uppskattning av abundansen för de tio arthypoteser som genererade flest DNA-läsningar i respektive prov. Slutligen togs ett översiktsfotografi av varje prov.

Resultat

Totalt registrerades 1 332 kluster ("arthypoteser") i fällan placerad i den slåttrade delen av myren och 1 366 kluster i fällan i den oslåttrade delen (Tabell 1). I båda fällorna ökade artantalet under högsommaren och nådde sitt maximum från slutet av juni till mitten av juli (provperiod 002–003), vilket även återspeglades i den uppmätta biomassan (Tabell 2).

För de senare provperioderna ökade dock antalet fångstdygn, och uttryckt som antal arter per dygn var diversiteten som högst i de tidigaste proverna och minskade därefter successivt i båda fällorna. Antalet arthypoteser var högre i samtliga prov från fälla Mt2 (oslåttrad myr), med undantag för perioden 19 juli–9 augusti 2023 (provperiod 004).

Överlappet av arthypoteser mellan de två fällorna låg genomgående kring 30 % vid jämförelser mellan motsvarande provperioder och var något högre (38 %) för den totala fångsten (Tabell 1, Figur 3). Antalet DNA-läsningar uppgick till cirka 500 000 per prov, med två prov som översteg 700 000 läsningar och ett prov med färre än 200 000 läsningar (Tabell 2). Den fullständiga artlistan, inklusive antalet DNA-läsningar per kluster, redovisas i Appendix 1.

Tabell 1. Kolumn 2 och 3 visar antalet arthypoteser per prov, där siffrorna inom parentes anger antalet arthypoteser per fångstdygn. Kolumn 4 redovisar det totala antalet arthypoteser för båda fällorna tillsammans, och kolumn 5 anger överlappet mellan proven från de två fällorna.

Prov ID	Mt1 slåttermyr	Mt2 oslåttrad myr	Mt1 & Mt2	Överlapp (%)	Startdatum	Slutdatum
001	327 (47)	389 (56)	544	172 (32 %)	2023-06-13	2023-06-20
002	474 (36)	612 (47)	837	249 (30 %)	2023-06-20	2023-07-03
003	513 (32)	535 (33)	816	232 (28 %)	2023-07-03	2023-07-19
004	437 (21)	311 (15)	578	170 (29 %)	2023-07-19	2023-08-09
005	352 (13)	412 (15)	570	194 (34 %)	2023-08-09	2023-09-06
Total	1 332 (16)	1 366 (16)	1 962	736 (38 %)	2023-06-13	2023-09-06

Tabell 2. Jämförelse mellan biomassan, antalet arthypoteser och antalet DNA-läsningar (reads) i de tio proverna. Biomassan är våtvikten i gram efter 35 min dekantering av etanolen och bakgrundsfärgen är kopplad till respektive viktkategori som avgör mängden buffert vid DNA-extraktionen (se FAVIS-protokollet).

Prov ID	Biomassa (g)	Arthypoteser	DNA-läsningar
Mt1-001	9,026	327	534 298
Mt1-002	25,087	474	488 825
Mt1-003	15,043	513	791 441
Mt1-004	10,264	437	521 359
Mt1-005	8,317	352	418 626
Mt2-001	8,711	389	498 669
Mt2-002	31,650	612	635 795
Mt2-003	20,078	535	371 230
Mt2-004	15,351	311	194 275
Mt2-005	8,406	412	778 331
Total Mt1	67,737	1 332	2 754 549
Total Mt2	84,196	1 366	2 478 300
Total Mt1 & Mt2	151,933	1 962	5 232 849

