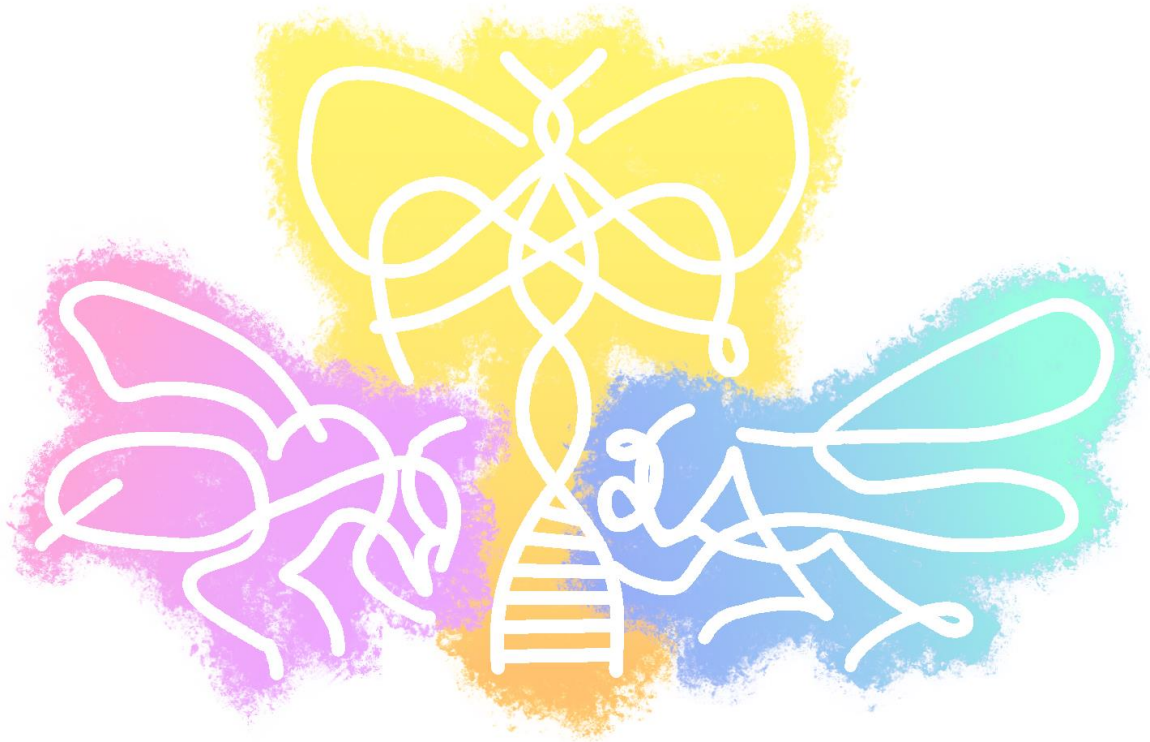


OMHÄNDERTAGANDE OCH ANALYS AV FÄLLPROVER AV POLLINATÖRER

NATIONELL ÖVERVAKNING AV POLLINATÖRER



OMHÄNDERTAGANDE OCH ANALYS AV FÄLLPROVER AV POLLINATÖRER

Rapport från Naturhistoriska Riksmuseet.

Författare: Niclas Gyllenstrand & Thomas Källman

Naturhistoriska riksmuseet

Box 50007

104 05 Stockholm

Omslagsbild: Isak Gyllenstrand

Utgivare: Naturhistoriska riksmuseet

Utgivningsort: Naturhistoriska riksmuseet, Stockholm

Utgivningsdatum: 2021-04-09

Version: 2.0

ISSN: 0585-3249

© Naturhistoriska riksmuseet, Stockholm

Naturhistoriska riksmuseet

Box 50007

104 05 Stockholm

www.nrm.se

Rapporten kan laddas ned som pdf-dokument från Naturhistoriska Riksmuseets webbplats.

INNEHÅLL

Inledning	4
Hantering av prover från fält/fälla till kontor/lab	5
Malaisefällor som komplement	6
Initial hantering av inkommen fångst för artbestämning och bankning	6
Konfliktval kring DNA-analyser	7
Extraherat DNA	9
Förvaring av individ för bankning	10
Bioinformatik och lagring av sekvensrådata.....	10
Kvantifiering.....	12
Barcodingläget och mikrotaxonomi för aktuella pollinatörsgrupper.....	13
Dagfjärilar	13
Taxonomi Fjärilar	13
Barcodingläge.....	14
Blomflugor	17
Taxonomi.....	17
Barcodingläge.....	17
Vilda bin och humlor (apiformes).....	20
Taxonomi.....	20
Barcodingläge.....	20
Nattfjärilar	23
Barcodingläge.....	23
Referensdatabaser.....	25
Slutsatser.....	26
Ordlista	27
Referenser	28
Bilaga 1.	33

INLEDNING

Ett förslag från en expertgrupp, som har EU-kommissionens stöd, rekommenderar att Sverige över cirka 200 geografiskt spridda stationer inventera några centrala pollinatörsgrupper (dagfjärilar, vildbin, humlor och blomflugor) upp till 8 ggr per år med hjälp av skålfällor. Eventuellt skall denna inventering kompletteras med nattfjärilsfällor på ett begränsat antal platser. Ett övervakningsarbete i denna storleksordning är utmanande att genomföra effektivt och framförallt är det en stor utmaning att kostnadseffektivt och korrekt artbestämma insamlat material. Att använda DNA-metoder för att artbestämma stora mängder material är det sätt som är praktiskt och kostnadsmässigt rimligt. Traditionell taxonomisk identifiering med hjälp av experter kräver för stor arbets- och tidsinsats för projekt av denna omfattning. DNA-analyser har en hög detektionsgrad men är inte 100%. I dessa sammanhang är det viktigt att skilja på övervakning och kartläggning. Övervakningsprogram syftar till att övervaka tillstånd och trender över tid och enstaka och sällsynta arter är inte centrala för analysen, medan med en kartläggning syftar till att allt material måste bestämmas i detalj för att skapa en så komplett bild som möjligt. För övervakning är DNA-analyser ett bra alternativ men för kartläggning är traditionell taxonomisk identifiering antagligen nödvändig. Då artbestämning med DNA kan automatiseras och kan därmed effektivt hantera stora mängder prover kommer projekt som baserar sin artbestämning på DNA-analyser kunna inkludera fler lokaler och tidpunkter utan stora kostnadsökningar.

Nyckelpersoner inom European Pollinator Monitoring Scheme (EUPOMS), Simon Potts och Axel Hochkirch har tillfrågats om det finns liknande initiativ från andra EU-länder att använda metastreckkodning för övervakning. För närvarande finns inga sådana planer men de skriver att det är en kommande teknologi som kommer vara en viktig del i övervakningsprogrammet. Olika länder ligger olika långt fram i planeringen så det är möjligt att andra länder kan vara intresserade av DNA-tekniker för övervakning. Det anses att Sverige är ett av de länder som är i bäst position för att använda DNA-tekniker i övervakning eftersom Sverige inte är så artrikt och därför har relativt få arter som det saknas streckkoder från. En central och ännu inte helt klarlagd fråga är om man från DNA-analyser kan kvantifiera abundanser.

Det finns flera exempel på större projekt som använder metastreckkodning både kvalitativt och kvantitativt för analys av insekter från fällfångster. Tre projekt som kommit lite längre och som alla är baserade på malaisefällor är Insect Biome Atlas (IBA, <https://www.insectbiomeatlas.com/>), ett norskt nationellt initiativ till övervakning av insekter och ett tyskt initiativ (Hausmann et al., 2020). Det norska projektet har också gjort en kostnad-nyttö analys för en generell nationell insektövervakning som vad gäller analysdelen förordar metastreckkodning (Åström et al., 2020).

I denna rapport redovisar vi ett arbetsflöde på hur man kostnadseffektivt kan utnyttja DNA-tekniker i övervakning av pollinatörer insamlade med skålfällor. Då samtliga DNA-baserade metoder är beroende av databaser med användbar referensinformation från de arter som detekteras presenterar vi summeringar av genetiska data för de insekter vi förväntar oss detektera i Sverige. Förutom DNA-analyser av prover föreslår vi att det under det första året

från prover väljs ut referensindivider av alla arter som nålas, samlingsförs och artbestämningen kontrolleras med hjälp av taxonomisk expertis.

De kostnader som anges i denna rapport är baserade på lab-kostnader vid DNA-laboratoriet vid NRM, förutom kostnader för next generation sequencing (NGS), som är från Scilifelab. Laboratoriekostnader bör inte skilja mycket mellan olika utförare. Angivna arbetskostnader är med LKP men utan OH. Angivna materialkostnader och service är utan OH. LKP är 51% och OH är 40% för Naturhistoriska riksmuseet.

De taxonomiska experter som har konsulterats angående målgruppernas taxonomiska stabilitet är Yngve Brodin, Naturhistoriska riksmuseet för blomflugor, Tobias Malm, Naturhistoriska riksmuseet för fjärilar och Niklas Johansson, SLU, Mattias Forshage och Hege Vårdal Naturhistoriska riksmuseet för vilda bin.

En ordlista finns tillagd i slutet av dokumentet.

HANTERING AV PROVER FRÅN FÄLT/FÄLLA TILL KONTOR/LAB

Den initiala hanteringen av materialet handlar om logistik och dokumentation/digitalisering. När proverna tas från skålfällor i fält till insamlingsburkar ska provet dokumenteras och helst digitaliseras direkt. Enklast kan det göras genom att varje lokal och insamlingstillfälle har en unik digital identifierare i form av en QR-kod. En QR-kod kan enkelt skannas och sparas antingen med kamera i en smartphone eller med en dedikerad applikation. Systemet BioCollect (<https://www.ala.org.au/biocollect-mobile-apps/>) ska ha stöd för mobila appar för datainsamling. Det finns ett Github-repo för BioCollect men applikationen verkar inte vara i produktion ännu (201217) men finns i drift i testläge för fåglar och dagfjärilar och kommer komma som proof-of-concept för pollinatörer. Biocollect är open source och del av programvarufamiljen ALA som används för standardisering av svenska biodiversitetsdata.

Det är också möjligt att använda ett foto som dokumentation och då kommer de flesta moderna mobiltelefoner och digitalkameror innehålla nödvändig metadata från fototillfället. Bilden håller då både QR-kod och metadata som kan skördas (det kräver att man aktiverat sparande av platsinformation med foto). Om man skapar QR-koder med tillhörande lokal och insamlingstillfälle innan insamlingsperioden kan en kvalitetskontroll utföras genom att kontrollera att den skapade QR-kodens metadata stämmer med det som dokumenteras i fält. Det är en fördel att ha skapat en databas med denna information innan insamlingsperioden tar vid för att förenkla kontroller och tidigt upptäcka eventuella problem och om insamlaren inte har tillgång till exempelvis en smartphone eller kamera.

Om det insamlade materialet ska användas för DNA-sekvensering är det viktigt att hela hanteringskedjan undviker kontaminering mellan prover. Ska fällor återanvändas måste de steriliseras med klorin mellan insamlingstillfällena och rena insamlingskärl måste användas. När det gäller logistiken finns det utmaningar då det handlar om stora mängder prover och ett stort geografiskt område. Med vissa transportföretag som DHL kan man inte skicka levande eller döda djur och insekter eller alkoholhaltiga vätskor. Prover kan samlas ihop under fältsäsongen så att man bara behöver skicka/transportera prover en gång per fältsäsong. Transport med Postnord är delvis destruktivt, insekter i prover förlorar ben, antenner och

vingar (Marquina et al., 2020). Transport av prover på småvägar kan möjligen skada proverna genom skakningar. För genetisk artidentifiering spelar det ingen större roll om insekterna i proverna är något skadade. För morfologisk identifiering kan det vara avgörande att insekter är intakta. Ska man skicka prover i etanol med Postnord så kan man skicka ”begränsad mängd farligt gods” med hänvisning till Myndigheten för Samhällsberedskap (MSB) (<https://www.msb.se/sv/amnesomraden/skydd-mot-olyckor-och-farliga-amnen/farligt-gods/undantag-och-lattnader/begransad-mangd/>). Mängdbegränsningen är 30 kg om godset förpackas i sammansatta förpackningar. Alternativet är att hämta prover med kurir vilket skulle vara skonsammare för materialet. För åtminstone det första året eller åren kan det vara en fördel med kurir om man tänker sig att nåla upp referensmaterial som ska vara intakt. Ett sätt att effektivisera logistik med kurir är om man kan anordna regionala uppsamlingsställen exempelvis på länsstyrelser.

MALAISEFÄLLOR SOM KOMPLEMENT

Skålfällor fångar generellt mer pollinatörer än Malaisefällor visar försök gjorda i USA (Campbell & Hanula, 2007). Dock framgår det inte om fälltider varit samma eller olika för de två fälltyperna. I Malaisefällor utgör pollinatörer ofta en mindre fraktion av hela fångsten (tab.1) vilket gör att man behöver sortera ut dessa alternativt om DNA-metoder skall användas för artbestämning öka sekvenseringsmängden. Malaisefällor används av både IBA-projektet och det norska initiativet att övervaka insekter (Åström et al., 2019)(Åström et al., 2020). Som exempel fångades 237 arter av pollinatörer totalt under sommaren 2020 i det norska projektet från 20 lokaler med 2 fällor per lokal, totalt 120 prover (J. Åström pers. comm.). Malaisfällor kan möjligen vara ett alternativ när det inte är möjligt att använda skålfällor eftersom Malaisefällor inte behöver tömmas lika ofta som skålfällor.

Tabell 1. Exempel på antal individer från fällfångster från Svenska Malaisefälla projektet efter två veckors fälltid (SMTP2006)(Karlsson et al., 2020). Resultat är från Båtfors (1593), Vindeln (1286) och Särö (1081). Kolumnen Tot anger det totala antalet insektsindivider i respektive fälla.

Fäll-Id	<i>Lepidoptera</i>	<i>Apoidea</i>	<i>Syrphidae</i>	Tot
TID7 CID1593	295	64	160	22409
TID59 CID1286	128	5	2	16955
TID33 CID1081	130	2	51	6184

INITIAL HANTERING AV INKOMMEN FÅNGST FÖR ARTBESTÄMNING OCH BANKNING

Prover som ligger i etanol eller propyl glykol kan bevaras under lång tid innan DNA-extraktion. I upp till 12 månader är normalt inga problem (Nakahama et al., 2019) och även längre tider fungerar för prover i etanol eller uppnålade insekter från samlingar (Rohland et al., 2004)(Gilbert et al., 2007). Ett alternativ som bör utvärderas är om man kan lägga prover direkt i buffert lämplig för DNA extraktion i fält istället för etanol eller propyl glykol. Fördelarna skulle vara att man minskar handpåläggning betydligt på varje prov och att man

inte behöver transportera farliga ämnen. Samlas prover in i etanol i fält så ska etanolen filtreras bort, proverna ska torkas, tillsätta buffert, ta ut prov för DNA-extraktion, filtrera bort buffert och slutligen tillsätta etanol för långtidslagring. Skulle det fungera att lägga prover i buffert i fält skulle arbetsgången istället förkortas till att ta ut prov för DNA-extraktion, filtrera bort buffert och tillsätta etanol för långtidslagring. Det finns begränsad information från litteraturen kring hur väl buffert bevarar DNA hos insekter, men en artikel visar att det går att spara insekter (myror) i buffert i rumstemperatur upp till 12 månader och få ut DNA av hög kvalitet (Carvalho & Vieira, 2000). Avgörande här är att morfologin inte påverkas av att insekter ligger i buffert under längre tid. En mindre pilot-studie kan ge svar på frågor om DNA och morfologi integritet. Förslagsvis testas olika buffertar och olika långa tider. Rimligtvis bör prover i ett övervakningsprogram som samlas in under sommaren DNA-extraheras samma höst vilket innebär att proverna inte ligger mer än några månader innan de processas. Den mest kostnadseffektiva hanteringen av prover är att löpande DNA-extrahera om 96 prover. Dels är arbetstiden kortare dels är material-kostnaden per prov lägre om man använder 96-provs format. Efter DNA-extraktion kan proverna långtidslagras i etanol i kyla i biobank alternativt nålas upp. Det omhändertagna materialet och tillhörande metadata kan utgöra en viktig resurs för analys av genetisk inomartsvariation.

KONFLIKTVAL KRING DNA-ANALYSER

Med det uppskattade antal insekter som kommer samlas in är det mer kostnadseffektivt att använda metastreckkodning framför individuell streckkodning. Vi kan göra ett räkneexempel med de uppgifter vi har till hands (tab. 2). Anta att antalet insamlade insekter är: 20 ind/ruta x 700 rutor x 4 insamlingstillfällen = 56 000 ind/år. Detta gäller 200 rutor för den generella övervakningen och 500 rutor för övervakningen i jordbrukslandskap (som ingår i Common Agriculture Policy, CAP). Kostnaden för att streckkoda en individ är svår att få under 100 kr för DNA-extraktion, PCR, rening och sekvensering även med robot-hantering vid DNA-extraktion och PCR. Det skulle innebära en kostnad på minst 5,5 M kr i materialkostnad (tab. 2). Kostnaden för att streckkoda motsvarande mängd med metastreckkodning är beroende på om man kan slå ihop prover för varje lokal. Tar man varje lokal och insamlingstillfälle för sig blir det 700 x 4 prover men kan man slå ihop prover från varje insamlingstillfälle per lokal blir det 700 prover. Slår man ihop prover mister man dock temporal upplösning och hopslagna prover går inte att separera i efterhand om behovet skulle uppkomma. En stor del av kostnaden vid genetiska analyser är DNA-extraktion och det är stor skillnad på att extrahera 56 000 prover jämfört med 700 eller 2 800. Förutom detta är sekvenseringskostnad per baspar lägre för NGS-sekvensering jämfört med sanger-sekvensering. Det finns även alternativet att göra individuell streckkodning med NGS-sekvensering som är testat på vilda bin (apiformes) i Storbritannien men kostnaden är hög på grund av det är en stor arbetsinsats, eftersom varje individ kräver både DNA-extraktion och genererande av sekvenseringsbibliotek (Creedy et al., 2020). DNA-analys av den etanol som insekter lagrats ifrån fält är en metod som tyvärr ger dåliga resultat och har låg detektionsgrad (Marquina et al., 2019)(Åström et al., 2020).

För närvarande kan 384 prover sekvenseras i samma körning hos Scilifelab men de kommer erbjuda 192x192 olika märkningar inom kort vilket innebär att ett mycket stort antal prover

kan processas i samma sekvenskörning¹. Det antal prover som man väljer att processa i samma körning beror på vilken täckningsgrad man vill ha per individ i proverna. Dock kan man notera att väljer man att sekvensera på Novaseq-plattform så genereras så stora mängder data att täckningsgrad knappast är avgörande. Kostnaden per Mbp för Novaseq med flowcell S Prime och 2x250 bp läsningar är 0,16 kr. Längden på de vanliga streckkoder för COI som används är 300-400 bp och om man tänker sig x1000 täckning per individ blir det 300 000 – 400 000 bp som sekvenseras per individ till en kostnad av 0,048 - 0,064 kr per individ om man utnyttjar den fulla kapaciteten. Den fulla kapaciteten kommer knappast utnyttjas för dessa prover. Istället kan det vara relevant med sekvenskostnad per flowcell eller lane. Kostnaden för en flowcell som genererar 800 M cluster (400 Gbp data) är ca 60 000 kr och en lane som genererar halva datamängden det vill säga 400 M cluster (200 Gbp data) är 31 500 kr. Notera att kostnader från Scilife är beroende av dollarkurser.

Tabell 2. Fördelning av lab-kostnader i kr vid jämförelse mellan individuell streckkodning och metastreckkodning (endast material). Detta är ett räkneexempel för att visa på skillnader i kostnad mellan metoder.

