

Norges miljø- og
biovitenskapelige
universitet

Masteroppgave 2025 30 stp

Fakultet for miljøvitenskap og naturforvaltning (MINA)

Almesyke i spredning: Nye smitteområder i Norge og mulig utbredelse av vektorarter i slekten *Scolytus*

Spread of dutch elm disease: New infection areas in Norway and potential distribution of vector species in the genus *Scolytus*

Ole Jakob Bae Næss

Forord

Med dens komplekse samspill mellom sopp, insekter og trær, har almesyke fascinert meg siden jeg først hørte om den en gang i bachelorløpet mitt. Nettopp fordi sykdommen involverer så mange parter har det vært spennende, men også utfordrende, å skrive om den. Heldigvis har jeg hatt mange dyktige og fine folk rundt meg gjennom hele arbeidsprosessen.

Først og fremst vil jeg takke mine veiledere for nyttige innspill og grundige gjennomlesninger av oppgaven min. Takk til min hovedveileder, Paal Krokene, for hyggelige ukentlige møter og god oppfølging, og takk til Isabella Børja som har hjulpet meg gjennom felt- og labarbeidet, og til Jostein Gohli som har gitt meg helt nødvendig veiledning på modelleringsbiten av oppgaven min.

En stor takk til Liina Jürisoo som reiste med meg i felt. Under vår lille «norgesferie» på Vest- og Sørlandet ga du meg masse motivasjon og praktisk erfaring – tusen takk!

Det hadde heller ikke vært noen særlig datainnsamling uten arboristene Nils Håvard Stokke og Sigurd Sondre Huvestad som begge gjorde en formidabel innsats med å finne smittede trær. Sistnevnte disponerte hele tre dager av sin fritid for å henge med oss i felt. Denne innsatsen har vært uvurderlig, og jeg vil rette en stor takk til dere begge.

Takk til forskningsingeniør Sigrun Kolstad for et hyggelig og godt samarbeid i lab, og til seniorrådgiver Torstein Kvamme som artsbestemte billeprøvene mine. I tillegg vil jeg takke Jeroen Scheepmaker for trivelige turer i NMBU-parken. Jeg håper vaksinasjonsdataene som vi samlet inn, men som aldri ble brukt i denne oppgaven, kan komme til nytte ved en annen anledning.

Jeg vil også takke faren min, Jan Chr. Næss som har lest oppgaven min og kommet med gode språklige innspill. Helt til slutt ønsker jeg å rette en stor takk til Solveig Gjerdåker som alltid er der for meg, med både emosjonell og faglig støtte.

Norges miljø- og biovitenskapelige universitet

Ås, 15. mai 2025

Ole Jakob Bae Næss

Sammendrag

Almesyke er en alvorlig tresykdom som har hatt dramatiske konsekvenser for alm i Europa og Nord-Amerika. Den dødelige sykdommen, som forårsakes av soppene *Ophostomia ulmi* og *Ophiostoma novo-ulmi*, spres av barkbillevektorer i slekten *Scolytus*. I Norge, hvor det kun er registrert én *Scolytus*-art som sprer smitte (*Scolytus laevis*), har man inntil nylig trodd at sykdommen er begrenset til Østlandet. Likevel er det mye som tyder på at sykdommen nå øker i utbredelse, og i 2020 til 2023 er det blitt bekreftet smitte på enkelttrær i nye områder på Vest- og Sørlandet. Formålet med denne studien er å øke kunnskapen om dagens, og fremtidens, smittesituasjon i Norge. Dette ble gjort ved å kartlegge nye smittetilfeller på Vest- og Sørlandet og ved å modellere utbredelsen til sentrale vektorarter i Europa.

Sommeren 2024 lette jeg etter alm med synlige symptomer og samlet greinprøver fra symptomatiske trær. Prøvene ble analysert for forekomst av almesyke ved hjelp av DNA-sekvensering. For å undersøke om nye smittetilfeller kan knyttes til tilstedeværelse av andre vektorarter enn den allerede kjente *S. laevis*, samlet jeg også biller under barken på symptomatiske trær. Videre modellerte jeg mulig geografisk utbredelse i Norge og resten av Europa av *S. laevis* og fire andre *Scolytus*-arter som finnes i Europa. Modellene ble kjørt med både historiske klimadata og ulike klimaprojeksjoner fram til 2100.

Kartleggingen viste at almesyke allerede er godt etablert i nye smitteområder på Vest- og Sørlandet. Jeg fant *O. novo-ulmi* på 29 trær langs indre deler av Sognefjorden og på 17 trær på Sørlandet i kommunene Vennesla, Kristiansand, Arendal og Gjerstad. I tillegg fant jeg 22 biller, men ingen av disse var nye *Scolytus*-arter for Norge. Utbredelsesmodellene tydet på at det allerede i dag er egnede klimaforhold for *S. scolytus*, *S. multistriatus* og *S. triarmatus* på Østlandet, og for *S. pygmaeus* på Vestlandet. Framtidige klimaforhold vil trolig øke sannsynligheten for at disse fire artene kan forekomme i Norge. Sammenlagt vitner resultatene om at almesyken trolig utgjør en større trussel i Norge, enn det som har vært antatt.

Abstract

Dutch elm disease (DED) is a severe tree disease that has had dramatic consequences for elm trees in Europe and North America. The deadly disease, caused by the fungi *Ophostomia ulmi* and *Ophiostoma novo-ulmi*, is spread by bark beetle vectors in the genus *Scolytus*. In Norway, where only one *Scolytus* species known to spread the disease (*Scolytus laevis*) has been recorded, it was previously believed that the disease was limited to the Eastern region. However, there is much evidence suggesting that the disease is now expanding, and from 2020 to 2023, DED has been confirmed on individual trees in new areas in the western and southern parts of the country. The purpose of this study is to increase the knowledge about the current and future epidemic in Norway. This was done by mapping new cases in Western and Southern Norway and by modeling the distribution of key vector species in Europe.

In the summer of 2024, I searched for elm trees with visible symptoms and collected branch samples from symptomatic trees. The samples were analyzed for the presence of Dutch elm disease using DNA sequencing. To investigate whether new cases could be linked to the presence of vector species other than the already known *S. laevis*, I also collected beetles under the bark of symptomatic trees. Further, I modeled the potential geographic distribution in Norway and the rest of Europe for *S. laevis* and four other *Scolytus* species found in Europe. The models were run using both historical climate data and various climate projections until 2100.

The mapping showed that DED is already well established in new areas in Western and Southern Norway. I found *O. novo-ulmi* on 29 trees along the inner parts of the Sognefjord and on 17 trees in Southern Norway in the municipalities of Vennesla, Kristiansand, Arendal, and Gjerstad. In addition, I found 22 beetles, but none of these were new *Scolytus* species to Norway. The distribution models indicated that there are already suitable climate conditions for *S. scolytus*, *S. multistriatus*, and *S. triarmatus* in Eastern Norway, and for *S. pygmaeus* in Western Norway. Future climatic conditions will likely increase the probability of these four species occurring in Norway. Overall, the results suggest that Dutch elm disease likely poses a greater threat in Norway than previously assumed.

Innholdsfortegnelse

Forord	i
Sammendrag	ii
Abstract	iii
1 Innledning.....	6
1.1 Hva er almesyke?	6
1.2 Alm og almesyke i Norge.....	10
1.3 Mål og problemstillinger	12
2 Metode.....	13
2.1 Feltinnsamling av data og biologisk materiale.....	13
2.1.1 Innsamling og oppbevaring av greinprøver	14
2.1.2 Registrering av prøvetrær	15
2.1.3 Innsamling og artsbestemmelse av biller	15
2.1.4 Fotografering og analyse av større utbrudd.....	16
2.2 Isolering og DNA-barcoding av sopp i laboratoriet.....	16
2.2.1 Oppfølging av rensede kulturer.....	17
2.2.2 Dyrking av rene isolater på cellofan og DNA-ekstraksjon	19
2.2.3 Isolering av genomisk DNA.....	19
2.2.4 Klargjøring til DNA-sekvensering	20
2.3 Modellering av utbredelsen til almesykens vektorer.....	21
2.3.1 Den tilpassede modellen.....	22
2.3.2 Respons- og prediktorvariabler samt modellering i Rstudio.....	22
3 Resultater.....	25
3.1 Over hvor store områder har almesyken spredd seg?.....	25
3.2 Hvilke arter står for spredningen av almesyke?	28
3.3 Hvilke insektvektorer ble funnet på smittede trær?.....	28
3.4 Utbruddet ved Framfjorden	29
3.5 Modellering av utbredelse for vektorarter registrert i Nord-Europa	31
3.5.1 Potensiell utbredelse av <i>Scolytus laevis</i>	32
3.5.2 Potensiell utbredelse av <i>Scolytus multistriatus</i>	33
3.5.3 Potensiell utbredelse av <i>Scolytus scolytus</i>	34
3.5.4 Potensiell utbredelse av <i>Scolytus triarmatus</i>	35
3.5.5 Potensiell utbredelse av <i>Scolytus pygmaeus</i>	36

3.5.6	Total modellert utbredelse	37
4	Diskusjon.....	38
4.1	Spredningen av almesyke på Vest- og Sørlandet.....	38
4.2	Resultatene fra PCR-testing	39
4.3	Insektfunn.....	40
4.4	Utbredelsesmodellering av <i>Scolytus</i> -arter	41
5	Konklusjon	45
6	Referanseliste	46
	Vedlegg A: Detaljert informasjon for hver enkelt prøve	53
	Vedlegg B: ROC-kurver	58
	Vedlegg C: Registrerte forekomster av vektorartene	59

1 Innledning

Over hele verden står økosystemer i fare for å forsvinne eller gjennomgå radikale endringer som følge av menneskelig påvirkning (Steffen et al., 2007). Dette gjelder også verdens skoger, som dekker rundt 31 % av jordas landoverflate (FAO, 2020). Skogøkosystemer er avgjørende både som karbonlager og habitat for mye av verdens biologiske mangfold, men disse økosystemtjenestene settes under press av globale endringer, slik som endrede klimatiske forhold (Forzieri et al., 2022; Reich et al., 2022), intensivt arealbruk (Lawrence et al., 2022) og påfølgende endringer i arters naturlige utbredelsesområder (Peltzer et al., 2010). En viktig og underkommunisert trussel mot verdens skogøkosystemer er den økende forekomsten av sykdommer på trær. Klimaendringer (La Porta et al., 2008) og global handel (Brasier, 2008; Santini et al., 2013) bidrar til økt skadepotensial fra en rekke tresykdommer. Hvis man skal begrense skadeomfanget av disse sykdommene trenger man bedre oversikt over forekomsten og utbredelsen av patogenene som forårsaker dem.

1.1 Hva er almesyke?

Almesyke er en alvorlig tresykdom av ukjent opphav som forårsaker visning og avdøying hos ulike arter av alm (slekten *Ulmus*) (Gomdola et al., 2022). Etter at sykdommen først ble oppdaget i Europa for mer enn 100 år siden har den gjort betydelig økonomisk og økologisk skade; det er estimert at sykdommen har drept over 400 millioner almetrær i Europa og Nord-Amerika (Jernelöv, 2017, s. 170-171). Almesyke forårsakes av tre ulike sekksporesopper i *Ophiostoma*-slekten (orden Ophiostomatales) (De Beer et al., 2022): *Ophiostoma ulmi*, *Ophiostoma novo-ulmi*, og den endemiske *Ophiostoma himal-ulmi* i Himalaya.

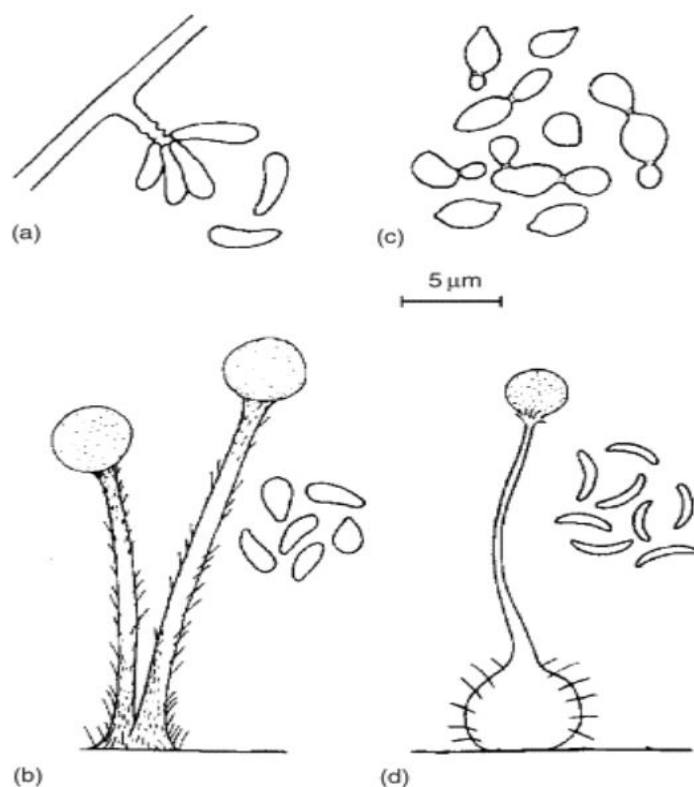
Det er tegn som tyder på at almesyke har vært til stede i Europa allerede siden 1912 (Holmes, 1990), men soppen som forårsaker sykdommen ble først isolert og beskrevet i 1922 av den nederlandske PhD-studenten Marie Beatrice Schwartz. Soppen ble isolert fra parktrær i Rotterdam og beskrevet som en ny art under navnet *Graphium ulmi* (i dag heter den *Ophiostoma ulmi*) (Faasse, 2008, s. 106-110; Holmes, 1990).

Mens *O. ulmi* ble beskrevet i Nederland hadde sykdommen rukket å spre seg til flere europeiske og vest-asiatiske land, og i 1930-årene nådde den USA hvor den raskt etablerte seg flere steder (Brasier, 2009; Clinton & McCormick, 1936; Karnosky, 1979). I motsetning til i Nord-Amerika, ble det utover 1930-tallet observert en markant nedgang i antallet nye tilfeller av almesyke i Europa. Smittenivået holdt seg lavt frem til det på 1960-tallet kom en ny og

mer dramatisk bølge av sykdomstilfeller (Karnosky, 1979). Denne gangen skyldtes sykdommen en mer aggressiv variant av almesykesoppen (Brasier & Gibbs, 1973), som senere ble klassifisert som en egen art ved navn *Ophiostoma novo-ulmi* (Brasier, 1991). *Ophiostoma novo-ulmi* skiller seg fra *O. ulmi* blant annet ved å mer effektivt kunne trenge gjennom cellevegger (Brasier, 1991), i tillegg til å produsere større mengder av det sentrale toksinet, cerato-ulmin (Scala et al., 1997), som bidrar til en raskere sykdomsutvikling hos vertstreet.

Den nye arten av almesykesopp ble trolig introdusert til Europa med importert tømmer fra Nord-Amerika (Brasier & Gibbs, 1973), hvor den allerede hadde rukket å gjøre stor skade på alm. Undersøkelser av amerikanske og europeiske varianter av *O. novo-ulmi* viser en parallell utvikling av patogenet i de to verdensdelene. Dette har resultert i at arten nå deles inn i to underarter: *O. novo-ulmi* subsp. *novo-ulmi* og *O. novo-ulmi* subsp. *americana* (Brasier & Kirk, 2001). I dag er begge disse underartene, samt kryssninger mellom dem (Konrad et al., 2002), godt etablert i Europa, mens *O. ulmi* ser ut til å ha blitt utkonkurrert av disse der den en gang var utbredt (Brasier, 2009). Den tredje arten av almesykesopp, *Ophiostoma himal-ulmi*, ble først beskrevet på 1990-tallet (Brasier & Mehrotra, 1995) og er bare kjent fra Himalaya-området, der den lever på Himalaya-alm (*Ulmus wallichiana*).

Alle almesykeartene er dimorfe (Nadal et al., 2008; Wedge et al., 2016). Det vil si at de, avhengig av miljøet de lever i, kan veksle mellom å ha en gjærlignende form eller danne mycel. Når soppen danner mycel kan den produsere både kjønnede (teleomorfe) og ukjønnede (anamorfe) sporer (Gibbs & Webber, 2004) (Figur 1). Soppene kan dessuten ha flere anamorfe stadier, inkludert sporothrix- og graphium-stadiet. I sporothrix-stadiet dannes ukjønnede sporer (konidier) i klumper som er festet på et nettverk av mycel. I graphium-stadiet produseres og samles konidier i klebrige dråper på stilk lignende organer (synnemata). I det kjønnede stadiet produseres det flaskeformede utvekster (perithecium), som i likhet med synnemata bærer klebrige dråper av sporer, men disse er kjønnede (askosporer) (Brasier, 1991; Gibbs & Webber, 2004).



Figur 1. Ulike sporestadier hos *Ophiostoma novo-ulmi* (a) Sporothrix-stadiet med ukjønnede sporer (konidier) som er festet på hyfene. (b) Graphium-stadiet med konidier på stilkliknende synnemata (c) Gjær-stadiet. (d) Kjønnst stadium hvor fruktlegemet (perithecium) bærer dråper med askosporer. Illustrasjonen er hentet fra Gibbs og Webber (2004).

Almesyke sprer seg hovedsakelig på tre måter: (1) over korte avstander gjennom rotkontakt med nabotrær (Bajeux et al., 2020), (2) over større områder med insekter som frakter sporer fra tre til tre (Santini & Faccoli, 2015), og (3) over større avstander eller internasjonalt ved at mennesker utilsiktet frakter infiserte plantematerialer eller insekter til nye plasser (Santini et al., 2013). Generelt er det insektvektorer som er viktigst for spredningen av almesyke: denne spredningen skjer som del av en mutualistisk symbiose mellom soppen og biller, hovedsakelig ulike barkbillearter i slekten *Scolytus* Geoffroy (Santini & Faccoli, 2015).

Vektorartene bruker almetrær til både føde, reproduksjon og overvintring, og sporer fra almesykesopp er passasjerer på billene gjennom hele deres livssyklus. Spredningen starter om våren, normalt når temperaturen passerer 21°C (Jansson & Lindquist, 1987, s. 34). Da vil nyklekkede voksne biller fly fra barken på stammen til døde almetrær hvor de har overvintret, til kronen hos friske almetrær. Med seg har billene konidiesporer, enten på kroppsoverflaten (Ploetz et al., 2013) eller i tarmsystemet (Webber, 2004). Billene borer seg inn i greinvinkler

og spiser seg innover i greinen frem til de blir klare til å reproducere (Santini & Faccoli, 2015). Dette gnaget kalles et næringsgnag.

Under næringsgnaget, frakter billene med seg sporer av almesykesopp som etterhvert når xylemet (Santini & Faccoli, 2015). Når disse sporene kommer i kontakt med trærnes vaskulærsystem aktiveres en forsvarsrespons i treet, synlig som en mørk sirkel i ytterkant av veden. Responsen innebærer at xylemet tettes igjen med strukturer dannet av celler fra parenkymet som har vokst inn i vedrørene (disse kalles for tyller) (Martin et al., 2005).

Trærne reagerer slik for å forhindre videre spredning av patogenet, men som konsekvens av dette blokkeres også vanntransporten fra røttene til den angrepne delen av kronen. Dermed vil infiserte grener, og på sikt hele treet, tørke ut og dø.

Når treet er i ferd med å dø, blir det ynglemateriale for både billevektor og almesykesoppen. Billene borer seg under barken på stammen eller greiner, der hunnbillene graver én enkelt morgang og legger egg på hver side av gangen. Barken har gunstige klimatiske forhold for at almesykesopp kan produsere askosporer, slik at også soppen får reproducert og produsert sporer inne i gangene (Santini & Faccoli, 2015). Larvene gnager ganger vekk fra morgangen, noe som resulterer i et karakteristisk gangsystem. Når larvene er utvokst, lager de et puppekammer i enden av larvegangen. Fordi soppen vokser inni larvegangene får den nye generasjonen som klekker fra puppene, sporer på seg (Webber, 2004), før de flyr til nye, friske almetrær som de kan ha næringsgnag på og smitte med almesyke. Dermed fortsetter syklusen med å spre almesyke. Hvor mange generasjoner billevektorene har per år kan variere med art (Anderbrant & Schlyter, 1987) og klimaforhold (Santini & Faccoli, 2015).

Det kan ta alt fra uker til år fra treet smittes til det dør. En viktig faktor for hvor lang tid det tar, er hvor mange sporer hver bille bærer med seg når de gjør næringsgnag hos treet (Webber, 2004). Siden antallet sporer påvirker hvor aggressivt sykdommen vil utvikle seg, har billenes evne til å frakte sporer stor innvirkning på sykdomsforløpet (Webber, 2004). Basert på fysiologiske og morfologiske egenskaper er noen vektorarter mer effektive smittespredere og tredrepere enn andre.