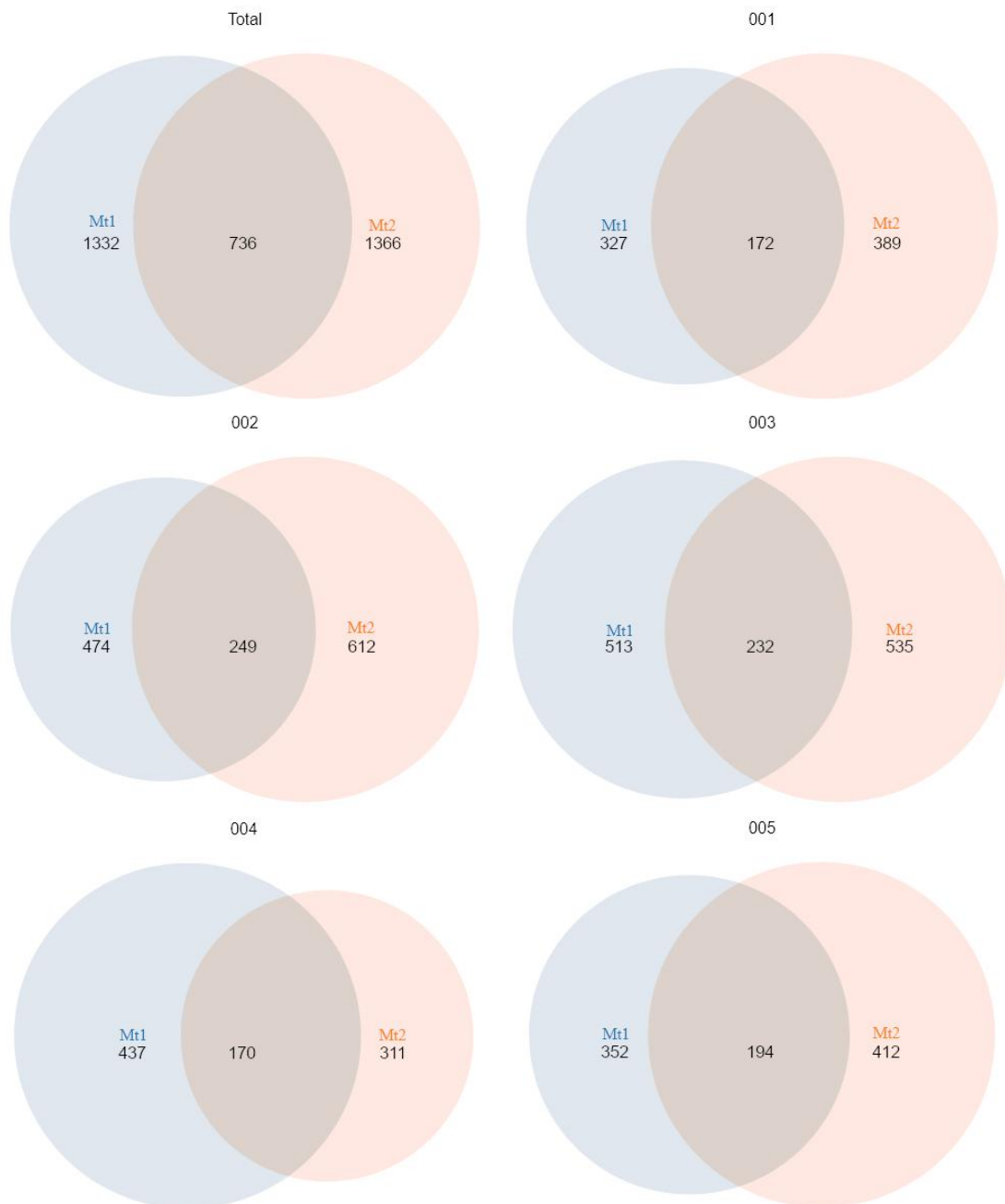


Bild 3. Venn-diagram (skapade medmeta-chart.com) som visar antalet arthypoteser noterade i proverna från de bägge fällorna samt överlappet. Överst till vänster totalt för hela insamlingsperioden.

Artsammansättning

Även om överlappet i arthypoteser mellan fällorna var relativt lågt så var artsammansättningen, sett till andelen arthypoteser från olika familjer, slående lika mellan de två fällorna (Bild 4). Samma tio familjer dominerade dock artsammansättningen i bägge fällor och i stor utsträckning i samma procentuella grad. Den mest dominanta familjen var i bägge fällorna Chironomidae (fjädermyggor) som har akvatiska larver och därmed en tydlig koppling till myrmark. Den näst mest dominanta familjen var i bägge fällorna Ichneumonidae (brokparasitsteklar) vars larver är parasitoider på andra insekter och därmed förekommer i alla terrestriska naturtyper.

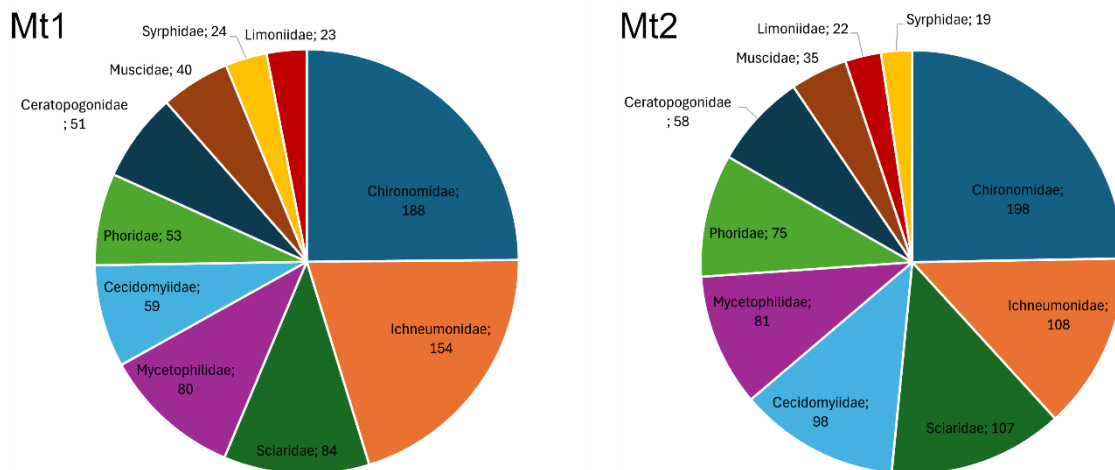


Bild 4. Antalet arthypoteser från de 10 artrikaste familjerna i fälla Mt1 (ståttermyn) och Mt2 (den oslåtrade myren).