Kostnadspost	Individuell streckkodning 56000 individer	Metastreckkodning 700 prover	Metastreckkodning 2800 prover
DNA-extraktion	1 960 000	24 500	98 000
PCR	784 000	29 400	117 600
Rening/Biblioteksprep	336 000	43 750	175 000
Sekvensering	2 464 000	31 500	31500
Total	5 544 000	129 150	422 100

Kostnaden per individ för laboratoriekostnader i räkneexemplet givet att den totala mängden individer är 56 000 (tab. 2) är 99 kr för individuell streckkodning, 2,175 kr för metastreckkodning om man slår ihop prover per lokal och 7,0125 kr för metastreckkodning om man tar alla enskilda prover. Det gör individuell streckkodning 14-45 gånger dyrare i labkostnad. Till detta kommer arbetskostnad i laboratorie och för analys. I laboratorie kan man räkna med att samma proportioner gäller för arbetskostnader som för materialkostnader det vill säga det är 14-45 gånger dyrare i arbetskostnad i laboratorie för individuell streckkodning jämfört med metastreckkodning. Analyskostnaderna skiljer sig inte nämnvärt mellan individuell streckkodning och metastreckkodning.

Tar man exemplet med 700 lokaler och 4 inventeringstillfällen och gör en uppskattning på totalkostnad för DNA-analys med metastreckkodning är den ca 1,8 M kr vilket blir ungefär 640 kr per prov (detaljer för kostnader finns i bifogad excel-fil). Dessa totalkostnader kan jämföras med kostnader för att morfologiskt artbestämma motsvarande material (56 000 individer i räkneexemplet). Kostnadsfördelning för morfologisk artbestämning är material (lådor och nålar) och arbete som innebär grovsortering, nålning, artbestämning och dataläggning (tab. 3).

¹ Korrespondens med ScilifeLab

Tabell 3. Jämförelse av kostnader för metastreckkodning och morfologisk artbestämning av experter.

Kostnadspost	Metastreckkodning 2800 prover	Artbestämning av 56000 individer
Material	422 100	112 000
Arbete	1 370 000	7 257 600
Total	1 792 100	7 369 600

EXTRAHERAT DNA

Extraherat DNA från mild lysering innehåller mycket mer DNA-information än bara den streckkodssekvensen som tas fram för att identifiera arter. Dels finns hela eller större delen av genomen från insekterna i extrakten och dessutom finns DNA från pollen och även från parasiter, virus, svampar och bakterier (Potter et al., 2019) (Sow et al., 2019)(Banchi et al., 2020). Att strukturerat spara extrakten som en del i miljöövervakning är värdefullt om man i framtiden eller nutid vill komplettera analyser eller ställa andra frågor där extrakten kan vara en resurs. Extrakten bör lagras på ett kvalitetssäkrat och spårbart sätt. Extrakten, data och metadata bör databasläggas och göras publikt tillgängligt exempelvis genom Svensk Biodiversitetsinfrastruktur (SBDI) som ger öppen tillgång och analys av biodiversitetsinformation dit även BioCollect är kopplat (<https://github.com/biodiversitydata-se/biocollect>). För spårbarhet bör extrakten sparas i streckkodade eller QR-kodade rack och rör. En sådan lösning finns färdig från exempelvis Micronic (<https://micronic.com/products/>) (fig. 1) och används av flera biobanker. Kostnaderna för att lagra DNA-extrakt inkluderar plast (rack och rör), lagringsutrymme och databasläggning. Plastkostnaden är 258 kr för 96 prover, vilket är ca 2,70 kr per prov. Totalkostnaden för att lagra 96 st DNA-extrakt i Miljöprovbanken är 583 kr, vilket är 6,10 kr per prov. Väljer man alternativet med metastreckkodning så handlar det om ca 2 800 prover för både CAP och övervakning av pollinatörer på årsbasis från exemplet ovan. Dessa uppgifter bygger på flödet som används på NRM och lagring av material i Miljöprovbanken.

Har man lagt ner stora resurser på att samla in och analysera prover och kostnad för att lagra prover är lågt är det lämpligt att planera för att spara proverna.



Figur 1. Exempel på rack och rör med streckkod och QR-kod för digitalisering av DNA-extrakt.

FÖRVARING AV INDIVID FÖR BANKNING

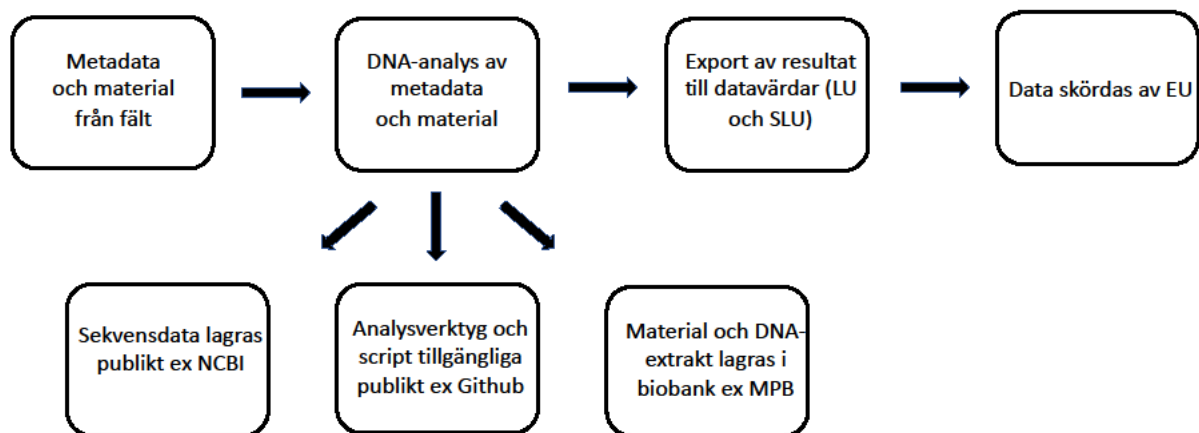
Efter råd från Axel Hochkirch från STING-gruppen och diskussion i gruppen som utreder övervakning av pollinatörer (SLU och LU) angående om allt material behöver nålas upp eller om det kan förvaras i bulk så rekommenderas att åtminstone referensexemplar nålas upp. Alternativet att nåla allt material skulle ha fördelen att man kan samla in ben för sekvensering om man väljer den metoden över lysering. Att använda ben eller vävnad jämfört med lysering ger något högre detektion för vissa artgrupper men kräver en större arbetsinsats (Åström et al., 2020). För exempelvis bin så är detektionen på samma nivå. Det är dock förenat med kostnader för uppnålning och lagring i samlingar. För lagring av nålat material är arbetsinsatsen baserat på antal individer till skillnad från bulklagring där arbetsinsatsen är baserat på antal prover. Kostnader för att lagra och databaslägga bulkmaterial beräknas vara ca 1,5 arbetsdag per 100 prover, beräknat per prov är det ca 50 kr. Till detta kommer samlingsvård. Ingen materialkostnad bör tillkomma då de burkar som proverna samlas in i bör kunna användas för långtidslagring. Den samlingsvård som krävs om bulkmaterial förvaras i frys är minimal, inspektion vartannat, vart tredje år och eventuell påfyllnad av etanol. Detta kan jämföras med att nåla allt material, datalägga och långtidslagra detta. Lagring av uppnålat material görs ofta i trälådor där kostnaden för material (låda och nålar) är ca 1000 kr. I varje låda kan ca 500 individer nålas. Om det årliga materialet är 56 000 individer krävs 112 lådor á 1 000 kr vilket gör 112 000 kronor i materialkostnad. Arbetsinsatsen för nålning och samlingsföring av ett så stort material är 2-3 heltidstjänster. Till detta kommer samlingsvård som innebär att inspektera materialet och ge det en frysknäpp vid behov.

Förslagsvis kan referensmaterial lagras nålat och resterande material bulklagras i etanol i biobank vilket är en kostnadseffektiv lösning. Referensmaterial kan komma från samlingarna eller från övervakningen och behöver inte vara så omfattande, ett mål kan vara minst en individ av båda könen från alla arter men har man att göra med arter som är morfologiskt och genetiskt närstående (som hos vissa blomflugor) så bör man ha minst 10 individer för att få en bild av intra- och interspecifik variation. Det skulle innebära totalt ca 2 000 individer att nåla upp vilket skulle innebära ca 4 000 kr i materialkostnad. För vissa mycket sällsynta arter är det antagligen inte möjligt att få in material att nåla som exempelvis fjällmurarbi *Osmia svenssoni*, som det saknas streckkod och genetisk information från och som endast är funnen en gång i Sverige år 1975 enligt Artfakta.

BIOINFORMATIK OCH LAGRING AV SEKVENSRÅDATA

Bioinformatiskt finns flera alternativa pipelines som alla är kapabla och lämpliga att klara denna typ av data (Cholette & Ng, 2009)(Bolyen et al., 2019)(Rognes et al., 2016). Den analys-pipeline och de script som används bör göras tillgängliga genom ett publikt repo i exempelvis Github. Databearbetning från rådata till artlistor inkluderar ett fåtal analytiska steg. Demultiplexing görs av sekvenseringscenter (SciLifeLab). Den pipeline som används vid NRM använder cutadapt, dada2 och Blast. I ett första steg klipps sekvenseringsadapter bort, vanliga mjukvaror är cutadapt (Martin, 2011) och Trimmomatic (Bolger et al., 2014).

Dessa mjukvaror väletablerade och används av hundratals lab i snart 10 år. Nästa steg är att slå samman identiska sekvenser. Den mjukvara som används i störst utsträckning under senare år och närmast är en industri-standard är R-paketet dada2 (Callahan et al., 2016). Dada2 använder sekvensdata från prover för identifiera unika sekvenser av biologiskt ursprung och hur många gånger dessa hittas i vardera prov. Alla identifierade unika sekvenser matchas baserat på identitet mot en referensdatabas vanligen med verktyget Blast (Altschul et al., 1990). Ett alternativ är bayesianska metoder likt RDP Classifier (Wang et al., 2007) som använder tränade dataset för att klassificera sekvenser och ger dem en taxonomisk tillhörighet baserat på sannolikheter. Ett tillägg i analys-pipeline kan vara verktyg som exempelvis IdTaxa (Murali et al., 2018) som finns i R-paketet Decipher (Wright, 2016) som likt RDP klassificerar sekvenser baserat på en etablerad taxonomi. De sekvenser (OTU) som inte resulterar i träffar i referensdatabasen kan representera nya arter eller arter utan referensdata. Dessa kan utredas genom att gå tillbaka till ursprungsprovet och analysera provet morfologiskt tillsammans med individuell DNA-analys. De resulterande artlistorna exporteras till respektive datavärd, Lunds universitet för dagfjärilar och Artdatabanken för blomflugor och vilda bin (fig. 2). Det är viktigt att datavärden klarar att hantera inkommande data inklusive metadata och spatiella data på ett standardiserat sätt som stöder unika lokaler och forskningskvalitet. Data från båda dessa datavärdar skördas även av Swedish Biodiversity Data Infrastructure, SBDI (<https://bioatlas.se/>) och tillgängliggörs också via GBIF-Sweden.



Figur 2. Information- och materialflöden från fält till mottagare. LU är Lunds universitet, SLU är Sveriges Lantbruksuniversitet, MPB är Miljöprovbanken på NRM.

Sekvensdata bör sparas så att alternativa eller kompletterande analyser kan göras. Sekvensdata i form av Fastq-filer kan lämpligtvis sparas i existerande publika databaser. Fördelarna är flera jämfört med att sätta upp en dedikerad infrastruktur. Fördelarna är att infrastrukturen redan är på plats och det inte behövs någon nationell lagringskapacitet, data blir publikt tillgänglighet och kostnader är låga. För närvarande finns tre huvudsakliga lagringsplatser. Dessa är Dryad (<https://datadryad.org/>), National Centre for Biotechnology Information, NCBI, (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), och European Nucleotide Archive, ENA, (<https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>). Hos alla dessa tre indexerar datainnehåll och är sökbart, nedladdningsbart och långtidslagras.

Hos Dryad får allt uppladdat data en citeringsbar DOI (digital object identifier). Innehållet är open-source och data distribueras under en Creative Commons Zero licens (CC0). Dryad är ett initiativ från vetenskapliga tidskrifter och vetenskapliga sällskap och är främst ett dataarkiv kopplat till publicerad vetenskap. Dryad vill att man är medlem och betalar en årlig medlemsavgift för att stötta infrastrukturen. Det finns olika nivåer på kostnaden från \$3000 - \$13000 (https://datadryad.org/stash/our_community). Det finns inga andra uppenbara fördelar för Dryad jämfört med alternativen vilket gör att kostnaden inte går att motivera. NCBI ligger under National Institutes of Health (NIH) som också finansierar och är en del av National Library of Medicine (NLM) och är det största databasen för lagring av sekvensdata. Allt uppladdat data får unika accessionsnummer. Allt data är öppet och det är kostnadsfritt att lagra data. Det finns även vissa analysverktyg och kurser tillgängliga.

ENA är utvecklat och drivs av European Molecular Biology Laboratory (EMBL). Finansiering kommer från Europeiska kommissionen, British Biotechnology and Biological Sciences Research Council (BBSRC) och Wellcome Trust (WT). Allt uppladdat data får unika accessionsnummer. Allt data är öppet och det är kostnadsfritt att lagra data. Det finns även analysverktyg och workshops tillgängliga.

Data synkas mellan ENA och NCBI så lagras data hos den ena värden kommer det att synas hos den andra värden. Vidare skördar många andra databasvärdar information från både NCBI och ENA vilket gör att till exempel streckkodsgener som skickas till NCBI och ENA också över tid blir en del av BOLD.

KVANTIFIERING

Både IBA-projektet och det norska initiativet att miljöövervaka insektsfauna med malaisefällor avser att kvantifiera abundanser i insamlade prover. Under 2020 testas kvantifiering i båda projekten men i skrivande stund finns inte resultat tillgängliga. Utmaningen att kvantifiera material från malaisefällor är betydligt större än att kvantifiera material från skålfällor. Dels är antalet arter färre och dels är antalet individer färre för det material som kommer från övervakning av pollinatörer med skålfällor jämfört med malaisefällor. Förutom detta kommer malaisefällor innehålla fler arter som saknar streckkoder jämfört med pollinatörer. Sammantaget gör det att det är mindre komplext att analysera pollinatörer insamlade med skålfällor jämfört med att analysera alla flygande insekter insamlade med malaisefällor. Det finns flera studier som har testat att kvantifiera abundans av arter från sekvensdata (Ji et al., 2020)(Krehenwinkel et al., 2017)(Hausmann et al., 2020). En publicerad metod som är lovande och passande för kvantifiering av abundanser från metastreckkodningsdata är SPIKEPIPE (Ji et al., 2020). SPIKEPIPE kombinerar läsningar från sekvensdata, ett gränsvärde för täckning och interna standarder det vill säga man tillsätter en känd mängd av en känd sekvens för att korrigera för stokastisitet. Kända så kallade mock-prover används för kalibrering och för att anpassa en modell till datat. Metoden har testats på fällmaterial från Grönland med hög precision ($R^2=0.94$ för streckkoder).

BARCODINGLÄGET OCH MIKROTAXONOMI FÖR AKTUELLA POLLINATÖRSGRUPPER

Den genetiska markör som används i störst utsträckning och är bäst etablerad för streckkodning är cytokromoxidas I (COI) (Folmer et al., 1994) och det finns ett flertal lämpliga primers utvecklade för metastreckkodning (Elbrecht et al., 2019). COI har det absolut största referensdatat och de flesta djurphyla har ett väl definierat så kallat ”barcode gap”, skillnaden i genetisk distans mellan intraspecifik och interspecifik variation (Ratnasingham & Hebert, 2013). Nedanstående analys av barcode gap är gjort med mjukvaran ASAP som använder en hierarkisk kluster algoritm baserat på parvisa genetiska distanser utan att använda fylogenetisk information (Puillandre et al., 2020). Databasen hos BOLD är en kurerad databas med streckkoder som har som mål att koppla ihop DNA-sekvenser, validerade morfologiska prover och metadata. Nedanstående analyser av tillgängliga streckkoder för målorganismer är gjorda med R-paketet bold (<https://github.com/ropensci/bold>). Resultaten är baserade på den information som var publikt tillgänglig i BOLD 210113. Data är filtrerat på 5'-ändan av COI (5P-COI) som det finns mest information från och som är den del av COI som oftast används. Vidare har sekvenser kortare än 300 bp filtrerats bort. Enligt BOLD är 300 bp ett minimum som behövs för att användas för bestämning till BIN (Ratnasingham & Hebert, 2013). Vidare är de flesta metastreckkodsmarkörer som finns publicerade i storleksordningen 300-400 bp och täcker 5'-ändan av COI (Elbrecht & Leese, 2017)(Vamos et al., 2017). Datat är uppdelat för streckkoder från hela världen och streckkoder från Europa. Inspektion av det nedladdade datat ger att det finns delar av sekvensdata i BOLD med frågetecken exempelvis där man kan misstänka nukleära kopior eller att sekvensdata är av dålig kvalitet. Man behöver därför skapa en kurerad databas från BOLD-data om man ska använda det i övervakningsprogrammet. Flera studier visar att streckkoder framtagna för regional fauna går att använda över stora geografiska områden (Lukhtanov et al., 2009)(Huemer et al., 2014) men det finns även studier där den intraspecifika variationen är hög för vissa artgrupper som gör att det kan vara svårt att använda regionalt framtagna streckkoder på global nivå (Bergsten et al., 2012). För att minska eventuella problem med intraspecifik variation över stora geografiska distanser är det att föredra att använda regionala streckkoder om det finns.

DAGFJÄRILAR

TAXONOMI FJÄRILAR

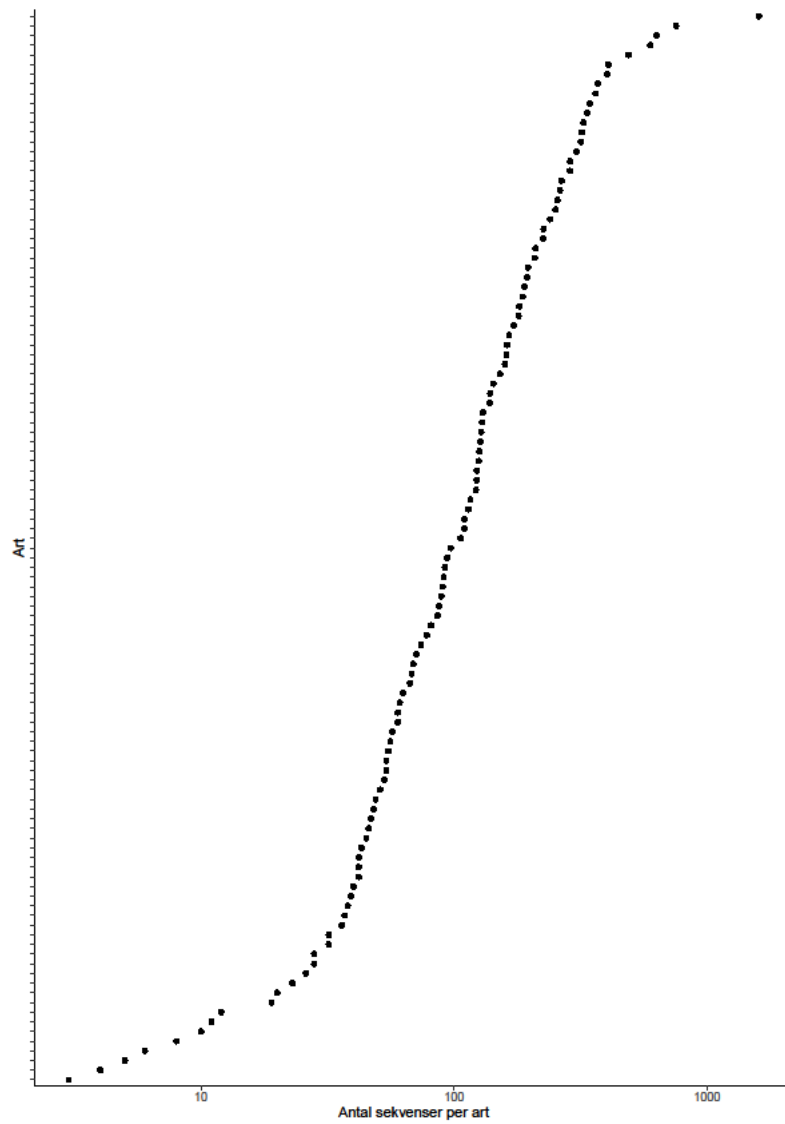
Gällande taxonomin inom Europeiska Lepidoptera är den i regel ganska välstuderad och välbelagd (Wiemers et al., 2018)(Wiemers et al., 2020). I ett fåtal fall förekommer det att streckkoder delas mellan arter, och vissa arter kan i stort sätt bara skiljas åt via genetik (Huemer et al., 2014)(Hausmann et al., 2011). De fall som är svåra i Sverige rent morfologiskt bland dagfjärilarna är tex *Aricia agestis/artaxerxes* och *Melitaea athalia/britomartis*, men dessa skiljer sig i streckkodssekvenser. Utöver det finns det vissa komplex av nattflyn (eg. vissa *Agrotis*-arter), mätare (vissa *Eupithecia*-arter), samt en del andra nattfjärilar som kan dela streckkod och vara svåra. Inom dessa grupper pågår det lite spridda försök att reda ut taxonomin. Det kan finnas grupper med kryptisk diversitet där vi

inte vet hur många arter det kan vara, men överlag inte så många fall. Framförallt inte i Sverige. Det finns även några ställen där man tror att det förekommer hybrider, t.ex mellan *Colias hecla/werdandi* uppe i fjällen. Nya arter av fjärilar kommer in i stort sett årligen eller med några års mellanrum men spritt över hela Lepidoptera, några av de senare tillskotten är fjällpärlmorfjäril, *Boloria napaea*, och gulringad gräsfjäril, *Erebia embla* (Svensk Dagfjärilsövervakning Årsrapport 2018, 2018)².

