



**Ytre Hvaler
nasjonalparkstyre**

Postadresse
Postboks 325
1502 MOSS

Besøksadresse
Skjærgårdens Hus
Vadbenken 8
1680 Skjærhalden

Kontakt
Sentralbord: +47 69 24 70 00
Direkte: +47 69247024
OVADMMAILADRESSE
fmosmoo@statsforvalteren.no
<https://www.nasjonalparkstyre.no/ytre-hvaler>

NMBU
PB 5003
1432 ÅS

Saksbehandler Monika Olsen

Vår ref. 2022/14896-2 432.4

Deres ref.

Dato 29.06.2022

Tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark 2022-2024 - Asmaløy - nord for Skipstadkilen - innsamling av sopp og jordprøver - NMBU

Søknad datert 09.05.22 ble behandlet i Ytre Hvaler nasjonalparkstyre 01.07.2022.

Saksfremlegg til nasjonalparkstyret

Sak 2022-21 Tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark 2022-2024 - Asmaløy - nord for Skipstadkilen - innsamling av sopp og jordprøver - NMBU

Nasjonalparkstyrets vedtak

Settes inn

Forvalters forslag til vedtak

Nasjonalparkstyret gir Norges miljø- og biovitenskapelige universitet (NMBU) dispensasjon til innsamling av et begrenset antall sopper og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark som omsøkt. Vilkår for tillatelsen:

- Det skal ikke samles inn flere sopper eller jordprøver enn det som er nødvendig for undersøkelsen
- Kjente, truede arter skal ikke samles inn
- Ferdig bestemt materiale blir registrert i Artskart og dermed tilgjengeliggjort for allmenheten.

Denne tillatelsen og evt. bemyndigelse skal være tilgjengelig i felt, og kunne forevises oppsyn.

Dispensasjon er gitt i medhold av naturmangfoldloven § 48 første ledd første alternativ.

Søknad til nasjonalparkstyret

Det vises til vedlegg 1-3 for fullstendig søknad.

Norges miljø- og biovitenskapelige universitet (NMBU), Norsk institutt for naturforskning (NINA) og Miljøfaglig utredning (MFU) samarbeider om et prosjekt hvor vi ønsker å øke kunnskapen om det biologiske mangfoldet av sopp i tradisjonelle slåtte- og beitemarker i Norge. Målsetningen vår er å finne nye sopp-arter for landet og for vitenskapen. For å få til det ønsker vi å samle sopp og jordprøver

Nasjonalpark	Ytre Hvaler
Naturreservat	Teineholmen
Marine verneområde	Rauerfjorden



i de mest lovende engene over hele landet. En av engene vi ønsker å besøke ligger innenfor Ytre Hvaler nasjonalpark.

Vedlagt er derfor vår søknad om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark, samt en detaljert beskrivelse av prosjektet.

Norges miljø- og biovitenskapelige universitet (NMBU), Norsk institutt for naturforskning (NINA) og Miljøfaglig utredning (MFU) samarbeider om et prosjekt finansiert av Artsdatabanken hvor vi ønsker å øke kunnskapen om det biologiske mangfoldet av sopp i tradisjonelle slåtte- og beitemarker i Norge. Målsetningen vår er å finne nye sopp-arter for landet og for vitenskapen. For å få til det ønsker vi å samle sopp og jordprøver i de mest lovende engene over hele landet. En av disse engene befinner seg i Ytre Hvaler nasjonalpark, nærmere bestemt på nordsiden av Skipstadkilen (gnr/bnr 36/2, 36/4 og 36/8) på Asmaløy i Hvaler kommune.

For å finne nye sopp-arter, vil vi kombinere tradisjonell kartlegging av sopp med analyser av DNA i jordprøver. Til sammen gir disse to metodene oss gode muligheter til å kartlegge det skjulte mangfoldet av sopp i slåtte- og beitemarker på en rask og kostnadseffektiv måte. Undersøkelsene vil omfatte følgende:

- To personer vil gå systematisk rundt i enga i noen timer og registrere hvilke sopper som vokser der. Noen utvalgte sopper vil samles inn.
- Jordprøver vil samles inn langs oppmålte linjer i enga. Innsamlingen vil skje ved hjelp av jordbor, som etterlater en rekke små hull med en diameter på 3 cm fordelt over omtrent 900 m². Totalt vil det samles inn et par liter jord.
- Med unntak av de små hullene etter jordboret, vil det ikke være noen varig påvirkning eller spor etter undersøkelsen i etterkant.
- Alle innsamlede artsdata vil bli gjort offentlig tilgjengelige i Artskart.

Vi vil selvsagt innhente grunneiers tillatelse til disse undersøkelsene.

Fordi forekomsten av sopp er svært væravhengig, er det vanskelig å si akkurat når vi vil gjennomføre undersøkelsene i Ytre Hvaler nasjonalpark. Avhengig av soppsesongen vil det bli enten høsten 2022, høsten 2023 eller høsten 2024.

Vi søker herved om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i **Ytre Hvaler nasjonalpark** høsten 2022, 2023 eller 2024.

Lovhjemmel

Ytre Hvaler nasjonalpark ble opprettet 26.06.2009. Formålet (§ 2) er å:

- *bevare et egenartet, stort og relativt urørt naturområde ved kysten i sørøst-Norge,*
 - *bevare et undersjøisk landskap med variert bunntopografi,*
 - *bevare økosystemer på land og i sjø med naturlig forekommende arter og bestander, kystlandskap med sjøoverflate og havbunn med korallrev, hard- og bløtbunn.*
- Allmennheten skal gis anledning til naturopplevelse gjennom utøvelse av tradisjonelt og enkelt friluftsliv med liten grad av teknisk tilrettelegging.*

Etter verneforskriften § 3 punkt 1.1 er området vernet mot inngrep av enhver art.

I hht. § 3 punkt 2.1 er vegetasjonen på land og i sjø, herunder døde busker og trær, vernet mot all skade og ødelegging. Bestemmelsen i 2.1 er ikke til hinder for: Plukking av bær og matsopp, jf. pkt 2.2 c) eller plukking av vanlige planter til eget bruk, jf. pkt 2.2 d).

Derimot er plukking av planter og sopp til undervisning- og forskningsformål forbudt.

Nasjonalparkstyret kan gi dispensasjon etter naturmangfoldloven § 48 dersom tiltaket ikke er



i strid med verneformålet og ikke vil påvirke verneverdiene nevneverdig (eller dersom sikkerhetshensyn eller hensynet til vesentlige samfunnsinteresser gjør det nødvendig).

Det følger av naturmangfoldloven § 7 at prinsippene i lovens §§ 8-12 skal legges til grunn ved behandling av søknader om dispensasjon fra verneforskrifter. Prinsippene gjelder kunnskapsgrunnlaget §8, føre-var-prinsippet §9, økosystemtilnærming og samlet belastning §10, hvem som skal bære kostnadene ved miljøforingelse §11 og miljøforsvarlige teknikker og driftsmetoder §12.

Vurdering av saken

Nasjonalparkstyret er i utgangspunktet positiv til forskning som kan bidra til økt artskunnskap. Det fremgår av Miljødirektoratets rundskriv om forvaltning av verneforskrifter, at nytten av et forskningsprosjekt må vurderes opp mot omfanget av eventuelle inngrep eller tiltak og de ulemper forskningen ellers medfører. Det er først og fremst aktuelt å gi dispensasjon til tiltak når det er nødvendig for forskning. Det vitenskapelige motivet bak vernet vil kunne begrunne en mer liberal dispensasjonspraksis når det ikke er tale om etablering av faste anlegg (ny infrastruktur) eller terrenginngrep i verneområdene.

Nasjonalparkstyret legger tilsvarende retningslinjer til grunn for vurderingen av tiltak til forskningsformål i verneområdet. Vi vurderer at Fakultet for miljøvitenskap og naturforvaltning er tilknyttet et fagmiljø med kompetanse som vil kunne sikre at tiltaket utføres med tilstrekkelig kvalitetssikring.

Prosjektets hovedmål er å øke kunnskapen om artsmangfoldet av sopp i semi-naturlig eng. Semi-naturlig eng er en truet og svært artsrik naturtype, blant annet når det gjelder såkalte beitemarkssopp - men deler av dette soppmangfoldet er ukjent eller mangelfullt kjent. Nyere DNAstudier tyder på at mange titalls nye arter av beitemarkssopp venter på å bli oppdaget og beskrevet, og flere arter beskrevet fra andre land er nylig blitt oppdaget i Norge som følge av DNA-sekvensering.