Abundansuppskattning

För samtliga tio prover sammanfattas på de följande sidorna tabeller av den visuella bedömningen tillsammans med översiktsbilder. För respektive prov redovisas abundansuppskattningen för de tio arthypoteser som producerade flest DNA-läsningar (reads).

Prov Mt1-001

(slåttermyr 2023-06-13 till 2023-06-20)

Stora blomsterflugor (Anthomyiidae) och andra "calypttrata" flugor dominerar biomassan. Dessutom noterades 7 individer av den sällan insamlade vattennätvingen *Sialis sibirica*.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Anthomyiidae_cluster31	<i>Zaphne lineatocollis</i>	100	81 367
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	350-500*	51 402
Hydroptilidae_cluster1	<i>Oxyethira mirabilis</i>	150	27 424
Chironomidae_cluster199	<i>Paraphaenocladus</i> sp.	350-500*	25 679
Simuliidae_cluster8	<i>Prosimulium hirtipes</i>	50	22 302
Syrphidae_cluster7	<i>Dasysyrphus venustus</i>	40	18 957
Culicidae_cluster7	<i>Aedes</i> sp.	15	17 048
Calliphoridae_cluster2	<i>Calliphora vicina</i>	10	16 298
Scirtidae_cluster2	<i>Cyphon</i> sp.	250	16 220
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	350-500*	13 293