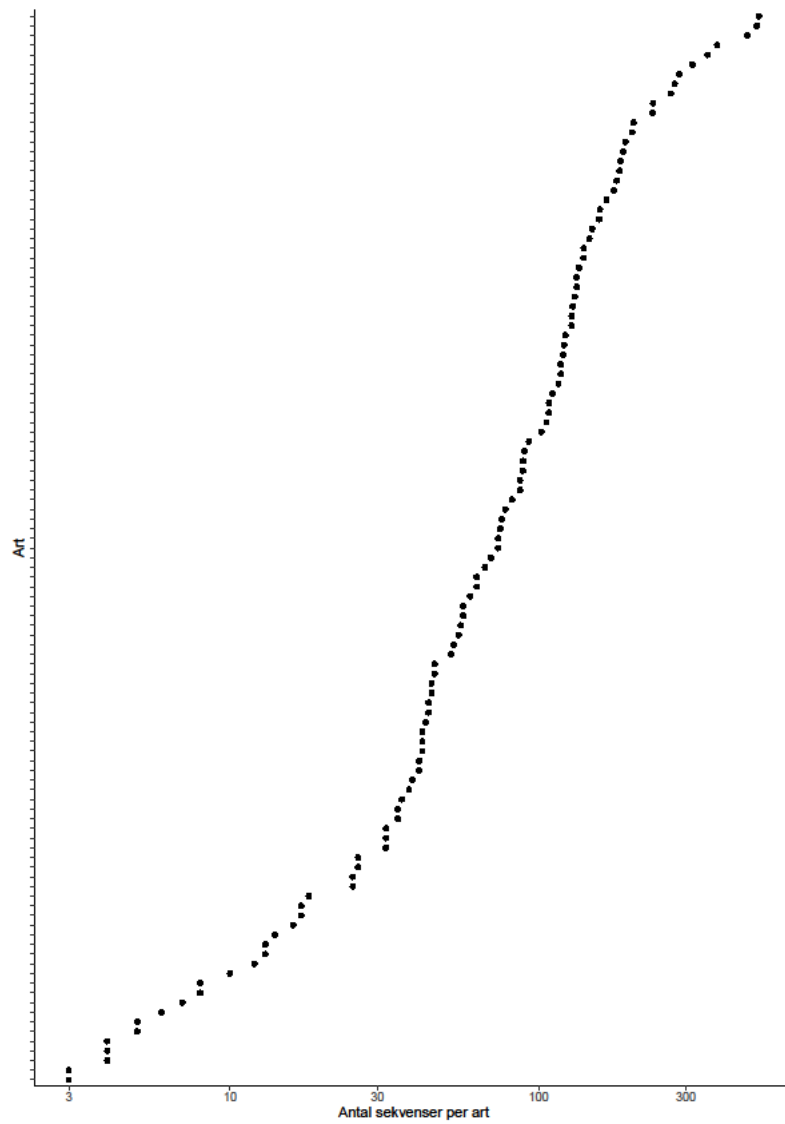
BARCODINGLÄGE

Strekkodsläget för fjärilar är tämligen väl utrett (Huemer et al., 2014)(Hausmann et al., 2011). Strekkoder har använts tidigare med framgång för att identifiera fjärilsarter (Dincă et al., 2011). De listade svenska dagfjärilarna i EUPOMS är 111 st. Efter filtrering erhöles 17208 sekvenser från hela världen. Inga arter från den svenska listan saknas om man tar data från hela världen. Antal sekvenser per art för hela världen är mellan 3 och 1601 st (bil. 1). Filtrerat på europa finns det 11309 sekvenser. Inga arter saknar strekkod om man begränsar till Europa. Antal sekvenser per art för Europa är mellan 3 och 517 st (bil. 1). För den absoluta majoriteten av arter finns det mer än 5 sekvenser vilket göra att man får en god bild av intraspecifik variation (fig 3 och 4). Givet att det finns ett barcode gap (fig. 5, vilket är där kurvan har störst lutning) och att det finns genetisk information från alla arter gör att dagfjärilar lämpar sig väl för DNA-baserad övervakning.

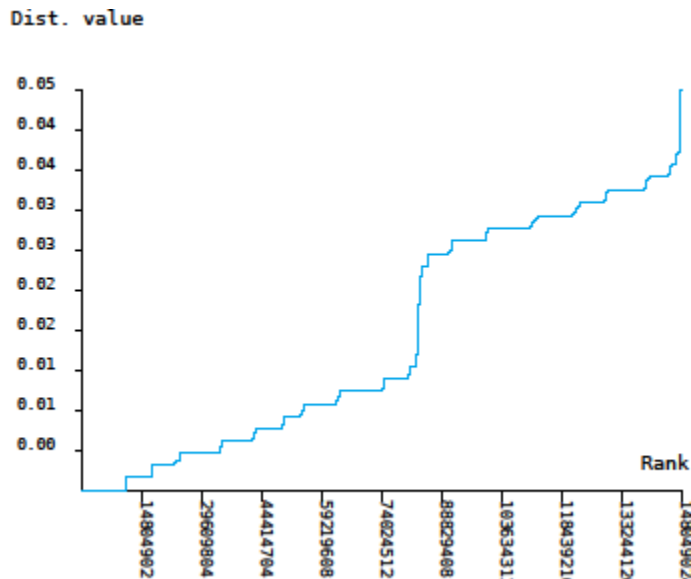
² Korrespondens med Tobias Malm, Samlingsansvarig Lepidoptera och Trichoptera, Naturhistoriska riksmuseet



Figur 3. Antal sekvenser per art för dagfjärilar från hela världen. Längs y-axeln listas alla svenska arter av dagfjäril som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



Figur 4. Antal sekvenser per art för dagfjärilar filtrerat på Europa. Längs y-axeln listas alla svenska arter av dagfjäril som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



Figur 5. Illustration av barcode gap hos dagfjärilar. Resultat från programmet ASAP som använder evolutionära modeller och rankar genetiska distanser.

BLOMFLUGOR

TAXONOMI

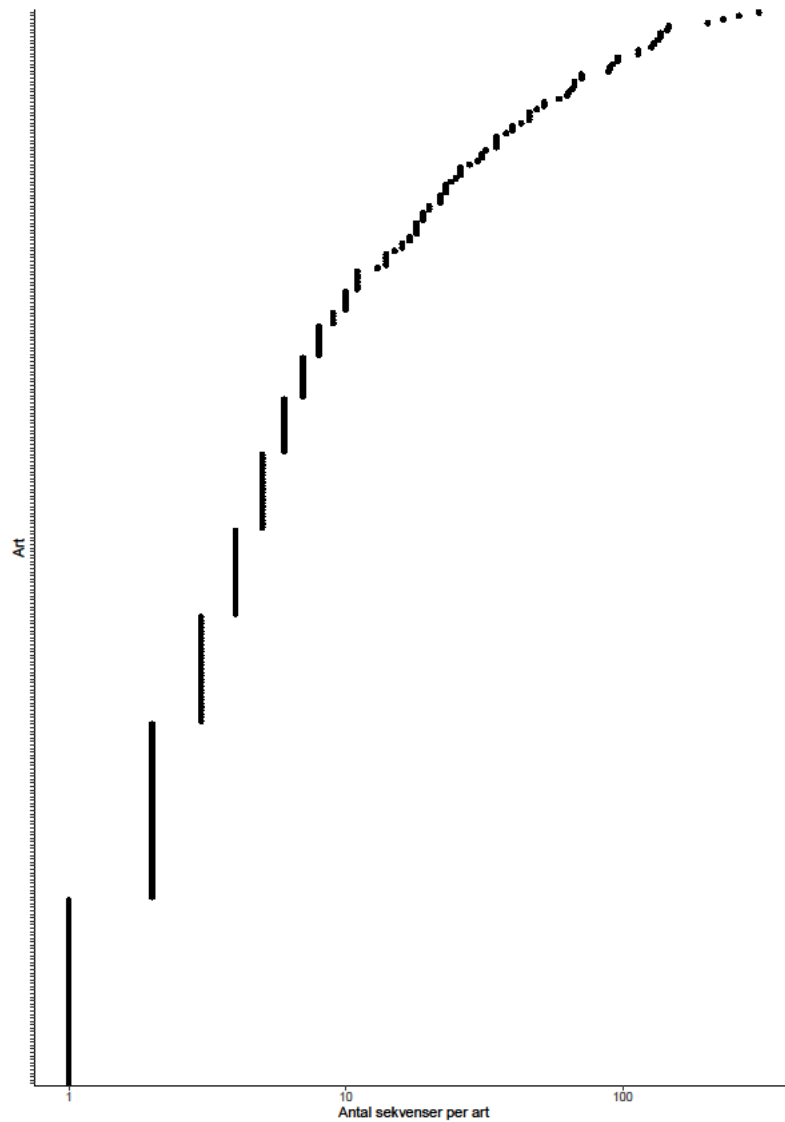
Blomflugorna tillhör de diptera som har den stabilaste och bästa taxonomin av alla flugfamiljer i Sverige och väl i nivå med andra välkända insektsgrupper. Taxonomin överensstämmer väl med fylogener från DNA-sekvenser (Ståhls et al., 2003). Under de senaste åren har endast 0-2 arter per år av de svenska arterna fått ändrad taxonomi (uppdelning i två arter eller sammanslagning av arter på bas av DNA-studier). Det är med tanke på artrikedomen för blomflugor en låg siffra per år även låg jämfört med många andra välkända grupper av insekter. Taxonomin i Dyntaxa bedöms som stabil även under kommande år, men 0-3 nya arter per år för Sverige kommer förmodligen att tillföras såväl via DNA-studier med artuppdelningar/artsammanslagningar eller tidigare kända arter som sprider sig norrut³. Exempel på en art som sprider sig norrut och nyligen upptäckts i Sverige är *Volucella zonaria* som inte fått något svenskt namn ännu.

BARCODINGLÄGE

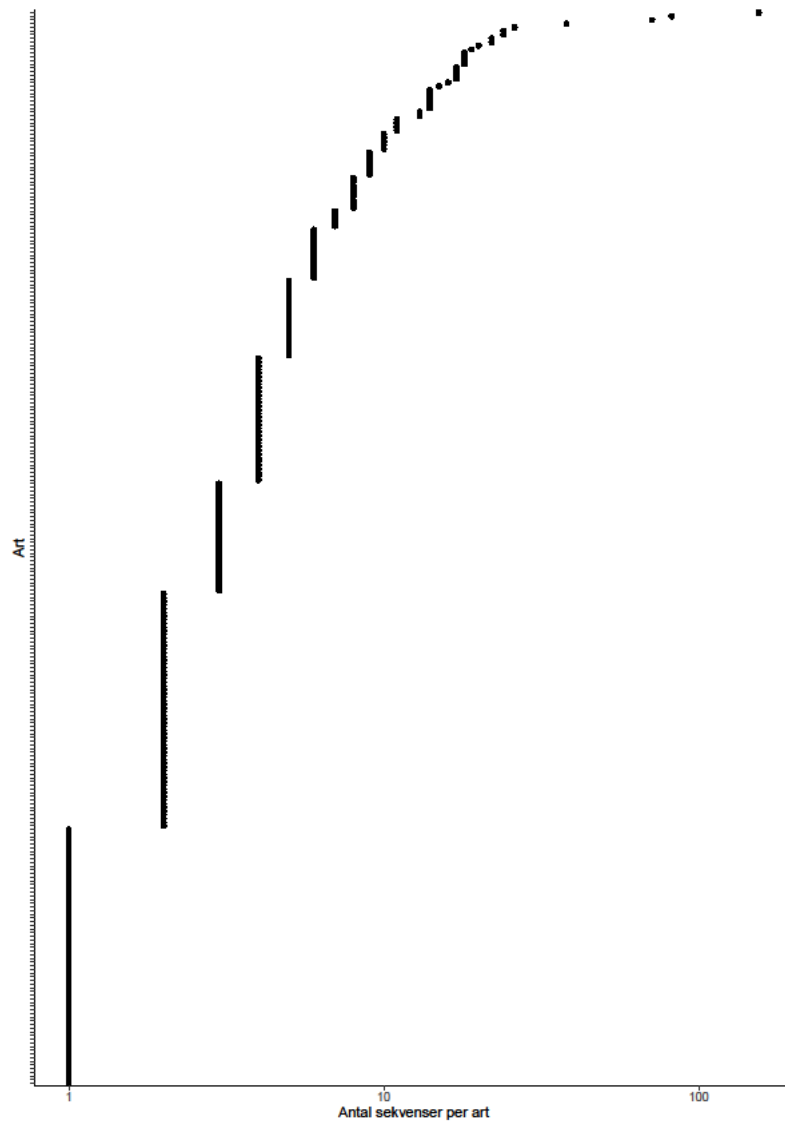
Streckkodsläget för blomflugor är lite sämre jämfört med dagfjärilar. Av de tre målgrupperna av pollinatörer är denna den artrikaste gruppen men har minst antal sekvenser i BOLD. De listade svenska blomflugorna är 392 st. Efter filtrering erhöles 5395 sekvenser från hela världen. 81 arter från den svenska listan saknas om man tar data från hela världen. Antal sekvenser per art för hela världen är mellan 1 och 310 st (bil. 1). Filtrerat på europa finns det 1632 sekvenser. 100 arter som förekommer i Sverige som saknar streckkod om man begränsar till accessioner från Europa. Antal sekvenser per art för Europa är mellan 1 och 155 st (bil. 1). För ungefär hälften av arter finns det mer än 5 sekvenser vilket gör att man

³ Korrespondens med Yngve Brodin, Samlingsansvaring Diptera, Naturhistoriska riksmuseet

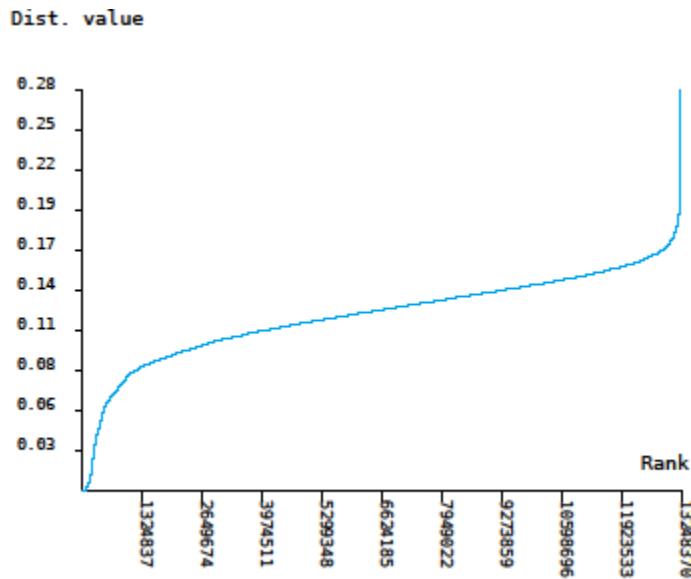
får en mindre god bild av intraspecifik variation (fig 6 och 7). Det finns genetisk information från majoriteten av arter men det inte finns ett lika tydligt barcode gap som för dagfjärilar (fig. 8) vilket gör att man behöver kurerat och komplettera streckkoder för blomflugor för DNA-baserad övervakning.



Figur 6. Antal sekvenser per art för blomflugor från hela världen. Längs y-axeln listas alla svenska arter av blomflugor som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



Figur 7. Antal sekvenser för blomflugor filtrerat på Europa. Längs y-axeln listas alla svenska arter av blomflugor som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



Figur 8. Illustration av barcode gap hos blomflugor. Resultat från programmet ASAP som använder evolutionära modeller och rankar genetiska distanser.

VILDA BIN OCH HUMLOR (APIFORMES)

TAXONOMI

Det tillkommer arter genom invandring med jämn takt, i genomsnitt en art per år de senaste decennierna så som träkägelbiet (*Coelioxys alatus*) som hittades nyligen i Sverige vid en inventering med skålfällor (Andersson et al., 2020). Dock har vi ju ett flertal arter i grannländerna som kan förväntas dyka upp även här. De arter som tillkommer är oftast genom nyinvandring, någon gång genom tidigare förbisedd förekomst, eller uppsplittring av arter. Borttagande av gamla uppgifter i Dyntaxa genom omtolkning eller bara misstro kan förekomma, men då är det arter som var osäkra, tillfälliga eller utdöda redan från början och inte aktuella för övervakning. Synonymisering är betydligt ovanligare⁴.

Taxonomin är bra utrett. Som det ser ut nu är det vissa parasitära bin som kanske kommer påverkas. *Nomada panzeri* och *Nomada flavoguttata* är två förmodade aggregat som troligen måste lösas med integrativ taxonomi. På det hela sett dock mycket stabil taxonomi väl i klass med fjärilar och skalbaggar⁵.