Som følge av at noen arter er mer effektive vektorer enn andre arter, vil smittepresset variere med hvilken insektfauna som er til stede. I Amerika regner man *Hylurgopines rufipes* og den innførte, *Scolytus multistriatus*, som de mest sentrale vektorartene (Stipes & Campana, 1981). I Europa er det langt flere vektorarter, blant annet *Scolytus scolytus*, *Scolytus multistriatus*, *Scolytus triarmatus*, *Scolytus pygmaeus* og *Scolytus laevis* (Stipes & Campana, 1981). Blant

disse regner man *Scolytus scolytus* som den mest effektive (Stipes & Campana, 1981; Webber, 1990).

1.2 Alm og almesyke i Norge

Almen har sin nordligste utbredelse i Norge, hvor den er ett av rundt 30 hjemmehørende treslag (Myking & Skrøppa, 2007; Sæther et al., 2020). Vi har kun én art av alm i Norge, *Ulmus glabra*, som inndeles i to underarter: bergalm (*Ulmus glabra* subspecies *montana*) og skogalm (*Ulmus glabra* subspecies *glabra*). Almen er utbredt over store deler av Norge, med viltvoksende forekomster helt opp til Nord-Norge (Elven et al., 2022). Almen regnes som et viktig habitat for flere andre arter, hvorav mange er truede og avhengige av alm for å overleve. Blant annet huser alm minst 47 rødlistede arter av vedboende sopp (Gaarder et al., 2011), og minst 18 rødlistede lavarter (Jordal, 2011).

Almens estetiske verdi og skyggegivende egenskaper har sammen med en toleranse for forurensning i urbane områder (Eriksen, 1993; Thomas et al., 2018), gjort den til et populært park- og bytre. Hovedsakelig er det i grønn infrastruktur man bruker alm i dag, men historisk har almen også vært viktig for matsikkerhet i Norden. I trange tider laget man frem til slutten av 1800-tallet mel av barken (Nordhagen, 1954), og løvet ble høstet som dyrefor (Nedkvitne & Gjerdåker, 1995, s. 77-91). I prosessen med å produsere løv til dyrefor ble trærne kraftig beskåret. Denne behandlingen kalles for «styving» og vil med tiden gi trærne et karakteristisk utseende med grov stamme og liten krone. Den store stammeomkretsen på eldre styvingstrær er assosiert med et rikt biologisk mangfold (Nordén et al., 2015), og for å ivareta det biologiske mangfoldet og tradisjonen som er forbundet med styving bevilges det i dag tilskudd for å ivareta styvingstrær (Landbruksdirektoratet, 2025).

Fordi Norge huser de nordligste forekomstene av alm, har Norge et særskilt ansvar for å ivareta artens genetiske arvemateriale. Siden almen også har en lang og rik brukshistorie i landet, er det både økologiske og kulturelle grunner til å begrense skadeomfanget fra almesyke i Norge. På grunn av blant annet almesyke, blir treslaget i dag listet som sterkt truet (EN) i artsdatabanken sin rødliste (Solstad et al., 2021).

I Norge ble almesyke først observert i 1963 i Oslo (Eriksen, 1993). Smittespredningen var langsam de påfølgende årene og begrenset seg til enkelttilfeller i og rundt Oslo. Alle smittetilfeller skyldtes arten *Ophiostoma ulmi*. På starten av 1980-tallet ble den mer aggressive nye arten *Ophiostoma novo-ulmi* for første gang registrert i Norge, og med dette endret smittenivået seg drastisk. På få år spredde sykdommen seg til større deler av Oslo-

området, med forekomster i Bærum og Asker, og etter hvert også i Drammen og Horten (Eriksen, 1993). Kort tid etter var sykdommen godt etablert langs store deler av vestsiden av Oslofjorden. I Lier gjorde almesyken omfattende skader, og hele 1400 syke trær ble fjernet for å forhindre videre smitte. På grunn av den dramatiske smittesituasjonen i Lier ble det i 1991 gjennomført omfattende kartlegginger av almesyke på Østlandet (Eriksen, 1993; Eriksen, 1994; Aalde, 1994, 1996). Det ble også oppdaget almesyke i Kristiansand i 1996 og 2005, og i Bergen i 1997, men disse utbruddene ble bekjempet før de fikk gjort mye skade (Timmermann et al., 2021).

Sammenlignet med i resten av Europa, inkludert Skandinavia, har almesyken blitt ansett for å være en relativt moderat trussel i Norge (Solheim et al., 2011). En av grunnene til dette er at klimaet i Norge ser ut til å virke begrensende på soppens evne til å spre seg, blant annet fordi klimaet begrenser antall generasjoner vektorartene har per år. Det er også antatt at den begrensede insektfaunaen i Norge har bidratt til at sykdommen ikke sprer seg så raskt. Av de kjente vektorartene er kun liten almesplintborer, *Scolytus laevis*, blitt registrert i Norge. (Hansen et al., 1998). Til sammenligning finnes både *S. laevis*, *S. scolytus*, *S. multistriatus* og *S. triarmatus* i Sverige (Anderbrant & Schlyter, 1987; Lindelöw, 2012; Menkis et al., 2016).

I tillegg kan geografiske forhold være noe av forklaringen på at almesyken har vært opplevd som et mindre problem i Norge. Fra 2006 til 2008 ble det gjort systematiske kartlegginger av sykdommen i Norge (Solheim et al., 2011) og resultatene tydet på at all smitte fant sted Østafjells, med de nordligste forekomstene i Ringerike og de sørligste forekomstene i Larvik og Grenland. Siden almens utbredelse er konsentrert langs kystnære strøk i Norge, er den norske almen naturlig adskilt av fjell mellom Øst- og Vestlandet. Det er antatt at disse fjellene fungerer som en barriere som hindrer sykdommen fra å kunne spres til Vestlandet på naturlig vis (Solheim et al., 2011). I tillegg har man tenkt at den lave og spredte forekomsten av alm i Grenland-området, vil hindre sykdommen fra å spre seg sørover langs Oslofjorden (Timmermann et al., 2021). Det er dermed blitt antatt at sykdommen, med mindre man frakter infisert virke til nye plasser, vil kunne begrenses til Østlandet.

I dag er denne oppfatningen i ferd med å rakne, og mye tyder på at sykdommen er i spredning. Blant annet ble det i 2020 observert almesyke i Arendal (Timmermann et al., 2021), og i 2023 ble det meldt om flere smittetilfeller i Sogn og i Kristiansand (Timmermann et al., 2025). De nye observasjonene kan tyde på at vi må revurdere hvilke konsekvenser almesyke kan ha i Norge, da sykdommen ikke lenger er begrenset til Østlandet. I tillegg kan

klimaendringer bidra til at nye, mer effektive insektvektorer etablerer seg i Norge, som kan eskalere den allerede økende spredningen.

1.3 Mål og problemstillinger

Observasjonene av syke trær på Vest- og Sørlandet er alarmerende, og vi mangler detaljert kunnskap om smittesituasjonen i de nye områdene. I denne studien har jeg derfor samlet inn prøver fra syk alm i områdene der almesyke er varslet, på Vest- og Sørlandet, for å avdekke hvor store områder sykdommen har etablert seg på og hvilke arter av almesykesopp som er involvert.

Det er tidligere blitt spekulert på om den økende forekomsten av almesyke kan ha en sammenheng med at det er kommet flere vektorarter til landet (Timmermann et al., 2021). For å undersøke dette, samlet jeg også biller fra smittede trær i felt. I tillegg har jeg ved hjelp av utbredelsesmodellering undersøkt hvor i Norge det er et egnet klima for de viktigste *Scolytus*-artene i Europa. I disse modelleringene har jeg tatt hensyn til klimaendringer, siden dette vil gi et mål på risiko for fremtidige smittesituasjoner i ulike områder.

For å undersøke den nye smittesituasjonen vi befinner oss i har jeg utforsket følgende problemstillinger:

- (1) Hvor stort er omfanget av almesyke i de nye områdene på Vest- og Sørlandet?
- (2) Hvilke arter av almesykesopp står for smitten i de nye områdene?
- (3) Hvilke vektorarter finner man på smittede trær?
- (4) Hvor i Norge er det mulig at vektorartene *Scolytus laevis*, *Scolytus multistriatus*, *Scolytus scolytus*, *Scolytus triarmatus* og *Scolytus pygmaeus* kan leve i dag, og hvordan vil klimaendringer kunne påvirke utbredelsen deres i fremtiden?

2 Metode

I denne masteroppgaven har jeg (1) samlet data og biologisk materiale i felt, (2) isolert og analysert DNA fra innsamlede sopp i lab, og (3) modellert almesykevektorerens utbredelse. Metodikken er forklart i detalj under, men kort fortalt gjorde jeg følgende: Omfanget av almesyke på Vest- og Sørlandet kartla jeg ved å undersøke så mange trær med symptomer som mulig i utvalgte områder. Greiner fra symptomatiske trær ble samlet inn og senere undersøkt for almesykesopp gjennom dyrking av soppkulturer og DNA-analyser. Biller ble også samlet inn fra angrepne trær. I tillegg har jeg tilpasset statistiske modeller for å undersøke den mulige utbredelsen til almesykens viktigste vektorer i Skandinavia. Data brukt i modellene var artsobservasjoner og ulike klimadata for dagens og fremtidige klimaforhold.

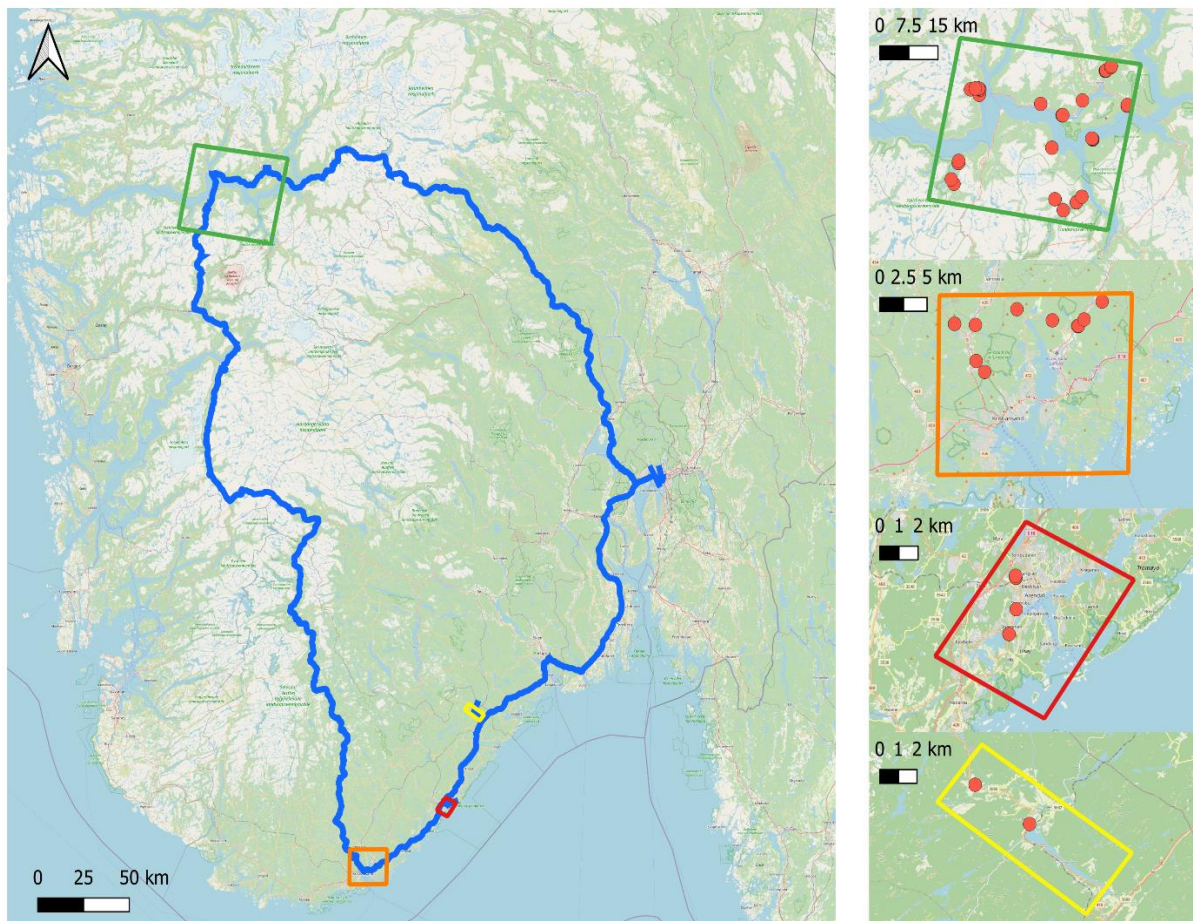
2.1 Feltinnsamling av data og biologisk materiale

Etter at det nylig var blitt oppdaget almesyke ved Sognefjorden og i Kristiansand-området hadde lokale arborister samlet inn opplysninger om lokaliteter hvor det var blitt observert tegn til almesyke. Juli 2024 reiste vi¹, sammen med to arborister, til de aktuelle områdene for å få bedre oversikt over smitteomfanget ved å registrere syke trær og samle prøver.

Vi lette etter symptomatiske trær fra bil ved at én var sjåfør, mens den andre satt i passasjeretsetet for å observere. Når vi oppdaget trær med symptomer stoppet vi og samlet greinprøver for senere isolasjon og identifikasjon av aktuelle sopper i lab. I Sognefjorden brukte vi noen steder båt for å registrere skader.

Basert på antallet tidligere innmeldte observasjoner, satt vi av tre dager til registrering langs Sognefjorden, og én dag nær Kristiansand. I tillegg så vi etter syke alm under reisene våre til og fra de ulike områdene. Med ønske om å dekke så store deler av Vestlandet som mulig kjørte vi via Voss og Hardangerfjorden til Kristiansand. På kjøreturen fra Kristiansand til Oslo var vi innom Arendal for å se etter flere smittede trær. Underveis ble vi tipset om syke almer i Gjerstad, og vi tok derfor også turen innom dette området på vei hjem til Oslo. Alt i alt samlet vi prøver fra 65 trær. Figur 2 viser reiseruten vår og punkter der prøver ble samlet.

¹ All feltinnsamling gjorde jeg sammen med forsker på almesyke, Liina Jürisoo (LNU).



Figur 2. Reiseruten vi foretok oss under feltarbeidet. Det ble speidet etter almesyke langs hele ruten markert i blått, men det var kun på bestemte områder at vi hentet prøver. Feltene der det ble foretatt grundigere undersøkelser er rammet inn i grønt for Sognefjorden, oransje for Kristiansand, rødt for Arendal og gult for Gjerstad. De fire områdene med deres respektive fargeinndeling vises nærmere i bildene til høyre, hvor også punkter for alle prøvene som ble hentet er inkludert.

2.1.1 Innsamling og oppbevaring av greinprøver

Greinprøver ble samlet inn ved hjelp av en stangsekatør med en rekkevidde på 10 meter og maksimal kuttediameter på 32 mm. For å unngå å overføre smitte mellom trær ble sekatøren sterilisert med 96 % etanol mellom hvert tre tok prøver fra. Hvilke greiner på treet som ble samlet inn ble valgt ut på bakgrunn av utseende og tilgjengelighet. For å kunne isolere sopp fra prøvene var det avgjørende at greinene inneholdt levende sopp. Vi prioriterte derfor å hente greiner som hadde tydelige symptomer (mange gule/visnede blader), men som ennå ikke hadde rukket å dø. I tillegg måtte greinene ha en viss tykkelse for å lette håndteringen i lab.

Innsamlede greiner ble klippet opp i passende lengder i felt og lagt i fryseposer. Prøvene ble oppbevart i kjølebager under turene i felt, eller i kjøleskap frem til de ble lagret i fryser i Ås. Posisjonen til alle trærne vi hentet prøver fra ble registrert med GPS-koordinater på Google Maps.

2.1.2 Registrering av prøvetrær

Vi gjorde en visuell vurdering av helsetilstanden til alle trærne vi hentet greinprøver fra. Vurderingen er basert på en skala som opprinnelig er utviklet for ask (*Fraxinus excelsior*) av Rosenvald et al. (2015), men som er tilpasset til å benyttes på *U. glabra* og *Ulmus laevis* av Jürisoo et al. (2019). Vitaliteten til trærnes krone ble gradert på en skala fra 1 til 5, avhengig av hvor mye av krona som har døde eller gule/visnede blader. Tabell 1 beskriver de ulike sykdomsgradene slik de ble definert for denne studien.

Tabell 1. Kriterier for å vurdere sykdomsgrad til observerte almetrær som vi hentet prøver fra.

Sykdomsgrad	Kriterier
1	0-24 % av greinene har visnede blader eller mangler blader fullstendig
2	25-49 % av greinene har visnede blader eller mangler blader fullstendig
3	50-74 % av greinene har visnede blader eller mangler blader fullstendig
4	75-99 % av greinene har visnede blader eller mangler blader fullstendig
5	100 % av greinene har visnede blader eller mangler blader fullstendig

2.1.3 Innsamling og artsbestemmelse av biller

Fordi *Scolytus*-artene som fungerer som vektor for almesyken, reproducerer i barken på døde og sterkt svekkede almetrær så vi etter biller under stammebarken på trærne vi hentet prøver fra. Vi lette etter hull i barken og flekket av barken med kniv der vi fant hull som lignet på innboringshull etter barkbiller. Barkbiller og andre insekter vi observerte i barken eller på vedoverflaten ble skånsomt plukket opp med pinsett og lagt i eppendorf-rør med alkohol (96%). Billene ble senere artsbestemt av en erfaren entomolog, *Torstein Kvamme*, basert på morfologiske karakterer.

2.1.4 Fotografering og analyse av større utbrudd

Under feltarbeidet på Vestlandet var det særlig én lokalitet som skilte seg ut. Langs en fjellvegg ved Framfjorden i Vik kommune tok jeg bilde av et større skogområde som så ut til å være sterkt rammet av almesyke. Området hadde et helt felt med døde trær som, ut fra kroneformen, så ut til å være alm. Området ble fotografert, og siden omfanget av dette utbruddet tilsier at almesyke kan ha vært i området i flere år har jeg lett etter tidligere bilder av den samme fjellveggen på internett for å se etter tegn på almesyke fra tidligere år.

2.2 Isolering og DNA-barcoding av sopp i laboratoriet

En ukes tid etter at greinprøvene ble samlet inn startet arbeidet med å isolere eventuell almesykesopp i laboratoriet². For å unngå kontaminering av sopper fra barkoverflaten ble ytterbarken fjernet ved hvert prøvested. Deretter ble tre små vedbiter skåret ut fra vedoverflaten på hver grein med skalpell og fraktet over til en sterilbenk, hvor de ble plassert i en trekant på en petriskål med maltekstrakt-agar (1.25% malt og 1 % agar) (Figur 3). Alt utstyr som ble brukt til å skjære ut og frakte flisene, ble sterilisert med alkohol (60%) og gassbrenner mellom hver greinprøve.

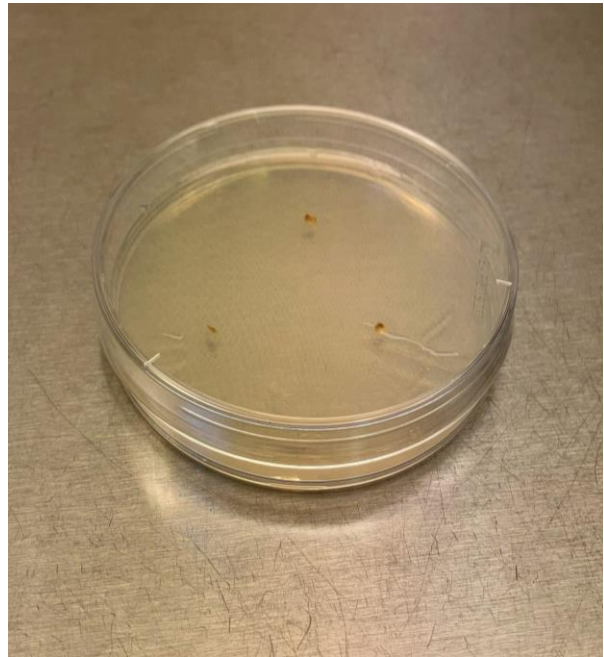
Når første mycelvekst kunne observeres på vekstmediet, rensset jeg soppkulturene for å hindre at ulike soppkulturer vokser inn i hverandre. Dette gjorde jeg ved å skjære ut biter av rent mycelium, og overført disse til nye petriskåler med samme type maltekstrakt-agar som ble benyttet under isoleringsarbeidet. For å være sikker på at bitene som ble hentet inneholdt levende mycel, hentet jeg alltid biter fra hyfespissene. Det ble hentet mycel fra alle vedbiter som viste tegn til vekst, noe som gjorde at det kunne bli rensset ut opptil tre nye kulturer per prøve. Dette arbeidet foregikk i sterilbenk, med sterilisering av redskaper med alkohol (60%) og gassbrenner mellom hver prøve.