I dette prosjektet vil man lete etter nye sopparter for Norge og for vitenskapen i semi-naturlig eng over hele landet. For å finne dette skjulte biomangfoldet, vil man kombinere kartlegging ved hjelp av 1) fruktlegemer og 2) miljø-DNA i jordprøver. I fruktlegemestudiene vil man legge særlig vekt på de såkalte CHEGD-soppene: *Clavariaceae* - fingersopper, *Hygrocybe* i vid forstand - engvokssopper, *Entoloma* - rødsporer, *Geoglossaceae* - jordtunger og *Dermoloma* - grynusseronger.

For å øke sannsynligheten for å finne nye arter, vil man i tillegg benytte miljø-DNA for å fange opp en lang rekke jordboende sopper, inkludert både sekksporesopper og stilksporesopper. Forskerne forventer at fruktlegemestudiene vil være særlig nyttige for å avsløre en del sjeldne arter som finnes på små areal og ikke så lett blir fanget opp av jordprøvene. Bruk av miljø-DNA vil hjelpe til med å identifisere et stort antall arter fra de fleste soppgrupper, inkludert sopper som sjelden eller aldri danner synlige fruktlegemer, hvorav mange forventes å være nye for landet.

Til sammen gir disse to metodene gode muligheter til å kartlegge det skjulte mangfoldet av sopp i semi-naturlig eng på en ny og kostnadseffektiv måte.

Nml. § 8 sier at beslutninger som berører naturmangfoldet, skal bygge på kunnskap om



naturverdier og effekten av påvirkninger. Kunnskapsgrunnlaget for verneområdet er dokumentert i verneprosessen, Naturbase og i Artskart.

I nasjonalparken er det registrert over 330 rødlistearter på land, sjeldne og verdifulle naturtyper og verdifulle geologiske og kvartærgeologiske områder. Vedlegg 4 viser området ved Skipstadkilen som ønskes undersøkt, med registreringer av naturtyper og arter. Nasjonalparkstyret legger til grunn at det foreligger nødvendig informasjon om naturverdiene og tiltaket.

Naturtypen regnes som naturbeitemark (tilhører kulturmarkseng som er VU på rødlista for naturtyper 2011). Delnaturtype er rik beiteeng. Det er her og der noe einer, osp, selje, bjørk, furu, hengebjørk, rogn og kjøtttype. Feltsjiktet er dominert av engkvein, enghavre, røsslyng, blodstorkenebb, sauesvingel, rødsvingel, tiriltunge, gjeldkarve, ryllik, bergørkvein, gulmaure, sandstarr, smalkjempe og stedvis også takrør.

Det er gjort omfattende funn av ulike arter sopp i dette området, og det sier noe om potensialet for nye funn - se vedlegg 5; Naturbase faktaark 2011. Her framgår det at av beitemarkssopp er det funnet beiterødspore, belterødspore, blektuppet småkøllesopp, blårandrødspore, brunfnokket vokssopp, dynetunge (NT), engvokssopp, Entoloma atrocoeruleum (NT), Entoloma longistriatum, grønn vokssopp, gul småfingersopp, hetterødspore, honningvokssopp, hvit småfingersopp, Hygrocybe virginea var. ochraceopallida, kalkvokssopp (VU), kantarellvokssopp, kjeglevokssopp, kritt vokssopp, liten vokssopp, lutvokssopp (NT), mønjevokssopp, mørkskjellet vokssopp (VU), mørktannet rødspore, rosagrå grynmusserong (VU), russelærvokssopp (NT), rødgul småkøllesopp, seig vokssopp, silkerødspore, skjør vokssopp, spiss vokssopp, svartblå rødspore (NT), svartdugget vokssopp, svartlodnetunge, tjærerødspore, tuet køllesopp, tyrkerrødspore (NT), vorterødspore og vrangjordtunge (VU).

Vi vurderer kunnskapsgrunnlaget som oppfylt (nml. § 8), og føre-var-prinsippet (nml. § 9) tillegges derfor liten vekt i denne saken. § 11 anses som lite aktuell i denne sammenheng.

Det er planlagt å samle inn noen utvalgte sopper. Jordprøver vil samles inn langs oppmålte linjer med jordbor som etterlater små hull med diameter på 3 cm fordelt over ca. 900 m². Det anses for lite sannsynlig at tiltaket vil medføre skade eller forringelse av verneverdiene i verneområdet. Nasjonalparkstyret kan derfor ikke se at tiltaket vil føre til en nevneverdig økt samlet belastning i området, jf. nml § 10.

Nasjonalparkstyret forutsetter at tiltaket utføres i tråd med nml. § 12, slik at bestand/ populasjoner ikke skades eller forringes. Vi legger til grunn at det ikke samles inn flere sopper eller jordprøver enn det som er nødvendig for undersøkelsen.

Vilkåret for å kunne gi dispensasjon etter § 48 i naturmangfoldloven er at tiltaket ikke er i strid med verneformålet eller påvirker verneverdiene nevneverdig. Det gir ikke krav på dispensasjon selv om vilkårene er oppfylt. Bestemmelsen er en kan-bestemmelse, som innebærer at det skal foretas en konkret vurdering av om det skal gis en dispensasjon dersom vilkårene er oppfylt. I avveiningen av om dispensasjon skal gis må det foretas en skjønnsmessig vurdering. Blant annet vil omfanget, miljøvirkningen og nødvendigheten av det tiltaket som det søkes dispensasjon for, ha betydning.



Forskning er et viktig virkemiddel for å få til en kunnskapsbasert forvaltning. I forvaltningsplanen er det gitt forvaltningsmål for forskning og undervisning: *Forskning og undervisning skal brukes aktivt for å fremskaffe og gjøre tilgjengelig kunnskap som kan fremme verneformålet, naturglede, forståelse for sammenhenger i naturens virkemåte og sårbarhet.*

Vi mener at vilkåret for å kunne gi dispensasjon etter § 48 i naturmangfoldloven er oppfylt da prosjektets hovedmål er å øke kunnskapen om artsmangfoldet av sopp i semi-naturlig eng og således ikke er i strid med verneformålet. Vi legger til grunn at det ikke samles inn flere sopper eller jordprøver enn det som er nødvendig for undersøkelsen og ikke vil påvirker verneverdiene nevneverdig.

Dispensasjon kan dermed gis i medhold av naturmangfoldloven § 48 første ledd første alternativ.

Klageadgang

Dette vedtaket kan med hjemmel i forvaltningsloven påklages til Miljødirektoratet innen tre uker etter at dette brevet er mottatt. En eventuell klage sendes til Miljødirektoratet via nasjonalparkstyret.

Med hilsen

Monika Olsen
nasjonalparkforvalter

Dokumentet er elektronisk godkjent

Vedlegg:

- 1 Søknad om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark 2022 - Asmaløy - nord for Skipstadkilen - innsamling av sopp og jordprøver - NMBU
- 2 Søknad om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark
- 3 Prosjektbeskrivelse artsprosjekt beitemarkssopp

Kopi til:

HVALER KOMMUNE	Storveien 32	1680	SKJÆRHALDEN
STATSFORVALTEREN I OSLO OG VIKEN	Postboks 325	1502	MOSS

From: Siri Lie Olsen[siri.lie.olsen@nmbu.no]

Sent: 09.05.2022 13:26:21

To: Postmottak SFOV[sfovpost@statsforvalteren.no]

Cc: Olsen, Monika[fmosmoo@statsforvalteren.no]

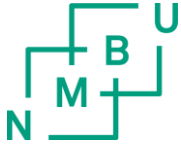
Subject: Søknad om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark
Til Ytre Hvaler nasjonalparkstyre ved Statsforvalteren i Oslo og Viken,

Norges miljø- og biovitenskapelige universitet (NMBU), Norsk institutt for naturforskning (NINA) og Miljøfaglig utredning (MFU) samarbeider om et prosjekt hvor vi ønsker å øke kunnskapen om det biologiske mangfoldet av sopp i tradisjonelle slåtte- og beitemarker i Norge. Målsetningen vår er å finne nye sopp-arter for landet og for vitenskapen. For å få til det ønsker vi å samle sopp og jordprøver i de mest lovende engene over hele landet. En av engene vi ønsker å besøke ligger innenfor Ytre Hvaler nasjonalpark.

Vedlagt er derfor vår søknad om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark, samt en detaljert beskrivelse av prosjektet. Vi håper det er mulig å gi tillatelse til dette arbeidet. Eventuelle spørsmål kan rettes til Siri Lie Olsen (siri.lie.olsen@nmbu.no, tlf. 458 54 973).

Med vennlig hilsen

Siri Lie Olsen



Førsteamanuensis Siri Lie Olsen
Fakultet for miljøvitenskap og naturforvaltning
Norges miljø- og biovitenskapelige universitet
Postboks 5003
1432 Ås

Vår ref.
Siri Lie Olsen

Deres ref.