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



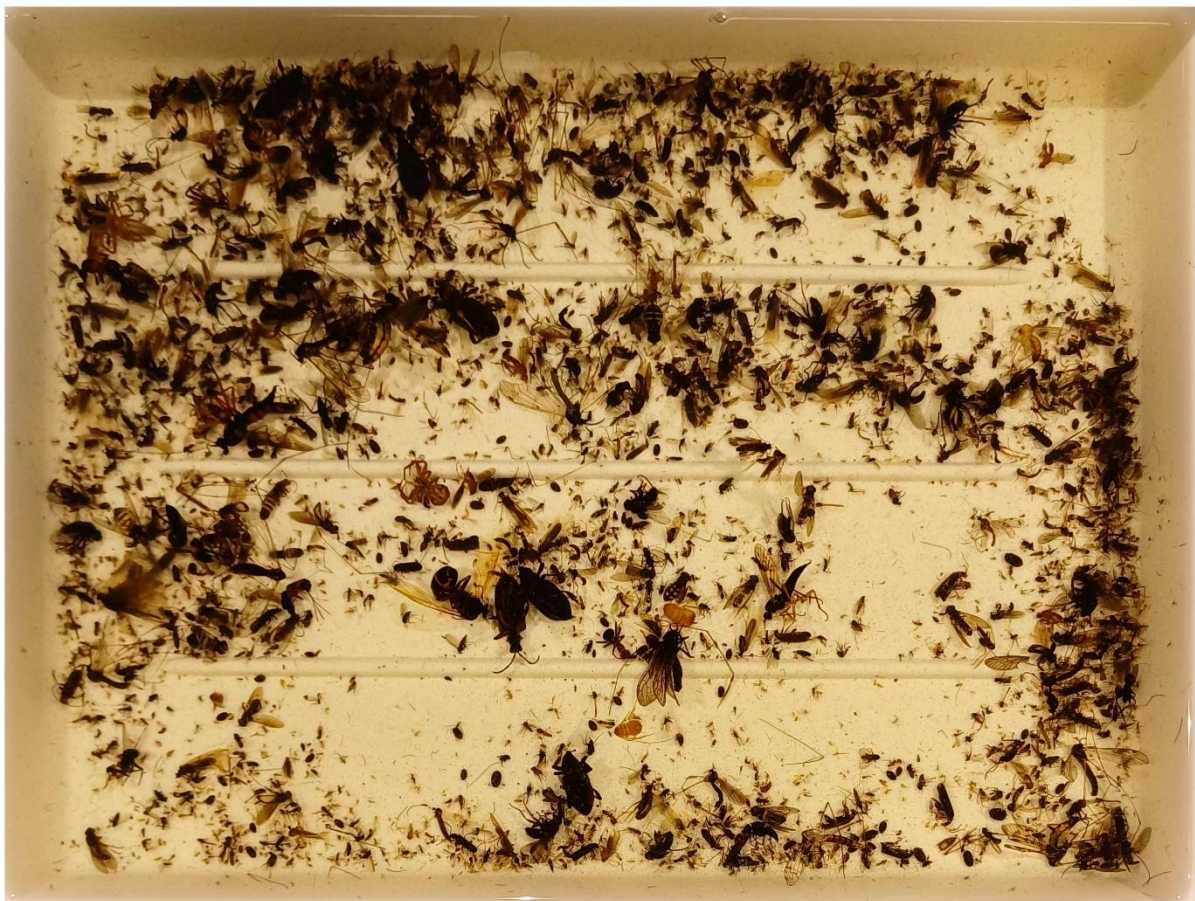
Prov Mt2-001

(oslåttad myr 2023-06-13 till 2023-06-20)

Inte lika stor dominans av stora "clayprata" flugor som i Mt1-001, snarare en blandning av mindre insekter som utgör biomassan. Bland större skalbaggar noteras 4 vivlar och 1 trädlopä (Rhagium). En individ av den sällan insamlade vattennätvingen *Sialis sibirica*. En guldstekel noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	800-1000*	80 879
Chironomidae_cluster115	<i>Parapsestra</i> sp.	800-1000*	34 290
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	800-1000*	33 067
Simuliidae_cluster9	<i>Simulium annulus</i>	50*	21 147
Syrphidae_cluster7	<i>Dasysyrphus venustus</i>	80	14 818
Nemouridae_cluster1	<i>Nemoura cinerea</i>	10	14 509
Chironomidae_cluster199	<i>Paraphaenocladus</i> sp.	800-1000*	12 656
Tortricidae_cluster5	<i>Ancylis unguicella</i>	10	12 585
Cantharidae_cluster21	<i>Cantharis paludosa</i>	25	12 583
Simuliidae_cluster6	<i>Simulium</i> sp.	50*	11 230

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt1-002

(slåttermyr 2023-06-20 till 2023-07-03)

Biomassan domineras av bromsar (Tabanidae). Sex individer av vattennätvingen *Sialis sibirica*. Två individer rödbandad geting (*Vespula rufa*, 21 DNA-läsningar). Två individer av humleblomflugor (*Volucella*, 55 DNA-läsningar). Två individer av humlor (*Bombus*) noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	800-1000*	42 611
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	800-1000*	31 792
Tabanidae_cluster3	<i>Hybomitra</i> sp.	90	24 543
Nemouridae_cluster1	<i>Nemoura cinerea</i>	10	22 642
Hydroptilidae_cluster1	<i>Oxyethira mirabilis</i>	400	20 269
Ceratopogonidae_cluster16	<i>Bezzia nigritula</i>	300*	19 781
Simuliidae_cluster6	<i>Simulium</i> sp.	80	17 524
Ceratopogonidae_cluster21	<i>Ceratopogon</i> sp.	300*	16 719
Ptychopteridae_cluster1	<i>Ptychoptera minuta</i>	15	16 302
Anthomyiidae_cluster31	<i>Zaphne lineatocollis</i>	100	16 248

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt2-002

(oslåttad myr 2023-06-20 till 2023-07-03)

Biomassan domineras av bromsar (Tabanidae) och 19 individer humlor (*Bombus*, dock endast 10 DNA-läsningar av ljunghumla *Bombus jonellus*). En humleblomfluga (*Volucella*, 12 DNA-läsningar). Tre individer takgeting (*Dolichovespula saxonica*, 32 DNA-läsningar). Två individer av vattennätvingen *Sialis sibirica*. Två guldsteklar noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	800-1000*	75 907
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	800-1000*	74 497
Nemouridae_cluster1	<i>Nemoura cinerea</i>	15	36 403
Chironomidae_cluster108	<i>Monopelopia tenuicalcar</i>	800-1000*	32 858
Chironomidae_cluster98	<i>Limnophyes</i> sp.	800-1000*	25 964
Ptychopteridae_cluster1	<i>Ptychoptera minuta</i>	65	19 292
Syrphidae_cluster7	<i>Dasysyrphus venustus</i>	150	16 946
Chironomidae_cluster115	<i>Parapsectra</i> sp.	800-1000*	16 359
Tortricidae_cluster38	<i>Tortricidae</i> sp.	50	16 061
Tabanidae_cluster3	<i>Hybomitra</i> sp.	90	14 672

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt1-003

(slåttermyr 2023-07-03 till 2023-07-19)

Fortfarande bromsar (Tabanidae) som dominerar men inte lika många individer som i föregående prov. 10 individer humlor (*Bombus*, dock endast 4 DNA-läsningar av ljunghumla *Bombus jonellus*).