² Arbeidet på lab foregikk i samarbeid med forskningsingeniør Sigrun Kolstad (NIBIO).

(A)



(B)

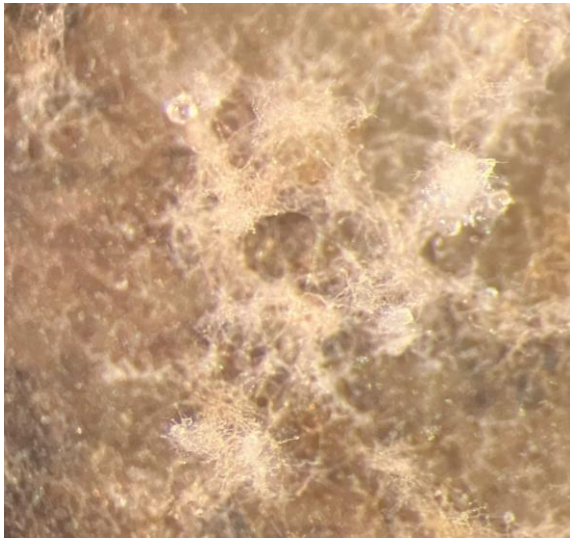


Figur 3. Isolering av sopp fra almegreiner hentet i felt. (A) Vedbiter ble hentet ut fra ulike steder på hver grein og plassert på (B) vekstmedium i petriskåler.

2.2.1 Oppfølging av rensede kulturer

Når mycelet i de rensede kulturene var godt etablert på vekstmediet, ble hver kultur undersøkt under lupe (se Vedlegg A, Tabell 7 for detaljer om hva som ble observert i hver kultur). Det ble sett etter stadier hos kulturene som er karakteristiske for *Ophiostoma* spp. (Figur 1 og 4). Kulturer som enten hadde disse kjennetegnene, eller som så ut til å være av andre sopper, ble valgt ut til å dyrkes på cellofan for DNA-ekstraksjon.

(A)



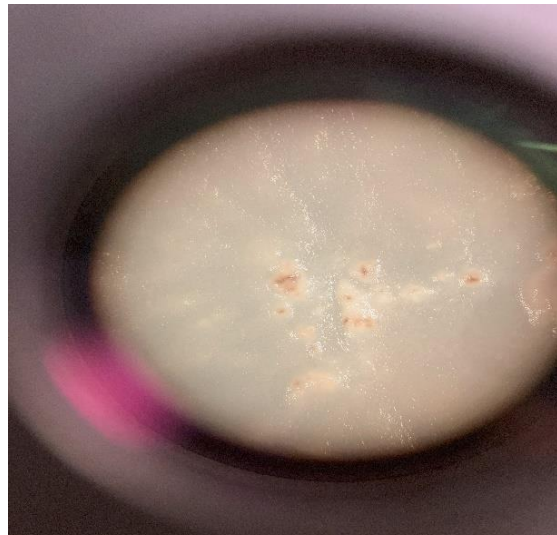
(B)



(C)



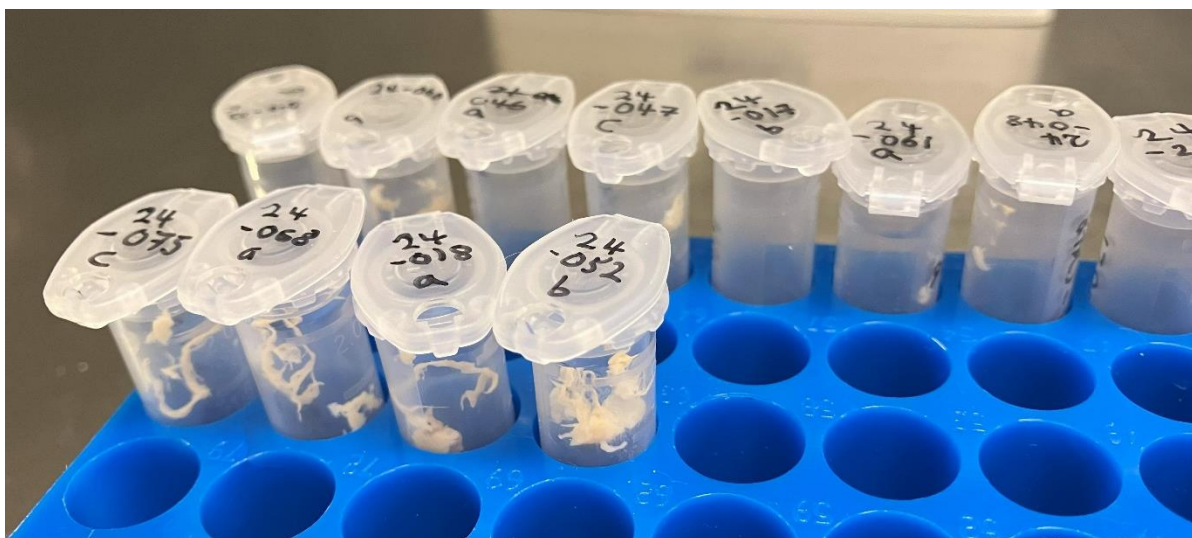
(D)



Figur 4. Fire eksempler på hva som ble observert hos kulturer isolert fra almegreiner. Bildene er tatt gjennom lupe og viser (A) det ukjønnede stadiet hos *Ophiostoma* spp. med konidiesporer på synnemata, (B) det kjønnede stadiet hos *Ophiostoma* spp. med askosporer hengende på kanten av perithecium, (C) kultur av en sopp som ikke er *Ophiostoma* spp. og (D) en prøve som er kontaminert (av det som ser ut som til å være bakterier). Alle bildene er av rensede kulturer, med unntak av B (med vedbit) som er av en kultur før den ble rensset.

2.2.2 Dyrking av rene isolater på cellofan og DNA-ekstraksjon

Da alle de rensede prøvene var blitt inspisert hentet jeg nye mycelbiter fra de utvalgte prøvene. Disse plasserte jeg i nye petriskåler som inneholdt samme typen maltekstraktagar, men som også hadde et lag med sterilisert cellofan lagt oppå vekstmediet. Dette gjorde at jeg, når mycelet var utvokst på cellofanen, enkelt kunne skrape det av uten å få med meg biter av vekstmedium. Skrapingen gjorde jeg med en skalpell som ble sterilisert med gassbrenner og alkohol mellom hver prøve. Mycelet ble lagt i eppendorf-rør (Figur 5) og nedfrysst på -20 °C. Til sammen, ble det skrapet mycel fra 54 kulturer isolert fra 49 ulike trær.



Figur 5. Eppendorf-rør med mycel som er blitt skrapet av cellofan.

2.2.3 Isolering av genomisk DNA

Eppendorf-rørene med mycel ble hentet opp fra fryseren for å isolere gDNA (genomisk DNA). Isoleringen av gDNA ble gjort med hjelp av InvitrogenTM sitt Easy-DNATM kit. Skrittene i arbeidet med å isolere gDNA er hentet fra *Protocol #8 – Isolation of DNA from Mouse Tails* (Life technologies, 2012) i brukerinstruksen som følger med Easy-DNATM kittet. Siden vi jobbet med et annet materiale (sopp i stedet for musehaler), og med noe annet utstyr enn beskrevet i brukerinstruksen gjorde vi enkelte modifikasjoner under arbeidet. Ved fremstilling av «mastermix» ble det benyttet 1,5 µl med ProteinaseK per prøve i stedet for 5 µl Protein Degradar og vi benyttet en pistill for å knuse mycelet, slik at DNA-et ble løst opp i mastermixen. I tillegg ble det gjort følgende tilpasninger i arbeidet med DNA-utfelling:

- På grunn av størrelsen på eppendorf-rørene ble det kun tilsatt 0,75 ml, i stedet for 1.0 ml 100% etanol i hver prøve.
- Pelleten i hver prøve ble resuspendert i 50 µl TE-buffer, spunnet ned og deretter lagret ved -20 °C. I brukerinstruksen foreslås det at pelleten resuspenderes i en annen konsentrasjon og at prøven lagres ved 4 °C. I vårt tilfelle ble pelletene fryst ned, slik at de kunne klargjøres til DNA-sekvensering på et senere tidspunkt.

2.2.4 Klargjøring til DNA-sekvensering

For å klargjøre til DNA-sekvensering ble det laget en ny «mastermix», bestående av ingredienser som er nødvendige for å gjennomføre PCR. Denne «mastermixen» var basert på en oppskrift i HotStarTaq Plus sin PCR-håndbok (QIAGEN, 2010), men mengden av de ulike ingrediensene som ble beregnet per prøve var i vårt tilfelle lavere enn det som står oppført i håndboken. I tillegg ble det tilført bovint serumalbumin (BSA) og Tetrametylammoniumklorid (TMACl), som antas å kunne øke sannsynligheten for vellykket PCR (Chevet et al., 1995; Nagai et al., 1998). Primerne som ble brukt var:

- ITS1-F (CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA) (Gardes & Bruns, 1993)
- ITS4 (TCCTCCGCTTATTGATATGC) (White et al., 1990)

En oversikt over hva som ble brukt i «mastermixen» finnes i Tabell 2.

Tabell 2: Ingredienser i «mastermixen» som ble laget i forbindelse med klargjøringen av prøver til sekvensering.

Ingrediens	Mengde per prøve (2 µl)
10x PCR buffer	5
25 mM MgCl ₂	2
dntP mix (bestående av 10 mM av både dATP, dCTP, dGTP, og dTTP)	1
BSA (0,4%)	5
TMACl (0,1 µM)	5
HotStarTaq <i>Plus</i> DNA Polymerase	0,4
Nukleasefritt vann (NFW)	27,6
ITS-1F (forward primer) (10 µM)	1
ITS4 (reverse primer) (10 µM)	1

Deretter ble det tilsatt 48 µl av mastermixen og 2 µl av prøvene i PCR-strips. Stripsene ble spunnet ned før de ble kjørt 120 minutter i PCR-maskin med følgende program: fem minutter på 95 °C, deretter i 35 sykluser med 30 sekunder på 95 °C, 35 sekunder på 53 °C og 60 sekunder på 75 °C (totalt 70 minutter). Til slutt ble prøvene kjørt i 10 minutter på 75 °C før de blir stående på 4 °C den resterende tiden.

PCR-produktene ble rensset ved å tilsette (samt spinne ned) 4 µl ExoSAP-IT Express, 5 µl NFW-vann og 5 µl av den aktuelle prøven i tomme PCR-strimler. Deretter ble strimlene plassert i PCR-maskinen, hvor PCR ble rensset ved å først stå på 37 °C i 4 minutter, etterfulgt av 80 °C i ett minutt, og til slutt på 4 °C til de ble hentet igjen.

Siste ledd før prøvene kunne sendes til DNA-sekvensering innebar å tilsette 5 µl fra PCR-produktet i to tomme eppendorf-rør per produkt: ett eppendorf-rør til forward-sekvensering og ett til reverse-sekvensering. Etter det ble det tilsatt 5 µl ITS-1F primer (forward) i halvparten av eppendorf-rørene, mens det i den andre halvdelene ble tilsatt 5 µl ITS-4 primer (reverse). Til slutt ble rørene vortexet, spunnet og fordelt i plastposer. Posene ble så sendt til Eurofins Genomics for DNA-sekvensering. Resultatene av sekvenseringen ble analysert av forskningsingeniør på NIBIO, Sigrun Kolstad, som brukte CLC Main Workbench til å legge sekvensene fra ITS1-F og ITS4 sammen. Artene ble bekreftet ved å sammenligne de sammenlagte sekvensene fra hver prøve med sekvenser i databasen NCBI BLAST.

2.3 Modellering av utbredelsen til almesykens vektorer

Utbredelsesområder for aktuelle vektorarter ble modellert ved å tilpasse romlige modeller i Rstudio. Slike modeller er på engelsk kjent som «species distribution models» (SDM). Modellene ble tilpasset med dagens klimadata og utbredelser ble predikert for både dagens klima (basert på projeksjoner for 2021-2040), samt for klimaprojeksjoner for de resterende tjueårsperiodene frem til 2100 (periodene 2041-2060, 2061-2080 og 2081-2100).

Det ble tilpasset utbredelsesmodeller for *S. laevis* og fire ulike vektorarter i slekten *Scolytus* som er viktige smittespredere i Europa (Stipes & Campana, 1981). Disse artene er *S. multistriatus*, *S. scolytus*, *S. triarmatus* og *S. pygmaeus*. Både observasjons- og klimadataene som ble brukt til å bygge modellene dekker hele Europa, men i denne oppgaven fokuserer jeg hovedsakelig på resultatene for Norge.

2.3.1 Den tilpassede modellen

Modellene som jeg har tilpasset, baserer seg på logistisk regresjon med en binær responsvariabel (forekomst/fravær av arten). Som prediktorvariabler brukte jeg rasterdata bestående av bioklimatiske variabler, samt utbredelsen til alm (*U. glabra*). Rastercellene hadde en størrelse på 2.5 bueminutter. Modellen kan beskrives med følgende formel:

$$\text{logit}(P(\text{forekomst} - \text{fravær})) = \beta_0 + \sum_{i=1}^{19} \beta_i \text{BIO}_i + \beta_{20} \text{Alm}$$

Her representerer «P(forekomst - fravær)» sannsynligheten for arten er til stede, og « β_0 - β_{20} » koeffisientene som avgjør effekten hos deres respektive variabler, mens «BIO_i» og «Alm» er prediktorvariabler som representerer henholdsvis bioklimatiske variabler og utbredelsen til alm.

Modellene ble testet ved hjelp av kryssvalidering. Dette innebar at 20 prosent av dataene ble satt av som testdata, mens de resterende dataene ble brukt til å bygge modellen. Ved i tillegg å kjøre modellene på testdataene, og deretter sammenligne resultatene fra testdataene med de man får fra treningsdataene, får man en indikasjon på modellens etterprøvbarehet. Resultatene fra de to datasettene ble sammenlignet ved å sammenligne AUC-verdier. Disse verdiene representerer hvor godt modellen skiller mellom tilstedeværelse og fravær av artene jeg modellerer på, hvor «1.0» tilsier at modellen gir et perfekt skille mellom tilstedeværelse og fravær, mens verdier på «0.5» tilsvarer at modellen gir resultater som tilsvarer gjetning.

2.3.2 Respons- og prediktorvariabler samt modellering i Rstudio

Registrerte funn av de fem vektorartene (presence points) ble hentet fra den internasjonale databanken Global Biodiversity Information Facility (GBIF Secretariat, 2023a, 2023b, 2023c, 2023d, 2023e) ved hjelp av funksjonen «occ_data» fra R-pakken «rgbif». Det ble hentet 1099, 1454, 927, 152 og 273 punkter for henholdsvis *S. laevis*, *S. multistriatus*, *S. scolytus*, *S. triarmatus* og *S. pygmaeus*. Funnene var stort sett jevnt fordelt utover Europa, bortsett fra for *S. triarmatus* hvor nesten alle registrerte funn var fra Sverige (se Vedlegg C, Figur 17).

Utbredelsesmodellen bruker også punkter der det er forventet at artene ikke forekommer. Siden det er vanskelig å innhente data som bekrefter at en art ikke forekommer på en plass, er det vanlig å heller fremstille punkter som man tar utgangspunkt i at representer fravær av arten («pseudo-absence points»). Disse punktene ble tilfeldig generert med funksjonen

«spatSample» fra R-pakken «terra». Det ble generert 10 000 «pseudo-absence»-punkter for hver art. For å unngå at «pseudo-absence»-punktene ble mer utslagsgivende enn presence-punktene (som følge av et betydelig høyere antall «pseudo-absence»-punkter), ble vekten av hvert «pseudo-absence»-punkt balansert opp mot antallet «presence»-punkter. Vektingen av punktene ble gjort i tråd med anbefalinger gitt for regresjonsbaserte SDM-er av Barbet-Massin et al. (2012).

Innhenting og behandling av kartdata ble gjort med R-pakkene «rnatuarearth», «rnatuarearthdata» og «maps». Bioklimatisk data ble hentet fra Couple Model Intercomparison Project Phase 6 (CMIP6), og det ble tatt utgangspunkt i et moderat sosio-økonomisk fremtidsscenario (SSP245), som er nærmere beskrevet av O'Neill et al. (2016). Bioklimatiske data ble lastet ned med funksjonen «worldclim_global» fra R-pakken «geodata». Totalt ble det benyttet 19 bioklimatiske variabler for hver modellering (disse er listet opp i Tabell 3).

Tabell 3. De ulike variablene fra Couple Model Intercomparison Project Phase 6 (CMIP6) som ble benyttet i utbredelsesmodellene for ulike *Scolytus*-arter. Forklaringene er direkte oversatt fra nettsiden til WorldClim (2020-2024).

Navn på variabel	Forklaring
BIO1	Årlig gjennomsnittstemperatur
BIO2	Gjennomsnittlig spenn i døgntemperatur
BIO3	Isotermalitet ((BIO2/BIO7) × 100)
BIO4	Sesongvariasjon i temperatur (standardavvik × 100)
BIO5	Maksimumstemperatur for den varmeste måneden
BIO6	Minimumstemperatur for den kaldeste måneden
BIO7	Årlig temperaturspenn (BIO5 – BIO6)
BIO8	Gjennomsnittstemperatur for det våteste kvartalet
BIO9	Gjennomsnittstemperatur for det tørreste kvartalet
BIO10	Gjennomsnittstemperatur for det varmeste kvartalet
BIO11	Gjennomsnittstemperatur for det kaldeste kvartalet
BIO12	Årlig nedbør
BIO13	Nedbør i den våteste måneden
BIO14	Nedbør i den tørreste måneden
BIO15	Sesongvariasjon i nedbør (variasjonskoeffisient)
BIO16	Nedbør i det våteste kvartalet
BIO17	Nedbør i det tørreste kvartalet
BIO18	Nedbør i det varmeste kvartalet
BIO19	Nedbør i det kaldeste kvartalet

Siden jeg undersøker almesyke i Norge, var det mest aktuelt å benytte data fra den eneste hjemmehørende *Ulmus*-arten i Norge, altså *U. glabra*. Data med utbredelsesområdet for *U. glabra* ble hentet fra European Forest Resources Genetic Programme (EUFORGEN, 2025).

Alle data ble sortert og behandlet med «dplyr»-pakken i R-studio. For å gjennomføre prediksjoner ble «predicts»-pakken brukt, mens visualiseringen av resultatene ble gjort med R-pakkene «gridExtra», «ggpubr», «ggplot2» og «ggspatial». Scriptet som ble brukt er basert på instruksjoner hentet på Github fra Oliver (2024).

Resultatene ble presentert i kart-format og i antall kvadratkilometer. Siden modellen baserer seg på data for hele Europa måtte koordinater for Norge inkluderes i scriptet ved beregningen av antall kvadratkilometer i Norge. For å ikke få for store deler av Sverige med i resultatene (noe ble med) måtte koordinatene tilpasses ved å redusere antall grader øst. Som konsekvens av dette måtte også deler av Nord-Norge utelates. Dermed ble det brukt følgende koordinatgrenser ved beregningen av antall kvadratkilometer:

- Vestlig grense: 3° Øst
- Østlig grense: 14° Øst
- Sørlig grense: 58° Nord
- Nordlig grense: 71° Nord

Kunstig intelligens-tjenesten, Sikt KI-chat, har blitt brukt til kodevask i oppgaven; for å oppklare feilmeldinger i RStudio.