Dato
09.05.2022

Til:

Ytre Hvaler nasjonalparkstyre ved Statsforvalteren i Oslo og Viken,

Søknad om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i Ytre Hvaler nasjonalpark

Vi søker herved om tillatelse til innsamling av sopp og jordprøver i **Ytre Hvaler nasjonalpark** høsten 2022, 2023 eller 2024.

Norges miljø- og biovitenskapelige universitet (NMBU), Norsk institutt for naturforskning (NINA) og Miljøfaglig utredning (MFU) samarbeider om et prosjekt finansiert av Artsdatabanken hvor vi ønsker å øke kunnskapen om det biologiske mangfoldet av sopp i tradisjonelle slåtte- og beitemarker i Norge. Målsetningen vår er å finne nye sopp-arter for landet og for vitenskapen. For å få til det ønsker vi å samle sopp og jordprøver i de mest lovende engene over hele landet. En av disse engene befinner seg i Ytre Hvaler nasjonalpark, nærmere bestemt på nordsiden av Skipstadkilen (gnr/bnr 36/2, 36/4 og 36/8) på Asmaløy i Hvaler kommune.

For å finne nye sopp-arter, vil vi kombinere tradisjonell kartlegging av sopp med analyser av DNA i jordprøver. Til sammen gir disse to metodene oss gode muligheter til å kartlegge det skjulte mangfoldet av sopp i slåtte- og beitemarker på en rask og kostnadseffektiv måte. Undersøkelsene vil omfatte følgende:

- To personer vil gå systematisk rundt i enga i noen timer og registrere hvilke sopper som vokser der. Noen utvalgte sopper vil samles inn.
- Jordprøver vil samles inn langs oppmålte linjer i enga. Innsamlingen vil skje ved hjelp av jordbor, som etterlater en rekke små hull med en diameter på 3 cm fordelt over omtrent 900 m². Totalt vil det samles inn et par liter jord.
- Med unntak av de små hullene etter jordboret, vil det ikke være noen varig påvirkning eller spor etter undersøkelsen i etterkant.
- Alle innsamlede artsdata vil bli gjort offentlig tilgjengelige i Artskart.



Vi vil selvsagt innhente grunneiers tillatelse til disse undersøkelsene. Vedlagt er vår prosjektbeskrivelse med flere detaljer.

Fordi forekomsten av sopp er svært væravhengig, er det vanskelig å si akkurat når vi vil gjennomføre undersøkelsene i Ytre Hvaler nasjonalpark. Avhengig av soppsesongen vil det bli enten høsten 2022, høsten 2023 eller høsten 2024.

Vi håper det er mulig å gi tillatelse til dette arbeidet. Eventuelle spørsmål kan rettes til Siri Lie Olsen (siri.lie.olsen@nmbu.no, tlf. 458 54 973).

Med vennlig hilsen

(sign.)

Siri Lie Olsen
Førsteamanuensis ved NMBU og vitenskapelig rådgiver i NINA

1. **TITLE:** Hidden fungi of semi-natural grasslands in Norway: combining fruit body studies and eDNA

2. RELEVANCE

Semi-natural grasslands, which are the focus of this proposal, are a hotspot for fungal diversity. Many of the so-called CHEGD fungi (*Clavariaceae*, *Hygrocybe* sensu lato, *Entoloma*, *Geoglossaceae* and *Dermoloma*) are specific to this threatened nature type and are used as grassland indicator species. However, recent studies suggest that there is a hidden diversity of grassland fungi with many species waiting to be discovered. Through a combination of field surveys of fruit bodies followed by DNA barcoding and eDNA metabarcoding of soil samples we expect to find new species both to Norway and to science. Our project will therefore contribute to the ultimate goal of the Norwegian Taxonomy Initiative ("Artsprosjektet"), which is to increase the knowledge of biodiversity in Norway, especially among species and species groups which are poorly or insufficiently known. Through scientific publications and outreach activities our findings will increase the knowledge of grassland fungal biodiversity within the scientific community and the general public, respectively, which will in turn contribute to a knowledge-based management of this threatened nature type.

3. SCIENTIFIC PART

a) Sammendrag

Semi-naturlig eng er en truet og svært artsrik naturtype, blant annet når det gjelder såkalte beitemarkssopp - men deler av dette soppmangfoldet er ukjent eller mangelfullt kjent. Prosjektets hovedmål er derfor å øke kunnskapen om artsmangfoldet av sopp i semi-naturlig eng. Nyere DNA-studier tyder på at mange titalls nye arter av beitemarkssopp venter på å bli oppdaget og beskrevet, og flere arter beskrevet fra andre land er nylig blitt oppdaget i Norge som følge av DNA-sekvensering. I dette prosjektet vil vi lete etter nye sopparter for Norge og for vitenskapen i semi-naturlig eng over hele landet. For å finne dette skjulte biomangfoldet, vil vi kombinere kartlegging ved hjelp av 1) fruktlegemer og 2) miljø-DNA i jordprøver. I fruktlegemestudiene vil vi legge særlig vekt på de såkalte CHEGD-soppene: *Clavariaceae* - fingersopper, *Hygrocybe* i vid forstand - engvokssopper, *Entoloma* - rødsporer, *Geoglossaceae* - jordtunger og *Dermoloma* - grynusseronger. For å øke sannsynligheten for å finne nye arter, vil vi i tillegg benytte miljø-DNA for å fange opp en lang rekke jordboende sopper, inkludert både sekksporesopper og stilksporesopper. Vi forventer at fruktlegemestudiene vil være særlig nyttige for avsløre en del sjeldne arter som finnes på små areal og ikke så lett blir fanget opp av jordprøvene. Bruk av miljø-DNA vil hjelpe oss med å identifisere et stort antall arter fra de fleste soppgrupper, inkludert sopper som sjelden eller aldri danner synlige fruktlegemer, hvorav mange forventes å være nye for landet. Til sammen gir disse to metodene oss gode muligheter til å kartlegge det skjulte mangfoldet av sopp i semi-naturlig eng på en ny og kostnadseffektiv måte.

Abstract

Semi-natural grassland is a threatened and extremely species rich nature type, especially for the so-called grassland fungi - but parts of this fungal diversity are unknown or poorly known. The main goal of this project is therefore to increase our knowledge of the fungal diversity in Norway's semi-natural grasslands. Recent DNA studies suggest that tens of new species of grassland fungi await discovery and description, and several species described from other countries have recently been found in

Norway following DNA barcoding. In this project we will search for new fungal species to Norway and to science in semi-natural grasslands countrywide. To find this hidden biodiversity, we will combine surveys of 1) fruit bodies and 2) environmental DNA (eDNA) in soil samples. In the fruit body studies we will emphasize the so-called CHEGD group: *Clavariaceae*, *Hygrocybe sensu lato*, *Entoloma*, *Geoglossaceae* and *Dermoloma*. To increase the probability of finding new species, we will also use eDNA to capture a broader range of soil fungi, including both Ascomycota and Basidiomycota. We expect that the fruit body survey will reveal rare species found in small areas that will not easily be captured by soil samples, whereas the use of eDNA will help us identify a large number of species, including species that rarely or never produce visible fruit bodies, of which many will likely be new to Norway. Together these two methods will provide good opportunities to record the hidden diversity of fungi in semi-natural grasslands in a new and cost-effective way.

b) Objectives

Main goal: To increase the knowledge of the fungal species diversity in the threatened nature type semi-natural grassland, with special focus on CHEGD fungi

Subgoal 1: Discover hidden species diversity by traditional DNA barcoding of fruit bodies from selected groups

Subgoal 2: Discover hidden species diversity by eDNA metabarcoding of soil samples

Subgoal 3: Based on subgoal 1 and 2, publish new species to Norway and describe new species to science

Subgoal 4: Get a better understanding of the advantages and limitations of field surveys of fruit bodies, versus the use of eDNA analyses from soil samples, to facilitate future detection and description of new species and make it more cost-effective

c) Background and state of knowledge

Semi-natural grasslands are regularly grazed (pastures) or mown (hay fields), not or poorly fertilized, and not plowed (except possibly a long time ago) (Halvorsen et al. 2016). Due to modern agricultural practices and abandoning/regrowth, semi-natural grasslands are declining and threatened both in Norway (Norwegian Biodiversity Information Centre 2018, indicating a loss of approximately 60% during the last 60 years) and in the EU (Janssen et al. 2016). In western Europe, a loss of 90% during the last 75 years is estimated, making it urgent to study the species diversity in this nature type (Griffith et al. 2013).