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Nemouridae_cluster1	<i>Nemoura cinerea</i>	10	72 231
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	350-500*	65 125
Chironomidae_cluster54	<i>Ablabesmyia aspera</i>	350-500*	38 593
Dolichopodidae_cluster6	<i>Dolichopus nigricornis</i>	15	38 167
Chironomidae_cluster6	<i>Limnophyes asquamatus</i>	350-500*	31 507
Tabanidae_cluster4	<i>Haematopota</i> sp.	65	30 183
Cicadellidae_cluster8	<i>Edwardsiana</i> sp.	50	28 669
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	350-500*	24 935
Muscidae_cluster65	<i>Graphomya minor</i>	50	22 894
Tabanidae_cluster3	<i>Hybomitra</i> sp.	15	18 534

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt2-003

(oslåttad myr 2023-07-03 till 2023-07-19)

Fortfarande bromsar (Tabanidae) som dominerar men inte lika många individer som i föregående prov. Fler fjädermyggor (Chironomidae) än tidigare. 16 individer humlor (3 arter enligt DNA: lappsnylthumla *Bombus flavidus*, tajgahumla *Bombus cingulatus* och ljunghumla *Bombus jonellus* med respektive 34, 18 och 9 DNA-läsningar). Två individer rödbandad geting (*Vespula rufa*, 10 DNA-läsningar). En guldstekel noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	1500-2000*	28 632
Nemouridae_cluster1	<i>Nemoura cinerea</i>	20	28 417
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	1500-2000*	18 370
Dolichopodidae_cluster6	<i>Dolichopus nigricornis</i>	15	13 054
Dolichopodidae_cluster11	<i>Dolichopus stenhammari</i>	15	12 859
Chironomidae_cluster54	<i>Ablabesmyia aspera</i>	1500-2000*	12 676
Tabanidae_cluster3	<i>Hybomitra</i> sp.	60	11 954
unclassified.Diptera_cluster25	Troligtvis Chironomidae	1500-2000*	10 530
Chironomidae_cluster108	<i>Monopelopia tenuicalcar</i>	1500-2000*	10 155
Scirtidae_cluster8	<i>Contacyphon kongsbergensis</i>	10	9 917

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt1-004

(slåttermyr 2023-07-19 till 2023-08-09)

Biomassan domineras inte längre av bromsar (Tabanidae) utan av två individer gungflymosaikslända (*Aeshna subarctica*). Gott om iögonfallande blågröna stritar (*Cicadella viridis*). En humla och en rödbandad geting noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	500*	71 781
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	500*	55 262
Tortricidae_cluster1	<i>Rhopobota naevana</i>	40	53 504
Scirtidae_cluster8	<i>Contacyphon kongsbergensis</i>	150	49 396
Aeshnidae_cluster1	<i>Aeshna subarctica</i>	2	35 479
Cicadellidae_cluster44	<i>Cicadella viridis</i>	60	24 386
unclassified.Psocoptera_cluster4	Okänd stövslända	10	16 813
Psocidae_cluster2	<i>Metylophorus nebulosus</i>	10	11 418
Chironomidae_cluster6	<i>Limnophyes asquamatus</i>	500*	9 778
Sciaridae_cluster105	<i>Corynoptera penna</i>	150-200	8 907

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt2-004

(oslåtttrad myr 2023-07-19 till 2023-08-09)

Biomassan domineras av myror (troligtvis skogsrödmyra *Myrmica ruginodis*) samt 6 större fjärilar. En del blågröna stritar (*Cicadella viridis*) men färre än i Mt1-004. En rödbandad geting noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	350-500*	51 396
Entomobryidae_cluster2	<i>Lepidocyrtus</i> sp.	150-200*	41 672
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	350-500*	19 970
Entomobryidae_cluster4	<i>Lepidocyrtus lanuginosus</i>	150-200*	13 857
Scirtidae_cluster8	<i>Contacyphon kongsbergensis</i>	300	10 777
Nemouridae_cluster1	<i>Nemoura cinerea</i>	10	6 957
unclassified.Psocoptera_cluster4	Okänd stövslända	10	4 876
Tortricidae_cluster1	<i>Rhopobota naevana</i>	80	3 931
Formicidae_cluster2	<i>Myrmica ruginodis</i>	500-800	2 876
Sciaridae_cluster95	<i>Pseudolycoriella japonensis</i>	200-300	1 729