3 Resultater

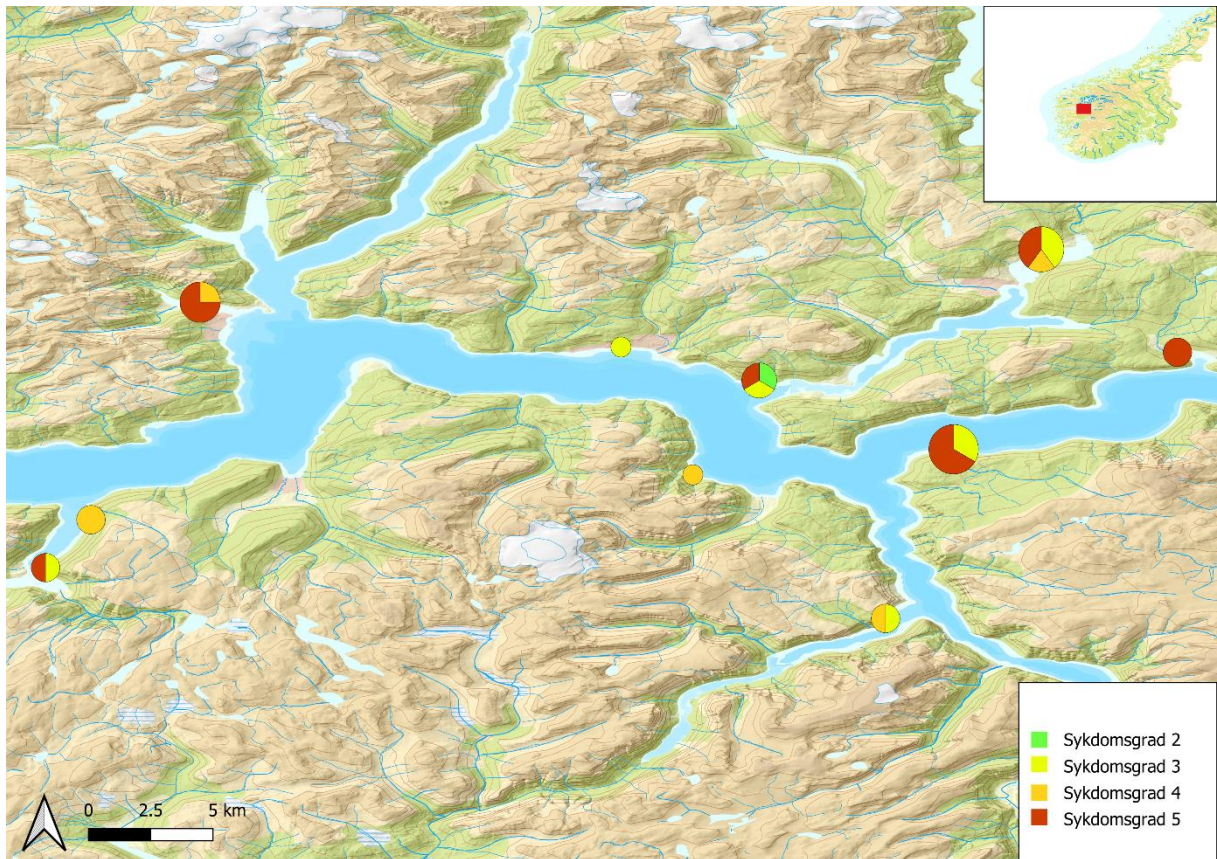
3.1 Over hvor store områder har almesyken spredd seg?

Det ble bekreftet almesyke i 29 trær på Vestlandet. Trærne var spredd langs store deler av indre Sognefjorden (Figur 6) og vokste i kommunene Aurland (ett smittet tre), Lærdal (syv smittede trær), Sogndal (15 smittede trær) og Vik (seks smittede trær).

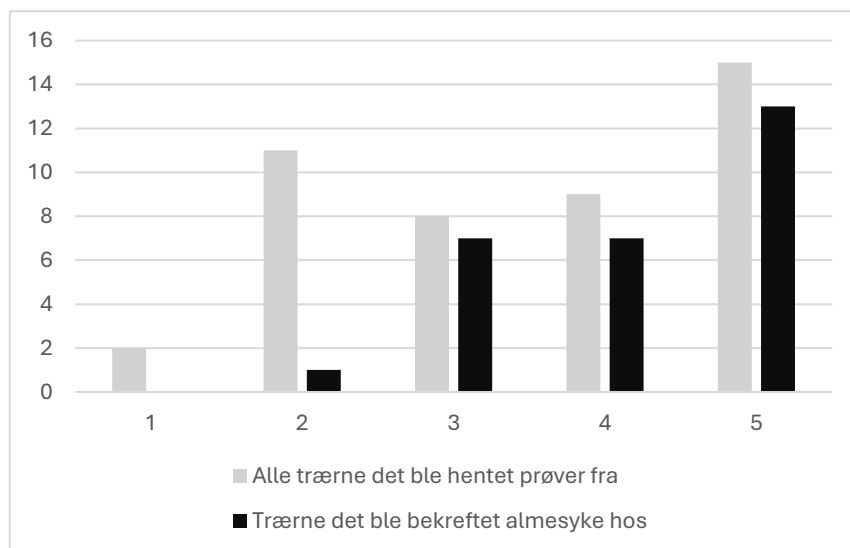
Helsetilstanden blant de smittede trærne på Vestlandet var varierende (Figur 6), men de fleste (13 trær) ble vurdert til sykdomsgrad 5 (forklart i Tabell 1). Det var like mange trær med sykdomsgrad 3 og 4 (syv trær hver), og ett tre med sykdomsgrad 2. Ingen trær med påvist smitte hadde sykdomsgrad 1.

På Sørlandet ble det påvist 17 tilfeller av almesyke. Smittetilfellene var fordelt over fire kommuner i ulike deler av Sørlandet (Figur 7). Her inngår Kristiansand (syv smittede trær) og Vennesla (ett smittet tre) som ett område, Arendal (seks smittede trær) som et annet, og Gjerstad (tre smittede trær) som et tredje område. To av prøvene fra Gjerstad var fra trær som stod rett ved siden av hverandre (og har derfor samme koordinater).

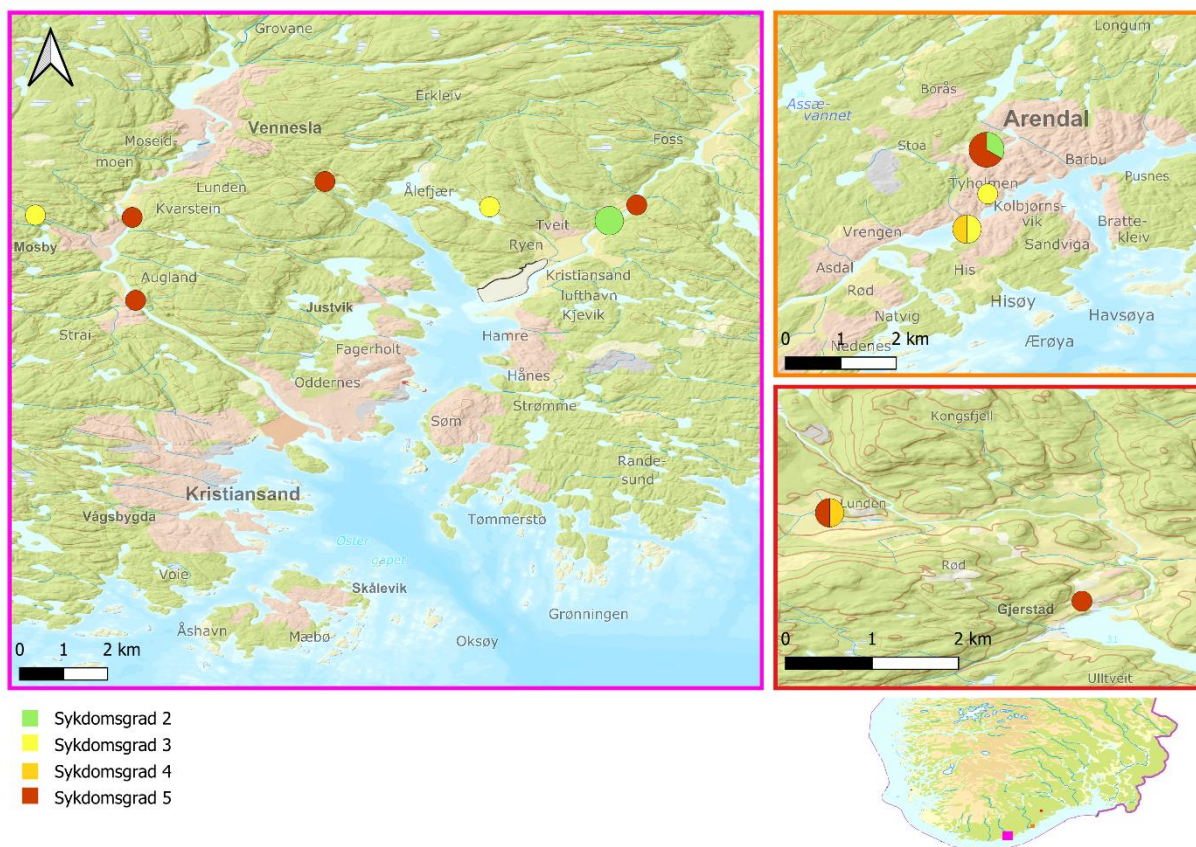
De smittede trærne på Sørlandet fordelte seg også på alle sykdomsgradene, med unntak av sykdomsgrad 1 (Figur 8). I likhet med Vestlandet, ble det påvist flest smittede trær med sykdomsgrad 5 (seks trær). Sykdomsgrad 3 hadde nest flest trær (fem trær), mens det var like mange syke trær med sykdomsgrad 4 og 2 (tre trær hver).



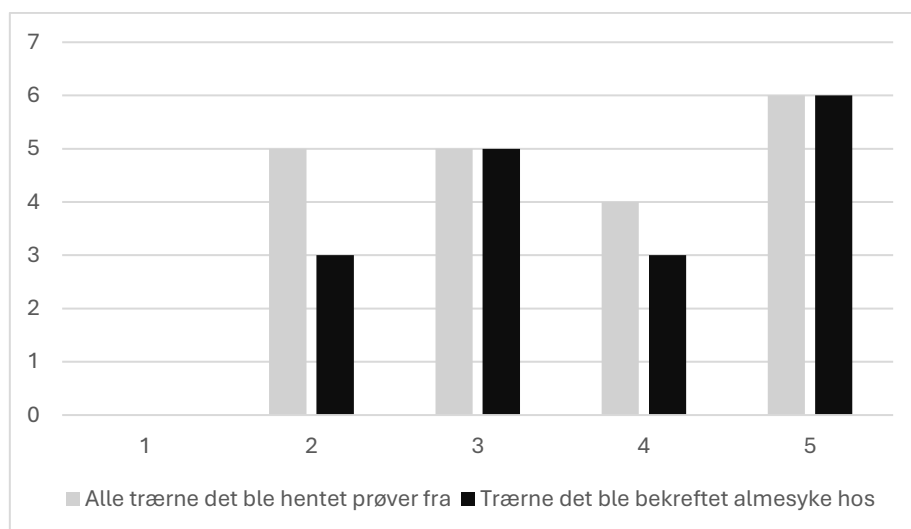
Figur 6. Bekreftede tilfeller av *Ophiostoma novo-ulmi* langs Sognefjorden. Flere av punktene består av flere nærliggende funn som er blitt slått sammen til ett punkt. Størrelsen på punktene representerer hvor mange funn av almesyke som er gjort, og fargefordelingen representerer helsetilstanden hos de smittede trærne. Se Vedlegg A for eksakte opplysninger om antall funn i hver kommune med tilhørende GPS-koordinater.



Figur 7. Fordelingen av sykdomsgrader (se Tabell 1 for forklaring) hos trærne som ble undersøkt langs Sognefjorden. Grå søyler representerer alle trærne som ble undersøkt i felt, og svarte søyler representerer alle trærne med påvist smitte av almesyke.



Figur 8. Bekreftede tilfeller av almsyke i Kristiansand (rosa ramme), Arendal (oransje ramme) og Gjerstad (rød ramme). Punktene på bildet består av flere funn i nærheten av hverandre som er blitt slått sammen til ett punkt. Størrelsen på punktene representerer hvor mange funn som er gjort på hver plass, og fargefordelingen representerer helsetilstanden hos de smittede trærne. Se Vedlegg A for eksakte opplysninger om antall funn i hver kommune med tilhørende GPS-koordinater.



Figur 9. Fordelingen av sykdomsgrader (se Tabell 1 for forklaring) hos trærne som ble undersøkt på Sørlandet. Grå søyler representerer alle trærne som ble undersøkt i felt, og svarte søyler representerer alle trærne med påvist smitte av almsyke.

3.2 Hvilke arter står for spredningen av almesyke?

For både Vest- og Sørlandet kunne alle funn av almesykesopp knyttes til *Ophiostoma novo-ulmi*, og alle funn hadde en likhet med data i NCBI-databaser (sekvenskvalitet) på $\geq 99\%$. Blant prøvene fra Sogndal, Kristiansand og Arendal var det én prøve som kun baserte seg på ITS-1F-primeren, da ITS-4 ikke fungerte i disse tre prøvene. Også disse prøvene ga utslag som *O. novo-ulmi*, og hadde $\geq 99\%$ sekvenskvalitet.

I tillegg ble det bekreftet funn av to andre sopparter i de resterende fire prøvene fra Vestlandet. Én av disse artene var *Nectria nigrescens*, som ble bekreftet i én prøve fra Sogndal med 99% sekvenskvalitet. Denne prøven kom fra et tre som også var positiv for *O. novo-ulmi*. De tre andre prøvene var også fra Sogndal og ga utslag for *Diaporthe perijuncta* (to prøver med 99% sekvenskvalitet og én prøve med 100% kvalitet). Alle de sekvenserte prøvene fra Sørlandet var positive for *O. novo-ulmi*.

Som regel aksepterer man bare sekvensresultater som har mer enn 99% likhet med data i NCBI-databaser. Alle resultatene i denne studien hadde mellom 99 og 100% likhet, og er derfor innenfor marginene for å kunne ansees som sikre resultater.

3.3 Hvilke insektvektorer ble funnet på smittede trær?

Vi samlet totalt 22 biller fra seks ulike trær langs Sognefjorden og 14 biller fra to trær på Sørlandet, i Kristiansand og Arendal (Tabell 4). Kun én *Scolytus*-art ble påvist, nemlig den allerede kjente arten for Norge, liten almesplintborer, *Scolytus laevis*. Vi observerte både hanner og hunner, men det ble ikke funnet hverken gallerier eller larver i noen av vertstrærne. Alle funnene av *S. laevis* ble gjort langs Sognefjorden. Det ble også funnet eksemplarer av lauvvedborer, *Trypodendron domesticum* og *Trypodendron signatum*, på både Vest- og Sørlandet. I tillegg ble det funnet ett eksemplar av *Salpingus ruficollis* i Lærdal, og ett eksemplar av *Xyleborinus saxesenii* i Arendal.

Tabell 4. GPS-koordinater til trær der det ble funnet biller, samt hvilke og hvor mange biller som ble funnet per tre.

Kommune	Koordinater	Billefunn (antall)
Aurland	60°57'23.5"N 6°55'57.4"E	<i>Trypodendron domesticum</i> (2) + <i>Trypodendron signatum</i> (1)
Lærdal	61°06'36.1"N 7°04'17.9"E	<i>Salpingus ruficollis</i> (1)
Sogndal	61°15'24.4"N 7°07'57.1"E	<i>Scolytus laevis</i> (8)
Sogndal	61°15'24.8"N 7°07'57.0"E	<i>Scolytus laevis</i> (3)
Sogndal	61°15'24.7"N 7°07'57.2"E	<i>Trypodendron domesticum</i> (2) + <i>Trypodendron signatum</i> (1)
Sogndal	61°12'59.8"N 6°32'12.0"E	<i>Scolytus laevis</i> (4)
Kristiansand	58°14'01.4"N 8°07'55.0"E	<i>Trypodendron domesticum</i> (3) + <i>Trypodendron signatum</i> (5)
Arendal	58°28'06.6"N 8°44'53.7"E	<i>Trypodendron domesticum</i> (5) + <i>Xyleborinus saxesenii</i> (1)

3.4 Utbruddet ved Framfjorden

Ved Framfjorden i Vik kommune observerte vi svært mange døde almetrær i en li. Den samme lien fant jeg på et bilde fra 2019. Figur 10 viser begge bildene samlet. Bildet fra 2019 viser antydning til døde trær som kan være alm, men skadebildet er ikke like dramatisk som det som ble fotografert under feltarbeidet i 2024.



Figur 10. Bilder fra 2019 og 2024 av en li ved Framfjorden i Sognefjorden med trær som har symptomer forenlige med almesyke. Øverste bilde: Hått (2019), (<https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Framfjorden.jpg>). CC BY-SA 4.0. Nederste bilde: Fotografert av Ole Jakob Bae Næss, 2019.

3.5 Modellering av utbredelse for vektorarter registrert i Nord-Europa

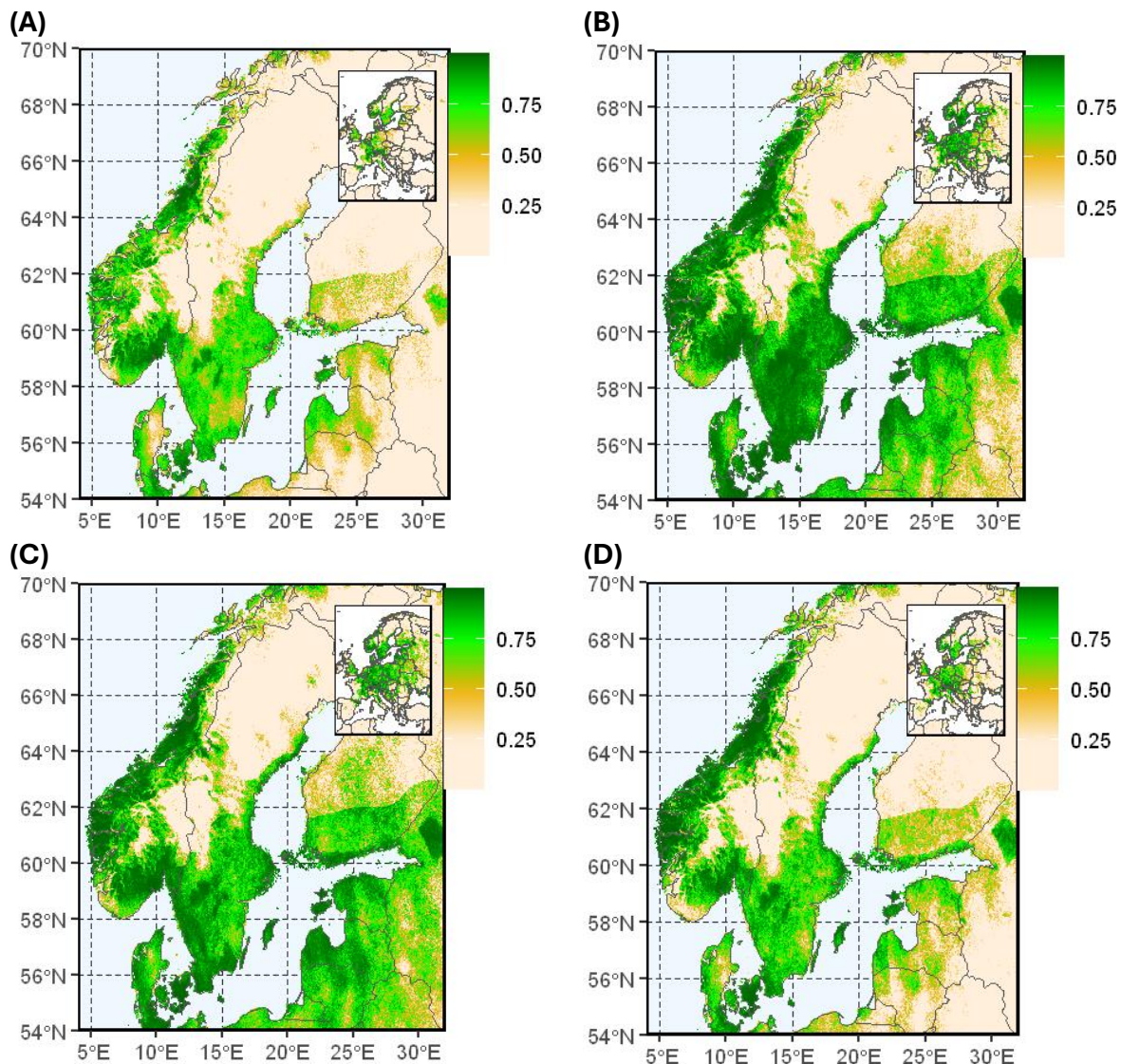
Det ble tilpasset modeller til artene *Scolytus laevis*, *S. multistriatus*, *S. scolytus*, *S. triarmatus* og *S.pygmaeus*. For alle modellene ble kryssvalidering gjennomført og modellene ble vurdert ved å sammenligne AUC-verdiene fra treningsdata og testdata. Alle modellene hadde høye AUC-verdier for både treningsdata og testdata. For hver art viste modellene lave differanser (< 0.007) mellom AUC-verdiene for de to datasettene. De lave differansene indikerer høy etterprøvbarehet hos modellene. Se tabell 5 for AUC-verdiene hos de fem artene (og Vedlegg B (Figur 16), for ROC-kurvene som verdiene er hentet fra).