Fungi are an important part of grassland biodiversity. “Waxcap grasslands” (i.e. with many species of *Hygrocybe sensu lato*) were a concept among mycologists already in the 18th century (Griffith et al. 2013). Nitare (1988) pointed to a range of fungal groups typical of semi-natural grasslands in Sweden, in Europe later referred to as CHEGD fungi. This acronym is used in accordance with several European authors (e.g. Newton et al. 2003, Griffith et al. 2013, Sánchez-García et al. 2021) to describe taxonomically diverse groups with seemingly ecologically related species from *Clavariaceae* (*Camarophyllopsis*, *Clavaria*, *Clavulinopsis*, *Ramariopsis*), *Hygrophoraceae* (*Hygrocybe sensu lato*, Boertmann 2010, later split into *Hygrocybe s.str.*, *Cuphophyllus*, *Neohygrocybe*, *Chromosera*, *Gloioxanthomyces*, *Gliophorus* and *Porpolomopsis*, Lodge et al. 2013), *Entoloma*, *Geoglossaceae* and

Microglossum, and *Dermoloma* (plus the related *Porpoloma* and *Pseudotracheloma*). Based on information from 39 818 records of 132 species, a major part of the Norwegian CHEGD fungi are shown to be strongly specific to semi-natural grasslands (Jordal et al. 2016). The CHEGD fungi are generally regarded as important indicators of semi-natural grassland quality (e.g. Nitare 1988, Griffith et al. 2013, Caboň et al. 2021). The nutrient strategies of the CHEGD fungi are not known, but some of them have been found in tissues of vascular plants, indicating a biotrophic relation (e.g. Halbwachs et al. 2018). Also, species from many other genera are found in semi-natural grasslands (e.g. *Agaricus*, *Clitocybe*, *Conocybe*, *Coprinus*, *Coprinellus*, *Coprinopsis*, *Cystoderma* s.l., *Galerina*, *Mycena*, *Panaeolus*, *Stropharia*; Knudsen & Vesterholt 2012), but less is known about their dependence on this nature type.

DNA barcoding of fruit bodies has revealed a reasonably larger diversity of CHEGD fungi than previously thought. Clavariaceae have been poorly studied in Norway, and can potentially contain many new species to the country known from other parts of Europe (e.g. Kautmanova et al. 2012, Olariaga et al. 2015). In *Hygrocybe* sensu lato recent studies in Norway and Sweden have resulted in a couple of new species (Jordal & Larsson 2021, Crous et al. 2021), but unpublished preliminary results indicate that this group contains tens of undescribed species (Lodge et al. 2013, Ellen Larsson, pers. comm.). The Norwegian *Entoloma* project 2014-2017 resulted in descriptions of many new species (e.g. Brandrud et al. 2020, Dima et al. 2021). But still we know about 60 undescribed *Entoloma* taxa from Norway which have to be recollected and studied more thoroughly before they can be formally described (Bálint Dima, pers. comm.). Geoglossaceae and *Microglossum* have been poorly studied in Norway, but we know from other parts of Europe that there are many species not yet documented in Norway (Arauzo & Iglesias 2014, Fedosova et al. 2018). In *Dermoloma* three species are known to Norway, while a recent paper has recognized 25 species in Europe (Sánchez-García et al. 2021). Some of these new species could potentially occur in Norway.

Similar results are obtained by analyzing eDNA in soil samples from semi-natural grasslands: many unknown DNA sequences from CHEGD fungi and other groups are already found in Norway (own unpublished data collected by Olsen et al. 2021), Denmark (Frøslev et al. 2019), Wales (Griffith et al. 2019) and the Netherlands (Bálint Dima, pers. comm.), indicating a knowledge gap regarding grassland fungi.

Together, recent studies using both barcoding of fruit bodies and eDNA in soil samples suggest that there is a hidden diversity of semi-natural grassland fungi yet to be discovered, and that new species both to Norway and to science may be found among the CHEGD fungi, and also in several other groups.

d) **Methods**

Inspired by the Danish BIOWIDE project (Frøslev et al. 2019), the proposed project aims to survey fungal species diversity of semi-natural grasslands using 1) field surveys of fruit bodies followed by DNA barcoding and 2) soil sample collection, which will be subjected to eDNA metabarcoding analyses.

Field surveys of fruit bodies has been the traditional way of discovering new species, and has recently been improved by DNA barcoding. However, the production of fruit bodies is highly variable, both

temporally and between species, and the probability of detecting fruit bodies depends on both fruit body size, fruiting frequency, lifespan of the fruit bodies, and time spent on surveys. The use of eDNA from soil samples can therefore facilitate the discovery of new species. The advantage of fruit body surveys is the ability to find rare species in very localized areas that are not easily covered by soil sampling, whereas the use of eDNA can identify species that rarely or never produce visible fruit bodies. Once detected by eDNA, these species can eventually be detected as fruit bodies by repeated, targeted visits. In this project we will combine the two methods in order to optimize the discovery of hidden species diversity. For the fruit body surveys we will focus on the CHEGD fungi, but also identify species from other genera, with emphasis on Agaricales. The use of eDNA will identify a broad range of species including both Ascomycota and Basidiomycota. This method will therefore complement the fruit body survey by enabling us to find new species within most fungal groups.

Field survey of fruit bodies

Traditional field surveys of fruit bodies focusing mainly on CHEGD fungi will be conducted in a selection of semi-natural grasslands (see “Geographical areas and nature types”). These surveys will be performed by searching along parallel lines about 5 m apart throughout each site. Fruit bodies of potentially interesting species will be collected for DNA barcoding and/or herbarium deposition according to standards and procedures (photos, position by handheld GPS etc). Collections will be dried and studied morphologically under the microscope.

Soil sampling and eDNA analysis

Soil sampling for eDNA analysis will be conducted in the same grasslands as the field surveys. This is cost-effective, as field surveys and soil sampling can be carried out simultaneously, and will enable us to identify a much broader range of species than covered by the fruit body survey alone. Using the same sites also allows for comparison of the efficiency of the two methods in discovering rare and unknown fungal species. In addition the use of eDNA can identify grasslands that should be re-visited for fruit body collection, e.g. if unknown sequences/species are discovered.

Soil sampling for eDNA analyses in semi-natural grasslands has traditionally been done using a grid-based design, where soil samples are collected at regular intervals in a grid pattern (e.g. Frøslev et al. 2019, Griffith et al. 2019). However, in the monitoring of calcareous *Tilia* forest fungi a transect-based sampling regime was used (Brandrud et al. 2021). In order to make the soil sampling efficient, while at the same time covering as much as possible of small-scale variation in each grassland, we will use a combination of the grid-based and transect-based method, with sampling at regular intervals along clusters of perpendicular transects placed in suitable habitat within each grassland. Each cluster will consist of two 30 meter transects forming a cross, and soil samples will be collected every 5 meters along these transects. To avoid over-sampling small grasslands and under-sampling large grasslands, the number of transect clusters will depend on the grassland area. The soil sampling will be done using a soil corer, and all samples from each grassland will be mixed in one plastic bag. A sub-sample from this bag will be used for eDNA analysis.

In the first year of the project we will test different soil sampling and storage regimes in order to optimize sampling efficiency. For ten selected grasslands we will test two sampling regimes: the standard regime with samples collected every 5 meters along the transects, and one less intensive

regime with samples collected every 10 meters along the transects. This will allow us to test how many samples we need per transect cluster to capture most of the diversity in a grassland. Further, as keeping samples frozen during field campaigns can be challenging, we will test two different ways to store the samples: frozen and dried on silica gel. This will be done by sub-sampling soil samples from three selected grasslands. The results of the method development in the first year will be important for efficient soil sampling in the last two years of the project and thereby facilitate the discovery of new species and make it more cost-effective.