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



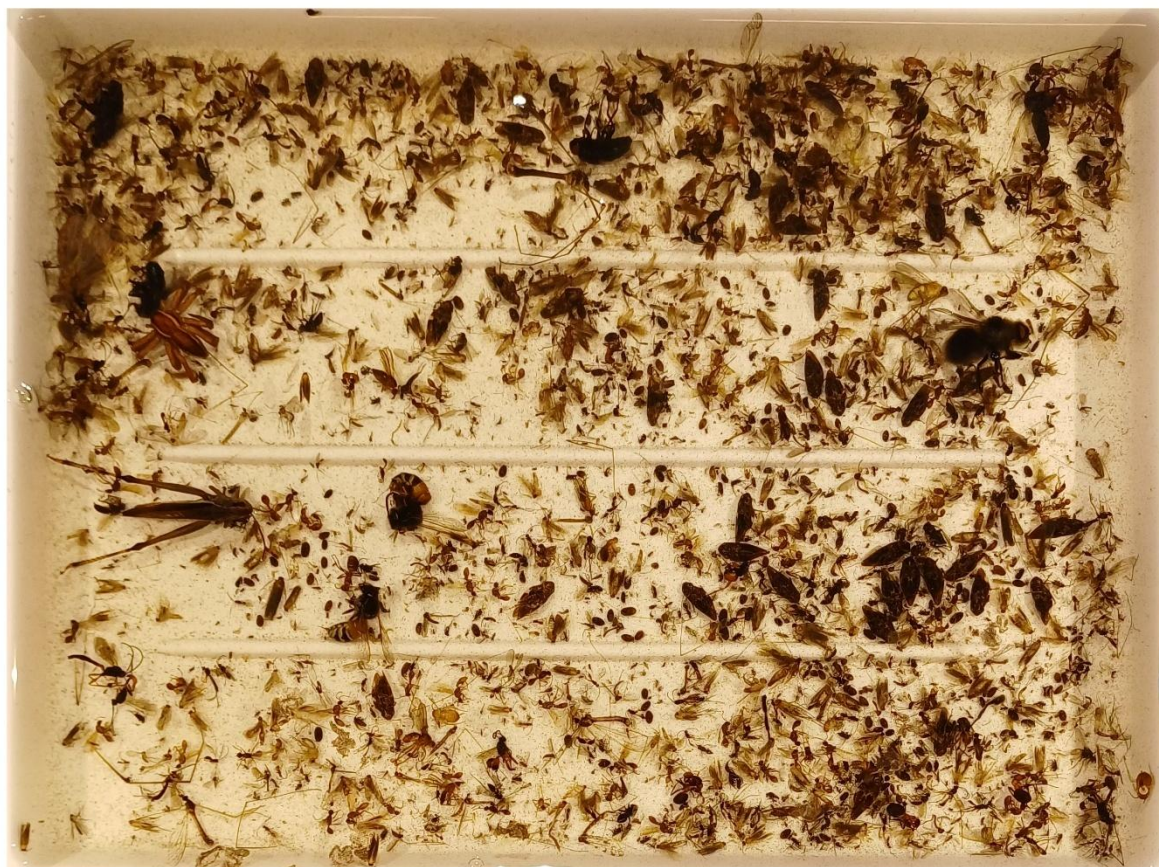
Prov Mt1-005

(slåttermyr 2023-08-09 till 2023-09-06)

Markant minskning i biomassa, nu dominerar små fjärilar, myror och mjukbaggar. En individ kärrgräshoppa (*Mecostethus grossum*, 26 DNA-läsningar). Två individer rödbandad geting (8 DNA-läsningar). En kärrspindel noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Tortricidae_cluster1	<i>Rhopobota naevana</i>	120	103 027
Oestridae_cluster1	<i>Cephenemyia trompe</i>	1	89 896
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	250-300*	31 799
Chironomidae_cluster53	<i>Psilometriocnemus europaeus</i>	250-300*	20 091
Entomobryidae_cluster2	<i>Lepidocyrtus</i> sp.	150-200*	19 055
Entomobryidae_cluster4	<i>Lepidocyrtus lanuginosus</i>	150-200*	17 458
Scirtidae_cluster8	<i>Contacyphon kongsbergensis</i>	500-600*	12 268
Scirtidae_cluster3	<i>Cyphon</i> sp.	500-600*	10 628
Scirtidae_cluster2	<i>Cyphon</i> sp.	500-600*	9 985
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	250-300*	9 203

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Prov Mt2-005

(oslåtttrad myr 2023-08-09 till 2023-09-06)

Markant minskning i biomassa, domineras av småfjärilar och stritar. En individ vinbärsfuks (*Polygonia c-album*, 13 DNA-läsningar). Två larver av vanlig tallstekel (*Diprion pini*, 2649 DNA-läsningar). En individ av guldögonsländan *Chrysoperla carnea* (20 DNA-läsningar). En guldstekel noterades visuellt som saknas i den molekylära datan.