Tabell 5. AUC-verdiene ved modellens anvendelse på trenings- og testdataene.

	<i>Scolytus laevis</i>	<i>Scolytus multistriatus</i>	<i>Scolytus scolytus</i>	<i>Scolytus triarmatus</i>	<i>Scolytus pygmaeus</i>
Treningsdata (AUC)	0.938	0.910	0.913	0.979	0.888
Testdata (AUC)	0.939	0.914	0.911	0.982	0.894
Differanse	0.001	0.004	0.003	0.003	0.007

3.5.1 Potensiell utbredelse av *Scolytus laevis*

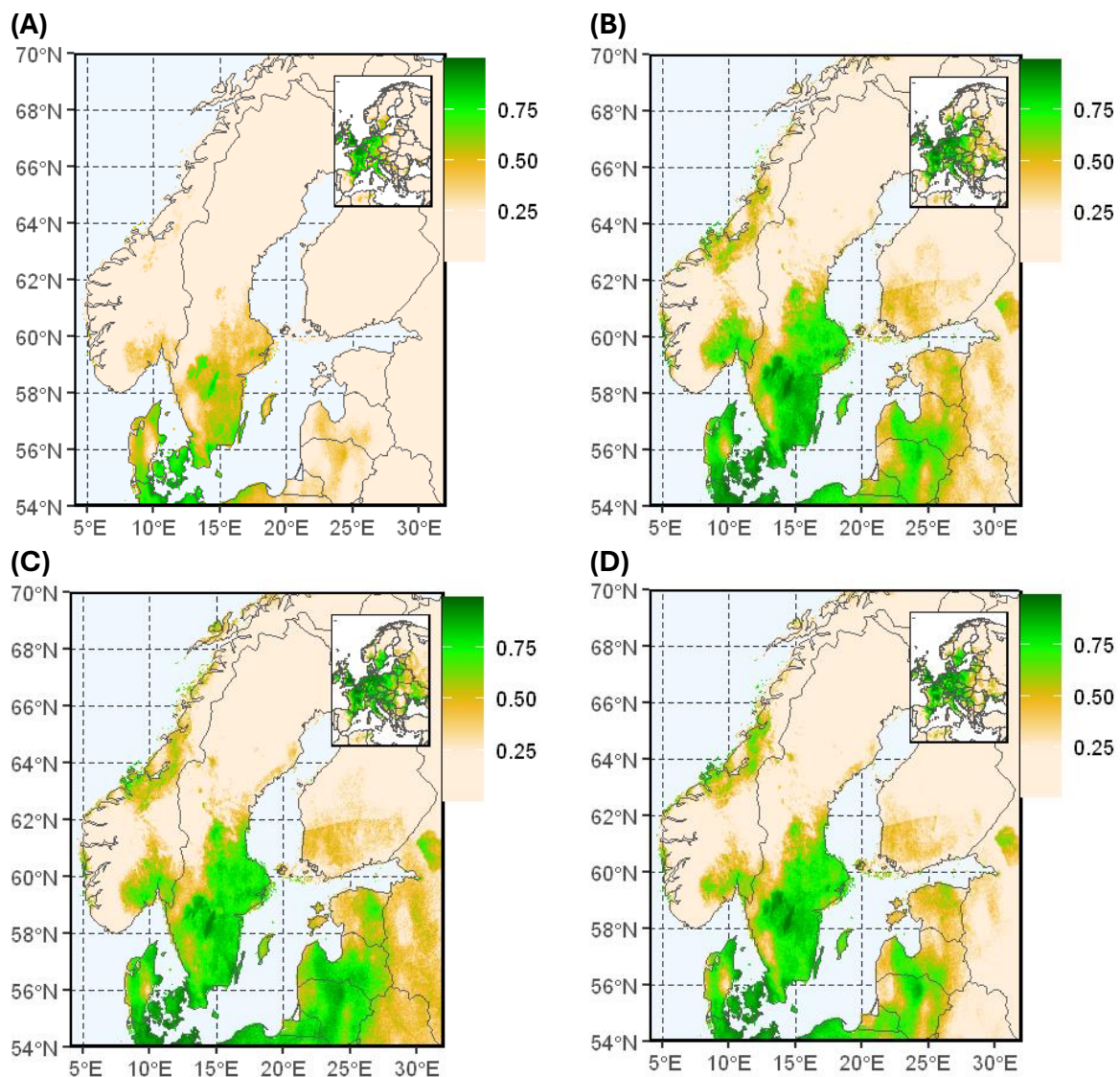
Med dagens klima ser arten ut til å kunne forekomme over hele Østlandet, Sørlandet og Vestlandet, med unntak av fjellområdene og store deler av Rogaland og Innlandet (Figur 11). For perioden 2041 til 2060 anslår modellen at arten vil forekomme med større sannsynlighet innenfor dette potensielle utbredelsesområdet, men også at området vil utvide seg noe – særlig i Rogaland. Perioden 2061-2080 skiller seg lite fra 2041-2060. I perioden 2081-2100 vil trolig størsteparten av Agder og Rogaland ikke lenger ha et klima som egner seg for *S. laevis*.



Figur 11. Sannsynligheten for forekomst av *Scolytus laevis* i Nord-Europa frem til år 2100 basert på ulike klimaprojeksjoner. Bilde A, B, C og D representerer henholdsvis nåværende klimaforhold, og klimaforhold predikert for 2041-2060, 2061-2080 og 2081-2100.

3.5.2 Potensiell utbredelse av *Scolytus multistriatus*

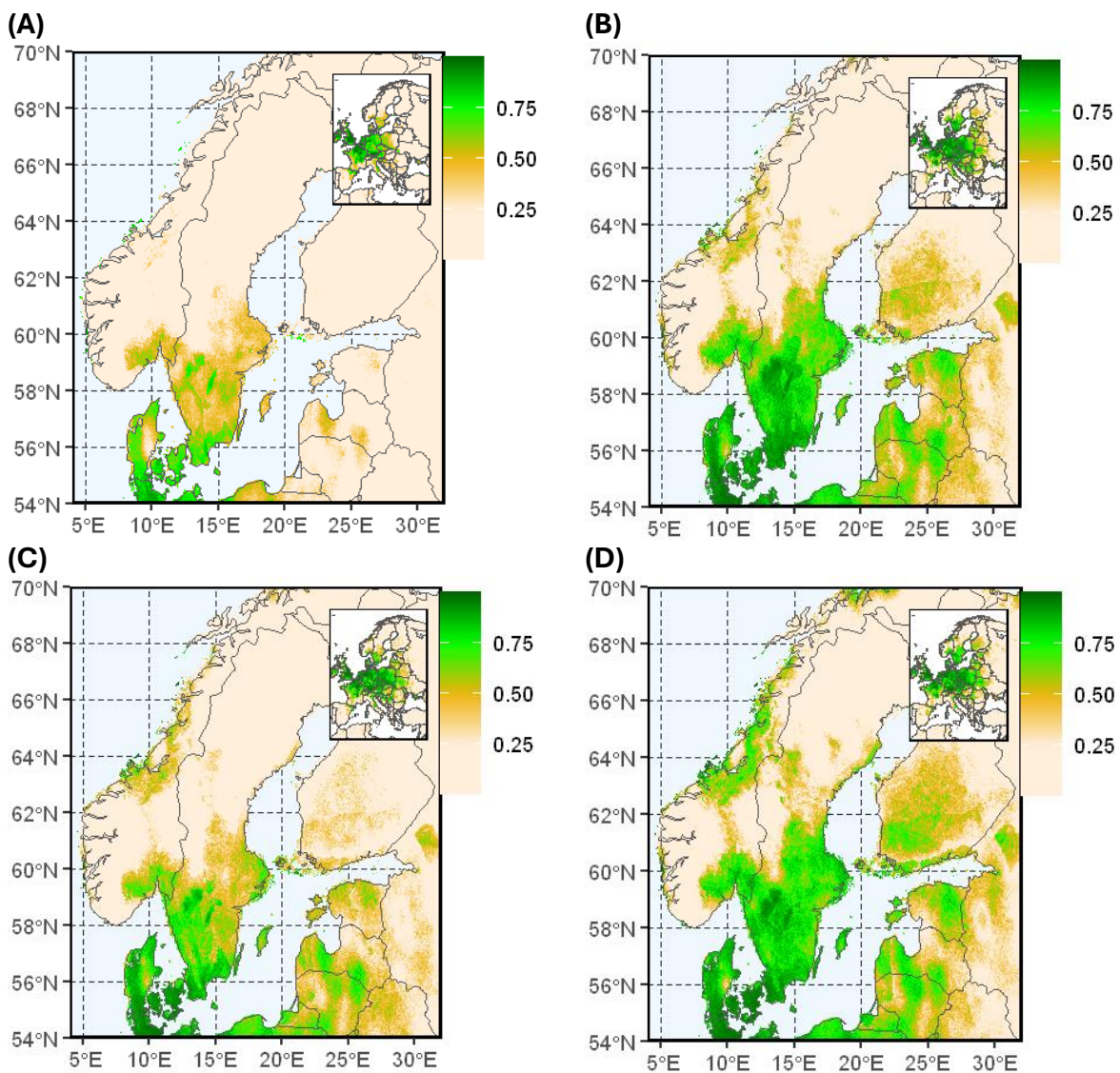
Med dagens klima ser *S. multistriatus* kun ut til å kunne forekomme (med moderat sannsynlighet) på Østlandet og små deler av Trøndelag og kysten langs Vestlandet (Figur 12). Sannsynligheten for dette er i dag rundt 50 %, men allerede i 2041-2060 viser resultatene en økning på opptil 75 % sannsynlighet for forekomst på Østlandet. I tillegg har også deler av Trøndelag og Nordland fått økt sannsynlighet. Resultatene for 2041-2060 ligner i stor grad på resultatene for 2061-2080, med unntak av at artens potensielle utbredelsesområde ser ut til å strekke seg lenger nord i sistnevnte periode. I perioden 2081 til 2100 er sannsynligheten for at arten er på Østlandet noe lavere, mens dens sannsynlighet for å være i Trøndelag og sørlige deler av Nordland er noe høyere.



Figur 12. Sannsynligheten for forekomsten av *Scolytus multistriatus* i Nord-Europa frem til 2100 basert på ulike klimaprojeksjoner. Bilde A, B, C og D representerer henholdsvis nåværende klimaforhold, og klimaforhold predikert for 2041-2060, 2061-2080 og 2081-2100.

3.5.3 Potensiell utbredelse av *Scolytus scolytus*

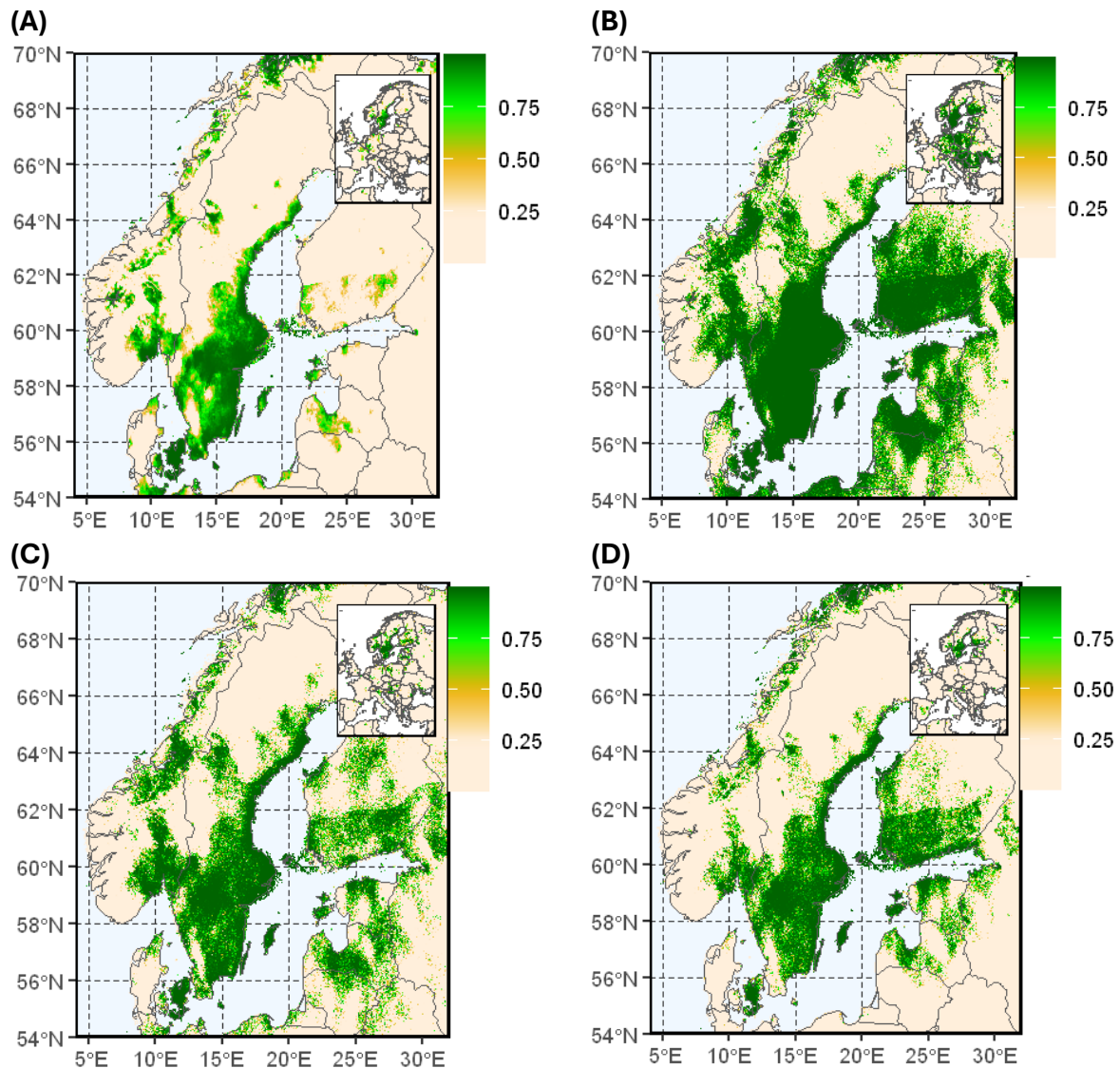
Scolytus scolytus har allerede i dag et egnet klima i deler av Norge, og da i all hovedsak på Østlandet (Figur 13). Både det potensielle utbredelsesområdet og sannsynligheten for forekomst øker i 2041-2060. Selv om potensielt utbredelsesområde ikke endrer seg mye fra perioden før, har *S. scolytus* en lavere sannsynlighet for å forekomme på Østlandet i 2061-2081 enn i 2041-2061. Til tross for dette når arten sitt maksimale utbredelsesområde frem til 2100 i perioden 2081-2100, med økt sannsynlighet for forekomst på både Østlandet, i Trøndelag og Nordland og i Troms.



Figur 13. Sannsynligheten for forekomsten av *Scolytus scolytus* i Nord-Europa frem til 2100 basert på ulike klimaprojeksjoner. Bilde A, B, C og D representerer henholdsvis nåværende klimaforhold, og klimaforhold predikert for 2041-2060, 2061-2080 og 2081-2100.

3.5.4 Potensiell utbredelse av *Scolytus triarmatus*

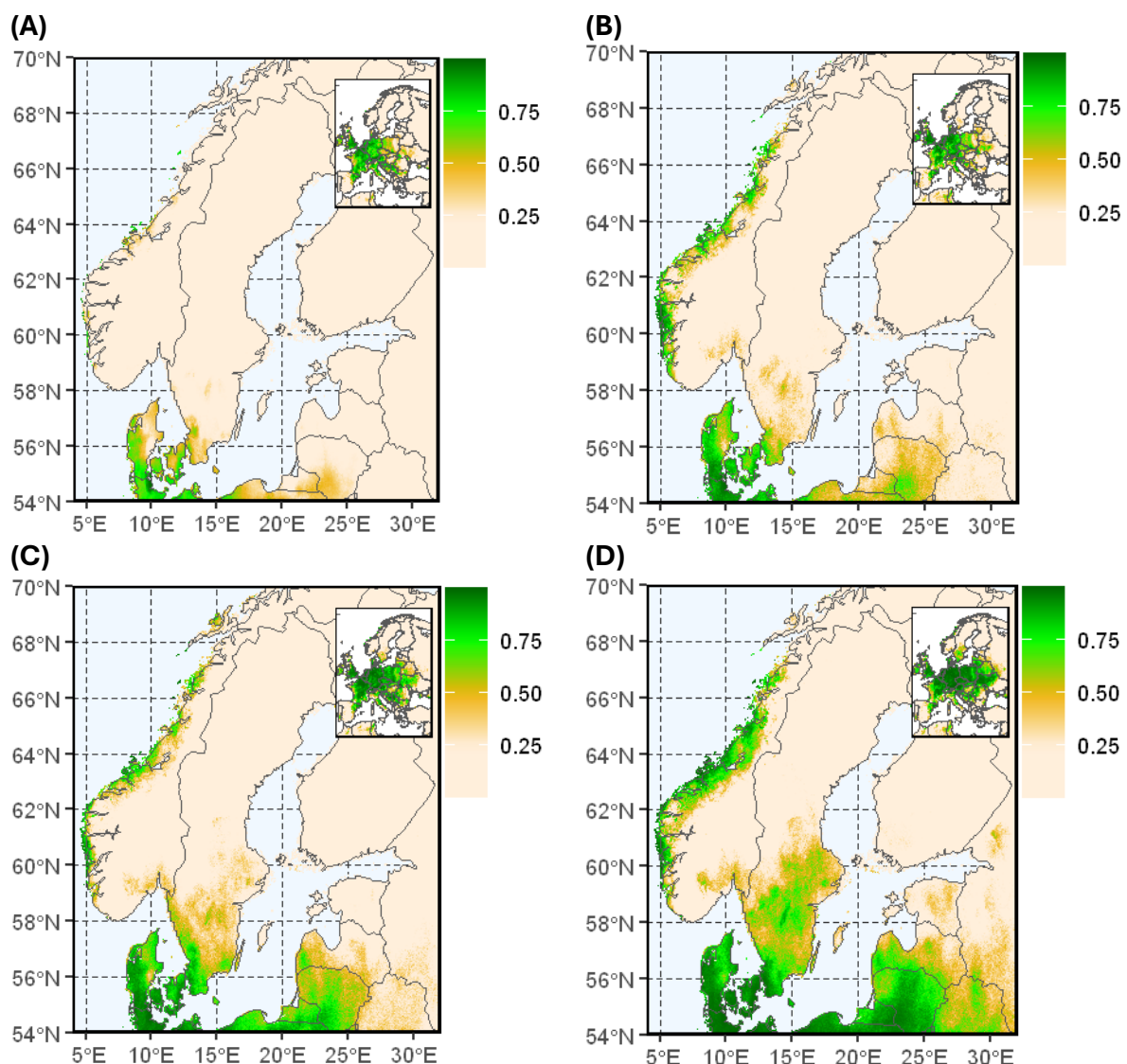
Ifølge distribusjonsmodellene har *S. triarmatus* allerede egnede klimaforhold i ulike områder fra Oslofjorden og opp til Troms (Figur 14). For den undersøkte hundreårsperioden, viser arten sitt maksimale utbredelsesområde i perioden 2041-2060, mens området gradvis krymper frem til 2081-2100. Modellen ser ut til å gi relativt kategoriske resultater, der størsteparten av de fremtidige utbredelsesområdene har svært høy sannsynlighet for artens forekomst.



Figur 14. Sannsynligheten for forekomsten av *S. triarmatus* i Nord-Europa frem til 2100 basert på ulike klimaprojeksjoner. Bilde A, B, C og D representerer henholdsvis nåværende klimaforhold, og deretter klimaforhold predikert for 2041-2060, 2061-2080 og 2081-2100.