A recent test of different sampling regimes and DNA extraction methods for eDNA metabarcoding of soil (Olsen et al. 2021) revealed some variation in species diversity, but not ecological patterns, depending on the choice of method. In this project we will utilize the “kit” method (Olsen et al. 2021) for DNA extraction using a commercial soil-kit (MP FastSpin kit for soil, 50mL). This involves homogenization of the soil sample using bead beating and extraction of DNA in large 50 mL tubes, allowing for inclusion of up to 30 gram of soil in each analysis. We will also use the same genetic marker (fITS7/ITS4, Ihrmark et al. 2012) for fungi and library-prep setup for DNA metabarcoding as described in Olsen et al. (2021). The library will be sequenced on an Illumina NovaSeq machine rather than an Illumina MiSeq machine, as the results from our test revealed a deficiency of DNA sequences for some samples using MiSeq, and hence a reduced potential for detecting rare species. Identification of species will be done using publicly available reference databases. In addition our international expert partners (see Organization and collaboration) will contribute reference sequences for unpublished species.

e) Geographical areas and habitat types

Field surveys and soil sampling will be done for a selection of open and intact semi-natural grasslands based on available data in “Naturbase” (Norwegian Environment Authority 2021). From a list of about 2000 localities with high conservational value we will select approximately 70 to include in the project. The site selection will ensure that the sampling covers grasslands of varying size in different vegetation zones and sections (*sensu* Moen 1999) in all regions of Norway, i.e. including the gradients from strongly oceanic to continental, and from hemiboreal to northern boreal/low alpine. We will also select sites covering the gradient from acidic to calcareous and from moist to dry, i.e. many of the grassland types described by Halvorsen et al. (2016) except the forested ones. To improve field work logistics, we will try to sample sites in the same geographical region (Western Norway, Eastern Norway, Northern Norway) in the same year. Bad seasons for fruit bodies (dry weather etc.) can, however, make it necessary to change these plans.

f) Competence

The proposed project will strengthen the taxonomic expertise in Norway in four ways: 1) by knowledge transfer from established to younger taxonomists during field surveys, 2) by collaboration with international experts on different fungal groups, with a goal of common publications on new species to Norway and new species to science (see Organization and collaboration), 3) by organizing targeted workshops on semi-natural grassland fungi open for both professionals and amateurs (see Communication), and 4) by public dissemination to a wider audience (see Communication). In addition we will try to recruit master students to do their master thesis work within the framework of the project, thereby contributing to the taxonomic expertise of a new generation of mycologists.

4. PROJECT PLAN, ORGANIZATION AND COLLABORATION

a) Organization and collaboration

Project period: 01.04.2022-01.04.2025

Progress plan:

Main activities and milestones		
2022	From month, year	To month, year
Project start	April, 2022	
Plan field work	April, 2022	June, 2022
Field work	September, 2022	
Progress report	September, 2022	
Microscopy	September, 2022	December, 2022
Preparation of barcoding material	September, 2022	December, 2022
2023		
eDNA lab work	January, 2023	February, 2023
Bioinformatics and statistical	February, 2023	March, 2023
Interpretation of sequences	February, 2023	March, 2023
Publications, outreach	January, 2023	December, 2023
Plan field work	April, 2023	June, 2023
Field work	September, 2023	
Workshop	September, 2023	
Progress report	September, 2023	
Microscopy	September, 2023	December, 2023
Preparation of barcoding material	September, 2023	December, 2023
2024		
eDNA lab work	January, 2024	February, 2024
Bioinformatics	February, 2024	March, 2024
Interpretation of sequences	February, 2024	March, 2024
Publications, outreach	January, 2024	December, 2024

Plan field work	April, 2024	June, 2024
Field work	September, 2024	
Workshop	September, 2024	
Progress report	September, 2024	
Microscopy	September, 2024	December, 2024
Preparation of barcoding material	September, 2024	December, 2024
2025		
eDNA lab work	January, 2025	February, 2025
Bioinformatics	February, 2025	March, 2025
Interpretation of sequences	February, 2025	March, 2025
Publications, outreach	January, 2025	April, 2025
Final report	March, 2025	April, 2025

Partners and collaboration

The core project group will consist of researchers from the Norwegian University of Life Sciences (NMBU), Miljøfaglig Utredning (MFU) and the Norwegian Institute for Nature Research (NINA). **Siri Lie Olsen** (NMBU/NINA) will be the administrative leader of the project. She was PI of a project financed by the Norwegian Environment Agency on the use of new technologies for biodiversity surveys, including analyses of eDNA in soil samples (Olsen et al. 2021). She has also been PI of projects on biodiversity hotspots for native and invasive species of different species groups, including fungi (Olsen et al. 2020, 2018, 2017). **John Bjarne Jordal** (MFU) will lead the field surveys mainly in collaboration with MFU colleagues. He has 30 years of experience with fungi in semi-natural grasslands, has participated in the Norwegian *Entoloma* project 2014-2017, and described eight grassland fungi new to science together with colleagues. He has also participated in assessments for the Norwegian Red List of fungi 1996-2021, and the Global Red List 2019-2021. **Tor Erik Brandrud** (NINA) has been PI of three species projects on different fungal groups: on *Cortinarius*, *Entoloma*, and *Inocybe-Conocybe* (ongoing). He has also participated in a species project on *Ramaria*. He will contribute expert knowledge on several grassland groups of fungi, especially *Entoloma* (e.g. Brandrud et al. 2020), and field surveys in calcareous grasslands in SE Norway. **Frode Fossøy** and **Marie Davey** (NINA) will lead the eDNA analysis, including lab work and bioinformatics. Fossøy is a senior scientist and geneticist with a broad background in molecular ecology and biodiversity research. His expertise in this project lies in developing genetic tools for applied science and management authorities with a strong emphasis on eDNA. He heads the eDNA research at NINA and has developed state-of-the-art eDNA sampling methodology and analyses for monitoring of biodiversity. Davey was PI of the species project BryoFungi on fungi associated with bryophytes. She has over 10 years of experience in the collection, bioinformatic processing, and analysis of fungal metabarcoding data.

The **genetic laboratory at NINA** is world-leading in applied conservation genetics, and provides national monitoring data on insect diversity, genetic interbreeding between wild and farmed salmon, population estimates of large carnivores and detection of invasive and red-listed species for the Norwegian management authorities. With more than 5 years of experience in using metabarcoding techniques to inventory plant, fungal, microbial, nematode, earthworm, insect, bivalve, amphibian, and fish populations, the NINA laboratory has well established, thoroughly tested protocols for fungal metabarcoding of soil samples.

To facilitate identification of the species we find, we will collaborate with leading European experts on different grassland fungi groups. **Ellen Larsson** is associate professor and senior curator of fungi, University of Gothenburg. She has worked with *Cuphophyllus* and other grassland fungal groups, and collaborated with J.B. Jordal on the publishing of two new *Cuphophyllus* species. **Ivona Kautmanova**, PhD, head of the Botanical department of the Slovak National Museum - Natural History Museum (Bratislava) is an expert of Clavariaceae and will contribute to our work with this group. **Bálint Dima**, PhD, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, is a phylogeneticist and expert of different Agaricales groups. He has participated in the Norwegian *Entoloma* project 2014-2017, and described more than 20 new *Entoloma* species together with colleagues (some of them together with T.E. Brandrud and/or J.B. Jordal). He will contribute to our work with e.g. *Entoloma*, *Dermoloma* and other groups. See enclosed confirmations on collaboration from Larsson, Kautmanova and Dima. During the project we will also establish and maintain contact with experts on other fungal groups as needed.

Budget: See separate document.

b) Synergies

The project will provide useful synergies with previous and existing projects of the Norwegian Taxonomy Initiative, especially the ongoing *Inocybe/Conocybe* project, as species from these genera can be found in semi-natural grasslands. The previous Norwegian *Entoloma* project 2014-2017 generated thousands of sequences from more than 230 OTUs, of which more than 60 species are still not identified or described, partly because too little material has been available until now. An outcome of this project was a European working group on *Entoloma* with different experts still working together. As many of these unknown species were found in grasslands, this project can make it possible to go further with the description of new species from this complex and species rich genus. Moreover, the Norwegian Environment Agency has shown interest in using eDNA for biodiversity surveying (see e.g. Olsen et al. 2021), and the proposed project will demonstrate how the use of eDNA can complement traditional fruit body surveys in mapping fungal diversity in a threatened nature type.

5. TERMS

a) Communication

The results of the project will be communicated to both the scientific community and the broader public. New species to Norway will be published in e.g. the Norwegian mycological journal *Agarica*. New species to science will be published in international scientific journals, and can also be presented in national media like forskning.no. The final project report will be included in an

institutional report series and thereby publicly available. This report will contain a list of all taxa recorded throughout the project period, including all taxa barcoded. Popular scientific results will be presented to professionals and amateurs through the Norwegian Association for Mycology and Foraging (NSNF), both at their annual symposium “Vintersopptreffet” and through an article in their member journal “Sopp og nyttevekster”. Social media (e.g. existing institution Instagram and Facebook accounts) will be used to reach a broader public.

NSNF has recently given priority to the organizing of specialized workshops for field identification of “difficult” species groups, e.g. as part of the ongoing *Inocybe/Conocybe* project. We therefore aim to collaborate with NSNF to organize two 3-day workshops in fungal species diversity of semi-natural grasslands led by J.B. Jordal. The workshops will be open for everyone and focus on increasing the knowledge of grassland fungi in Norway among both professionals and amateurs.

b) DNA barcoding

We aim to barcode ca. 200 fruit body collections per year, i.e. ca. 600 specimens in total throughout the project period. The collections for barcoding will be selected among insufficiently known groups, with the goal to discover new species to Norway and to science. Barcoding of collected fruit bodies will be performed in collaboration with and according to the standards of NorBOL (see enclosed confirmation of collaboration). Each barcoded collection will be accompanied by ID, photo and collection data according to NorBOL’s standards, and deposited in the fungarium of Oslo (NHM, see below).

c) Reference material

We aim to collect 150-300 fungal collections per year, i.e. 450-900 collections in total throughout the project period. The collections will be selected among insufficiently known groups (see above) and rare species with poor documentation from Norway. All specimens will be deposited at the Mycological Herbarium at the Natural History Museum (NHM), University of Oslo in collaboration with Mika Bendiksby in accordance with the requirements of NHM (see enclosed confirmation of collaboration). All collected fruit bodies will be photographed in the field.