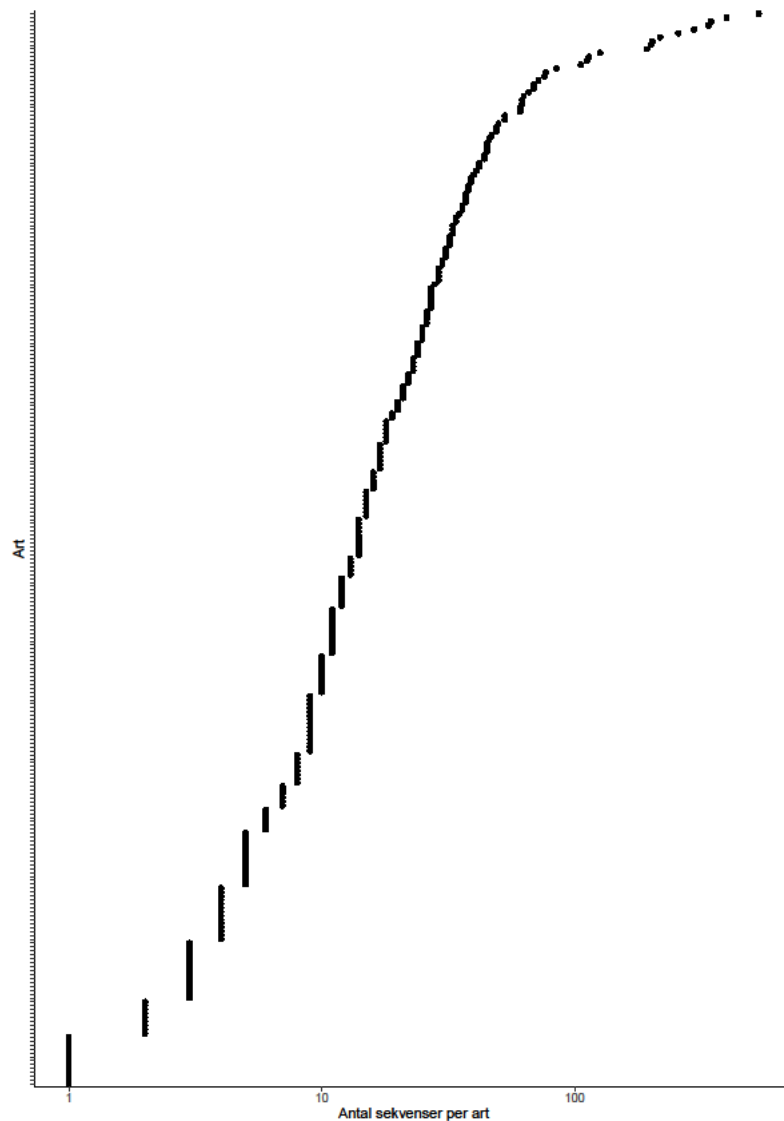
BARCODINGLÄGE

Strekkodsläget för vilda bin och humlor är tillräckligt bra för rutinmässig övervakning (Gueuning et al., 2019). De listade svenska vilda bin 294 st. Efter filtrering erhöles 8174 sekvenser från hela världen. 20 arter från den svenska listan saknas om man tar data från hela världen. Antal sekvenser per art för hela världen är mellan 1 och 535 st (bil. 1). Filtrerat på Europa finns det 5738 sekvenser. 25 arter saknar strekkod om man begränsar till Europa. Antal sekvenser per art för Europa är mellan 1 och 528 st (bil. 1). För den absoluta majoriteten av arter finns det mer än 5 sekvenser vilket gör att man får en god bild av intraspecifik variation (fig 9 och 10). Det finns genetisk information från majoriteten av arter

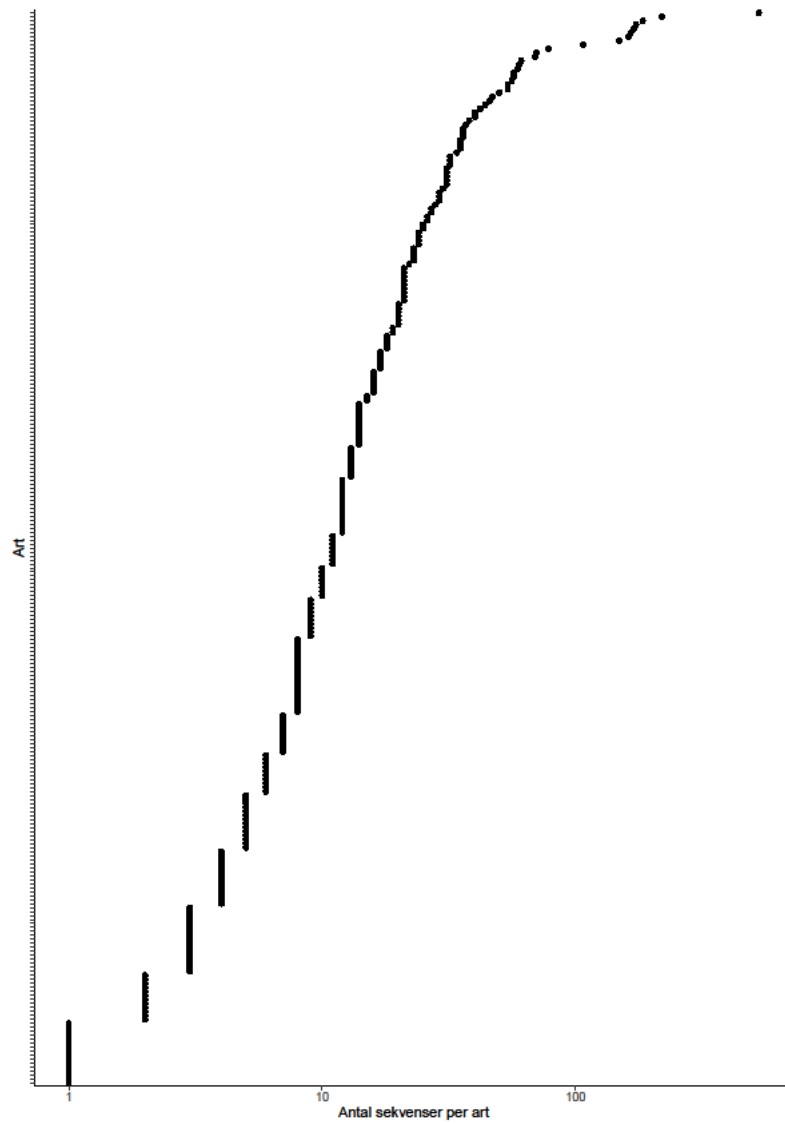
⁴ Korrespondens Mattias Forshage, Naturhistoriska riksmuseet.

⁵ Korrespondens Niklas Johansson, Artdatabanken, Sveriges Lantbruksuniversitet

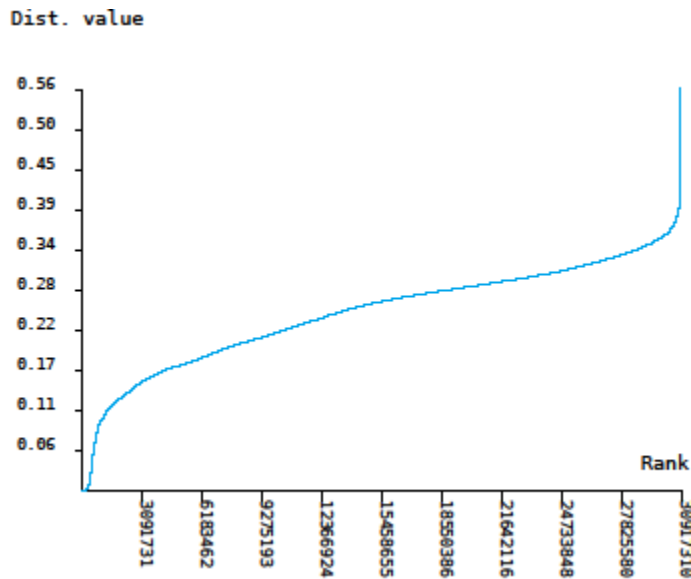
men det inte finns ett tydligt barcode gap (fig. 11) vilket gör att man behöver kurera och komplettera streckkoder för svenska apiformes för DNA-baserad övervakning.



Figur 9. Antal sekvenser per art för vilda bin från hela världen. Längs y-axeln listas alla svenska arter av vilda bin som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



Figur 10. Antal sekvenser per art för vilda bin filtrerat på Europa. Längs y-axeln listas alla svenska arter av vilda bin som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



Figur 11. Illustration av barcode gap hos apiformes. Resultat från programmet ASAP som använder evolutionära modeller och rankar genetiska distanser.

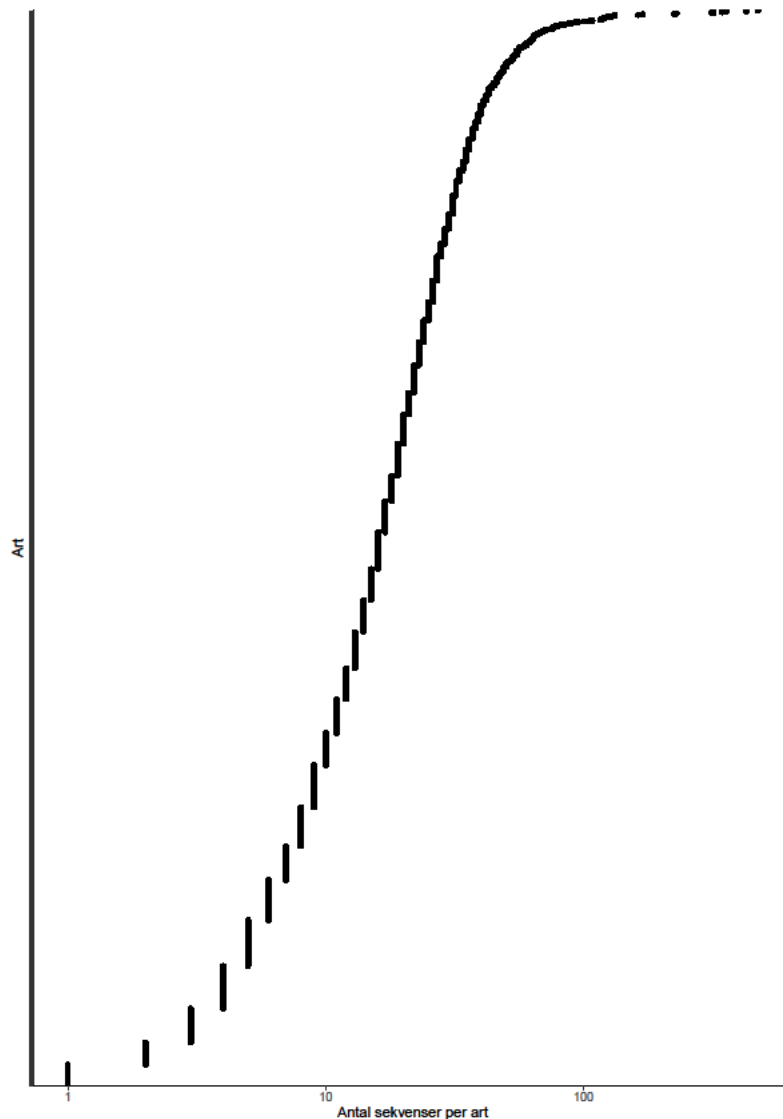
NATTFJÄRILAR

BARCODINGLÄGE

De listade svenska nattfjärilarna är 2561 st. Efter filtrering erhöles 83850 sekvenser från hela världen. 233 arter från den svenska listan saknas om man tar data från hela världen. Antal sekvenser per art för hela världen är mellan 1 och 3060 st (fil bilagd). Filtrerat på europa finns det 48437 sekvenser. 249 arter saknar streckkod om man begränsar till Europa. Antal sekvenser per art för Europa är mellan 1 och 473 st (bil. 1). För den absoluta majoriteten av arter finns det mer än 5 sekvenser vilket gör att man får en god bild av intraspecifik variation (fig 12 och 13). Det finns genetisk information från majoritet av arter vilket gör att nattfjärilar lämpar sig för DNA-baserad övervakning. Resultat från ASAP analys har inte gått att producera på grund av att datat är för stort. Resultatfiler för nattfjärilar från bold-analys bifogas som separata filer eftersom de är för stora för att infoga i rapporten.



Figur 12. Antal sekvenser per art för nattfjärilar för hela världen. Längs y-axeln listas alla svenska arter av nattfjäril som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.



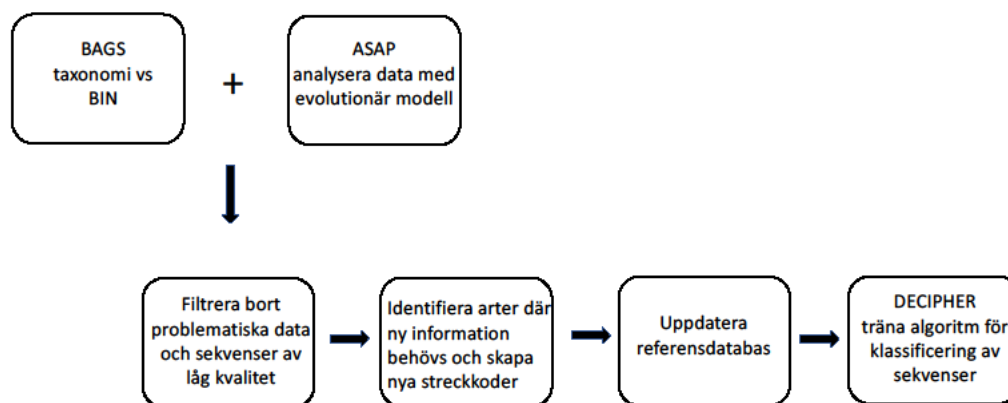
Figur 13. Antal sekvenser per art för nattfjärilar filtrerat på Europa. Längs y-axeln listas alla svenska arter av nattfjäril som hittas i Bold-databasen sorterat på hur många sekvenser som finns. Notera att x-axeln är logaritmisk.

REFERENSDATABASER

Det finns goda möjligheter att använda internationella referensdatabaser för att skapa dedikerade och kurerade referensdatabaser av hög kvalitet för svenska arter där man kan kvalitetssäkra och definiera kriterier exempelvis baserat på geografi, antal sekvenser per art etc. Man behöver komplettera med streckkoder för de arter som saknar data från målgrupperna dagfjärilar, blomflugor och vilda bin. Det handlar om 20 arter vilda bin och 100 arter blomflugor givet att man begränsar till europeiska accessioner. Till dessa tillkommer ett antal arter där data från Bold inte kan anses kvalitetsäkrat (sekvenser av låg kvalitet eller där man kan misstänka nukleära kopior av COI, så kallade Numts). Kostnaden för att ta fram streckkoder är ca 300 kr per art, vilket skulle bli ca 36 000 kr för de arter som saknar streckkod om man bortser från nattfjärilar. Eftersom det kommer göras en mycket liten insats för nattfjärilar är det kanske inte motiverat att komplettera med streckkoder för den gruppen. Det tillkommer en arbetskostnad för att samla in material som i de flesta fall bör

finnas i samlingar på museer. Totalkostnaden för att komplettera är ca 100 - 150 000 kr. Kompletteringen bör inbegripa taxonomiska experter och DNA bör extraheras icke-destruktivt från voucher material.

Att skapa en kurerad referensdatabas för pollinatörer är en grundförutsättning för att man ska använda DNA baserad artbestämning. Det är dock av största vikt att komma ihåg att det data som finns i hos BOLD (och andra databaser) till största del innehåller data av god kvalitet men det finns det både prover som är felaktigt artbestämda och sekvensdata som är av lägre kvalitet. Det innebär att man även i fall då det finns gott om data från artgrupper bör utvärdera data och inte anta att information i databaserna är 100% korrekt. Det finns ett antal befintliga verktyg som kan användas för att genomföra en mer systematisk sammanställning av kvalitet och hur användbar informationen i databaserna kan vara i miljöövervakningen. Exempel på moderna verktyg som kan användas i ett arbetsflöde är: BAGS (Fontes et al., 2020) som gör en systematisk genomgång av taxonomy kontra sekvens i BIN i BOLD. ASAP (Puillandre et al., 2020) använder evolutionära modeller för att från enbart från sekvens uppskatta antal arter som de kommer ifrån och Decipher (Wright, 2016) som är ett R-paket som har funktioner för att träna en algoritm som sedan kan användas för att klassificera sekvenser av okänt ursprung (Fig. 14).



Figur 14. Arbetsflöde med exempel på analysverktyg lämpliga för att skapa en kurerad referensdatabas.

SLUTSATSER

En slutsats från denna genomgång är att det är ett gott läge för att använda metastreckkodning för övervakning av pollinatörer dels för att det är ett begränsat antal arter och att det finns referensdata för majoriteten av arter. En kurerad referensdatabas av hög kvalitet behöver skapas. För att öka förutsättningar för ett framgångsrikt övervakningsprogram finns två insatser som är av stort värde, att utse en nationell koordinator och att utföra en pilotstudie för att utvärdera tekniska aspekter. Erfarenheter från viltövervakning av björn, kungsörn och fjällräv som bedrivs på avdelningen för Miljöforskning och övervakning på NRM säger att det är nödvändigt med en sammanhållande funktion som en koordinator har. En pilotstudie som testar hela eller stora delar av arbets- och informationsflödet är värdefull för att få alla

steg att fungera och föregripa eventuella svårigheter. Med en lyckad pilotstudie kan alla delar i övervakningsprogrammet finnas på plats när programmet initieras. Specifikt för analys av fällfångster kan en pilotstudie klargöra om det går att använda en buffert som lagringsmedium istället för etanol i första steget från fält till lab vilket skulle minska arbetstiden per prov. Vidare kan en pilotstudie testa och validera metoder för kvantifiering. En lovande metod är SPIKEPIPE (Ji et al., 2020) som skulle kunna lämpa sig väl för denna övervakning. Man skulle då behöva testa alla stegen i SPIKEPIPE från sekvensering av kända prover med interna standarder och beräkna korrektionsfaktorer och sätta upp en modell och matchning mot en kurerad referensdatabas. En pilotstudie kan också ge information om hur robusta metoderna genom teknisk replikering, hur känsliga metoderna behöver vara för att detektera sällsynta arter. Det är också värdefullt att få fältdata för att få vägledning i hur hög diversitet som man kan förväntas få från proverna. Är det hög diversitet så kan man behöva öka sekvensinsatsen.

ORDLISTA

Barcoding: Synonymt med ”DNA-streckkodning”. Metod för att identifiera från vilken art DNA:t i ett prov kommer. Kortfattat använder man en kort sekvens av mitokondrie-DNA, en s.k. ”barcode”, som varierar mellan arter eller taxonomiska grupper.

Bioinformatik: Samlingsnamn för de digitala metoder som används för att statistiskt och matematiskt analysera genetiska data.

BIN (Barcode Index Number): En grupp av mycket lika DNA-sekvenser som identifieras i BOLD och ofta motsvarar sekvenser från en art. Jämför OTU.

BOLD (Barcode Of Life Database): Databas som bygger på ett stort internationellt samarbete (CBOL) och innehåller ”barcodes” som tillhör organismer från världens alla hörn. Den är tillgänglig gratis online tillsammans med webbaserade verktyg för att söka och analysera data.

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool): Digital metod för att med en DNA-sekvens söka i databaser och matcha den mot de sekvenser som finns samlade där. Finns gratis att använda online från NCBI.

Buffert: Kemisk lösning med specifikt pH-värde. Används vanligen för att bevara, extrahera eller rena DNA.

COI (Cytochrome Oxidase I) även benämnd **COXI:** Mitokondriell gen som bidrar till cellandningen. En ca 600 baspar lång sekvens av genen används vanligen vid barcoding av djur.

DNA-extrakt: Lösning med renat DNA från ett prov.

Extraktion: Laborativa metoder för att utvinna och rena DNA från organiskt material eller miljöprover.

Kontaminering: Kallas det då DNA från något annat än just den individ eller det prov man undersöker hamnar i ens prov. Det kan t.ex. ske om man blandar ihop prover eller om smutsiga verktyg eller behållare har använts.

Lysera: Kallas det när celler löses upp så att man kan komma åt deras innehåll och därmed deras DNA. Används vanligen om den process där man med värme och enzymer löser upp organiskt material för att utvinna DNA.

Metabarcoding, metastreckkodning: Metod där man identifierar barcodes från en mängd olika arter på samma gång, från t.ex. miljö- eller spillningsprover.

NCBI (National Center for Biotechnology Information): Amerikanskt center för bl.a. genetiska databaser och sökverktyg. Se BLAST och GenBank.

NGS (Next Generation Sequencing): Term som brukar användas om den relativt nya teknik som gjort det möjligt att ta fram DNA-sekvenser från hela genomet på en och samma gång. Tekniken möjliggör även att läsa av allt DNA i ett prov, oavsett om det kommer från flera olika organismer.

OTU: Operational taxonomic unit, används för att klassificera grupper av närstående sekvenser.

Referensbibliotek, referensdatabas: Benämning på en samling av DNA-sekvenser, t.ex. i form av en databas som är tillgänglig online, där man kan jämföra sina resultat med redan insamlade och identifierade DNA-sekvenser. Exempel är bl.a. GenBank, BOLD och SweBOL.