3.5.5 Potensiell utbredelse av *Scolytus pygmaeus*

Med dagens klimaforhold er det få egnede områder for *S. pygmaeus* i Norge, og ingen av disse områdene har mer enn 50 % sannsynlighet for at arten kan forekomme (Figur 15). Fra og med perioden 2041-2060 er det rundt 75 % sannsynlighet for at arten kan forekomme langs store deler av vestkysten i Norge, og rundt 50 % sannsynlighet rundt Oslofjorden. I perioden 2061-2080 reduseres artens potensielle utbredelsesområder slik at områdene med opptil 75% sannsynlighet kun dekker ytre kyststrøk på Vestlandet. I 2081-2100 utvider det potensielle området for arten seg og dekker større deler av Vestlandet, samt at arten øker sin sannsynlighet for å kunne være på Østlandet.



Figur 15. Sannsynligheten for at *S. pygmaeus* kan forekomme i Nord-Europa frem til 2100 basert på ulike klimaprojeksjoner. Bilde A, B, C og D representerer henholdsvis nåværende klimaforhold, og deretter klimaforhold predikert for 2041-2060, 2061-2080 og 2081-2100.

3.5.6 Total modellert utbredelse

I modellene blir alle områder med høyere enn 25% sannsynlighet for forekomst, regnet som potensielle utbredelsesområder. Tabell 6 viser den prosentvise økningen i artenes utbredelse i hver 20-årsperiode, med nåværende periode som utgangspunkt.

Alle de fem artene øker sitt utbredelsesområde den neste hundreårsperioden, men maksimal utbredelse ble nådd på ulike tidspunkt. I Europa nådde *S. laevis* og *S. multistriatus* toppen i perioden 2061 til 2080, med henholdsvis 2 726 596 og 3 577 013 km². For *S. scolytus* og *S. triarmatus* ble toppen nådd i perioden 2041 til 2060, med henholdsvis 2 971 810 og 2 211 696 km², mens *S. Pygmaeus* nådde toppen mellom 2081 og 2100 med 3 511 313 km².

I Norge ble toppen for *S. laevis* nådd i 2041-2060 med omtrent 219 797 km². Det samme gjelder for *S. triarmatus* som nådde sin topp med 143182 km². *Scolytus multistriatus* hadde sin maksimale utbredelse i 2061 til 2080 med 63 809 km², mens *S. scolytus* og *S. pygmaeus* hadde størst utbredelse i 2081 til 2100 med henholdsvis 112 752 og 84 806 km².

Tabell 6. Prosentvis økning fra dagens potensielle utbredelsesområde i Europa og Norge (fet skrift) hos fem vektorarter for almesyke. Resultatene er gitt for tre tyveårs-perioder frem til 2100: 2041 til 2060, 2061-2080 og 2081-2100. Referanseperioden er 2021-2040 og tallene viser endring i prosent fra mulig utbredelse i referanseperioden.

År	Område	Økning fra dagens potensielle utbredelsesområde (%)				
		<i>Scolytus laevis</i>	<i>Scolytus multistriatus</i>	<i>Scolytus scolytus</i>	<i>Scolytus triarmatus</i>	<i>Scolytus pygmaeus</i>
2041-2060	Europa	160	70	52	372	8
	Norge	43	696	178	125	1220
2061-2080	Europa	167	97	47	77	39
	Norge	37	703	133	78	984
2081-2100	Europa	59	60	50	30	57
	Norge	24	696	266	30	2479

4 Diskusjon

4.1 Spredningen av almesyke på Vest- og Sørlandet

Foreløpig kan alle kjente tilfeller av almesyke på Vestlandet knyttes til indre Sognefjord.

Utbruddet er omfattende, med mange smittede trær spredd over flere mil. Dersom sykdommen kun har vært i området i noen år, vitner dette om svært rask spredning.

Bildene fra Framfjorden (Figur 10) kan tyde på at spredningen har akselerert de siste årene. Hvis almesyke kan knyttes til majoriteten av de døde trærne som er fotografert i Framfjorden, betyr dette at sykdommen på kun noen få år har klart å gjøre stor skade. I perioden fra 2019 til 2024 har antallet døde trær økt betraktelig. Det er usikkert hva som kan ha forårsaket den raske oppblussingen av død alm, og trolig kan flere ulike hendelsesforløp lede til slike tilstander. For eksempel kan det hende at de døde trærne som kan skimtes i 2019 ikke ble drept av almesyke, men av noe annet (som hjortegneg, skred, eller tørke) og at den allerede store ansamlingen av døde vertstrær har bidratt til gode forhold for reproduksjon av *Scolytus*-biller som bærer med seg sporer av almesykesopp. Dette kan i sin tur ha bidratt til en lokal epidemi av almesyke når den nye billegenerasjonen har fløyet fra de døde trærne og hatt næringsgnag i trær i nærheten. I tillegg vil nok den høye tettheten av alm kunnet bidra til at flere av trærne er blitt smittet gjennom rotkontakt. Siden de vaskulære karene er større og mer diffust fordelt i røttene enn i de overjordiske delene, kan soppen vokse lettere og transporteres raskt videre i røtter (Sinclair & Campana, 1978).

Smittesituasjonen i Framfjorden skiller seg ut i norsk sammenheng ved at et større område der alm er dominerende treslag blir fullstendig forandret. Andre skandinaviske tilfeller som kan minne om situasjonen i Framfjorden er ødeleggelsen av Örups almeskog i Malmø, hvor et større skogområde med alm ble drastisk endret etter å ha blitt rammet av *O. novo-ulmi* på 1980-tallet (Hall, 2015). Det dramatiske smitteforløpet i Örups almeskog kan knyttes til *S. laevis*, men også den mer effektive smittesprederen *S. scolytus* (Anderbrant & Schlyter, 1987). Hvorvidt sykdomsspredningen ved Framfjorden kan skyldes andre, mer effektive, vektorer er interessant å undersøke i fremtiden.

På Sørlandet har forekomsten av almesyke vært kjent i noen år. En kartlegging gjort av NIBIO påviste almesyke i Arendal og Risør kommune allerede i 2020 (Timmermann et al., 2025), og i 2023 ble det bekreftet almesyke på en prøve fra Kristiansand (Timmermann et al., 2025). Nytt fra min studie er at det også ble bekreftet almesyke i Gjerstad og Vennesla

kommune. I tillegg påviste jeg ytterligere tilfeller av almesyke i både Kristiansand og Arendal. Selv om det først nå er blitt bekreftet med PCR at almesykesopp (*O. novo-ulmi*) befinner seg i Vennesla, er det indikasjoner på at sykdommen kan ha vært der allerede i 2018. En nyhetsartikkel i Vennesla Tidende i 2018 oppgav at et par eldre almetrær risikerte å bli felt som følge av det som ble ansett å være almesyke (Jeppestøl, 2018). Det er derfor godt mulig at almesyke har eksistert på Sørlandet i flere år uten at det har blitt fanget opp av fagmiljøet.

Tidligere erfaringer fra Norge tyder på at det kan ta opptil to år fra et tre smittes til det dør (Eriksen, 1993; Eriksen, 1994; Aalde, 1994, 1996). På både Vest- og Sørlandet var det varierende sykdomsgrader hos de smittede trærne (Figur 7 og 9). Dette kan tyde på at trærne har blitt smittet på ulike tidspunkt, og at flere av dem trolig ble smittet året før min befaringsreise (altså i 2023). Likevel vil mange faktorer spille inn på hvor rask sykdomsutviklingen er hos hvert enkelt tre. For eksempel kan mengden soppsporer som inokuleres av vektorbillene (Webber, 2004) og hvilken grad trærne er tørkestresset (Solla & Gil, 2002) være avgjørende. Disse faktorene gjør derfor at man ikke med sikkerhet kan anslå smittetidspunkt ut fra trærnes sykdomsgrad.

Også blant trær uten påvist smitte var helsetilstanden varierende og mange av trærne var sterkt svekket. Dette skyldes at vi hentet prøver fra trær som allerede viste symptomer på smitte, og dataen er derfor trolig ikke representativ for den generelle helsetilstanden hos alm i områdene.

Det er viktig å påpeke at funnene i denne studien kun gir et minimumsbilde av hvor alvorlig smittesituasjonen er på Vest- og Sørlandet. Funnene representerer kun de begrensede områdene vi har undersøkt. Fjellene ved Sognefjorden kan begrense smitten i nord- og sørgående retning, men hvordan spredningen er videre langs fjorden er usikkert. På Sørlandet hadde det vært interessant å undersøke flere tilgrensende områder, slik som Lindesnes.

4.2 Resultatene fra PCR-testing

Det er ikke overraskende at alle soppisolatene med *Ophiostoma* ssp. som ble identifisert var positive for den mer aggressive *Ophiostoma novo-ulmi*. I dag er spredningen av almesyke dominert av *Ophiostoma novo-ulmi*, og alle tidligere funn av *O. ulmi* ble gjort i løpet av den første almesyke-epidemien på 1960-tallet. Det ville derfor ha vært langt mer overraskende dersom det skulle vise seg å være *O. ulmi* som sto for smitten i de nye områdene.

Blant prøvene som ble undersøkt, ble det også påvist to sopper som ikke gir almesyke. Den ene av disse, *Diaporthe perijuncta*, er ikke blitt registrert i Norge før. Soppen er tidligere

primært blitt ansett for å være et patogen på vindruer over store deler av verden (Rawnsley et al., 2006), men den er også registrert på falne kvister av alm i Østerrike og Tyskland (van Niekerk et al., 2005). Den andre soppen, *Nectria nigrescens*, forårsaker sykdommen som på engelsk kalles «Black-Spot Nectria Canker». Sykdommen er kjent for å bidra til avdøying hos en rekke treslag, men opptrer først og fremst når treet allerede er svekket (Bergdahl & Hill, 2016). Eksemplaret i denne studien ble funnet på et tre der det også ble påvist *O. novo-ulmi*, og sannsynligvis var den der fordi treet var svekket av almesyke.

Med PCR-primerne som ble benyttet i denne studien, var det kun artene av almesykesopp som kunne identifiseres, og det er derfor fremdeles usikkert hvilke underarter av *O. novo-ulmi* som kan knyttes til sykdomsspredningen. Om det er den amerikanske varianten (*O. novo-ulmi* ssp *americana*), den europeiske varianten (*O. novo-ulmi* ssp *novo-ulmi*), eller begge som har bidratt er et relevant spørsmål for videre forskning. Det er blant annet registrert forskjeller mellom de to underartene med hensyn til hvor aggressive de er (Brasier & Kirk, 2001; Brasier et al., 1990), og dette vil ha innvirkning på hvordan sykdommen utarter seg videre.

4.3 Insekthunn

Ingen av billene jeg samlet inn var vektorarter som ikke er blitt registrert i Norge tidligere. Det ble kun funnet én art av slekten *Scolytus* og dette var den allerede godt kjente *Scolytus laevis*. Alle disse funnene ble gjort på Vestlandet. Det at det ikke ble funnet noen eksemplarer av *S. laevis* på Sørlandet kan skyldes flere ting, men sannsynligvis er det kun et tilfeldig resultat av et begrenset datamateriale som dermed ikke er dekkende for artssammensetningen i områdene.

Billefunnene fra Sørlandet inneholder likevel en art som tidligere forskning har knyttet til almesyke. I Arendal ble det funnet ett eksemplar av *X. saxesenii*, en ambrosiabille som det allerede er blitt gjort flere registreringer av på vestsiden av Oslofjorden (Ødegaard, Hanssen, et al., 2021). En studie gjort av Jürisoo et al. (2021) påviste at *X. saxesenii* kan bære store mengder med sporer av *O. novo-ulmi*. Likevel er det usikkert i hvor stor grad arten bidrar til smitte av friske trær, da den tiltrekkes av etanol som frigjøres fra syke/sterkt svekkede løvtrær (Cavaletto et al., 2023).

Ambrosiebillene *T. domesticum* og *T. signatum* ble funnet på både Sør- og Vestlandet. Disse koloniserer i likhet med *X. saxesenii* døde og døende trær, men både *T. domesticum* og *T. signatum* har også blitt knyttet til større angrep på frisk bøk i Belgia (Gaubicher et al., 2003).

Om de kan angripe frisk alm er ikke undersøkt tidligere, men dagens kunnskap tilsier heller at disse artene befant seg på almetrærne fordi trærne var svekket fra før av.

I Lærdal ble det funnet ett eksemplar av *Salpingus ruficollis*, som er en vanlig bille i Norge (Ødegaard, Laugsand & Olberg, 2021). Arten har tidligere blitt observert i larveganger til *S. scolytus*, og det er derfor mulig at den kan komme i kontakt med sporer av *O. novo-ulmi* (Jürisoo et al., 2021). Likevel er det usannsynlig at den kan være en effektiv smittespreder, siden den lever under barken på døde trær (Müller et al., 2007; Winiger et al., 2023) og ikke assosieres med friske trær.

Billematerialet jeg samlet inn er ikke omfattende nok til å gi et godt bilde av hvilke vektorarter som er eller ikke er i de respektive områdene. En utfordring ved å lete etter biller på døde trær er at det er tidkrevende, og når det kombineres med annen datainnhenting er det begrenset hvor mange prøver man rekker å samle inn. Hvor mange biller som er på trærne, er også svært avhengig av når på året man leter. Under letingen ble det ikke registrert et eneste morgalleri med *Scolytus*-biller. Dette kan tyde på at det fremdeles var tidlig i billenes flyvesesong og at vi muligens ville funnet flere biller på trærne dersom feltarbeidet var ble gjennomført noen uker senere. I tillegg kan de ulike vektorartene formere seg i forskjellige deler av treet. For eksempel foretrekker *S. laevis* å formere seg under barken på hovedstammen og større greiner, mens *S. pygmaeus* formerer seg under barken på mindre greiner (Webber, 2004). I denne studien lette vi i all hovedsak på stammen, og det er derfor mulig at vi overså noen av vektorartene som befant seg i treet.

4.4 Utbredelsesmodellering av *Scolytus*-arter

Resultatene fra utbredelsesmodelleringen tydet på at det potensielle utbredelsesområdet for *S. laevis* dekker store deler av Norge. Resultatene viste også at det allerede i dag er mulig at andre vektorarter vil kunne befinne seg på Østlandet. På Vest- og Sørlandet er det derimot kun *S. laevis*, og på enkelte steder *S. triarmatus*, som med dagens klima har høy sannsynlighet for å kunne forekomme. *Scolytus triarmatus* har i dag ingen potensielle utbredelsesområder på Sørlandet, men den har gode sannsynligheter for å kunne befinne seg rundt Sognefjorden, og da kun i de områdene hvor det nå er blitt observert en oppblomstring av almesyke. Om dette i virkeligheten har en sammenheng med den observerte spredningen av almesyke er høyst usikkert, men det er et interessant sammentreff og en god grunn til å gjøre videre undersøkelser av vektorartene rundt Sognefjorden.

Med klimaendringer vil forekomsten av ulike vektorarter kunne endre seg betydelig i Norge. Samtlige av vektorartene jeg modellerte ser ut til å kunne øke sin utbredelse, både i Norge og Europa. *Scolytus laevis* ser i all hovedsak ut til å få høyere sannsynlighet for å forekomme i områder som allerede med dagens klima er potensielle utbredelsesområder, mens *S. multistriatus*, *S. scolytus* og *S. triarmatus* kan bli betydelige utfordringer på Østlandet i fremtiden. *Scolytus pygmaeus* skiller seg ut fra resten av vektorartene ved at den hovedsakelig vil kunne bli et problem for almen langs kysten av Vestlandet. Uansett hvor i landet vektorartene vil kunne befinne seg, tyder resultatene på at fremtidige klimaforhold vil kunne legge forholdene til rette for flere, og mer effektive smittespredere i Norge enn det som er tilfelle i dag.

Et overaskende funn er at utbredelsesområdet til *S. scolytus* ser ut til å krympe fra 2041-2060 til 2061-2080, før det på nytt vokser i 2081-2100. Denne utviklingen kan sees på kartet for dens utbredelse i Norge (Figur 13), men den gjelder også for resten av Europa (Tabell 6). I tillegg ser man den samme tendensen for *S. pygmaeus* i Norge (Figur 15 og Tabell 6). Det er uklart hva som får det potensielle utbredelsesområdet til å endre seg slik hos de to artene, men muligens kan det skyldes at noen prediktorvariabler med særlig høye korrelasjoner til responsvariabelen kan ha mer utslagsgivende verdier i periodene 2041-2060 og 2081-2100, enn i 2061-2080. Siden jeg ikke undersøkte effekten av hver enkelt variabel kan jeg ikke si hva som forårsaker den merkelige variasjonen i utbredelsesområdet til *S. scolytus* og *S. pygmaeus*.

Resultatene for *S. triarmatus* fremstår som relativt kategoriske, ved at nærmest hele utbredelsesområdet har en 100 % sannsynlighet for forekomst av arten. Dette kan skyldes det lave antallet verifiserte observasjoner av *S. triarmatus* (kun 152 registrerte funn) og at majoriteten av disse var fra områder i Sverige med ganske like klimaforhold (se Vedlegg C, Figur 17). Fordi de fleste registrerte funn er knyttet til én type klima blir det trolig en overdrevent sterk korrelasjon mellom artens forekomst og enkelte klimavariabler. Siden klimaet på Østlandet og deler av Trøndelag ligner de delene av Sverige der arten finnes, kan det tenkes at det blir beregnet en overdrevent stor sannsynlighet for at arten kan leve i disse områdene. Dette trenger ikke å bety at arealet som beregnes for artens utbredelse, er feil: Hvis fordelingen av «presence points» for *S. triarmatus* stemmer overens med artens virkelige utbredelse, vil de gi en relativt presis fremstilling av artens foretrukne klima. Likevel er det spesielt at resultatene viser 100 % sannsynlighet for artens forekomst over så store områder,

og derfor bør det ikke trekkes sterke konklusjoner ut fra sannsynlighetsfordelingen som vises i resultatene.

Det er høy sannsynlighet for at det er skjevheter i datamaterialet, særlig siden det er blitt brukt data fra GBIF (Beck et al., 2014). Ivrig datainnsamlere i noen områder, omfattende studier og nasjonale overvåkningsprogrammer er eksempler på faktorer som kan påvirke fordelingen av registrerte artsfunn i Europa. For å dempe effekten av slike biaser kan tynning i datamaterialet være et alternativ. I denne studien ble det derimot besluttet å ikke tynne, da en studie av Varela et al. (2014) konkluderer med at tynning ofte vil ha en netto negativ effekt: tynning reduserer mengden data så mye at det gir mindre nøyaktige modeller.

Regresjonsmodeller med mange prediktorvariabler er utsatt for såkalt «overfitting». Jeg brukte 20 variabler, noe som gir en betydelig risiko for overfitting. Overfitting medfører at resultatene i større grad gjenspeiler treningsdataene enn testdataene, og at sammenhenger som kan skyldes tilfeldigheter overskygger de økologiske prosessene man ønsker å fremstille. Den lave differansen i AUC-verdier mellom test- og treningsdataene i mine modeller viser at det er høy samstemthet mellom treningsdataen og testdataen. Dette kan tyde på at overfitting ikke er et problem i mine modeller.

Utbredelsesmodellene kan også være sårbare for multikollinearitet, altså at det er signifikante sammenhenger mellom to eller flere av prediktorvariablene. Flere av de klimatiske prediktorvariablene fra CMIP6 er innbyrdes korrelerte, for eksempel er det en direkte relasjon mellom BIO7 og BIO5 og BIO6 (se tabell 3). Multikollinearitet vil kunne gjøre det vanskelig å avgjøre hvilke variabler som er signifikante, men siden hensikten med modellene i denne studien ikke var å evaluere ulike variabler, men heller å gjøre prediksjoner, er multikollinearitet trolig ikke et problem i dette tilfellet.

Utbredelsesmodellene som presenteres i denne oppgaven gir kun en forenklet fremstilling av hvordan vektorartene sin utbredelse kan se ut. Modellene er kun basert på dagens forekomst av artene og dens korrelasjon med bestemte klimavariabler og almens utbredelse. Det er derfor mange økologiske prosesser og sammenhenger som vil ha en innvirkning på hvor artene kan befinne seg som ikke er blitt tatt hensyn til i denne studien.

Det er også noe usikkerhet knyttet til hvor presise dataene til de ulike prediktorvariablene er. Det ble tatt utgangspunkt i et moderat utslippsscenario (ssp245), og resultatene ville antagelig blitt annerledes dersom andre scenarioer ble brukt. I tillegg ble kun almens nåværende utbredelsesområde brukt som prediktorvariabel, mens klimaendringene trolig vil medføre at

almens naturlige utbredelsesområde beveger seg nordover (Sykes et al., 1996). Likevel tyder resultatene mine på at det både med dagens og fremtidig klima vil bli mulig for nye vektorarter å oppholde seg i Norge, og at presset fra smittespredere dermed ser ut til å kunne øke i fremtiden.