Remaining soil and DNA extracts will be stored at the genetic laboratory at NINA Trondheim after analysis. Soil samples will be stored at -20°C and DNA extracts at -80°C.

d) Other information

Information on all species recorded by fruit body surveys will be made publicly available through the Species Map Service (Norwegian Biodiversity Information Centre, GBIF, 2021), including the NiN nature type they were found in.

The DNA metabarcoding will generate large species lists that we will make publicly available. Species occurrence data will be presented on NINAs IPT-server from where the Norwegian Biodiversity Information Centre and GBIF automatically imports data. Raw sequencing data will be stored at ENA (European Nucleotide Archive).

References

- Arauzo S, Iglesias P, 2014. La familia Geoglossaceae ss. str. en la península Ibérica y la Macaronesia. *Errotari* 11: 166-259.
- Boertmann D, 2010. The genus *Hygrocybe*. 2nd revised edition. *Fungi of Northern Europe* 1. Danish Mycological Society. 200 pp.
- Brandrud TE, Bendiksen E, Jordal JB, Weholt Ø, Dima B, Morozova O, Noordeloos ME, 2020. On some new or little known *Entoloma* species (Tricholomatinae, Basidiomycota) from Norway. *Agarica* 39: 31-52.
- Brandrud TE, Brandrud MK, Dima B, Eng S, Kauserud H, Thoen E, 2021. Nasjonal overvåking av kalklindeskog og kalklindeskogsopper. Resultater fra pilotstudie med miljø-DNA fra jordprøver, samt fruktlegemere registrering andre overvåkingsomløp (år 2020). NINA Rapport 2013. Norsk institutt for naturforskning.
- Caboň M, Galvánek D, Detheridge AP, Griffith GW, Marákova S, Adamčík S, 2021. Mulching has negative impact on fungal and plant diversity in Slovak oligotrophic grasslands. *Basic and Applied Ecology* 52: 24-37.
- Crous PW, Cowan DA, Maggs-Kölling, et al. 2021. Fungal Planet description sheets: 1182–1283. *Persoonia* 46: 313-528.
- Dima B, Brandrud TE, Corriol G, Jansen GM, Jordal JB, Khalid AN, Larsson E, Lorås J, Morozova OV, Naseer A, Noordeloos ME, Rossi W, Santamaria S, Sarwar S, Sesli E, Usman M, Afshan NS, Ahmad I, Banerjee A, Banerjee K, Bendiksen E, Colombo DRS, De Kesel A, Dovana F, Ferisin G, Hussain S, Islam S, Jesus AL, Kaygusuz O, Krisai-Greilhuber I, Mahammad S, Mishra DK, Nath PS, da Paixão SCO, Panja B, Papp V, Pires-Zottarelli CLA, Radnóti Á, Rana D, Saha R, Türkecul I, Haelewaters D, 2021. Fungal Systematics and Evolution: FUSE 7. *Sydowia* 73: 271-339.
- Fedosova AG, Popov ES, Lizoň P, Kučera V, 2018. Towards an understanding of the genus *Glutinoglossum* with emphasis on the *Glutinoglossum glutinosum* species complex (Geoglossaceae, Ascomycota). *Persoonia* 41: 18-38.
- Frøslev TG, Kjøller R, Bruun HH, Ejrnæs R, Hansen AJ, Læssøe T, Heilmann-Clausen J, 2019. Man against machine: Do fungal fruitbodies and eDNA give similar biodiversity assessments across broad environmental gradients? *Biological Conservation* 233: 201-212.
- Griffith GW, Gamarra JGP, Holden EM, Mitchel D, Graham A, Evans DA, Evans SE, Aron C, Noordeloos ME, Kirk PM, Smith SLN, Woods RG, Hale AD, Easton GL, Ratkowsky DA, Stevens DP, Halbwachs H, 2013. The international conservation importance of Welsh 'waxcap' grasslands. *Mycosphere* 4: 969-984.
- Griffith GW, Cavalli O, Detheridge AP, 2019. An assessment of the fungal conservation value of Hardcastle Crags (Hebden Bridge, West Yorkshire) using NextGen DNA sequencing of soil samples. Natural England Commissioned Reports, Number 258.

Halbwachs H, Easton GL, Bol R, Hobbie EA, Garnett MH, Peršoh D, Dixon L, Ostle N, Karasch P, Griffith GW, 2018. Isotopic evidence of biotrophy and unusual nitrogen nutrition in soil-dwelling Hygrophoraceae. *Environmental Microbiology* 20: 3573-3588.

Halvorsen R, medarbeidere og samarbeidspartnere, 2016. NiN – typeinndeling og beskrivelsessystem for natursystemnivået. *Natur i Norge, Artikkel 3 (versjon 2.1.0)*. Pp. 1–528. Artsdatabanken, Trondheim.
[https://www.artsdatabanken.no/Files/14539/Artikkel_3_Natursystemniv_ett_typeinndeling_og_beskrivelsessystem_\(versjon_2.1.0\).pdf](https://www.artsdatabanken.no/Files/14539/Artikkel_3_Natursystemniv_ett_typeinndeling_og_beskrivelsessystem_(versjon_2.1.0).pdf)

Ihrmark K, Bödeker ITM, Cruz-Martinez K, Friberg H, Kubartova A, Schenck J, Strid Y, Stenlid J, Brandström-Durling M, Clemmensen KE, Lindahl B, 2012. New primers to amplify the fungal ITS2 region – evaluation by 454-sequencing of artificial and natural communities. *FEMS Microbiology Ecology* 82: 666-677.

Janssen JAM, Rodwell JS, García Criado M, Gubbay S, Haynes T, Nieto A, Sanders N, Landucci F, Loidi J, Ssymank A, Tahvanainen T, Valderrabano M, Acosta A, Aronsson M, Arts G, Attorre F, Bergmeier E, Bijlsma R-J, Bioret F, Biță-Nicolae C, Biurrun I, Calix M, Capelo J, Čarni A, Poulos P, Essl F, Gardf Chytrý M, Dengler J, Dimojell H, Gigante D, Giusso del Galdo G, Hájek M, Jansen F, Jansen J, Kapfer J, Mickolajczak A, Molina JA, Molnár Z, Paternoster D, Piernik A, Poulin B, Renaux B, Schaminée, JHJ, Šumberová K, Toivonen H, Tonteri T, Tsiripidis I, Tzonev R, Valachovič M, 2016. European Red List of Habitats. Part 2. Terrestrial and freshwater habitats. European Union, Luxembourg.

Jordal JB, Larsson E, 2021. *Cuphophyllus atlanticus* (Hygrophoraceae, Agaricales) — a new sister species to the North American *C. canescens*. *Agarica* 42:39-48.

Jordal, JB, Evju M, Gaarder G, 2016. Habitat specificity of selected grassland fungi in Norway. *Agarica* 37: 5-32.

Kautmanová I, Tomšovský M, Dueñas M, Martín MP, 2012. European species of *Clavaria* (Agaricales, Agaricomycetes) with dark basidiomata - a morphological and molecular study. *Persoonia* 29: 133-145.

Knudsen H, Vesterholt J (eds), 2012. *Funga Nordica*, 2nd edition. Nordsvamp, Copenhagen, 2. vols, 1083 pp.

Lodge DJ, Padamsee M, Matheny PB, Aime MC, Cantrell SA, Boertmann D, Kovalenko A, Vizzimiljødirektoratet A, Dentinger BTM, Kirk PM, Ainsworth AM, Moncalvo J-M, Vilgalys R, Larsson E, Lücking R, Griffith GW, Smith ME, Norvell LL, Desjardin DE, Redhead SA, Ovrebo CL, Lickey EB, Ercole E, Hughes KW, Courtecuisse R, Young A, Binder M, Minnis AM, Lindner DL, Ortiz-Santana B, Haight J, Læssøe T, Baroni TJ, Geml J, Hattori T, 2013. Molecular phylogeny, morphology, pigment chemistry and ecology in Hygrophoraceae (Agaricales). *Fungal Diversity* 64: 1-99.