Repository: kodförråd även: *datakatalog* eller *utvecklingskatalog*, förkortat *repo* – databas för information som används och skapas i systemutvecklingsprojekt. Kortformen *repo* används också om kompletta uppsättningar programkod som publiceras på internet. I systemutveckling kan kodförråd vara definitioner och beskrivningar av objekt och datatyper, avsedd att underlätta systemutveckling på ett enhetligt sätt. Även för sparande av programkod som är under arbete. (<https://it-ord.idg.se/ord/repository/>)

Sekvenseringsbibliotek: Preparering av bibliotek för storskalig sekvensering. Bibliotek är en samling av DNA-sekvenser.

REFERENSER

Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403–410. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)

Andersson, P., Norèn, L., & Boström, V. G. (2020). *Träkägelbi Coelioxys alatus Förster, 1853 (Hymenoptera: Megachilidae) för första gången påträffad i Sverige. 1853(July)*.

Åström, J., Birkemoe, T., Dahle, S., Davey, M., Ekrem, T., Endrestøl, A., Fossøy, F., Handberg, Ø. N., Hans, O., Magnussen, K., Mikael, M. A., Navrud, S., Staverløkk, A., Sverdrup-thygeson, A., & Ødegaard, F. (2020). *Forslag til nasjonal insektovervåking - Erfaringer fra et pilotforsøk samt en nytte-kostnadsanalyse*.

- Åström, J., Birkemoe, T., Ekrem, T., Endrestøl, A., Sverdrup-thygeson, A., & Ødegaard, F. (2019). 1549 Nasjonal overvåking av insekter Behovsanalyse og forslag til overvåkingsprogram.
- Banchi, E., Ametrano, C. G., Tordoni, E., Stanković, D., Ongaro, S., Tretiach, M., Pallavicini, A., Muggia, L., Verardo, P., Tassan, F., Trobiani, N., Moretti, O., Borney, M. F., & Lazzarin, S. (2020). Environmental DNA assessment of airborne plant and fungal seasonal diversity. *Science of the Total Environment*, 738. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.140249>
- Bergsten, J., Bilton, D. T., Fujisawa, T., Elliott, M., Monaghan, M. T., Balke, M., Hendrich, L., Geijer, J., Herrmann, J., Foster, G. N., Ribera, I., Nilsson, A. N., Barraclough, T. G., & Vogler, A. P. (2012). The effect of geographical scale of sampling on DNA barcoding. *Systematic Biology*, 61(5), 851–869. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys037>
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., Alexander, H., Alm, E. J., Arumugam, M., Asnicar, F., Bai, Y., Bisanz, J. E., Bittinger, K., Brejnrod, A., Brislawn, C. J., Brown, C. T., Callahan, B. J., Caraballo-Rodríguez, A. M., Chase, J., ... Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37(8), 852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13, 581. <http://dx.doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Campbell, J. W., & Hanula, J. L. (2007). Efficiency of Malaise traps and colored pan traps for collecting flower visiting insects from three forested ecosystems. *Journal of Insect Conservation*, 11(4), 399–408. <https://doi.org/10.1007/s10841-006-9055-4>
- Carvalho, A. O. R., & Vieira, L. G. E. (2000). Comparison of preservation methods of *Atta* spp. (Hymenoptera: Formicidae) for RAPD analysis. *Anais Da Sociedade Entomológica Do Brasil*, 29(3), 489–496. <https://doi.org/10.1590/s0301-80592000000300011>
- Cholette, F., & Ng, L. K. (2009). A real-time polymerase chain reaction (PCR) method for the identification of *Nicotiana tabacum* in tobacco products. *Industrial Crops and Products*, 30(3), 437–440. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2009.06.008>
- Creedy, T. J., Norman, H., Tang, C. Q., Qing Chin, K., Andujar, C., Arribas, P., O'Connor, R. S., Carvell, C., Notton, D. G., & Vogler, A. P. (2020). A validated workflow for rapid taxonomic assignment and monitoring of a national fauna of bees (Apiformes) using high throughput DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 20(1), 40–53. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13056>
- Dincă, V., Zakharov, E. V., Hebert, P. D. N., & Vila, R. (2011). Complete DNA barcode reference library for a country's butterfly fauna reveals high performance for temperate Europe. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278(1704), 347–355. <https://doi.org/10.1098/rspb.2010.1089>
- Elbrecht, V., Braukmann, T. W. A., Ivanova, N. V., Prosser, S. W. J., Hajibabaei, M., Wright, M., Zakharov, E. V., Hebert, P. D. N., & Steinke, D. (2019). Validation of COI metabarcoding primers for terrestrial arthropods. *PeerJ*, 2019(10), 1–23. <https://doi.org/10.7717/peerj.7745>
- Elbrecht, V., & Leese, F. (2017). Validation and Development of COI Metabarcoding Primers for Freshwater Macroinvertebrate Bioassessment. *Frontiers in Environmental Science*. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2017.00011>
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of

- mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299.
- Fontes, J. T., Vieira, P. E., Ekrem, T., Soares, P., & Costa, F. O. (2020). BAGS: An automated Barcode, Audit & Grade System for DNA barcode reference libraries. *Molecular Ecology Resources*, September 2020, 573–583. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13262>
- Gilbert, M. T. P., Moore, W., Melchior, L., & Worebey, M. (2007). DNA extraction from dry museum beetles without conferring external morphological damage. *PLoS ONE*, 2(3), 1–4. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000272>
- Gueuning, M., Ganser, D., Blaser, S., Albrecht, M., Knop, E., Praz, C., & Frey, J. E. (2019). Evaluating next-generation sequencing (NGS) methods for routine monitoring of wild bees: Metabarcoding, mitogenomics or NGS barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 19(4), 847–862. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13013>
- Hausmann, A., Haszprunar, G., Segerer, A. H., Speidel, W., Behounek, G., & Hebert, P. D. N. (2011). Now DNA-barcoded: The butterflies and larger moths of Germany. *Spixiana*, 34(1), 47–58.
- Hausmann, A., Segerer, A. H., Greifenstein, T., Knubben, J., Morinière, J., Bozicevic, V., Doczkal, D., Günter, A., Ulrich, W., & Habel, J. C. (2020). Toward a standardized quantitative and qualitative insect monitoring scheme. *Ecology and Evolution*, 10(9), 4009–4020. <https://doi.org/10.1002/ece3.6166>
- Huemer, P., Mutanen, M., Sefc, K. M., & Hebert, P. D. N. (2014). Testing DNA barcode performance in 1000 species of European Lepidoptera: Large geographic distances have small genetic impacts. *PLoS ONE*, 9(12), 1–21. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115774>
- Ji, Y., Huotari, T., Roslin, T., Schmidt, N. M., Wang, J., Yu, D. W., & Ovaskainen, O. (2020). SPIKEPIPE: A metagenomic pipeline for the accurate quantification of eukaryotic species occurrences and intraspecific abundance change using DNA barcodes or mitogenomes. *Molecular Ecology Resources*, 20(1), 256–267. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13057>
- Karlsson, D., Forshage, M., Holston, K., & Ronquist, F. (2020). *The data of the Swedish Malaise Trap Project, a countrywide inventory of Sweden's insect fauna*. <https://doi.org/10.3897/BDJ.8.e56286>
- Krehenwinkel, H., Wolf, M., Lim, J. Y., Rominger, A. J., Simison, W. B., & Gillespie, R. G. (2017). Estimating and mitigating amplification bias in qualitative and quantitative arthropod metabarcoding. *Scientific Reports*, 7(1), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17333-x>
- Lukhtanov, V. A., Sourakov, A., Zakharov, E. V., & Hebert, P. D. N. (2009). DNA barcoding Central Asian butterflies: Increasing geographical dimension does not significantly reduce the success of species identification. *Molecular Ecology Resources*, 9(5), 1302–1310. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02577.x>
- Marquina, D., Esparza-Salas, R., Roslin, T., & Ronquist, F. (2019). Establishing arthropod community composition using metabarcoding: Surprising inconsistencies between soil samples and preservative ethanol and homogenate from Malaise trap catches. *Molecular Ecology Resources*, 19(6), 1516–1530. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13071>
- Marquina, D., Ronquist, F., & Piotr, Ł. (2020). The effect of ethanol concentration on the preservation of insects for biodiversity studies. *BioRxiv*, 1–12.
- Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.Journal*, 17(1), 10. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>

- Murali, A., Bhargava, A., & Wright, E. S. (2018). IDTAXA: A novel approach for accurate taxonomic classification of microbiome sequences. *Microbiome*, *6*(1), 1–14. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0521-5>
- Nakahama, N., Isagi, Y., & Ito, M. (2019). Methods for retaining well-preserved DNA with dried specimens of insects. *European Journal of Entomology*, *116*, 486–491. <https://doi.org/10.14411/EJE.2019.050>
- Potter, C., De Vere, N., Jones, L. E., Ford, C. R., Hegarty, M. J., Hodder, K. H., Diaz, A., & Franklin, E. L. (2019). Pollen metabarcoding reveals broad and species-specific resource use by urban bees. *PeerJ*, *2019*(2), 1–22. <https://doi.org/10.7717/peerj.5999>
- Puillandre, N., Brouillet, S., Achaz, G., Puillandre, N., Brouillet, S., & Achaz, G. (2020). *ASAP : assemble species by automatic partitioning* To cite this version : HAL Id : hal-03039819 *ASAP : Assemble Species by Automatic Partitioning* Running title : Assemble Species by Automatic Partitioning.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2013). A DNA-Based Registry for All Animal Species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLoS ONE*, *8*(7). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Rognes, T., Flouri, T., Nichols, B., Quince, C., & Mahé, F. (2016). VSEARCH: A versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ*, *2016*(10), 1–22. <https://doi.org/10.7717/peerj.2584>
- Rohland, N., Siedel, H., & Hofreiter, M. (2004). Nondestructive DNA extraction method for mitochondrial DNA analyses of museum specimens. *BioTechniques*, *36*(5), 814–821.
- Sow, A., Brévault, T., Benoit, L., Chapuis, M. P., Galan, M., Coeur d’acier, A., Delvare, G., Sembène, M., & Haran, J. (2019). Deciphering host-parasitoid interactions and parasitism rates of crop pests using DNA metabarcoding. *Scientific Reports*, *9*(1), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40243-z>
- Ståhls, G., Hippa, H., Rotheray, G., Muona, J., & Gilbert, F. (2003). Phylogeny of Syrphidae (Diptera) inferred from combined analysis of molecular and morphological characters. *Systematic Entomology*, *28*(4), 433–450. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3113.2003.00225.x>
- Svensk Dagfjärilsövervakning Årsrapport 2018*. (2018).
- Vamos, E., Elbrecht, V., & Leese, F. (2017). Short COI markers for freshwater macroinvertebrate metabarcoding. *Metabarcoding and Metagenomics*, *1*, e14625. <https://doi.org/10.3897/mbmg.1.14625>
- Wang, Q., Garrity, G. M., Tiedje, J. M., & Cole, J. R. (2007). Naïve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology*, *73*(16), 5261–5267. <https://doi.org/10.1128/AEM.00062-07>
- Wiemers, M., Balletto, E., Dincă, V., Fric, Z. F., Lamas, G., Lukhtanov, V., Munguira, M. L., Swaay, C. A. M. Van, Vila, R., Vliegthart, A., & Wahlberg, N. (2018). *An updated checklist of the European Butterflies*. *45*, 9–45. <https://doi.org/10.3897/zookeys.811.28712>
- Wiemers, M., Chazot, N., Wheat, C. W., Schweiger, O., & Wahlberg, N. (2020). *A complete time-calibrated multi-gene phylogeny of the European butterflies*. *124*, 97–124. <https://doi.org/10.3897/zookeys.938.50878>
- Wright, E. S. (2016). Using DECIPHER v2.0 to analyze big biological sequence data in R. *R Journal*, *8*(1), 352–359. <https://doi.org/10.32614/rj-2016-025>

Naturhistoriska Riksmuseet, Box 50007, 104 05 Stockholm

www.nrm.se/

ISSN: 0585-3249



Naturhistoriska
riksmuseet

BILAGA 1.

Tabell 1. Antal sekvenser från 5P-COI för dagfjärilar i BOLD (210113) sorterat på hela världen.

Art	Antal	Art	Antal
Aglais io	78	Erebia embla	12
Aglais urticae	225	Erebia ligea	114
Agriades optilete	159	Erebia pandrose	56
Agriades orbitulus	42	Erynnis tages	91
Anthocharis cardamines	152	Eumedonia eumedon	94
Apatura ilia	55	Euphydryas aurinia	631
Apatura iris	46	Euphydryas iduna	6
Aphantopus hyperantus	97	Euphydryas maturna	28
Aporia crataegi	252	Favonius quercus	87
Araschnia levana	60	Glaucopsyche alexis	194
Argynnis adippe	4	Gonepteryx rhamni	129
Argynnis aglaja	10	Hamearis lucina	48
Argynnis niobe	5	Hesperia comma	344
Argynnis paphia	130	Hipparchia semele	90
Aricia agestis	363	Issoria lathonia	128
Aricia artaxerxes	165	Lasiommata maera	172
Aricia nicias	32	Lasiommata megera	403
Boloria aquilonaris	36	Lasiommata petropolitana	49
Boloria chariclea	325	Leptidea juvernica	190
Boloria eunomia	320	Leptidea sinapis	597
Boloria euphrosyne	106	Limenitis camilla	54
Boloria freija	89	Limenitis populi	26
Boloria frigga	57	Lopinga achine	125
Boloria improba	28	Lycaena helle	63
Boloria napaea	40	Lycaena hippothoe	74
Boloria polaris	86	Lycaena phlaeas	262
Boloria selene	208	Lycaena virgaureae	71
Boloria thore	43	Maculineaalcon	8
Brenthis ino	138	Maculinea arion	11
Callophrys rubi	162	Maniola jurtina	754
Carterocephalus palaemon	139	Melitaea athalia	187
Carterocephalus silvicola	19	Melitaea britomartis	38
Celastrina argiolus	226	Melitaea cinxia	181
Coenonympha arcania	92	Melitaea diamina	68
Coenonympha hero	23	Nymphalis antiopa	123
Coenonympha pamphilus	256	Nymphalis polychloros	81
Coenonympha tullia	407	Ochlodes sylvanus	143
Colias hecla	32	Oeneis bore	110
Colias palaeno	127	Oeneis jutta	122
Colias tyche	20	Oeneis norna	51
Cupido minimus	161	Papilio machaon	240
Cyaniris semiargus	116	Pararge aegeria	370
Erebia disa	39	Parnassius apollo	287

Tabell 1 forts. Antal sekvenser från 5P-COI för dagfjärilar i BOLD (210113) sorterat på hela världen.

Art	Antal
<i>Parnassius mnemosyne</i>	196
<i>Pieris brassicae</i>	266
<i>Pieris napi</i>	288
<i>Pieris rapae</i>	1601
<i>Plebejus aquilo</i>	3
<i>Plebejus argus</i>	304
<i>Plebejus argyrognomon</i>	60
<i>Plebejus idas</i>	336
<i>Polygonia c-album</i>	126
<i>Polyommatus amandus</i>	69
<i>Polyommatus dorylas</i>	61
<i>Polyommatus icarus</i>	489
<i>Pontia edusa</i>	110
<i>Pyrgus alveus</i>	180
<i>Pyrgus andromedae</i>	42
<i>Pyrgus armoricanus</i>	123
<i>Pyrgus centaureae</i>	53
<i>Pyrgus malvae</i>	54
<i>Satyrium ilicis</i>	67
<i>Satyrium pruni</i>	37
<i>Satyrium w-album</i>	45
<i>Scolitantides orion</i>	42
<i>Thecla betulae</i>	47
<i>Thymelicus lineola</i>	317
<i>Vanessa atalanta</i>	210

Tabell 2. Antal sekvenser från 5P-COI för dagfjärilar i BOLD (210113) sorterat på Europa.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Aglais io</i>	74	<i>Erebia embla</i>	12
<i>Aglais urticae</i>	118	<i>Erebia ligea</i>	82
<i>Agriades optilete</i>	128	<i>Erebia pandrose</i>	52
<i>Agriades orbitulus</i>	39	<i>Erynnis tages</i>	89
<i>Anthocharis cardamines</i>	133	<i>Eumedonia eumedon</i>	93
<i>Apatura ilia</i>	44	<i>Euphydryas aurinia</i>	128
<i>Apatura iris</i>	42	<i>Euphydryas iduna</i>	4
<i>Aphantopus hyperantus</i>	87	<i>Euphydryas maturna</i>	26
<i>Aporia crataegi</i>	133	<i>Favonius quercus</i>	78
<i>Araschnia levana</i>	55	<i>Glaucopsyche alexis</i>	191
<i>Argynnis adippe</i>	3	<i>Gonepteryx rhamni</i>	106
<i>Argynnis aglaja</i>	5	<i>Hamearis lucina</i>	44
<i>Argynnis niobe</i>	4	<i>Hesperia comma</i>	89
<i>Argynnis paphia</i>	121	<i>Hipparchia semele</i>	76
<i>Aricia agestis</i>	315	<i>Issoria lathonia</i>	118
<i>Aricia artaxerxes</i>	131	<i>Lasiommata maera</i>	166
<i>Aricia nicias</i>	32	<i>Lasiommata megera</i>	353
<i>Boloria aquilonaris</i>	35	<i>Lasiommata petropolitana</i>	46
<i>Boloria chariclea</i>	8	<i>Leptidea juvernica</i>	157
<i>Boloria eunomia</i>	201	<i>Leptidea sinapis</i>	510
<i>Boloria euphrosyne</i>	102	<i>Limenitis camilla</i>	46
<i>Boloria freija</i>	25	<i>Limenitis populi</i>	18
<i>Boloria frigga</i>	13	<i>Lopinga achine</i>	32
<i>Boloria improba</i>	5	<i>Lycaena helle</i>	63
<i>Boloria napaea</i>	38	<i>Lycaena hippothoe</i>	74
<i>Boloria polaris</i>	4	<i>Lycaena phlaeas</i>	188
<i>Boloria selene</i>	120	<i>Lycaena virgaureae</i>	70
<i>Boloria thore</i>	41	<i>Maculineaalcon</i>	7
<i>Brenthis ino</i>	87	<i>Maculinea arion</i>	10
<i>Callophrys rubi</i>	146	<i>Maniola jurtina</i>	517
<i>Carterocephalus palaemon</i>	57	<i>Melitaea athalia</i>	184
<i>Carterocephalus silvicola</i>	13	<i>Melitaea britomartis</i>	35
<i>Celastrina argiolus</i>	203	<i>Melitaea cinxia</i>	129
<i>Coenonympha arcania</i>	90	<i>Melitaea diamina</i>	63
<i>Coenonympha hero</i>	17	<i>Nymphalis antiopa</i>	45
<i>Coenonympha pamphilus</i>	235	<i>Nymphalis polychloros</i>	75
<i>Coenonympha tullia</i>	43	<i>Ochlodes sylvanus</i>	140
<i>Colias hecla</i>	8	<i>Oeneis bore</i>	16
<i>Colias palaeno</i>	32	<i>Oeneis jutta</i>	26
<i>Colias tyche</i>	14	<i>Oeneis norna</i>	25
<i>Cupido minimus</i>	158	<i>Papilio machaon</i>	149
<i>Cyaniris semiargus</i>	108	<i>Pararge aegeria</i>	285
<i>Erebia disa</i>	17	<i>Parnassius apollo</i>	268

Tabell 2 forts. Antal sekvenser från 5P-COI för dagfjärilar i BOLD (210113) sorterat på Europa.