5 Konklusjon

I denne studien har jeg kartlagt almesyke i nye områder for sykdommen. Antall positive prøver og deres geografiske fordeling viser tydelig at spredningen er godt i gang både på Vest- og Sørlandet. Man kan derfor ikke tolke de to smittesituasjonene på Vest- og Sørlandet til å kun gjelde enkelttilfeller av almesyke. I stedet bør det tolkes dit hen at almesyke allerede er en betydelig trussel mot almebestanden i de nye områdene hvor den har spredd seg. Dessuten har jeg trolig bare avdekket toppen av isfjellet i denne studien. Kartleggingene ble gjort innenfor et begrenset tidsrom og det er sannsynlig at sykdommen også er etablert i tilgrensende områder som jeg ikke rakk å besøke.

Alle prøvene som var positive for *Ophiostoma* ssp. var av arten *O. novo-ulmi*. Dette er i tråd med utviklingen ellers i verden, og sannsynligvis gjelder det også uoppdagede smittetilfeller. Vi fant ingen nye vektorarter for Norge, men datamaterialet er ikke stort nok til å kunne konstatere med sikkerhet hvilke arter som befinner seg i de undersøkte områdene.

Funnene av biller i felt stemte relativt godt overens med resultatene fra utbredelsesmodellene, da det i dagens klima kun er *S. laevis* og *S. triarmatus* som har gode forutsetninger for å kunne forekomme langs Sognefjorden, og kun *S. laevis* som vil kunne forekomme på Sørlandet. Samtidig tyder modellresultatene på at andre vektorarter allerede kan finnes seg på Østlandet, og at trusselen de utgjør vil kunne øke i de kommende tiårene.

Til sammen maler mine resultater et dramatisk bilde av dagens smittesituasjon, med en rask spredning av almesyke i områder som inntil nylig har blitt regnet som smittefrie. Dette, kombinert med modellresultater som viser at flere vektorarter allerede i dag kan forekomme på Østlandet, tilsier at vi bør revurdere hvilken trussel almesyke utgjør i Norge. Resultatene bekrefter at problematikken rundt almesyke ikke lenger er begrenset til Østlandet, og at vi nå er inne i en ny fase for almesyke i Norge.

6 Referanseliste

- Anderbrant, O. & Schlyter, F. (1987). Ecology of the Dutch elm disease vectors *Scolytus laevis* and *S. scolytus* (Coleoptera: Scolytidae) in southern Sweden. *Journal of Applied Ecology*, 539-550. <https://doi.org/10.2307/2403891>
- Bajeux, N., Arino, J., Portet, S. & Westwood, R. (2020). Spread of Dutch elm disease in an urban forest. *Ecological modelling*, 438, 109293. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2020.109293>
- Barbet-Massin, M., Jiguet, F., Albert, C. H. & Thuiller, W. (2012). Selecting pseudo-absences for species distribution models: how, where and how many? *Methods in Ecology and Evolution*, 3(2), 327-338. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210x.2011.00172.x>
- Beck, J., Böller, M., Erhardt, A. & Schwanghart, W. (2014). Spatial bias in the GBIF database and its effect on modeling species' geographic distributions. *Ecological Informatics*, 19, 10-15. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2013.11.002>
- Bergdahl, A. D. & Hill, A. (2016). *Diseases of Trees in the Great Plains* (Gen. Tech. Rep. RMRS-GTR-335). Department of Agriculture, Forest Service. https://www.fs.usda.gov/nac/assets/documents/research/publications/rmrs_gtr_335.pdf#page=80
- Brasier, C. M. (1991). *Ophiostoma novo-ulmi* sp. nov., causative agent of current Dutch elm disease pandemics. *Mycopathologia*, 115(3), 151-161. <https://doi.org/10.1007/bf00462219>
- Brasier, C. M. (2008). The biosecurity threat to the UK and global environment from international trade in plants. *Plant Pathology*, 57(5), 792-808. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01886.x>
- Brasier, C. M. (2009). Rapid Evolution of Introduced Plant Pathogens via Interspecific Hybridization. *BioScience*, 51, 123-133. [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2001\)051\[0123:REOIPP\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2001)051[0123:REOIPP]2.0.CO;2)
- Brasier, C. M. & Gibbs, J. N. (1973). Origin of the Dutch Elm Disease Epidemic in Britain. *Nature*, 242(5400), 607-609. <https://doi.org/10.1038/242607a0>
- Brasier, C. M. & Kirk, S. A. (2001). Designation of the EAN and NAN races of *Ophiostoma novo-ulmi* as subspecies. *Mycological Research*, 105(5), 547-554. <https://doi.org/10.1017/s0953756201004087>
- Brasier, C. M. & Mehrotra, M. D. (1995). *Ophiostoma himal-ulmi* sp. nov., a new species of Dutch elm disease fungus endemic to the Himalayas. *Mycological Research*, 99(2), 205-215. [https://doi.org/10.1016/s0953-7562\(09\)80887-3](https://doi.org/10.1016/s0953-7562(09)80887-3)
- Brasier, C. M., Takai, S., Nordin, J. H. & Richards, W. C. (1990). Differences in cerato-ulmin production between the EAN, NAN and non-aggressive subgroups of *Ophiostoma ulmi*. *Plant Pathology*, 39(2), 231-236. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1990.tb02497.x>
- Cavaletto, G., Ranger, C. M., Reding, M. E., Montecchio, L. & Rassati, D. (2023). Species-specific effects of ethanol concentration on host colonization by four common species of ambrosia beetles. *Journal of Pest Science*, 96(2), 833-843. <https://doi.org/10.1007/s10340-022-01537-w>
- Chevet, E., Lemaître, G. & Katinka, M. (1995). Low concentration of tetramethylammonium chloride increase yield and specificity of PCR. *Nucleic acids research*, 23, 3343-3344. <https://doi.org/10.1093/nar/23.16.3343>

- Clinton, G. P. & McCormick, F. A. (1936). *Dutch Elm disease-Graphium ulmi*. Connecticut Agricultural Experiment Station.
- De Beer, Z. W., Procter, M., Wingfield, M. J., Marincowitz, S. & Duong, T. A. (2022). Generic boundaries in the *Ophiostomatales* reconsidered and revised. *Studies in Mycology*, 101(1), 57-120. <https://doi.org/10.3114/sim.2022.101.02>
- Elven, R., Bjorå, C. S., Fremstad, E., Hegre, H. & Solstad, H. (2022). *Norsk flora 8. utgåva*. Det norske samlaget.
- Eriksen, R. (1993). *Rapport fra prosjekt almesyke 1992* (NIJOS Rapport, 3/93).
- Eriksen, R. (1994). *Rapport fra prosjekt almesyke 1993* (NIJOS Rapport, 2/94).
- EUFORGEN. (2025). *Ulmus glabra*. European Forest Genetic Resources Programme. <https://www.euforgen.org/species/ulmus-glabra>
- FAO. (2020). *Global Forest Resources Assessment 2020: Main report*. <https://doi.org/10.4060/ca9825en>
- Forzieri, G., Dakos, V., McDowell, N. G., Ramdane, A. & Cescatti, A. (2022). Emerging signals of declining forest resilience under climate change. *Nature*, 608(7923), 534-539. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04959-9>
- Faasse, P. E. (2008). *In Splendid Isolation: A History of the Willie Commelin Scholten Phytopathology Laboratory, 1894-1992*. Amsterdam University Press. <https://doi.org/10.2307/j.ctt6wp5r0>
- Gardes, M. & Bruns, T. D. (1993). ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes - application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 2(2), 113-118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.1993.tb00005.x>
- Gaubicher, B., De Proft, M. & Gregoire, J.-C. (2003). Trypodendron domesticum and Trypodendron signatum: two scolytid species involved in beech decline in Belgium. In: McManus, Michael L.; Liebhold, Andrew M., eds. *Proceedings: Ecology, Survey and Management of Forest Insects; 2002 September 1-5; Krakow, Poland. Gen. Tech. Rep. NE-311*. Newtown Square, PA: US Dept. of Agriculture, Forest Service, Northeastern Research Station. 134-135., 311. <https://doi.org/https://doi.org/10.2737/NE-GTR-311>
- GBIF Secretariat. (2023a). *Scolytus laevis* (Chapuis, 1869). Hentet 17.03.2025 fra GBIF.org
- GBIF Secretariat. (2023b). *Scolytus multistriatus* (T.Marsham, 1802). Hentet 17.03.2025 fra GBIF.org
- GBIF Secretariat. (2023c). *Scolytus pygmaeus* (J.C.Fabricius, 1787). Hentet 17.03.2025 fra GBIF.org
- GBIF Secretariat. (2023d). *Scolytus scolytus* (J.C.Fabricius, 1775). Hentet 17.03.2025 fra GBIF.org
- GBIF Secretariat. (2023e). *Scolytus triarmatus* (Bright & Skidmore, 2002). Hentet 17.03.2025 fra GBIF.org
- Gibbs, J. N. & Webber, J. F. (2004). Insect Associated Tree Diseases. I J. E. Burley, J. Youngquist, J.A. (Red.), *Encyclopedia of Forest Sciences* (s. 804). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/b0-12-145160-7/00070-3>
- Gomdola, D., Bhunjun, C., Hyde, K., Jeewon, R., Pem, D. & Jayawardena, R. (2022). Ten important forest fungal pathogens: a review on their emergence and biology. *Mycosphere*, (13), 612-671. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/13/1/6>

- Gaarder, G., Hofton, T. & Jordal, J. B. (2011). Vedboende sopp på alm *Ulmus glabra* i Norge, med vekt på rødlistearter og viktige regioner. *AGARICA*, vol 31 (Agarica 2011), 57-76. <https://jbjordal.no/publikasjoner/Ulmus-Gaarder-Hofton-Jordal.pdf>
- Hall, J. (2015). *Örups almskog - ett område i förändring* [Masteroppgave 30 stp, Biologiska institutionen, Lunds Universitet]. Lund University Publications Student Papers. <http://lup.lub.lu.se/student-papers/record/8082833>
- Hansen, L. O., Ligaard, S. & Sagvolden, B. r. (1998). Notes on Norwegian Coleoptera. 4. *Fauna norvegica Serie B*, 45, 77-82. https://www.academia.edu/download/67995701/Notes_on_Norwegian_Coleoptera_420210711-1384-16htyto.pdf
- Holmes, F. W. (1990). The Dutch Elm Disease in Europe Arose Earlier Than Was Thought. *Arboriculture & Urban Forestry*, 16(11), 281-288. <https://doi.org/10.48044/jauf.1990.062>
- Jansson, A. & Lindquist, G. (1987). *Almen, Ett kulturträd i fara - En handbok i almsjukebekämpning*. ALA/MOVIUM & Institutionen för Landskapsplanering
- Jeppestøl, A. E. (2018, onsdag 1. august 2018). Må trolig felle disse gamle almetrærne grunnet sykdom. *Vennesla Tidende*. <https://www.venneslatidende.no/nyheter/i/v5RPBw/maa-trolig-felle-disse-gamle-almetraerne-grunnet-sykdom>
- Jernelöv, A. (2017). Dutch Elm Disease in Europe and North America. I (s. 170-171). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-55396-2_12
- Jordal, J. (2011). *Styvingstrær og høstingsskog i Møre og Romsdal. Utbredelse, artsmangfold, påvirkning og forvaltning* (rapport 2011:06). Fylkesmannen i Møre og Romsdal. <https://www.statsforvalteren.no/siteassets/fm-more-og-romsdal/dokument-fmmr/miljo-og-klima/naturmangfald/kartleggingsrapportar/interkommunale/2011---styvingstrar-og-hostingsskog-i-mr.pdf>
- Jürisoo, L., Adamson, K., Padari, A. & Drenkhan, R. (2019). Health of elms and Dutch elm disease in Estonia. *European Journal of Plant Pathology*, 154(3), 823-841. <https://doi.org/10.1007/s10658-019-01707-0>
- Jürisoo, L., Süda, I., Agan, A. & Drenkhan, R. (2021). Vectors of Dutch Elm Disease in Northern Europe. *Insects*, 12(5), 393. <https://doi.org/10.3390/insects12050393>
- Karnosky, D. F. (1979). Dutch elm disease: a review of the history, environmental implications, control, and research needs. *Environmental Conservation*, 6(4), 311-322. <https://doi.org/https://doi.org/10.1017/S037689290000357X>
- Konrad, H., Kirisits, T., Riegler, M., Halmschlager, E. & Stauffer, C. (2002). Genetic evidence for natural hybridization between the Dutch elm disease pathogens *Ophiostoma novo-ulmi* ssp. *novo-ulmi* and *O. novo-ulmi* ssp. *americana*. *Plant Pathology*, 51(1), 78-84. <https://doi.org/10.1046/j.0032-0862.2001.00653.x>
- La Porta, N., Capretti, P., Thomsen, I. M., Kasanen, R., Hietala, A. M. & Von Weissenberg, K. (2008). Forest pathogens with higher damage potential due to climate change in Europe. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 30(2), 177-195. <https://doi.org/10.1080/07060661.2008.10540534>
- Landbruksdirektoratet. (2025). *Instruks for regionale miljøtilskudd 2023-2027* [Seksjon miljø og klima]. A. r. o. areal. <https://www.landbruksdirektoratet.no/nb/forvaltning/alle-veivisere-for->

- [jordbruk/regionalt-miljotilskudd-i-jordbruket-rmp/_/attachment/download/96c01980-0904-4c6a-b1e7-1db60458fce9:8477633d73df61102606d8bfe942217172fb6c7a/Instruks%20for%20regionale%20milj%C3%B8tilskudd%20i%202023-2027_oppdatert%2010.03.2025.pdf](#)
- Lawrence, D., Coe, M., Walker, W., Verchot, L. & Vandecar, K. (2022). The Unseen Effects of Deforestation: Biophysical Effects on Climate. *FRONTIERS IN FORESTS AND GLOBAL CHANGE*, 5, Artikkel 756115. <https://doi.org/10.3389/ffgc.2022.756115>
- Life technologies. (2012). *Easy-DNA™ Kit: For genomic DNA isolation. User guide.* https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/easydna_man.pdf
- Lindelöw, Å. (2012). Introduced or overlooked? New bark beetle species in Sweden (Coleoptera; Curculionidae). *Forstschutz Aktuell*, 55, 28-29. <https://res.slu.se/id/publ/39980>
- Martin, J. A., Solla, A., Woodward, S. & Gil, L. (2005). Fourier transform-infrared spectroscopy as a new method for evaluating host resistance in the Dutch elm disease complex. *Tree Physiology*, 25(10), 1331-1338. <https://doi.org/10.1093/treephys/25.10.1331>
- Menkis, A., Östbrant, I.-L., Davydenko, K., Bakys, R., Balalaikins, M. & Vasaitis, R. (2016). Scolytus multistriatus associated with Dutch elm disease on the island of Gotland: phenology and communities of vectored fungi. *Mycological Progress*, 15(6). <https://doi.org/10.1007/s11557-016-1199-3>
- Myking, T. & Skrøppa, T. (2007). Variation in phenology and height increment of northern *Ulmus glabra* populations: Implications for conservation. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 22(5), 369-374. <https://doi.org/10.1080/02827580701672121>
- Müller, J., Bußler, H. & Kneib, T. (2007). Saproxylic beetle assemblages related to silvicultural management intensity and stand structures in a beech forest in Southern Germany. *J Insect Conservat*, 12, 107-124. <https://doi.org/10.1007/s10841-006-9065-2>
- Nadal, M., Garcã-A-Pedrajas, M. A. D. & Gold, S. E. (2008). Dimorphism in fungal plant pathogens. *FEMS Microbiology Letters*, 284(2), 127-134. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2008.01173.x>
- Nagai, M., Yoshida, A. & Sato, N. (1998). Additive effects of bovine serum albumin, dithiothreitol and glycerol on PCR. *IUBMB Life*, 44(1), 157-163. <https://doi.org/10.1080/15216549800201172>
- Nedkvitne, K. & Gjerdåker, J. (1995). *Alm i norsk natur og tradisjon* (Bd. Særpublikasjon nr. 10). Norsk skogbruksmuseum.
- Nordén, B., Evju, M. & Jordal, J. B. (2015). *Gamle edelløvtrær-et hotspot-habitat. Sluttrapport under ARKO-prosjektets periode III* (8242627932). (NINA rapport, Issue. <http://hdl.handle.net/11250/2594598>
- Nordhagen, R. (1954). Om barkebrød og treslaget alm i kulturhistorisk belysning. *Danmarks geologiske undersøgelse*, 2(2), 262-308. https://kulturlandskab.org/wp-content/uploads/2022/02/Nordhagen1954_DGU_IL80_r_compressed.pdf
- O'Neill, B. C., Tebaldi, C., Van Vuuren, D. P., Eyring, V., Friedlingstein, P., Hurtt, G., Knutti, R., Kriegler, E., Lamarque, J.-F., Lowe, J., Meehl, G. A., Moss, R., Riahi, K. & Sanderson, B. M. (2016). The Scenario Model Intercomparison Project

- (ScenarioMIP) for CMIP6. *Geoscientific Model Development*, 9(9), 3461-3482.
<https://doi.org/10.5194/gmd-9-3461-2016>
- Oliver, J. (2024, 16. mai). *A very brief introduction to species distribution models in R*. Github. <https://jcoliver.github.io/learn-r/011-species-distribution-models.html>
- Peltzer, D. A., Allen, R. B., Lovett, G. M., Whitehead, D. & Wardle, D. A. (2010). Effects of biological invasions on forest carbon sequestration. *GLOBAL CHANGE BIOLOGY*, 16(2), 732-746. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2009.02038.x>
- Ploetz, R. C., Hulcr, J., Wingfield, M. J. & De Beer, Z. W. (2013). Destructive Tree Diseases Associated with Ambrosia and Bark Beetles: Black Swan Events in Tree Pathology? *Plant Disease*, 97(7), 856-872. <https://doi.org/10.1094/pdis-01-13-0056-fe>
- QIAGEN. (2010). *HotStarTaq® Plus PCR Handbook*.
<https://www.qiagen.com/ao/resources/download.aspx?id=53e71936-cf64-4a9b-a9d2-fccee4868aa7&lang=en>
- Rawnsley, B., Wicks, T. J., Stummer, B. E. & Scott, E. S. (2006). The role of *Diaporthe perijuncta* in delayed budburst and death of grapevine buds. *Australasian Plant Pathology*, 35(2), 265. <https://doi.org/10.1071/ap06006>
- Reich, P. B., Bermudez, R., Montgomery, R. A., Rich, R. L., Rice, K. E., Hobbie, S. E. & Stefanski, A. (2022). Even modest climate change may lead to major transitions in boreal forests. *Nature*, 608(7923), 540-545. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05076-3>
- Rosenvald, R., Drenkhan, R., Riit, T. & Lõhmus, A. (2015). Towards silvicultural mitigation of the European ash (*Fraxinus excelsior*) dieback: the importance of acclimated trees in retention forestry. *Canadian Journal of Forest Research*, 45(9), 1206-1214. <https://doi.org/10.1139/cjfr-2014-0512>
- Santini, A. & Faccoli, M. (2015). Dutch elm disease and elm bark beetles: a century of association. *iForest-Biogeosciences and Forestry*, 8(2), 126-134.
<https://doi.org/https://doi.org/10.3832/ifer1231-008>
- Santini, A., Ghelardini, L., De Pace, C., Desprez-Loustau, M. L., Capretti, P., Chandelier, A., Cech, T., Chira, D., Diamandis, S., Gaitniekis, T., Hantula, J., Holdenrieder, O., Jankovsky, L., Jung, T., Jurc, D., Kirisits, T., Kunca, A., Lygis, V., Malecka, M., . . . Stenlid, J. (2013). Biogeographical patterns and determinants of invasion by forest pathogens in Europe. *New Phytologist*, 197(1), 238-250.
<https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2012.04364.x>
- Scala, A., Pattuelli, M., Coppola, L., Guastini, M., Tegli, S., Del Sorbo, G., Mittempergher, L. & Scala, F. (1997). Dutch elm disease progression and quantitative determination of cerato-ulmin in leaves, stems and branches of elms inoculated with *Ophiostoma novo-ulmi* O. ulmi. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 50(5), 349-360.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1006/pmpp.1997.0090>
- Sinclair, W. A. & Campana, R. J. (1978). Dutch Elm Disease. Perspectives after 60 years.
- Solheim, H., Eriksen, R. & Hietala, A. M. (2011). Dutch elm disease has currently a low incidence on wych elm in Norway. *Forest Pathology*, 41(3), 182-188.
<https://doi.org/10.1111/j.1439-0329.2010.00650.x>
- Solla, A. & Gil, L. (2002). Xylem vessel diameter as a factor in resistance of *Ulmus minor* to *Ophiostoma novo-ulmi*. *Forest Pathology*, 32(2), 123-134.
<https://doi.org/10.1046/j.1439-0329.2002.00274.x>