Norwegian Environment Authority 2021. Naturbase.
<https://geocortex01.miljodirektoratet.no/Html5Viewer/?viewer=naturbase>

Moen A, 1999. National Atlas of Norway: Vegetation. Norwegian Mapping Authority, Hønefoss. 200 pp.

Newton AC, Davy LM, Holden E, Silverside A, Watling R, Ward SD, 2003. Status, distribution and definition of mycologically important grasslands in Scotland. *Biological Conservation* 111: 11-23.

Nitare J, 1988. Jordtungor, en svampgrupp på tilbakegang i naturlige fodermarker. *Svensk Botanisk Tidskrift* 82: 341-368.

Norwegian Biodiversity Information Centre 2018. Norsk rødliste for naturtyper 2018 [the Norwegian Red List for Nature Types]. <https://www.artsdatabanken.no/rodlistefornaturtyper>

Norwegian Biodiversity Information Centre, GBIF, 2021. Species Map Service (Artskart). <http://artskart.artsdatabanken.no/FaneArtSok.aspx>

Olariaga I, Salcedo I, Daniëls PP, Spooner B, Kautmanová I, 2015. Taxonomy and phylogeny of yellow *Clavaria* species with clamped basidia - *Clavaria flavostellifera* sp. nov. and the typification of *C. argillacea*, *C. flavipes* and *C. sphagnicola*. *Mycologia* 107: 104-122.

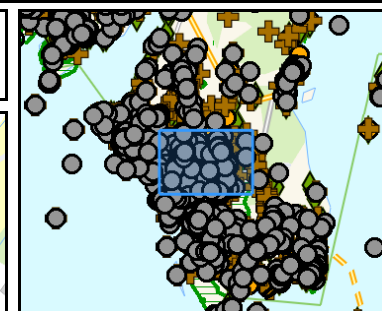
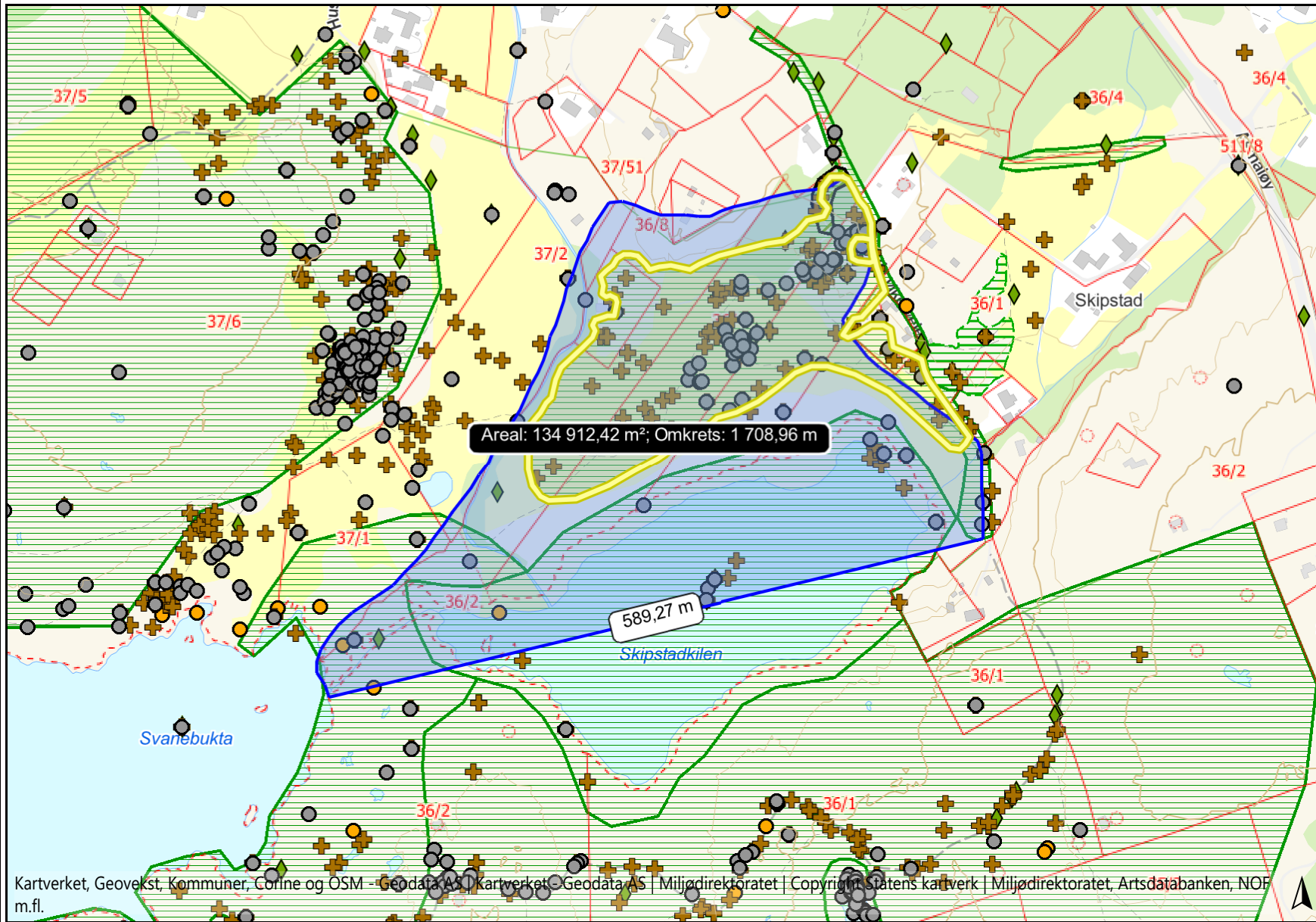
Olsen SL, Bartlett J, Davey ML, Fossøy F, Linnell JD, Nordén J, Odden J, Sandercock B, Thorsen NH, 2021. Kartlegging og overvåking av biologisk mangfold med ny teknologi: miljø-DNA og kamerafeller. NINA rapport 1962. Norsk institutt for naturforskning.

Olsen SL, Hedger RD, Hendrichsen D, Dillinger B, 2020. Geografisk utbredelse av truede insekter og edderkoppdyr, sopp, lav og moser: modellering av hotspots. NINA Rapport 1727. Norsk institutt for naturforskning.

Olsen SL, Hedger RD, Nowell M, Hendrichsen D, Evju M, 2018. Geografisk utbredelse av truede karplanter i Norge: modellering av hotspots. NINA Rapport 1572. Norsk institutt for naturforskning.

Olsen SL, Åström J, Hendrichsen D, Bjerke JW, Błaalid R, Töpper J, Bakkestuen V, 2017. Fremmede karplanter i Norge: modellering av introduksjonsområder og nåværende utbredelse. NINA Rapport 1393. Norsk institutt for naturforskning.

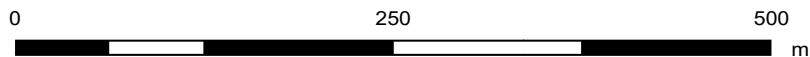
Sánchez-García M, Adamčíková K, Moreau PA, Vizzini A, Jančovičová S, Kiran M, Caboň M, Brandon Matheny P, Adamčík S, 2021. The genus *Dermoloma* is more diverse than expected and forms a monophyletic lineage in the Tricholomataceae. *Mycological Progress* 20: 11-25.



Tegnforklaring

- artnasjonal2
 - Alle arter av særlig stor forv.int, punkt
 -
 - Nær trua arter, punkt
 - +
 - Ansvarsarter, punkt
 -
 - Fremmede arter, punkt
 -
 - Fremmede arter, område
 - ◊
- GeomapMatrikkelEier
 - DekTeigFlate
 -
- naturtyper_hb13
 - naturtyper_hb13_alle
 - ▨ Svært viktig og viktig
 - ▨ Svært viktig og viktig
 - ▨ Lokalt viktig

Kartverket, Geovekst, Kommuner, Corine og OSM - Geodata AS | Kartverket - Geodata AS | Miljødirektoratet | Copyright Statens kartverk | Miljødirektoratet, Artsdatabanken, NOF m.fl.



Kartgrunnlag: Kartverket, Geovekst og kommuner.

Kartproduksjon: Statsforvalteren

Kommentarer:

Naturtyper og arter

Naturtyper

Utskriftsdato: 29.06.2022

Nordsiden av Skipstadkilen

ID	BN00056913
Naturtype	Naturbeitemark
Utforming	Rik beiteeng
Verdi	Svært viktig
Utvalgt naturtype	-
Registreringsdato	22.09.2011
Hevdstatus	-
Forvaltningsplan	Nei
Forvaltningsavtal e	Nei
Forvaltningsavtal e Inngått	-
Forvaltningsavtal	-

e utløper

Verdi begrunnelse Stor og artsrik lokalitet med en rekke interessante arter, men mangelfull hevd og klare tegn til gjengroing. Basert på faktaark fra desember 2014 får lokaliteten følgende vektete egenskaper - størrelse: høy, rødlistearter (pr. 2015): høy, artsmangfold: høy (32 diagnostiske plantearter registrert, jf. liste pr. des. 2014), tilstand: høy til middels, og påvirkning: lav. Lokaliteten får dermed verdi A (svært viktig).