Art	Antal
<i>Parnassius mnemosyne</i>	111
<i>Pieris brassicae</i>	183
<i>Pieris napi</i>	234
<i>Pieris rapae</i>	474
<i>Plebejus aquilo</i>	3
<i>Plebejus argus</i>	276
<i>Plebejus argyrognomon</i>	56
<i>Plebejus idas</i>	175
<i>Polygonia c-album</i>	116
<i>Polyommatus amandus</i>	57
<i>Polyommatus dorylas</i>	60
<i>Polyommatus icarus</i>	379
<i>Pontia edusa</i>	108
<i>Pyrgus alveus</i>	179
<i>Pyrgus andromedae</i>	42
<i>Pyrgus armoricanus</i>	122
<i>Pyrgus centaureae</i>	6
<i>Pyrgus malvae</i>	53
<i>Satyrium ilicis</i>	67
<i>Satyrium pruni</i>	36
<i>Satyrium w-album</i>	42
<i>Scolitantides orion</i>	41
<i>Thecla betulae</i>	45
<i>Thymelicus lineola</i>	135
<i>Vanessa atalanta</i>	140

Tabell 3. Antal sekvenser från 5P-COI för blomflugor i BOLD (210113) sorterat på hela världen.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Anasimyia interpuncta</i>	2	<i>Cheilosia nigripes</i>	1
<i>Baccha elongata</i>	31	<i>Cheilosia pagana</i>	71
<i>Blera fallax</i>	3	<i>Cheilosia proxima</i>	7
<i>Brachyopa cinerea</i>	1	<i>Cheilosia psilophthalma</i>	1
<i>Brachyopa dorsata</i>	1	<i>Cheilosia pubera</i>	3
<i>Brachyopa obscura</i>	1	<i>Cheilosia scutellata</i>	6
<i>Brachyopa pilosa</i>	2	<i>Cheilosia semifasciata</i>	2
<i>Brachyopa testacea</i>	5	<i>Cheilosia sootryeni</i>	1
<i>Brachypalpoides lentus</i>	5	<i>Cheilosia soror</i>	6
<i>Brachypalpus laphriformis</i>	4	<i>Cheilosia urbana</i>	5
<i>Caliprobola speciosa</i>	1	<i>Cheilosia uviformis</i>	1
<i>Callicera aenea</i>	2	<i>Cheilosia variabilis</i>	2
<i>Callicera aurata</i>	1	<i>Cheilosia velutina</i>	3
<i>Ceriana conopsoides</i>	3	<i>Cheilosia vernalis</i>	3
<i>Chalcosyrphus nemorum</i>	114	<i>Cheilosia vicina</i>	5
<i>Chalcosyrphus piger</i>	11	<i>Chrysogaster coemiteriorum</i>	2
<i>Chalcosyrphus rufipes</i>	1	<i>Chrysogaster solstitialis</i>	4
<i>Chalcosyrphus valgus</i>	5	<i>Chrysosyrphus niger</i>	2
<i>Cheilosia albipila</i>	4	<i>Chrysotoxum arcuatum</i>	11
<i>Cheilosia albitarsis</i>	4	<i>Chrysotoxum bicinctum</i>	10
<i>Cheilosia alpina</i>	1	<i>Chrysotoxum cautum</i>	22
<i>Cheilosia angustigenis</i>	2	<i>Chrysotoxum fasciolatum</i>	6
<i>Cheilosia bergenstammi</i>	1	<i>Chrysotoxum festivum</i>	3
<i>Cheilosia canicularis</i>	1	<i>Chrysotoxum octomaculatum</i>	2
<i>Cheilosia carbonaria</i>	2	<i>Chrysotoxum vernale</i>	25
<i>Cheilosia chloris</i>	1	<i>Criorhina asilica</i>	5
<i>Cheilosia chrysocoma</i>	2	<i>Criorhina floccosa</i>	1
<i>Cheilosia flavipes</i>	2	<i>Criorhina pachymera</i>	1
<i>Cheilosia flavissima</i>	1	<i>Criorhina ranunculi</i>	2
<i>Cheilosia fraterna</i>	3	<i>Cryptopipiza notabila</i>	3
<i>Cheilosia frontalis</i>	1	<i>Dasysyrphus albostriatus</i>	8
<i>Cheilosia gigantea</i>	2	<i>Dasysyrphus friuliensis</i>	1
<i>Cheilosia grossa</i>	5	<i>Dasysyrphus hilaris</i>	5
<i>Cheilosia himantopus</i>	1	<i>Dasysyrphus nigricornis</i>	7
<i>Cheilosia illustrata</i>	4	<i>Dasysyrphus pauxillus</i>	43
<i>Cheilosia impressa</i>	2	<i>Dasysyrphus pinastri</i>	6
<i>Cheilosia lasiopa</i>	1	<i>Dasysyrphus tricinctus</i>	6
<i>Cheilosia laticornis</i>	4	<i>Dasysyrphus venustus</i>	96
<i>Cheilosia latifrons</i>	3	<i>Didea alneti</i>	3
<i>Cheilosia longula</i>	5	<i>Didea fasciata</i>	1
<i>Cheilosia melanopa</i>	2	<i>Didea intermedia</i>	3
<i>Cheilosia mutabilis</i>	5	<i>Doros profuges</i>	3
<i>Cheilosia nebulosa</i>	2	<i>Epistrophe eligans</i>	22

Tabell 3 forts. Antal sekvenser från 5P-COI för blomflugor i BOLD (210113) sorterat på hela världen.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Epistrophe flava</i>	1	<i>Fagisyrphus cinctus</i>	6
<i>Epistrophe grossulariae</i>	20	<i>Ferdinandea cuprea</i>	13
<i>Epistrophe melanostoma</i>	4	<i>Ferdinandea ruficornis</i>	4
<i>Epistrophe nitidicollis</i>	19	<i>Hammerschmidtia ferruginea</i>	10
<i>Epistrophe olgae</i>	2	<i>Helophilus affinis</i>	9
<i>Epistrophella euchroma</i>	4	<i>Helophilus groenlandicus</i>	46
<i>Episyrphus balteatus</i>	310	<i>Helophilus hybridus</i>	130
<i>Eriozona syrphoides</i>	2	<i>Helophilus lapponicus</i>	137
<i>Eristalinus aeneus</i>	32	<i>Helophilus pendulus</i>	18
<i>Eristalinus sepulchralis</i>	7	<i>Helophilus trivittatus</i>	14
<i>Eristalis abusiva</i>	3	<i>Heringia heringi</i>	3
<i>Eristalis anthophorina</i>	40	<i>Heringia larusi</i>	1
<i>Eristalis arbustorum</i>	71	<i>Heringia latitarsis</i>	1
<i>Eristalis cryptarum</i>	18	<i>Heringia vitripennis</i>	1
<i>Eristalis fraterculus</i>	7	<i>Lejogaster metallina</i>	2
<i>Eristalis hirta</i>	14	<i>Lejota ruficornis</i>	3
<i>Eristalis interrupta</i>	6	<i>Leucozona glaucia</i>	4
<i>Eristalis intricaria</i>	3	<i>Leucozona inopinata</i>	1
<i>Eristalis lineata</i>	1	<i>Leucozona laternaria</i>	2
<i>Eristalis obscura</i>	66	<i>Leucozona lucorum</i>	6
<i>Eristalis pertinax</i>	19	<i>Megasyrphus erraticus</i>	1
<i>Eristalis rupium</i>	15	<i>Melangyna arctica</i>	23
<i>Eristalis similis</i>	5	<i>Melangyna barbifrons</i>	2
<i>Eristalis tenax</i>	96	<i>Melangyna compositarum</i>	5
<i>Eumerus flavitarsis</i>	4	<i>Melangyna lasiophthalma</i>	35
<i>Eumerus funeralis</i>	40	<i>Melangyna lucifera</i>	2
<i>Eumerus grandis</i>	2	<i>Melangyna umbellatarum</i>	7
<i>Eumerus ornatus</i>	3	<i>Melanogaster aerosa</i>	1
<i>Eumerus sabulorum</i>	2	<i>Melanogaster hirtella</i>	4
<i>Eumerus strigatus</i>	24	<i>Melanogaster parumplicata</i>	1
<i>Eupeodes abiskoensis</i>	1	<i>Melanostoma dubium</i>	1
<i>Eupeodes bucculatus</i>	6	<i>Melanostoma mellinum</i>	203
<i>Eupeodes corollae</i>	263	<i>Melanostoma scalare</i>	19
<i>Eupeodes curtus</i>	7	<i>Meligramma guttata</i>	17
<i>Eupeodes duseki</i>	2	<i>Meligramma triangulifera</i>	52
<i>Eupeodes goeldini</i>	1	<i>Meliscaeva auricollis</i>	8
<i>Eupeodes lapponicus</i>	30	<i>Meliscaeva cinctella</i>	137
<i>Eupeodes latifasciatus</i>	89	<i>Merodon avidus</i>	4
<i>Eupeodes lundbecki</i>	3	<i>Merodon equestris</i>	35
<i>Eupeodes luniger</i>	26	<i>Microdon analis</i>	2
<i>Eupeodes nielseni</i>	3	<i>Microdon devius</i>	1
<i>Eupeodes nitens</i>	4	<i>Microdon miki</i>	2
<i>Eupeodes punctifer</i>	5	<i>Microdon mutabilis</i>	5

Tabell 3 forts.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Microdon myrmicae</i>	1	<i>Pipizella certa</i>	1
<i>Myathropa florea</i>	8	<i>Pipizella viduata</i>	11
<i>Myolepta dubia</i>	1	<i>Platycheirus aeratus</i>	31
<i>Neoscia geniculata</i>	35	<i>Platycheirus albimanus</i>	52
<i>Neoscia meticolosa</i>	2	<i>Platycheirus ambiguus</i>	5
<i>Neoscia obliqua</i>	1	<i>Platycheirus amplus</i>	4
<i>Neoscia podagrica</i>	7	<i>Platycheirus angustatus</i>	10
<i>Neoscia tenur</i>	46	<i>Platycheirus aurolateralis</i>	1
<i>Orthonevra geniculata</i>	2	<i>Platycheirus chilosia</i>	1
<i>Orthonevra intermedia</i>	1	<i>Platycheirus clypeatus</i>	67
<i>Orthonevra nobilis</i>	3	<i>Platycheirus discimanus</i>	5
<i>Orthonevra stackelbergi</i>	2	<i>Platycheirus europaeus</i>	2
<i>Paragus albifrons</i>	3	<i>Platycheirus fulviventris</i>	9
<i>Paragus bicolor</i>	9	<i>Platycheirus granditarsis</i>	64
<i>Paragus finitimus</i>	8	<i>Platycheirus groenlandicus</i>	92
<i>Paragus haemorrhous</i>	145	<i>Platycheirus hyperboreus</i>	147
<i>Paragus pecchiolii</i>	11	<i>Platycheirus jaerensis</i>	8
<i>Paragus punctulatus</i>	2	<i>Platycheirus kittilaensis</i>	6
<i>Paragus tibialis</i>	9	<i>Platycheirus laskai</i>	2
<i>Parasyrphus annulatus</i>	6	<i>Platycheirus latimanus</i>	2
<i>Parasyrphus groenlandicus</i>	3	<i>Platycheirus lundbecki</i>	7
<i>Parasyrphus lineolus</i>	1	<i>Platycheirus manicatus</i>	14
<i>Parasyrphus macularis</i>	8	<i>Platycheirus naso</i>	67
<i>Parasyrphus malinellus</i>	14	<i>Platycheirus nielseni</i>	11
<i>Parasyrphus nigritarsis</i>	10	<i>Platycheirus nigrofemoratus</i>	16
<i>Parasyrphus proximus</i>	2	<i>Platycheirus occultus</i>	4
<i>Parasyrphus punctulatus</i>	18	<i>Platycheirus parmatus</i>	28
<i>Parasyrphus tarsatus</i>	59	<i>Platycheirus peltatus</i>	16
<i>Parasyrphus vittiger</i>	4	<i>Platycheirus perpallidus</i>	8
<i>Parhelophilus consimilis</i>	1	<i>Platycheirus podagratus</i>	38
<i>Parhelophilus versicolor</i>	4	<i>Platycheirus rosarum</i>	35
<i>Pelecocera caledonica</i>	3	<i>Platycheirus scambus</i>	127
<i>Pelecocera lusitanica</i>	1	<i>Platycheirus scutatus</i>	22
<i>Pelecocera scaevoides</i>	18	<i>Platycheirus splendidus</i>	6
<i>Pelecocera tricincta</i>	2	<i>Platycheirus sticticus</i>	1
<i>Pipiza accola</i>	3	<i>Platycheirus subordinatus</i>	7
<i>Pipiza austriaca</i>	1	<i>Platycheirus tarsalis</i>	4
<i>Pipiza bimaculata</i>	6	<i>Platycheirus transfugus</i>	5
<i>Pipiza fenestrata</i>	4	<i>Platycheirus varipes</i>	23
<i>Pipiza lugubris</i>	7	<i>Portevinia maculata</i>	2
<i>Pipiza luteitarsis</i>	10	<i>Psilota atra</i>	2
<i>Pipiza noctiluca</i>	26	<i>Rhingia borealis</i>	2
<i>Pipiza quadrimaculata</i>	90	<i>Rhingia campestris</i>	26

Tabell 3 forts.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Scaeva dignota</i>	2	<i>Xylota caeruleiventris</i>	1
<i>Scaeva pyrastris</i>	46	<i>Xylota florum</i>	4
<i>Scaeva selenitica</i>	8	<i>Xylota ignava</i>	2
<i>Sericomyia bombiformis</i>	2	<i>Xylota jakutorum</i>	6
<i>Sericomyia jakutica</i>	7	<i>Xylota meigeniana</i>	4
<i>Sericomyia lappona</i>	5	<i>Xylota segnis</i>	23
<i>Sericomyia nigra</i>	6	<i>Xylota sylvarum</i>	5
<i>Sericomyia silentis</i>	7	<i>Xylota tarda</i>	5
<i>Sphaerophoria bankowskiae</i>	2	<i>Xylota triangularis</i>	1
<i>Sphaerophoria batava</i>	2	<i>Xylota xanthocnema</i>	2
<i>Sphaerophoria fatarum</i>	1		
<i>Sphaerophoria interrupta</i>	3		
<i>Sphaerophoria laurae</i>	2		
<i>Sphaerophoria loewi</i>	1		
<i>Sphaerophoria philanthus</i>	63		
<i>Sphaerophoria rueppellii</i>	5		
<i>Sphaerophoria scripta</i>	20		
<i>Sphaerophoria taeniata</i>	3		
<i>Sphaerophoria virgata</i>	3		
<i>Sphecomyia vespiforme</i>	2		
<i>Sphegina clunipes</i>	3		
<i>Sphegina sibirica</i>	3		
<i>Spilomyia diophthalma</i>	3		
<i>Spilomyia manicata</i>	2		
<i>Syrpita pipiens</i>	49		
<i>Syrphus attenuatus</i>	17		
<i>Syrphus ribesii</i>	230		
<i>Syrphus sexmaculatus</i>	1		
<i>Syrphus torvus</i>	114		
<i>Syrphus vitripennis</i>	134		
<i>Temnostoma apiforme</i>	1		
<i>Temnostoma vespiforme</i>	6		
<i>Trichopsomyia flavitarsis</i>	3		
<i>Triglyphus primus</i>	4		
<i>Tropidia scita</i>	2		
<i>Volucella bombylans</i>	8		
<i>Volucella inanis</i>	10		
<i>Volucella pellucens</i>	11		
<i>Volucella zonaria</i>	5		
<i>Xanthandrus comtus</i>	2		
<i>Xanthogramma citrofasciatum</i>	4		
<i>Xanthogramma pedissequum</i>	4		
<i>Xanthogramma stackelbergi</i>	1		

Tabell 4. Antal sekvenser från 5P-COI för blomflugor i BOLD (210113) sorterat på Europa.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Anasimyia interpuncta</i>	2	<i>Cheilosia proxima</i>	7
<i>Baccha elongata</i>	4	<i>Cheilosia psilophthalma</i>	1
<i>Blera fallax</i>	2	<i>Cheilosia pubera</i>	3
<i>Brachyopa cinerea</i>	1	<i>Cheilosia scutellata</i>	6
<i>Brachyopa dorsata</i>	1	<i>Cheilosia semifasciata</i>	2
<i>Brachyopa obscura</i>	1	<i>Cheilosia sootryeni</i>	1
<i>Brachyopa pilosa</i>	2	<i>Cheilosia soror</i>	6
<i>Brachyopa testacea</i>	5	<i>Cheilosia urbana</i>	4
<i>Brachypalpoides lentus</i>	4	<i>Cheilosia uviformis</i>	1
<i>Brachypalpus laphriformis</i>	4	<i>Cheilosia variabilis</i>	2
<i>Caliprobola speciosa</i>	1	<i>Cheilosia velutina</i>	3
<i>Callicera aenea</i>	2	<i>Cheilosia vernalis</i>	3
<i>Callicera aurata</i>	1	<i>Cheilosia vicina</i>	5
<i>Ceriana conopsoides</i>	2	<i>Chrysogaster coemiteriorum</i>	2
<i>Chalcosyrphus nemorum</i>	2	<i>Chrysogaster solstitialis</i>	3
<i>Chalcosyrphus piger</i>	2	<i>Chrysosyrphus niger</i>	2
<i>Chalcosyrphus rufipes</i>	1	<i>Chrysotoxum arcuatum</i>	10
<i>Chalcosyrphus valgus</i>	5	<i>Chrysotoxum bicinctum</i>	9
<i>Cheilosia albipila</i>	4	<i>Chrysotoxum cautum</i>	22
<i>Cheilosia albitarsis</i>	4	<i>Chrysotoxum fasciolatum</i>	6
<i>Cheilosia alpina</i>	1	<i>Chrysotoxum festivum</i>	3
<i>Cheilosia angustigenis</i>	2	<i>Chrysotoxum octomaculatum</i>	2
<i>Cheilosia bergenstammi</i>	1	<i>Chrysotoxum vernale</i>	24
<i>Cheilosia canicularis</i>	1	<i>Criorhina asilica</i>	4
<i>Cheilosia carbonaria</i>	2	<i>Criorhina floccosa</i>	1
<i>Cheilosia chloris</i>	1	<i>Criorhina pachymera</i>	1
<i>Cheilosia chrysocoma</i>	2	<i>Criorhina ranunculi</i>	2
<i>Cheilosia flavipes</i>	2	<i>Cryptopipiza notabila</i>	3
<i>Cheilosia flavissima</i>	1	<i>Dasysyrphus albostriatus</i>	7
<i>Cheilosia fraterna</i>	2	<i>Dasysyrphus friuliensis</i>	1
<i>Cheilosia frontalis</i>	1	<i>Dasysyrphus hilaris</i>	5
<i>Cheilosia gigantea</i>	2	<i>Dasysyrphus pauxillus</i>	1
<i>Cheilosia grossa</i>	5	<i>Dasysyrphus pinastri</i>	4
<i>Cheilosia illustrata</i>	3	<i>Dasysyrphus tricinctus</i>	5
<i>Cheilosia impressa</i>	2	<i>Dasysyrphus venustus</i>	8
<i>Cheilosia laticornis</i>	3	<i>Didea alneti</i>	1
<i>Cheilosia latifrons</i>	3	<i>Didea fasciata</i>	1
<i>Cheilosia longula</i>	4	<i>Didea intermedia</i>	3
<i>Cheilosia melanopa</i>	1	<i>Doros profuges</i>	3
<i>Cheilosia mutabilis</i>	5	<i>Epistrophe eligans</i>	22
<i>Cheilosia nebulosa</i>	2	<i>Epistrophe flava</i>	1
<i>Cheilosia nigripes</i>	1	<i>Epistrophe grossulariae</i>	4
<i>Cheilosia pagana</i>	71	<i>Epistrophe melanostoma</i>	3