Arthypotes	Art (om möjligt)	Antal individer	DNA-läsningar
Tortricidae_cluster1	<i>Rhopobota naevana</i>	150	115 780
Chironomidae_cluster53	<i>Psilometriocnemus europaeus</i>	400-500*	109 010
Entomobryidae_cluster2	<i>Lepidocyrtus</i> sp.	300-400*	83 842
Chironomidae_cluster17	<i>Limnophyes natalensis</i>	400-500*	56 865
Entomobryidae_cluster4	<i>Lepidocyrtus lanuginosus</i>	300-400*	56 315
Muscidae_cluster65	<i>Graphomya minor</i>	15	55 012
Scirtidae_cluster7	<i>Contacyphon punctipennis</i>	150*	25 918
Scirtidae_cluster3	<i>Cyphon</i> sp.	150*	17 816
Chironomidae_cluster15	<i>Limnophyes</i> sp.	400-500*	16 538
Scirtidae_cluster8	<i>Contacyphon kongsbergensis</i>	150*	16 226

*Abundansuppskattningen gäller inte för den specifika arthypotesen utan för familjen den tillhör.



Intressanta fynd och rödlistade arter

De 1 094 arthypoteser som kunde matchas med namn jämfördes med Artfakta.se för att undersöka om de rapporterats från landet. 997 av dem rapporterades som bofasta och reproducerande, 9 med osäkerhet om de var påträffade, 21 som ej påträffade och resterande 67 arter saknades. Av dessa 67 potentiellt nya arter för landet hade 47 även hittats i Sverige i projektet Insect Biome Atlas (Miraldo m.fl. 2025) som också använt sig av metastreckkodade Malaisefälleprover, men inte ännu lagts in i Artfakta. Av de resterande 20 arterna kunde fynd hittas från andra nordiska länder i 15 fall.

Några arter att lyfta fram inkluderar den sällan insamlade vattennätvingen *Sialis sibirica*, som hittades i bägge fällorna men var talrikare på slåttermyn. Arten är sedan tidigare endast rapporterad från en lokal vid Kiruna och är rödlistad som DD (Data Deficient). Följande från Artfakta.se: "I en sjö utanför Kiruna gjordes 2011 det första svenska fyndet sedan 1800-talet. Arten var dessförinnan enbart känd genom ett exemplar (hane) taget på 1800-talet i mellersta Lappland (Tjeder 1937). Senare fynd på Finska sidan av Torne älv (Meinander 1962) har indikerat att arten skulle kunna finnas kvar också i Sverige. Artens troliga habitat är dåligt undersökt i Sverige. Faktaunderlaget bedöms vara otillräckligt för att avgöra vilken av de olika rödlistningskategorierna som är mest trolig."

En annan rödlistad art som hittades i fällan på slåttermyn är bäcksländan *Xanthoperla apicalis* som listats som NT. Följande från Artfakta.se: "Känd från ett fåtal älvar i Väster- och Norrbotten. Arten påträffas oftare som adulter än som larver möjligen p.g.a. av förväxlingsrisk i larvstadiet. Studier antyder att arten är ganska krävande. Behov av nya inventeringar är påkallat. Antalet lokalområden i landet skattas till 7 (5-20). Förekomstarean (AOO) skattas till 28 (20-80) km². De skattade värdena som bedömningen baserar sig på ligger alla inom intervallet för kategorin Nära hotad (NT). Utbredningens storlek är nära gränsvärdena för Sårbar (VU) enligt D-kriteriet. Därför rödlistas arten som Nära hotad (NT). (D2)."

Även den rödlistade arten rökdansfluga (*Hormopeza obliterata*) hittades i fällan på slåttermyn trots att arten inte har någon känd koppling till den typen av habitat.

Diskussion

Metabarcoding av Malaisefälleprover genererar enorma datamängder, och det är fortfarande mer regel än undantag att nya arter för landet, eller till och med för vetenskapen, noteras i processade prover. Med största sannolikhet representerar detta framtidens metod vid inventeringar och övervakning av jordens biota, särskilt när det kommer till insekter. Eftersom denna typ av studier fortfarande är i sin linda och referensvärden från andra slåttermyrar saknas, är det dock svårt att avgöra hur mycket Pyöreänoja slåttermyr, med sina cirka 1 350 arter, sticker ut vad gäller artdiversitet och de arter som förekommer i området. Men när fångsterna från de två fällorna jämförs med varandra så kan man konstatera att det är något fler arter noterade från den oslåtrade myren i samtliga prover med undantag för inventeringens fjärde insamlingsperiod (2023-07-19 till 2023-08-09).

I denna studie blir det dock tydligt att slåtter har stor inverkan på den lokala artstocken. För trots att de två fällorna i studien endast står några hundra meter från varandra så är artöverlappet inte ens 40 % - närmare två tredjedelar av arterna som förekommer på den slåtrade myren förekommer alltså inte på den oslåtrade lokalen och vice versa. Det bör dock beaktas att fångsten i en Malaisefälla till en inte obetydlig del styrs av slumpen. Detta gör det svårt att med säkerhet säga hur stor andel av arterna som påträffats i endast en av fällorna som faktiskt även är knutna till, eller gynnas av, habitatet som den

står i. En mer omfattande provtagning, med flera fällor per habitat och gärna på flera olika slåttermyrar, kommer sannolikt att bidra till att klargöra detta över tid.