- Solstad, H., Elven, R., Arnesen, G., Eidesen, P., Gaarder, G., Hegre, H., Høitomt, T., Mjelde, M. & Pedersen, O. (2021, 24.11.2021). *Karplanter: Vurdering av alm Ulmus glabra for Norge. Rødlista for arter 2021*. Artsdatabanken. Hentet 02.05.2025 fra <https://lister.artsdatabanken.no/rodlisteforarter/2021/23262>
- Steffen, W., Crutzen, P. J. & McNeill, J. R. (2007). The Anthropocene: Are humans now overwhelming the great forces of nature. *AMBIO*, 36(8), 614-621. [https://doi.org/10.1579/0044-7447\(2007\)36\[614:TAAHNO\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1579/0044-7447(2007)36[614:TAAHNO]2.0.CO;2)
- Stipes, R., J. & Campana, R. J. (1981). *Compendium of elm diseases*. The American Phytopathological Society.
- Sykes, M. T., Prentice, I. C. & Cramer, W. (1996). A Bioclimatic Model for the Potential Distributions of North European Tree Species Under Present and Future Climates. *Journal of Biogeography*, 23(2), 203-233. <http://www.jstor.org/stable/2845812>
- Sæther, N. A. H., Holene, A. C., Fjellstad, K. B., Rasmussen, M. & Wallin, H. G. (2020). Nøkkeltall fra Norsk genressurssenter 2019. *NIBIO Rapport*.
- Thomas, P. A., Stone, D. & La Porta, N. (2018). Biological Flora of the British Isles: *Ulmus glabra*. *Journal of Ecology*, 106(4), 1724-1766. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/1365-2745.12994>
- Timmermann, V., Aspholm, P. E., Børja, I., Clarke, N., Frisk, C. A., Gohli, J., Jepsen, J. U., Krokene, P., Nagy, N. E., Nikolov, C., Nordbakken, J., Romeiro, J., Solberg, S., Solheim, H., Svensson, A., Vakula, J., Vindstad, O. P. L., Økland, B. & Aas, W. (2025). *Skogens helsetilstand i Norge. Resultater fra skogskadeovervåkingen i 2023*. (NIBIO; 2025, Issue. <https://hdl.handle.net/10037/36985>
- Timmermann, V., Beachell, A. M., Brurberg, M. B., Børja, I., Clarke, N., Fløistad, I. S., Hietala, A., Hysten, G., Jepsen, J. U., Nordbakken, J.-F., Pettersson, M., Solberg, S., Solheim, H., Talgø, V., Vindstad, O. P. L., Økland, B. & Aas, W. (2021). *Skogens helsetilstand i Norge. Resultater fra skogskadeovervåkingen i 2020 (7/166/2021)*. Norsk institutt for bioøkonomi. <https://hdl.handle.net/11250/2826149>
- van Niekerk, J., Groenewald, J. Z., Farr, D., Fourie, P., Halleen, F. & Crous, P. (2005). Reassessment of *Phomopsis* species on grapevines. *Australasian Plant Pathology*, 34, 27-39. <https://doi.org/10.1071/AP04072>
- Varela, S., Anderson, R. P., García-Valdés, R. & Fernández-González, F. (2014). Environmental filters reduce the effects of sampling bias and improve predictions of ecological niche models. *Ecography*, 37(11), 1084-1091. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2013.00441.x>
- Webber, J. (1990). Relative effectiveness of *Scolytus scolytus*, *S. multistriatus* and *S. kirschi* as vectors of Dutch elm disease. *European Journal of Forest Pathology*, 20, 184-192. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0329.1990.tb01129.x>
- Webber, J. F. (2004). Experimental studies on factors influencing the transmission of Dutch elm disease. *Forest Systems*, 13(1), 197-205. <https://doi.org/10.5424/824>
- Wedge, M.-È., Naruzawa, E. S., Nigg, M. & Bernier, L. (2016). Diversity in yeast–mycelium dimorphism response of the Dutch elm disease pathogens: the inoculum size effect. *Canadian Journal of Microbiology*, 62(6), 525-529. <https://doi.org/10.1139/cjm-2015-0795>
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S. & Taylor, J. (1990). AMPLIFICATION AND DIRECT SEQUENCING OF FUNGAL RIBOSOMAL RNA GENES FOR PHYLOGENETICS. I (s. 315-322). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-372180-8.50042-1>

- Winiger, N., Hendel, A.-L., Ganz, S., Zielewska-Büttner, K., Segelbacher, G. & Braunisch, V. (2023). Saproxylic beetles respond to habitat variables at different spatial scales depending on variable type and species' mobility: the need for multi-scale forest structure management. *Biodiversity and Conservation*, 32(10), 3355-3377. <https://doi.org/10.1007/s10531-023-02663-2>
- WorldClim. (2020-2024). *Bioclimatic variables*. WorldClim. <https://www.worldclim.org/data/bioclim.html>
- Ødegaard, F., Hanssen, O., Laugsand, A. E. & Olberg, S. (2021). *Vurdering av Xyleborinus saxesenii for Norge*. Artsdatabanken. <https://lister.artsdatabanken.no/rodlisteforarter/2021/18885>
- Ødegaard, F., Laugsand, A. E. & Olberg, S. (2021). *Biller: Vurdering av Salpingus ruficollis for Norge*. Artsdatabanken. <https://lister.artsdatabanken.no/rodlisteforarter/2021/4567>
- Aalde, H. (1994). *Rapport fra prosjekt almesyke 1994* (NIJOS Rapport, 11/94).
- Aalde, H. (1996). *Almeovervåkingen 1995* (NIJOS Rapport, 2/96).

Vedlegg A: Detaljert informasjon for hver enkelt prøve

Tabell 7. Oversikt over hvordan hver enkelt prøve ble vurdert og behandlet i lab, samt hvilke sopparter som ble påvist. Opptil tre petriskåler ble inspisert og behandlet per prøve. Hvis det kun er krysset av for én type observasjon hos en prøve, vil dette tilsi at alle petriskålene som ble inspisert viste det samme. På tilsvarende vis er det blitt observert forskjellig utvikling hos de ulike petriskålene til en prøve dersom det er krysset av på flere ulike observasjoner.

Vestlandet/ Sørlandet	GPS- koordinater	Navn på prøve	Hva som ble observert ved inspeksjon av petriskåler				Antall kulturer testet med PCR	Arten som ble påvist med PCR
			Konidie- eller askosporer	Annen sopp	Kontaminert	Ingen vekst		
Vestlandet	61°12'18.9"N 6°32'00.7"E	Balestrand 2			x	x	0	-
Vestlandet	61°13'02.1"N 6°29'30.7"E	Balestrand 3				x	0	-
Vestlandet	61°13'08.9"N 6°30'51.5"E	Balestrand 4	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°13'03.6"N 6°31'56.7"E	Balestrand 5	x				1	<i>Diaporthe perjuncta</i>
Vestlandet	61°13'04.9"N 6°31'52.0"E	Balestrand 6	x	x			1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°13'04.9"N 6°31'55.9"E	Balestrand 7	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°12'59.8"N 6°32'12.0"E	Balestrand 8	x			x	1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	60°59'08.4"N 7°01'13.7"E	Bandaformi	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	60°57'23.5"N 6°55'57.4"E	Dyrdal 1			x		0	-
Vestlandet	60°58'50.0"N 6°53'34.2"E	Dyrdal 2			x	x	0	-
Vestlandet	60°58'49.6"N 6°53'34.8"E	Dyrdal 3			x	x	0	-

Vestlandet/ Sørlandet	GPS- koordinater	Navn på prøve	Hva som ble observert ved inspeksjon av petriskåler				Antall kulturer testet med PCR	Arten som ble påvist med PCR
			Konidie- eller askosporer	Annen sopp	Kontaminert	Ingen vekst		
Vestlandet	61°03'31.0"N 6°26'03.4"E	Eiterstrondi 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°03'31.0"N 6°26'03.4"E	Eiterstrondi 2	x				2	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°03'48.2"N 6°26'08.7"E	Eiterstrondi 3				x	0	-
Vestlandet	61°01'23.6"N 6°24'02.9"E	Framfjordtu nnelen 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°00'49.2"N 6°24'48.1"E	Framfjordtu nnelen 2	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°05'30.3"N 6°52'42.0"E	Fresvik 4	x			x	1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'37.9"N 7°04'14.0"E	Frønningen 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'35.9"N 7°04'18.2"E	Frønningen 2	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'36.1"N 7°04'18.1"E	Frønningen 3	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'36.3"N 7°04'17.9"E	Frønningen 4	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'36.1"N 7°04'17.9"E	Frønningen 5	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'35.7"N 7°04'19.6"E	Frønningen 6	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'33.6"N 7°04'21.9"E	Frønningen 7	x			x	1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°06'41.9"N 7°04'05.1"E	Frønningen 8			x		0	-

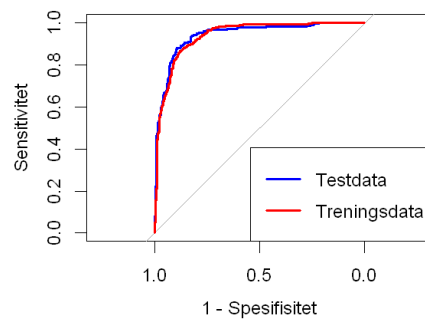
Vestlandet/ Sørlandet	GPS- koordinater	Navn på prøve	Hva som ble observert ved inspeksjon av petriskåler				Antall kulturer testet med PCR	Arten som ble påvist med PCR
			Konidie- eller askosporer	Annen sopp	Kontaminert	Ingen vekst		
Vestlandet	61°11'01.2"N 7°14'13.3"E	Kaupanger 1			x		0	-
Vestlandet	61°10'59.7"N 7°14'09.0"E	Kaupanger 2	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°10'59.7"N 7°14'08.9"E	Kaupanger 3	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	60°58'25.8"N 6°59'42.3"E	Korthellervik i 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	60°58'25.1"N 6°59'41.3"E	Korthellervik i 2			x		0	-
Vestlandet	61°11'09.6"N 6°49'31.2"E	Leikanger 2	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°09'40.8"N 6°55'38.2"E	Slinde 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°09'41.3"N 6°55'37.2"E	Slinde 2			x	x	0	-
Vestlandet	61°09'42.5"N 6°55'43.6"E	Slinde 3	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°09'41.8"N 6°55'38.9"E	Slinde 4	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°16'01.9"N 7°09'38.5"E	Sogndal 1			x		0	-
Vestlandet	61°15'29.4"N 7°08'07.3"E	Sogndal 12	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°15'27.5"N 7°08'09.1"E	Sogndal 13	x				2	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°11'36.4"N 7°01'26.6"E	Sogndal 16		x			1	<i>Diaporthe perijuncta</i>

Vestlandet/ Sørlandet	GPS- koordinater	Navn på prøve	Hva som ble observert ved inspeksjon av petriskåler				Antall kulturer testet med PCR	Arten som ble påvist med PCR
			Konidie- eller askosporer	Annen sopp	Kontaminert	Ingen vekst		
Vestlandet	61°15'52.7"N 7°09'30.1"E	Sogndal 2			x		0	-
Vestlandet	61°15'24.3"N 7°07'57.2"E	Sogndal 3		x			1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°15'24.7"N 7°07'57.2"E	Sogndal 4	x			x	1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Vestlandet	61°15'24.8"N 7°07'57.0"E	Sogndal 5				x	0	-
Vestlandet	61°15'24.7"N 7°07'57.0"E	Sogndal 6					0	-
Vestlandet	61°15'24.4"N 7°07'57.1"E	Sogndal 7		x			1	<i>Diaporthe perijuncta</i>
Vestlandet	61°15'26.9"N 7°08'03.9"E	Sogndal 8	x				2	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i> + <i>Nectria nigrescens</i>
Sørlandet	58°26'34.7"N 8°44'32.9"E	Arendal 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°26'34.7"N 8°44'32.3"E	Arendal 2	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°27'13.9"N 8°44'56.4"E	Arendal 3	x	x			2	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°28'03.1"N 8°44'54.7"E	Arendal 4	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°28'03.5"N 8°44'54.2"E	Arendal 5	x				2	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°28'06.6"N 8°44'53.7"E	Arendal 6	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>

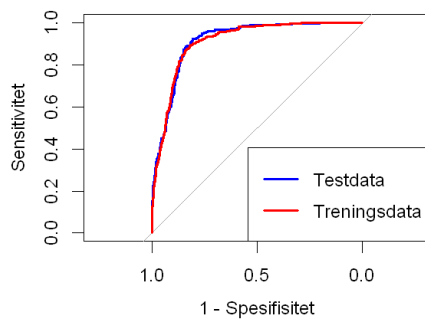
Vestlandet/ Sørlandet	GPS- koordinater	Navn på prøve	Hva som ble observert ved inspeksjon av petriskåler				Antall kulturer testet med PCR	Arten som ble påvist med PCR
			Konidie- eller askosporer	Annen sopp	Kontaminert	Ingen vekst		
Sørlandet	58°14'58.6"N 8°09'51.3"E	Drangsholt			x		0	-
Sørlandet	58°53'48.5"N 8°58'05.8"E	Gjerstad 1	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°53'48.5"N 8°58'05.8"E	Gjerstad 2	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°52'44.7"N 9°01'07.8"E	Gjerstad 3	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°13'47.3"N 7°54'00.6"E	Kristiansand 1	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°11'14.0"N 7°57'14.4"E	Kristiansand 2			x		0	-
Sørlandet	58°11'49.0"N 7°56'19.6"E	Kristiansand 3	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°13'44.1"N 7°56'14.9"E	Kristiansand 4	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°14'34.0"N 8°00'42.3"E	Kristiansand 5	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°14'01.4"N 8°07'55.0"E	Kristiansand 6	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°13'58.6"N 8°04'30.9"E	Kristiansand 7	x		x		1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°13'40.4"N 8°07'13.9"E	Tveit 2	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
Sørlandet	58°13'39.6"N 8°07'16.8"E	Tveit 3	x				1	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>

Vedlegg B: ROC-kurver

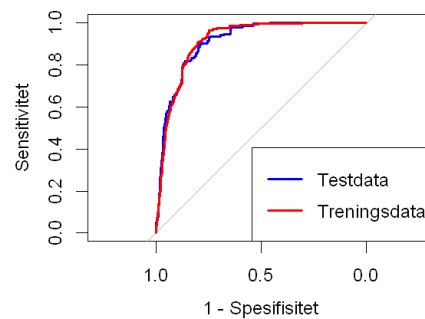
(A)



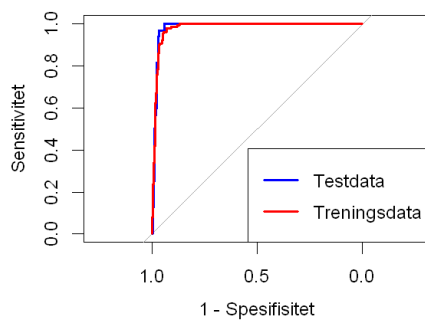
(B)



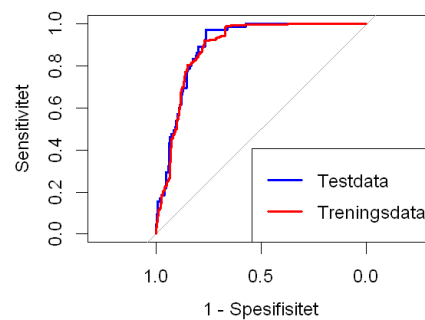
(C)



(D)

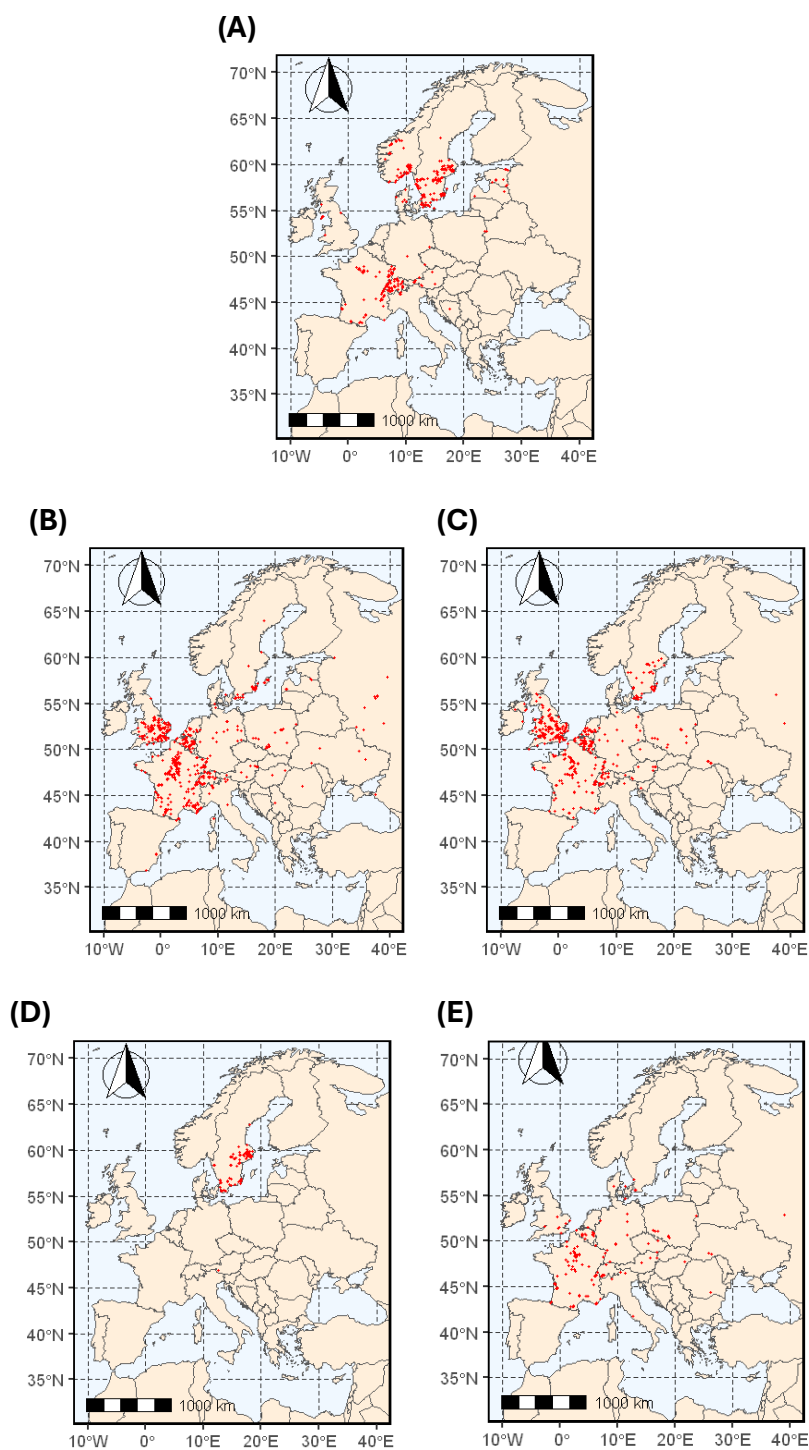


(E)



Figur 16. ROC-kurvene til de fem modellene som ble tilpasset. Blå kurve representerer testdataene, mens rød kurve representerer treningsdataene. X-aksen (sensitivitet) gir mål på hvor gode modellene er på å identifisere sanne positive verdier (forekomst av arten), mens Y-aksen gir mål på hvor gode modellene er på å identifisere sanne negative verdier (fravær av arten). AUC-verdiene som blir brukt i denne oppgaven tilsvarer arealene under de blå og røde kurvene. Her representerer (A) *Scolytus laevis*, (B) *Scolytus multistriatus*, (C) *Scolytus scolytus*, (D) *Scolytus triarmatus* og (E) *Scolytus pygmaeus*.

Vedlegg C: Registrerte forekomster av vektorartene



Figur 17. Fordelingen av koordinater med registrerte forekomster av de fem artene det ble tilpasset modeller for. Her representerer (A) *Scolytus laevis*, (B) *Scolytus multistriatus*, (C) *Scolytus scolytus*, (D) *Scolytus triarmatus* og (E) *Scolytus pygmaeus*.



Norges miljø- og biovitenskapelige universitet
Noregs miljø- og biovitenskapelege universitet
Norwegian University of Life Sciences

Postboks 5003
NO-1432 Ås
Norway