Tabell 4 forts.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Epistrophe nitidicollis</i>	11	<i>Helophilus groenlandicus</i>	1
<i>Epistrophe olgae</i>	2	<i>Helophilus hybridus</i>	5
<i>Epistrophella euchroma</i>	3	<i>Helophilus pendulus</i>	13
<i>Episyrphus balteatus</i>	155	<i>Helophilus trivittatus</i>	14
<i>Eriozona syrphoides</i>	2	<i>Heringia heringi</i>	3
<i>Eristalinus aeneus</i>	5	<i>Heringia larusi</i>	1
<i>Eristalinus sepulchralis</i>	6	<i>Heringia latitarsis</i>	1
<i>Eristalis abusiva</i>	2	<i>Heringia vitripennis</i>	1
<i>Eristalis anthophorina</i>	2	<i>Lejogaster metallina</i>	1
<i>Eristalis arbustorum</i>	11	<i>Lejota ruficornis</i>	3
<i>Eristalis cryptarum</i>	1	<i>Leucozona glaucia</i>	4
<i>Eristalis hirta</i>	1	<i>Leucozona inopinata</i>	1
<i>Eristalis interrupta</i>	3	<i>Leucozona laternaria</i>	2
<i>Eristalis intricaria</i>	2	<i>Leucozona lucorum</i>	3
<i>Eristalis lineata</i>	1	<i>Megasyrphus erraticus</i>	1
<i>Eristalis obscura</i>	2	<i>Melangyna arctica</i>	1
<i>Eristalis pertinax</i>	17	<i>Melangyna barbifrons</i>	2
<i>Eristalis rupium</i>	4	<i>Melangyna compositarum</i>	2
<i>Eristalis similis</i>	5	<i>Melangyna lasiophthalma</i>	8
<i>Eristalis tenax</i>	24	<i>Melangyna lucifera</i>	2
<i>Eumerus flavitarsis</i>	3	<i>Melangyna umbellatarum</i>	1
<i>Eumerus funeralis</i>	5	<i>Melanogaster aerea</i>	1
<i>Eumerus grandis</i>	2	<i>Melanogaster parumplicata</i>	1
<i>Eumerus ornatus</i>	3	<i>Melanostoma dubium</i>	1
<i>Eumerus sabulorum</i>	2	<i>Melanostoma mellinum</i>	14
<i>Eumerus strigatus</i>	15	<i>Melanostoma scalare</i>	8
<i>Eupeodes abiskoensis</i>	1	<i>Meligramma guttata</i>	4
<i>Eupeodes bucculatus</i>	4	<i>Meligramma triangulifera</i>	5
<i>Eupeodes corollae</i>	82	<i>Meliscaeva auricollis</i>	3
<i>Eupeodes duseki</i>	2	<i>Meliscaeva cinctella</i>	11
<i>Eupeodes goeldini</i>	1	<i>Merodon avidus</i>	4
<i>Eupeodes lapponicus</i>	6	<i>Merodon equestris</i>	17
<i>Eupeodes latifasciatus</i>	16	<i>Microdon analis</i>	1
<i>Eupeodes lundbecki</i>	3	<i>Microdon devius</i>	1
<i>Eupeodes luniger</i>	4	<i>Microdon miki</i>	2
<i>Eupeodes nielseni</i>	3	<i>Microdon mutabilis</i>	2
<i>Eupeodes nitens</i>	4	<i>Microdon myrmicae</i>	1
<i>Eupeodes punctifer</i>	1	<i>Myathropa florea</i>	7
<i>Fagisyrphus cinctus</i>	5	<i>Myolepta dubia</i>	1
<i>Ferdinandea cuprea</i>	10	<i>Neoascia geniculata</i>	1
<i>Ferdinandea ruficornis</i>	4	<i>Neoascia meticulosa</i>	2
<i>Hammerschmidtia ferruginea</i>	1	<i>Neoascia obliqua</i>	1
<i>Helophilus affinis</i>	1	<i>Neoascia podagrica</i>	4

Tabell 4 forts.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Neoscia tenur</i>	6	<i>Platycheirus europaeus</i>	2
<i>Orthonevra geniculata</i>	2	<i>Platycheirus fulviventris</i>	9
<i>Orthonevra intermedia</i>	1	<i>Platycheirus granditarsis</i>	2
<i>Orthonevra nobilis</i>	3	<i>Platycheirus groenlandicus</i>	6
<i>Orthonevra stackelbergi</i>	2	<i>Platycheirus jaerensis</i>	4
<i>Paragus albifrons</i>	3	<i>Platycheirus kittilaensis</i>	6
<i>Paragus bicolor</i>	8	<i>Platycheirus laskai</i>	2
<i>Paragus finitimus</i>	8	<i>Platycheirus latimanus</i>	2
<i>Paragus haemorrhous</i>	6	<i>Platycheirus manicatus</i>	14
<i>Paragus pecchiolii</i>	10	<i>Platycheirus naso</i>	1
<i>Paragus punctulatus</i>	1	<i>Platycheirus nielseni</i>	4
<i>Paragus tibialis</i>	7	<i>Platycheirus nigrofemoratus</i>	13
<i>Parasyrphus annulatus</i>	6	<i>Platycheirus occultus</i>	4
<i>Parasyrphus lineolus</i>	1	<i>Platycheirus parmatus</i>	9
<i>Parasyrphus macularis</i>	8	<i>Platycheirus peltatus</i>	14
<i>Parasyrphus malinellus</i>	14	<i>Platycheirus podagratus</i>	5
<i>Parasyrphus proximus</i>	2	<i>Platycheirus rosarum</i>	8
<i>Parasyrphus punctulatus</i>	17	<i>Platycheirus scambus</i>	8
<i>Parasyrphus tarsatus</i>	9	<i>Platycheirus scutatus</i>	17
<i>Parasyrphus vittiger</i>	4	<i>Platycheirus sticticus</i>	1
<i>Parhelophilus consimilis</i>	1	<i>Platycheirus subordinatus</i>	5
<i>Parhelophilus versicolor</i>	3	<i>Platycheirus tarsalis</i>	4
<i>Pelecocera caledonica</i>	3	<i>Platycheirus transfugus</i>	5
<i>Pelecocera lusitanica</i>	1	<i>Platycheirus varipes</i>	1
<i>Pelecocera scaevoides</i>	18	<i>Psilota atra</i>	2
<i>Pelecocera tricincta</i>	2	<i>Rhingia borealis</i>	2
<i>Pipiza accola</i>	3	<i>Rhingia campestris</i>	18
<i>Pipiza austriaca</i>	1	<i>Scaeva dignota</i>	2
<i>Pipiza bimaculata</i>	6	<i>Scaeva pyrastris</i>	14
<i>Pipiza fenestrata</i>	4	<i>Scaeva selenitica</i>	6
<i>Pipiza lugubris</i>	7	<i>Sericomyia bombiformis</i>	2
<i>Pipiza luteitarsis</i>	10	<i>Sericomyia lappona</i>	5
<i>Pipiza noctiluca</i>	26	<i>Sericomyia nigra</i>	1
<i>Pipiza quadrimaculata</i>	8	<i>Sericomyia silentis</i>	4
<i>Pipizella certa</i>	1	<i>Sphaerophoria bankowskiae</i>	2
<i>Pipizella viduata</i>	10	<i>Sphaerophoria batava</i>	2
<i>Platycheirus albimanus</i>	38	<i>Sphaerophoria interrupta</i>	2
<i>Platycheirus ambiguus</i>	5	<i>Sphaerophoria laurae</i>	2
<i>Platycheirus amplus</i>	2	<i>Sphaerophoria loewi</i>	1
<i>Platycheirus angustatus</i>	4	<i>Sphaerophoria philanthus</i>	4
<i>Platycheirus aurolateralis</i>	1	<i>Sphaerophoria rueppellii</i>	2
<i>Platycheirus clypeatus</i>	11	<i>Sphaerophoria scripta</i>	9
<i>Platycheirus discimanus</i>	5	<i>Sphaerophoria taeniata</i>	3

Tabell 4 forts.

Art	Antal
<i>Sphaerophoria virgata</i>	3
<i>Sphecomyia vespiforme</i>	2
<i>Sphegina clunipes</i>	3
<i>Sphegina sibirica</i>	2
<i>Spilomyia diophthalma</i>	2
<i>Spilomyia manicata</i>	2
<i>Syritta pipiens</i>	6
<i>Syrphus ribesii</i>	19
<i>Syrphus sexmaculatus</i>	1
<i>Syrphus torvus</i>	18
<i>Syrphus vitripennis</i>	18
<i>Temnostoma apiforme</i>	1
<i>Temnostoma vespiforme</i>	2
<i>Trichopsomyia flavitarsis</i>	2
<i>Triglyphus primus</i>	4
<i>Tropidia scita</i>	2
<i>Volucella bombylans</i>	2
<i>Volucella inanis</i>	9
<i>Volucella pellucens</i>	9
<i>Volucella zonaria</i>	4
<i>Xanthandrus comtus</i>	1
<i>Xanthogramma citrofasciatum</i>	4
<i>Xanthogramma pedissequum</i>	4
<i>Xanthogramma stackelbergi</i>	1
<i>Xylota caeruleiventris</i>	1
<i>Xylota florum</i>	4
<i>Xylota ignava</i>	1
<i>Xylota jakutorum</i>	6
<i>Xylota meigeniana</i>	4
<i>Xylota segnis</i>	20
<i>Xylota sylvarum</i>	5
<i>Xylota tarda</i>	5
<i>Xylota triangularis</i>	1
<i>Xylota xanthocnema</i>	2

Tabell 5. Arter av blomflugor som saknar streckkod för hela världen.

<i>Sphiximorpha subsecessilis</i>	<i>Cheilosia rufimana</i>
<i>Brachyopa panzeri</i>	<i>Cheilosia sahlbergi</i>
<i>Brachyopa vittata</i>	<i>Blera eoa</i>
<i>Brachyopa bicolor</i>	<i>Brachypalpus valgus</i>
<i>Brachyopa insensilis</i>	<i>Chalcosyrphus jacobsoni</i>
<i>Brachyopa obscura</i>	<i>Chalcosyrphus nigripes</i>
<i>Brachyopa scutellaris</i>	<i>Criorhina berberina</i>
<i>Chrysogaster virescens</i>	<i>Pocota personata</i>
<i>Chrysosyrphus nasutus</i>	<i>Temnostoma bombylans</i>
<i>Lejogaster tarsata</i>	<i>Temnostoma meridionale</i>
<i>Melanogaster aerosa</i>	<i>Temnostoma carens</i>
<i>Melanogaster nuda</i>	<i>Temnostoma sericomylaeforme</i>
<i>Neoascia subchalybea</i>	<i>Xylota abiens</i>
<i>Neoascia annexa</i>	<i>Xylota suecica</i>
<i>Neoascia interrupta</i>	<i>Chrysotoxum elegans</i>
<i>Orthonevra elegans</i>	<i>Melanostoma mellarium</i>
<i>Orthonevra brevicornis</i>	<i>Platycheirus brunnifrons</i>
<i>Orthonevra erythrogonia</i>	<i>Platycheirus goeldini</i>
<i>Sphegina elegans</i>	<i>Platycheirus immarginatus</i>
<i>Sphegina spheginea</i>	<i>Platycheirus magadanensis</i>
<i>Anasimyia contracta</i>	<i>Platycheirus ramsarensis</i>
<i>Anasimyia lineata</i>	<i>Platycheirus urakawensis</i>
<i>Anasimyia lunulata</i>	<i>Paragus constrictus</i>
<i>Anasimyia transfuga</i>	<i>Dasysyrphus neovenustus</i>
<i>Sericomyia superbiens</i>	<i>Dasysyrphus postclaviger</i>
<i>Eristalis gomojunovae</i>	<i>Epistrophe cryptica</i>
<i>Eristalis oestracea</i>	<i>Epistrophe diaphana</i>
<i>Eristalis picea</i>	<i>Epistrophe obscuripes</i>
<i>Lejops vittatus</i>	<i>Epistrophe ochrostoma</i>
<i>Mallota cimbiciformis</i>	<i>Eupeodes tirolensis</i>
<i>Mallota megilliformis</i>	<i>Melangyna pavlovskyi</i>
<i>Parhelophilus frutetorum</i>	<i>Melangyna coei</i>
<i>Sericomyia arctica</i>	<i>Melangyna quadrimaculata</i>
<i>Eumerus ruficornis</i>	<i>Sphaerophoria abbreviata</i>
<i>Neocnemodon fulvimanus</i>	<i>Sphaerophoria boreoalpina</i>
<i>Neocnemodon pubescens</i>	<i>Sphaerophoria chongjini</i>
<i>Neocnemodon verrucula</i>	<i>Sphaerophoria fatarum</i>
<i>Pipizella obscura</i>	<i>Sphaerophoria kaa</i>
<i>Pipizella virens</i>	<i>Syrphus admirandus</i>
<i>Trichopsomyia joratensis</i>	<i>Xanthogramma dives</i>
<i>Cheilosia cynocephala</i>	
<i>Cheilosia ingerae</i>	
<i>Cheilosia morio</i>	
<i>Cheilosia naruska</i>	

Tabell 6. Arter av blomflugor som saknar streckkod för Europa.

<i>Sphiximorpha subsecessilis</i>	<i>Cheilosia morio</i>	<i>Sphaerophoria abbreviata</i>
<i>Brachyopa panzeri</i>	<i>Cheilosia naruska</i>	<i>Sphaerophoria boreoalpina</i>
<i>Brachyopa vittata</i>	<i>Cheilosia rufimana</i>	<i>Sphaerophoria chongjini</i>
<i>Brachyopa bicolor</i>	<i>Cheilosia sahlbergi</i>	<i>Sphaerophoria fatarum</i>
<i>Brachyopa insensilis</i>	<i>Portevinia maculata</i>	<i>Sphaerophoria kaa</i>
<i>Brachyopa scutellaris</i>	<i>Blera eoa</i>	<i>Syrphus admirandus</i>
<i>Chrysogaster virescens</i>	<i>Brachypalpus valgus</i>	<i>Syrphus attenuatus</i>
<i>Chrysosyrphus nasutus</i>	<i>Chalcosyrphus jacobsoni</i>	<i>Xanthogramma dives</i>
<i>Lejogaster tarsata</i>	<i>Chalcosyrphus nigripes</i>	
<i>Melanogaster hirtella</i>	<i>Criorhina berberina</i>	
<i>Melanogaster nuda</i>	<i>Pocota personata</i>	
<i>Neoascia subchalybea</i>	<i>Temnostoma bombylans</i>	
<i>Neoascia annexa</i>	<i>Temnostoma meridionale</i>	
<i>Neoascia interrupta</i>	<i>Temnostoma carens</i>	
<i>Orthonevra elegans</i>	<i>Temnostoma sericomylaeforme</i>	
<i>Orthonevra brevicornis</i>	<i>Xylota abiens</i>	
<i>Orthonevra erythrogona</i>	<i>Xylota suecica</i>	
<i>Sphegina elegans</i>	<i>Chrysotoxum elegans</i>	
<i>Sphegina sphegina</i>	<i>Melanostoma mellarium</i>	
<i>Anasimyia contracta</i>	<i>Platycheirus aeratus</i>	
<i>Anasimyia lineata</i>	<i>Platycheirus brunnifrons</i>	
<i>Anasimyia lunulata</i>	<i>Platycheirus chilosia</i>	
<i>Anasimyia transfuga</i>	<i>Platycheirus goeldlini</i>	
<i>Sericomyia superbienis</i>	<i>Platycheirus hyperboreus</i>	
<i>Eristalis fraterculus</i>	<i>Platycheirus immarginatus</i>	
<i>Eristalis gomojunovae</i>	<i>Platycheirus lundbecki</i>	
<i>Eristalis oestracea</i>	<i>Platycheirus magadanensis</i>	
<i>Eristalis picea</i>	<i>Platycheirus perpallidus</i>	
<i>Helophilus lapponicus</i>	<i>Platycheirus ramsarensis</i>	
<i>Lejops vittatus</i>	<i>Platycheirus splendidus</i>	
<i>Mallota cimbiciformis</i>	<i>Platycheirus urakawensis</i>	
<i>Mallota megilliformis</i>	<i>Paragus constrictus</i>	
<i>Parhelophilus frutetorum</i>	<i>Dasysyrphus neovenustus</i>	
<i>Sericomyia arctica</i>	<i>Dasysyrphus nigricornis</i>	
<i>Sericomyia jakutica</i>	<i>Dasysyrphus postclaviger</i>	
<i>Eumerus ruficornis</i>	<i>Epistrophe cryptica</i>	
<i>Neocnemodon fulvimanus</i>	<i>Epistrophe diaphana</i>	
<i>Neocnemodon pubescens</i>	<i>Epistrophe obscuripes</i>	
<i>Neocnemodon verrucula</i>	<i>Epistrophe ochrostoma</i>	
<i>Pipizella obscura</i>	<i>Eupeodes curtus</i>	
<i>Pipizella virens</i>	<i>Eupeodes tirolensis</i>	
<i>Trichopsomyia joratensis</i>	<i>Melangyna pavlovskyi</i>	
<i>Cheilosia cynocephala</i>	<i>Melangyna coei</i>	
<i>Cheilosia himantopus</i>	<i>Melangyna quadrimaculata</i>	
<i>Cheilosia ingerae</i>	<i>Parasyrphus groenlandicus</i>	
<i>Cheilosia lasiopa</i>	<i>Parasyrphus nigritarsis</i>	

Tabell 7. Antal sekvenser från 5P-COI för apiformes i BOLD (210113) för hela världen.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Andrena albofasciata</i>	1	<i>Andrena similis</i>	1
<i>Andrena alfkenella</i>	9	<i>Andrena subopaca</i>	29
<i>Andrena apicata</i>	4	<i>Andrena tarsata</i>	3
<i>Andrena barbilabris</i>	44	<i>Andrena thoracica</i>	5
<i>Andrena bicolor</i>	66	<i>Andrena tibialis</i>	14
<i>Andrena bimaculata</i>	7	<i>Andrena vaga</i>	32
<i>Andrena bluethgeni</i>	1	<i>Andrena varians</i>	1
<i>Andrena carantonica</i>	20	<i>Andrena wilkella</i>	69
<i>Andrena chrysopeya</i>	1	<i>Anthidium manicatum</i>	77
<i>Andrena chrysoceles</i>	6	<i>Anthidium punctatum</i>	17
<i>Andrena cineraria</i>	25	<i>Anthophora furcata</i>	45
<i>Andrena clarkella</i>	9	<i>Anthophora plagiata</i>	8
<i>Andrena coitana</i>	10	<i>Anthophora plumipes</i>	297
<i>Andrena denticulata</i>	13	<i>Anthophora quadrimaculata</i>	9
<i>Andrena dorsata</i>	47	<i>Anthophora retusa</i>	8
<i>Andrena falsifica</i>	14	<i>Biastes truncatus</i>	2
<i>Andrena flavipes</i>	28	<i>Bombus alpinus</i>	4
<i>Andrena fucata</i>	22	<i>Bombus balteatus</i>	8
<i>Andrena fulva</i>	15	<i>Bombus barbutellus</i>	11
<i>Andrena fulvago</i>	17	<i>Bombus bohemicus</i>	30
<i>Andrena fulvida</i>	4	<i>Bombus campestris</i>	10
<i>Andrena fuscipes</i>	11	<i>Bombus cingulatus</i>	5
<i>Andrena gravida</i>	38	<i>Bombus consobrinus</i>	45
<i>Andrena haemorrhoea</i>	62	<i>Bombus cryptarum</i>	112
<i>Andrena hattorfiana</i>	18	<i>Bombus cullumanus</i>	34
<i>Andrena helvola</i>	26	<i>Bombus distinguendus</i>	29
<i>Andrena humilis</i>	7	<i>Bombus flavidus</i>	2
<i>Andrena intermedia</i>	9	<i>Bombus hortorum</i>	69
<i>Andrena labialis</i>	12	<i>Bombus humilis</i>	18
<i>Andrena labiata</i>	14	<i>Bombus hyperboreus</i>	9
<i>Andrena lapponica</i>	12	<i>Bombus hypnorum</i>	31
<i>Andrena lathyri</i>	6	<i>Bombus jonellus</i>	31
<i>Andrena marginata</i>	5	<i>Bombus lapidarius</i>	399
<i>Andrena minutula</i>	76	<i>Bombus lapponicus</i>	23
<i>Andrena minutuloides</i>	42	<i>Bombus lucorum</i>	200
<i>Andrena nigroaenea</i>	49	<i>Bombus magnus</i>	40
<i>Andrena nigrospina</i>	1	<i>Bombus monticola</i>	33
<i>Andrena nitida</i>	29	<i>Bombus muscorum</i>	4
<i>Andrena niveata</i>	1	<i>Bombus norvegicus</i>	8
<i>Andrena nycthemera</i>	3	<i>Bombus pascuorum</i>	218
<i>Andrena praecox</i>	11	<i>Bombus pratorum</i>	85
<i>Andrena ruficrus</i>	3	<i>Bombus pyrrhopygus</i>	11
<i>Andrena semilaevis</i>	61	<i>Bombus quadricolor</i>	4