Om man bortser från siffrorna och ser till enskilda arter så finns dock rikligt med intressanta fynd: Den sällsynta vattennätvingen *Sialis sibirica* hittades i bägge fällorna, men i större antal på den slåttrade myren. Möjligtvis gynnas arten av slåtter. Men om den under hela sin livscykel är knuten till slåttermyren eller om det endast är de adulta individerna som föredrar att flyga på den slåttrade myren som ju är mer öppen återstår att se. Även för den rödlistade bäcksländan *Xanthoperla apicalis* som också den hittades på den slåttrade myren kan samma frågor ställas. Men helt klart verkar det som denna pilotstudie kan visa att traditionell slåtter har en avsevärd och avsedd effekt som gynnar många, ofta sällsynta eller hotade, arter. Då slåttermyrar blivit ett allt ovanligare inslag i landskapet så har detta med största sannolikhet fört med sig att arter knutna till dessa miljöer tryckts undan och blivit alltmer utsatta och hotade. Inte minst tydliggör detta vikten av att fortsätta slåttra denna myr och andra även i framtiden.

Metastrekkodning som övervakningsmetod av insekter

Onekligen genererar metastrekkodning av Malaisefälleprover stora mängder data samtidigt som metoden är kostnadseffektiv och kan appliceras på samtliga insektsgrupper utan att begränsas av bristen på taxonomisk expertis för traditionell artbestämning. I denna studie kunde till exempel strax över hälften (56 %) av alla arthypoteser matchas till ett artnamn, 37 % matchade fynd i referensdatabasen men kunde inte matchas till ett artnamn och 7 % fick ingen träff alls. Detta kan jämföras med att endast några tiotal arter oftast ingår i traditionell inventeringsmetodik. Med detta sagt så bör det ändå lyftas att den taxonomiska expertis som finns på Station Linné ofta kan verifiera eller förkasta överraskande molekylära resultat från metastrekkodningen. Till exempel har några av dessa redan nämnts tidigare i denna rapport.

Även DNA från individer som inte finns i provet kommer fram med metastrekkodning. I denna studie hittades till exempel DNA från både älg, ren och nötboskap i flera prover, troligtvis från blodsugande insekter som samlats in. Arthypoteser med endast ett fåtal DNA-läsningar skulle kunna uteslutas från resultatet för att minska risken för att inkludera kontaminationer men då den visuella undersökningen i många fall kunde bekräfta arter i prov där de resulterat i 1–10 DNA-läsningar så exkluderades inga sådana fynd.

Tidigare undersökningar som Klinth m.fl. (2023) och Karlsson m.fl. (opublicerat) har dock visat att små steklar kan vara svåra att hitta med metastrekkodning. Detta då mängden DNA blir så ringa av totalen i ett helt prov så att det försvinner i mängden. För denna studie innebär det att den faktiska diversiteten i proverna från bägge lokaler med största sannolikhet är ännu högre än vad resultaten i denna studie indikerar.

Referenser

Iwaszkiewicz-Eggebrecht, E., Łukasik, P., Buczek, M., Deng, J., Hartop, E. A., Havnås, H., ... & Miraldo, A. (2023). FAVIS: Fast and versatile protocol for non-destructive metabarcoding of bulk insect samples. *PLoS One*, 18(7), e0286272.

Klinth, M., Johansson, H., Havnås, H., & Karlsson, D. (2023). Miljöövervakning av insekter i Norrbotten, Västerbotten, Västernorrland, Jämtland och Dalarna. Station Linné.

Miraldo, A., Sundh, J., Iwaszkiewicz-Eggebrecht, E., Buczek, M., Goodsell, R., Johansson, H., ... & Ronquist, F. (2025). Data of the Insect Biome Atlas: a metabarcoding survey of the terrestrial arthropods of Sweden and Madagascar. *Scientific data*, 12(1), 835.

Sundh, J., Granqvist, E., Iwaszkiewicz-Eggebrecht, E., Manoharan, L., van Dijk, L. J., Goodsell, R., ... & Ronquist, F. (2025). HAPP: High-Accuracy Pipeline for Processing deep metabarcoding data. *PLOS Computational Biology*, 21(11), e1013558.

Appendix

Det huvudsakliga resultatet i form av en artlista presenteras under fliken "Artlista" i "Norrbotten_Slåttermyr_Appendix1". Där presenteras samtliga arthypoteser (kluster) följt av antalet DNA-läsningar för respektive arthypotes från de 10 proverna och 2 kontrollerna. Därefter följer en sammanfattning av identifikationen av varje arthypotes till olika taxonomiska nivåer (från klass till art). Sedan information från Artfakta om artens status i Sverige och slutligen en unik kod för den sekvens eller "ASV" som representerar respektive arthypotes.