Innledning Beskrivelsen er basert på Naturbase (registrering fra 2000 og muligens 2007, feltundersøkelser av flere personer), og revidert av John Bjarne Jordal 14.11.2016 på oppdrag av Miljødirektoratet, basert på feltarbeid av Harald Bratli 05.-06.09.2011 og eget feltarbeid sammen med Harald Bratli 22.09.2011 (ARKO-prosjektet, jf. Artskart). Avgrensinga er betydelig endret.

Beliggenhet og naturgrunnlag Lokaliteten ligger på nordsiden av Skipstadkilen på Asmaløy i Hvaler. Den grenser til vei, strandeng, buskmark, hyttetomter og nakne berg. Berggrunnen er iddefjordsgranitt (<http://geo.ngu.no/kart/berggrunn/>). Løsmassene består av marine avsetninger. Lokaliteten ligger i boreonemoral vegetasjonssone (BN) og dessuten i klart oseanisk vegetasjonsseksjone (O2).

Naturtyper og utforminger Naturtypen regnes som naturbeitemark (tilhører kulturmarkseng som er VU på rødlista for naturtyper 2011), men mindre partier er slått i senere tid grunnet mangel på beitedyr. Delnaturtype er rik beiteeng. Det er her og der noe einer, osp, selje, bjørk, furu, hengebjørk, rogn og kjøtttype. Feltskiktet er dominert av engkvein, enghavre, røsslyng, blodstorkenebb, sauesvingel,

rødsvingel, tiriltunge, gjeldkarve, ryllik, bergørkvein, gulmaure, sandstarr, smalkjempe og stedvis også takrør.

Artsmangfold

Av planter er det bl.a. funnet bakkestarr, bakkestjerne, bergskrinneblom, bitterbergknapp, blåklokke, dunhavre, engfiol, enghavre, engknoppurt, engnellik, engtjæreblom, fagerknoppurt, flatrapp, flekkgrisøre, flerårsknavel, gjeldkarve, gulaks, gulmaure, hvitmaure, hårsveve, kattedot, kjerteløyentrøst, knegras, krusfrø (NT), legeveronika, markfrytle, nikkesmelle (NT), prikkperikum, rundbelg, rødknapp, sandarve, sauesvingel, smalkjempe, småengkall, småsmelle, sølvmure og tiriltunge, ellers blodstorkenebb, fredløs, geitved, gul frøstjerne, harekløver, kanelrose, korsknapp, markmalurt, sandstarr, slåpetorn, sverdlilje og tranehals. Av beitemarkssopp er det funnet beiterødspore, belterødspore, blektuppet småkøllesopp, blårandrødspore, brunfnokket vokssopp, dynetunge (NT), engvokssopp, *Entoloma atrocoeruleum* (NT), *Entoloma longistriatum*, grønn vokssopp, gul småfingersopp, hetterødspore, honningvokssopp, hvit småfingersopp, *Hygrocybe virginea* var. *ochraceopallida*, kalkvokssopp (VU), kantarellvokssopp, kjeglevokssopp, kritt vokssopp, liten vokssopp, lutvokssopp (NT), mønjevokssopp, mørkskjellet vokssopp (VU), mørktannet rødspore, rosagrå grynmusserong (VU), russelærvokssopp (NT), rødgul småkøllesopp, seig vokssopp, silkerødspore, skjør vokssopp, spiss vokssopp, svartblå rødspore (NT), svartdugget vokssopp, svartlodnetunge, tjærerødspore, tuet køllesopp, tyrkerrødspore (NT), vorterødspore og vrangjordtunge (VU), ellers sandrøysopp, brunkanthette, løksopp og navlevæpnerhatt. Det er også registrert flere interessante insekter i området (jf. Artskart).

Påvirkning

Tidligere slått og beiting. Lokaliteten var ved

undersøkelsestidpunktet ikke beitet og mindre partier var slått, og med klare tegn til gjengroing. Lokaliteten er trolig ikke gjødslet i senere tid, men kan ha vært litt gjødslet tidligere.

Fremmede arter

Av arter på svartelista (2012) fantes rynkerose, hagerips og sprikemispel (alle SE - svært høy risiko), dessuten klustersvineblom og hundekjeks (begge HI - høy risiko).

Råd om skjøtsel og hensyn

Skjøtsel og hensyn: Det er ønskelig med fortsatt beiting. Lokaliteten bør ikke gjødsles eller jordarbeides.

Landskap

Lokaliteten er en del av et landskap med enkelte naturbeitemarker, og kan i noen grad sies å være en del av et helhetlig landskap.

Areal fra kartobjekt (daa)

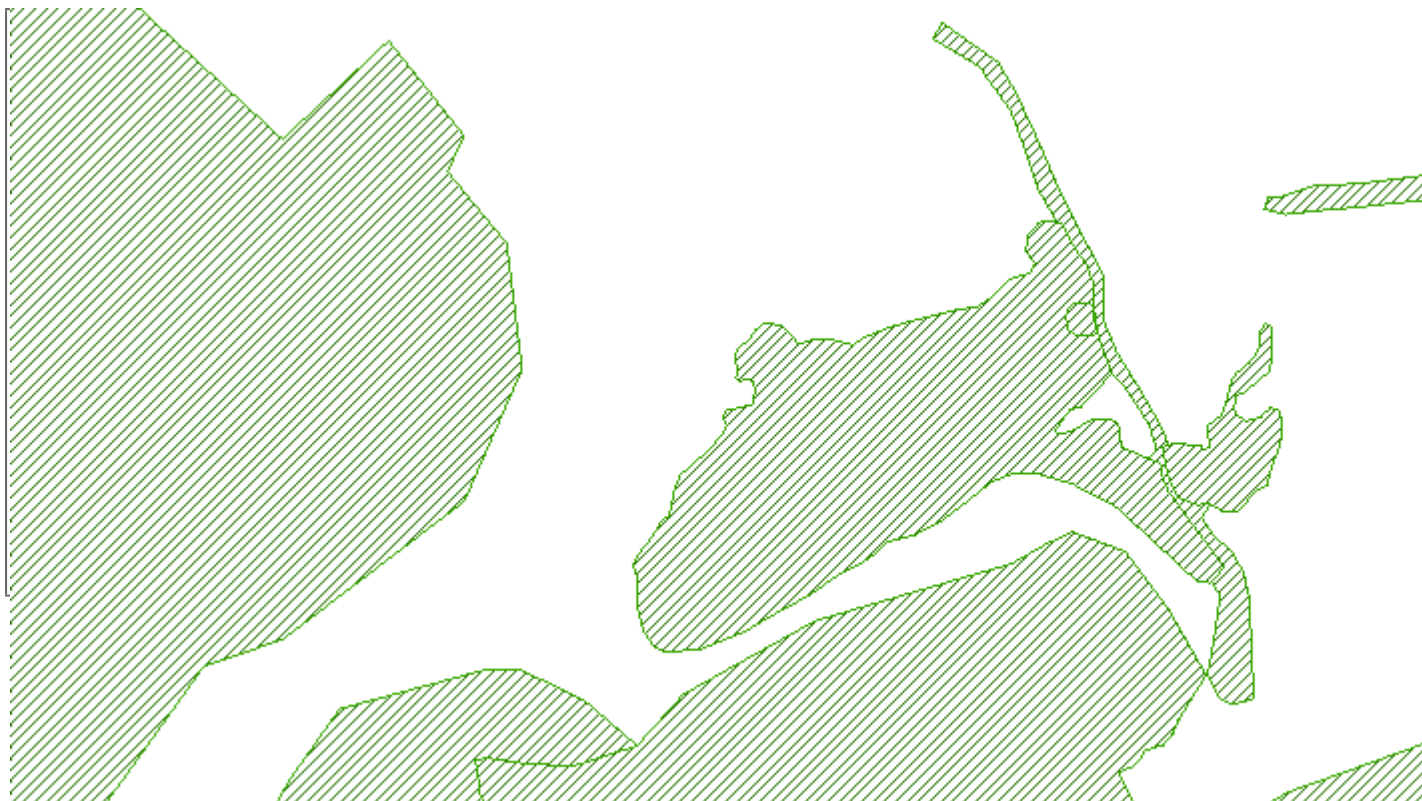
46,3

Kommuner

3011 (Hvaler)

Kilder

Bratli, H. & Jordal, J.B.



+Zoom inn

–Zoom ut