Tabell 7 forts.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Bombus rudericus</i>	10	<i>Epeolus variegatus</i>	11
<i>Bombus ruderatus</i>	9	<i>Eucera longicornis</i>	10
<i>Bombus rupestris</i>	21	<i>Halictus confusus</i>	257
<i>Bombus semenoviellus</i>	12	<i>Halictus eurygnathus</i>	7
<i>Bombus soroeensis</i>	22	<i>Halictus leucaheneus</i>	12
<i>Bombus sporadicus</i>	44	<i>Halictus quadricinctus</i>	62
<i>Bombus subterraneus</i>	50	<i>Halictus rubicundus</i>	203
<i>Bombus sylvarum</i>	27	<i>Halictus sexcinctus</i>	23
<i>Bombus sylvestris</i>	34	<i>Halictus tumulorum</i>	45
<i>Bombus terrestris</i>	346	<i>Heriades truncorum</i>	39
<i>Bombus vestalis</i>	39	<i>Hoplitis anthocopoides</i>	25
<i>Bombus veteranus</i>	1	<i>Hoplitis claviventris</i>	9
<i>Bombus wurflenii</i>	14	<i>Hoplitis leucomelana</i>	36
<i>Ceratina cyanea</i>	25	<i>Hoplitis mitis</i>	9
<i>Chelostoma campanularum</i>	72	<i>Hoplitis tuberculata</i>	3
<i>Chelostoma florissomne</i>	11	<i>Hoplosmia spinulosa</i>	15
<i>Chelostoma rapunculi</i>	21	<i>Hylaeus angustatus</i>	27
<i>Coelioxys alata</i>	4	<i>Hylaeus annulatus</i>	126
<i>Coelioxys conica</i>	20	<i>Hylaeus brevicornis</i>	30
<i>Coelioxys conoidea</i>	17	<i>Hylaeus communis</i>	24
<i>Coelioxys elongata</i>	10	<i>Hylaeus confusus</i>	26
<i>Coelioxys inermis</i>	7	<i>Hylaeus difformis</i>	12
<i>Coelioxys mandibularis</i>	17	<i>Hylaeus dilatatus</i>	35
<i>Coelioxys rufescens</i>	8	<i>Hylaeus gracilicornis</i>	3
<i>Colletes cunicularius</i>	42	<i>Hylaeus hyalinatus</i>	32
<i>Colletes daviesanus</i>	33	<i>Hylaeus incongruus</i>	2
<i>Colletes floralis</i>	11	<i>Hylaeus pectoralis</i>	3
<i>Colletes fodiens</i>	18	<i>Hylaeus pfankuchi</i>	6
<i>Colletes impunctatus</i>	14	<i>Hylaeus pictipes</i>	16
<i>Colletes marginatus</i>	5	<i>Hylaeus rinki</i>	5
<i>Colletes similis</i>	27	<i>Hylaeus signatus</i>	9
<i>Colletes succinctus</i>	16	<i>Lasioglossum aeratum</i>	8
<i>Dasyglossa argentata</i>	1	<i>Lasioglossum albipes</i>	38
<i>Dasyglossa hirtipes</i>	63	<i>Lasioglossum boreale</i>	32
<i>Dasyglossa suripes</i>	1	<i>Lasioglossum brevicorne</i>	4
<i>Dioxys tridentata</i>	5	<i>Lasioglossum calceatum</i>	193
<i>Dufourea dentiventris</i>	9	<i>Lasioglossum fratellum</i>	8
<i>Dufourea halictula</i>	3	<i>Lasioglossum fulvicorne</i>	27
<i>Dufourea inermis</i>	1	<i>Lasioglossum lativentre</i>	22
<i>Dufourea minuta</i>	5	<i>Lasioglossum leucopus</i>	15
<i>Epeolus alpinus</i>	3	<i>Lasioglossum leucozonium</i>	338
<i>Epeolus cruciger</i>	16	<i>Lasioglossum lucidulum</i>	10
<i>Epeolus marginatus</i>	2	<i>Lasioglossum minutissimum</i>	17

Tabell 7 forts.

Art	Antal	Art	Antal
Lasioglossum morio	535	Nomada goodeniana	18
Lasioglossum nitidiusculum	10	Nomada guttulata	6
Lasioglossum nitidulum	61	Nomada integra	7
Lasioglossum punctatissimum	21	Nomada lathburiana	12
Lasioglossum quadrinotatum	4	Nomada leucophthalma	14
Lasioglossum quadrinotatum	4	Nomada marshamella	19
Lasioglossum rufitarse	5	Nomada moeschleri	3
Lasioglossum sabulosum	19	Nomada obscura	4
Lasioglossum semilucens	8	Nomada obtusifrons	5
Lasioglossum sexnotatum	3	Nomada opaca	3
Lasioglossum sexstrigatum	3	Nomada panzeri	29
Lasioglossum villosulum	114	Nomada roberjeotiana	4
Lasioglossum xanthopus	14	Nomada ruficornis	33
Lasioglossum zonulum	106	Nomada rufipes	14
Macropis europaea	9	Nomada sexfasciata	4
Megachile alpicola	6	Nomada signata	10
Megachile analis	6	Nomada similis	5
Megachile centuncularis	37	Nomada stigma	3
Megachile circumcincta	20	Nomada striata	10
Megachile lagopoda	23	Nomada tormentillae	3
Megachile lapponica	10	Nomada villosa	2
Megachile leachella	16	Osmia aurulenta	25
Megachile ligniseca	15	Osmia bicolor	15
Megachile nigriventris	5	Osmia bicornis	49
Megachile pyrenaea	5	Osmia caerulea	26
Megachile versicolor	21	Osmia cornuta	26
Megachile willughbiella	24	Osmia disjuncta	1
Melecta albifrons	17	Osmia inermis	11
Melecta luctuosa	12	Osmia leaiana	15
Melitta haemorrhoidalis	13	Osmia maritima	1
Melitta leporina	53	Osmia nigriventris	11
Melitta tricincta	14	Osmia niveata	12
Nomada alboguttata	13	Osmia parietina	7
Nomada argentata	3	Osmia pilicornis	2
Nomada armata	5	Osmia uncinata	4
Nomada fabriciana	24	Panurgus banksianus	9
Nomada facilis	5	Panurgus calcaratus	27
Nomada ferruginata	9	Rophites quinquespinosus	4
Nomada flavoguttata	53	Sphecodes albilabris	31
Nomada flavopicta	16	Sphecodes crassus	36
Nomada fucata	15	Sphecodes cristatus	2
Nomada fulvicornis	9	Sphecodes ephippius	46
Nomada fuscicornis	9	Sphecodes ferruginatus	37

Tabell 7 forts.

Art	Antal
<i>Sphecodes geoffrellus</i>	27
<i>Sphecodes gibbus</i>	41
<i>Sphecodes hyalinatus</i>	18
<i>Sphecodes longulus</i>	11
<i>Sphecodes miniatus</i>	18
<i>Sphecodes monilicornis</i>	37
<i>Sphecodes niger</i>	13
<i>Sphecodes pellucidus</i>	23
<i>Sphecodes puncticeps</i>	17
<i>Sphecodes reticulatus</i>	24
<i>Sphecodes spinulosus</i>	2
<i>Stelis breviscula</i>	13
<i>Stelis ornatula</i>	11
<i>Stelis phaeoptera</i>	2
<i>Stelis punctulatissima</i>	14
<i>Trachusa byssina</i>	11

Tabell 8. Antal sekvenser från 5P-COI för apiformes i BOLD (210113) för Europa.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Andrena albofasciata</i>	1	<i>Andrena similis</i>	1
<i>Andrena alfkenella</i>	8	<i>Andrena subopaca</i>	28
<i>Andrena apicata</i>	2	<i>Andrena tarsata</i>	2
<i>Andrena barbilabris</i>	18	<i>Andrena thoracica</i>	3
<i>Andrena bicolor</i>	54	<i>Andrena tibialis</i>	13
<i>Andrena bimaculata</i>	6	<i>Andrena vaga</i>	32
<i>Andrena bluethgeni</i>	1	<i>Andrena wilkella</i>	12
<i>Andrena carantonica</i>	20	<i>Anthidium manicatum</i>	21
<i>Andrena chrysopeya</i>	1	<i>Anthidium punctatum</i>	16
<i>Andrena chrysoceles</i>	4	<i>Anthophora furcata</i>	6
<i>Andrena cineraria</i>	19	<i>Anthophora plagiata</i>	8
<i>Andrena clarkella</i>	6	<i>Anthophora plumipes</i>	173
<i>Andrena coitana</i>	9	<i>Anthophora quadrimaculata</i>	8
<i>Andrena denticulata</i>	12	<i>Anthophora retusa</i>	8
<i>Andrena dorsata</i>	44	<i>Biastes truncatus</i>	1
<i>Andrena falsifica</i>	14	<i>Bombus alpinus</i>	4
<i>Andrena flavipes</i>	25	<i>Bombus balteatus</i>	4
<i>Andrena fucata</i>	12	<i>Bombus barbutellus</i>	7
<i>Andrena fulva</i>	13	<i>Bombus bohemicus</i>	14
<i>Andrena fulvago</i>	14	<i>Bombus campestris</i>	7
<i>Andrena fulvida</i>	4	<i>Bombus cingulatus</i>	1
<i>Andrena fuscipes</i>	10	<i>Bombus consobrinus</i>	4
<i>Andrena gravida</i>	38	<i>Bombus cryptarum</i>	54
<i>Andrena haemorrhhoa</i>	57	<i>Bombus cullumanus</i>	18
<i>Andrena hattorfiana</i>	17	<i>Bombus distinguendus</i>	12
<i>Andrena helvola</i>	25	<i>Bombus hortorum</i>	50
<i>Andrena humilis</i>	7	<i>Bombus humilis</i>	14
<i>Andrena intermedia</i>	9	<i>Bombus hyperboreus</i>	2
<i>Andrena labialis</i>	10	<i>Bombus hypnorum</i>	20
<i>Andrena labiata</i>	12	<i>Bombus jonellus</i>	17
<i>Andrena lapponica</i>	8	<i>Bombus lapidarius</i>	149
<i>Andrena lathyri</i>	6	<i>Bombus lapponicus</i>	11
<i>Andrena marginata</i>	4	<i>Bombus lucorum</i>	170
<i>Andrena minutula</i>	70	<i>Bombus magnus</i>	31
<i>Andrena minutuloides</i>	40	<i>Bombus monticola</i>	21
<i>Andrena nigroaenea</i>	46	<i>Bombus muscorum</i>	1
<i>Andrena nigrospina</i>	1	<i>Bombus norvegicus</i>	5
<i>Andrena nitida</i>	26	<i>Bombus pascuorum</i>	162
<i>Andrena niveata</i>	1	<i>Bombus pratorum</i>	69
<i>Andrena nycthemera</i>	3	<i>Bombus pyrrhopygus</i>	11
<i>Andrena praecox</i>	10	<i>Bombus quadricolor</i>	3
<i>Andrena ruficrus</i>	3	<i>Bombus ruderarius</i>	5
<i>Andrena semilaevis</i>	59	<i>Bombus ruderatus</i>	5

Tabell 8 forts.

Art	Antal	Art	Antal
<i>Bombus rupestris</i>	16	<i>Halictus confusus</i>	14
<i>Bombus semenoviellus</i>	8	<i>Halictus eurygnathus</i>	7
<i>Bombus soroeensis</i>	13	<i>Halictus leucaheneus</i>	12
<i>Bombus sporadicus</i>	37	<i>Halictus quadricinctus</i>	56
<i>Bombus subterraneus</i>	31	<i>Halictus rubicundus</i>	78
<i>Bombus sylvorum</i>	23	<i>Halictus sexcinctus</i>	21
<i>Bombus sylvestris</i>	21	<i>Halictus tumulorum</i>	42
<i>Bombus terrestris</i>	219	<i>Heriades truncorum</i>	36
<i>Bombus vestalis</i>	36	<i>Hoplitis anthocopoides</i>	13
<i>Bombus veteranus</i>	1	<i>Hoplitis claviventris</i>	8
<i>Bombus wurflenii</i>	10	<i>Hoplitis leucomelana</i>	36
<i>Ceratina cyanea</i>	23	<i>Hoplitis mitis</i>	8
<i>Chelostoma campanularum</i>	32	<i>Hoplitis tuberculata</i>	2
<i>Chelostoma florissomne</i>	8	<i>Hoplosmia spinulosa</i>	12
<i>Chelostoma rapunculi</i>	17	<i>Hylaeus angustatus</i>	27
<i>Coelioxys alata</i>	4	<i>Hylaeus annulatus</i>	9
<i>Coelioxys conica</i>	20	<i>Hylaeus brevicornis</i>	29
<i>Coelioxys conoidea</i>	17	<i>Hylaeus communis</i>	24
<i>Coelioxys elongata</i>	9	<i>Hylaeus confusus</i>	24
<i>Coelioxys inermis</i>	6	<i>Hylaeus difformis</i>	12
<i>Coelioxys mandibularis</i>	17	<i>Hylaeus dilatatus</i>	30
<i>Coelioxys rufescens</i>	7	<i>Hylaeus gracilicornis</i>	3
<i>Colletes cunicularius</i>	40	<i>Hylaeus hyalinatus</i>	27
<i>Colletes daviesanus</i>	31	<i>Hylaeus incongruus</i>	1
<i>Colletes floralis</i>	10	<i>Hylaeus pectoralis</i>	3
<i>Colletes fodiens</i>	16	<i>Hylaeus pfankuchi</i>	4
<i>Colletes impunctatus</i>	10	<i>Hylaeus pictipes</i>	12
<i>Colletes marginatus</i>	5	<i>Hylaeus rinki</i>	5
<i>Colletes similis</i>	23	<i>Hylaeus signatus</i>	8
<i>Colletes succinctus</i>	7	<i>Lasioglossum aeratum</i>	8
<i>Dasypoda argentata</i>	1	<i>Lasioglossum albipes</i>	34
<i>Dasypoda hirtipes</i>	60	<i>Lasioglossum brevicorne</i>	3
<i>Dasypoda suripes</i>	1	<i>Lasioglossum calceatum</i>	184
<i>Dioxys tridentata</i>	5	<i>Lasioglossum fratellum</i>	6
<i>Dufourea dentiventris</i>	9	<i>Lasioglossum fulvicorne</i>	21
<i>Dufourea halictula</i>	3	<i>Lasioglossum lativentre</i>	18
<i>Dufourea inermis</i>	1	<i>Lasioglossum leucopus</i>	11
<i>Dufourea minuta</i>	5	<i>Lasioglossum leucozonium</i>	165
<i>Epeolus alpinus</i>	3	<i>Lasioglossum lucidulum</i>	8
<i>Epeolus cruciger</i>	15	<i>Lasioglossum minutissimum</i>	8
<i>Epeolus marginatus</i>	2	<i>Lasioglossum morio</i>	528
<i>Epeolus variegatus</i>	8	<i>Lasioglossum nitidiusculum</i>	9
<i>Eucera longicornis</i>	5	<i>Lasioglossum nitidulum</i>	61

Tabell 8 forts.

Art	Antal	Art	Antal
Lasioglossum punctatissimum	18	Nomada leucophthalma	12
Lasioglossum quadrinotatum	4	Nomada marshamella	16
Lasioglossum quadrinotatum	2	Nomada moeschleri	3
Lasioglossum rufitarse	3	Nomada obscura	4
Lasioglossum sabulosum	19	Nomada obtusifrons	5
Lasioglossum semilucens	8	Nomada opaca	3
Lasioglossum sexstrigatum	3	Nomada panzeri	21
Lasioglossum villosulum	107	Nomada roberjeotiana	4
Lasioglossum xanthopus	8	Nomada ruficornis	31
Lasioglossum zonulum	57	Nomada rufipes	13
Macropis europaea	7	Nomada sexfasciata	4
Megachile alpicola	6	Nomada signata	10
Megachile analis	6	Nomada similis	5
Megachile centuncularis	20	Nomada stigma	3
Megachile circumcincta	8	Nomada striata	9
Megachile lagopoda	22	Nomada tormentillae	3
Megachile lapponica	2	Nomada villosa	2
Megachile leachella	8	Osmia aurulenta	24
Megachile ligniseca	12	Osmia bicolor	14
Megachile nigriventris	5	Osmia bicornis	35
Megachile pyrenaica	5	Osmia caerulescens	14
Megachile versicolor	21	Osmia cornuta	23
Megachile willughbiella	21	Osmia disjuncta	1
Melecta albifrons	14	Osmia inermis	6
Melecta luctuosa	12	Osmia leaiana	14
Melitta haemorrhoidalis	10	Osmia nigriventris	2
Melitta leporina	13	Osmia niveata	12
Melitta tricineta	3	Osmia parietina	7
Nomada alboguttata	8	Osmia pilicornis	2
Nomada argentata	3	Osmia uncinata	4
Nomada armata	5	Panurgus banksianus	7
Nomada fabriciana	20	Panurgus calcaratus	26
Nomada facilis	5	Rophites quinquespinosus	4
Nomada ferruginata	9	Sphecodes albilabris	29
Nomada flavoguttata	47	Sphecodes crassus	31
Nomada flavopicta	14	Sphecodes cristatus	2
Nomada fucata	13	Sphecodes ephippius	35
Nomada fulvicornis	9	Sphecodes ferruginatus	35
Nomada fuscicornis	9	Sphecodes geoffrellus	24
Nomada goodeniana	15	Sphecodes gibbus	32
Nomada guttulata	6	Sphecodes hyalinatus	16
Nomada integra	7	Sphecodes longulus	11
Nomada lathburiana	11	Sphecodes miniatus	16

Tabell 8 forts.

Art	Antal
<i>Sphecodes monilicornis</i>	29
<i>Sphecodes niger</i>	12
<i>Sphecodes pellucidus</i>	20
<i>Sphecodes puncticeps</i>	14
<i>Sphecodes reticulatus</i>	21
<i>Sphecodes spinulosus</i>	1
<i>Stelis breviscula</i>	11
<i>Stelis ornatula</i>	11
<i>Stelis phaeoptera</i>	2
<i>Stelis punctulatifera</i>	13
<i>Trachusa byssina</i>	11

Tabell 9. Arter av apiformes som saknar streckkod för hela världen.

Andrena argentata
Andrena batava
Andrena curvungula
Andrena gallica
Andrena gelriae
Andrena morawitzi
Andrena nanula
Andrena nigriceps
Panurginus romani
Bombus pomorum
Nomada baccata
Nomada fusca
Nomada subcornuta
Lasioglossum sexmaculatum
Lasioglossum tarsatum
Coelioxys lanceolatus
Coelioxys obtusispina
Osmia laticeps
Osmia svenssoni
Melitta melanura

Tabell 10. Arter av apiformes som saknar streckkod för Europa.

Andrena argentata
Andrena batava
Andrena curvungula
Andrena gallica
Andrena gelriae
Andrena morawitzi
Andrena nanula
Andrena nigriceps
Andrena varians
Panurginus romani
Bombus flavidus
Bombus pomorum
Nomada baccata
Nomada fusca
Nomada subcornuta
Lasioglossum boreale
Lasioglossum sexmaculatum
Lasioglossum sexnotatum
Lasioglossum tarsatum
Coelioxys lanceolatus
Coelioxys obtusispina
Osmia laticeps
Osmia maritima
Osmia svenssoni
Melitta melanura

