

# **Íslenskar rannsóknir á líffræðilegri fjölbreytni**

**Ráðstefna Líffræðifélagsins og Vistfræðifélagsins  
í Norrænahúsinu og Öskju, 27. nóv. 2010**

# Líffræðileg fjölbreytni

Ráðstefna Líffræðifélagsins og Vistfræðifélagsins í Norræna húsinu 27. nóvember 2010

## Dagskrá:

Kl.	Höfundar	Titill
9.00	Ingibjörg S. Jónsdóttir Sigurður Á. Þráinsson, Umhverfisráðuneytinu	Setning Ávarp
9.15	Ásthór Gíslason	Líffræðileg fjölbreytni og nýlegar rannsóknir á henni á Mið-Atlantshafshryggnum
9.50	Jónas Páll Jónasson, Lilja Stefánsdóttir, Guðrún Marteinsdóttir, Jón Sólmundsson og Kristján Kristjánsson	Large and small scale patterns in groundfish species diversity
10.10	Steinunn Hilma Ólafsdóttir	Líffræðileg fjölbreytni kóralsvæða við Ísland
10.30 - 10.50	Kaffi	
10.50	Ingibjörg S. Jónsdóttir og Þóra Ellen Þórhallsdóttir	Tegundafjölbreytni - samfélög og landslag
11.10	Sigurður H. Magnússon, Starri Heiðmarsson, Guðmundur A. Guðmundsson og Erling Ólafsson	Tegundafjöldi í vistgerðum á miðhálendi Íslands: háplöntur, mosar, fléttur, smádýr og fuglar
11.30	Ásrún Elmarsdóttir, Bjarni D. Sigurðsson, Edda S. Oddsdóttir, Arne Fjellberg, Bjarni E. Guðleifsson, Borgþór Magnússon, Erling Ólafsson, Guðmundur Halldórsson, Guðmundur A. Guðmundsson, Guðríður G. Eyjólfssdóttir, Kristinn H. Skarphéðinsson, María Ingimarsdóttir og Ólafur K. Nielsen	Áhrif skógræktar á tegundaauðgi planta, dýra og sveppa
11.50	Ragnhildur Sigurðardóttir	Vistkerfisáhrif innfluttra trjátegunda
12.10	Áslaug Helgadóttir	Fjölbreytt gróðurfar í ræktuðu túni gaf meira fóður og dró úr illgresi
12.30 - 13.15	Hádegishlé	
13.15	Simon Jeffrey	European Atlas of Soil Biodiversity
13.45	Guðmundur Halldórsson, Anna María Ágústsdóttir, Jóhann Þórsson, Kristín Svavarsdóttir og Magnús H. Jóhannesson	Áhrif landgræðslu á líffræðilega fjölbreytni
14.05	Starri Heiðmarsson	Svertuætt (Verrucariaceae) á Íslandi
14.25	Skúli Skúlason og Bjarni K. Kristjánsson	Verndun líffræðilegar fjölbreytni: mikilvægi vist- og þróunarfræðilegra ferla
14.45	Bjarni K. Kristjánsson og Skúli Skúlason	Mikilvægi vistfræði fyrir þróun líffræðilegar fjölbreytni
15.05 - 15.25	Kaffi	
15.25	Kalina Kapralova, Sigurður S. Snorrason, M. Morrissey, Bjarni K. Kristjánsson, Guðbjörg Á. Ólafsdóttir og Moira Ferguson	Evolution of adaptive diversity and genetic connectivity in Arctic charr ( <i>Salvelinus alpinus</i> ) in Iceland
15.45	Guðbjörg Á. Ólafsdóttir, Myrsini E. Natsopolou, Alexandreou Andreou, Snæbjörn Pálsson, Sigurður S. Snorrason og Bjarni K. Kristjánsson	Diversity of threespine stickleback in Iceland: the complex role of contrasting habitats
16.05	Etienne Kornobis og Snæbjörn Pálsson	Subterranean amphipods diversity and the taxonomic status of Icelandic endemic species
16.25	Snæbjörn Pálsson	Erfðabreytileiki nokkurra tegunda á Íslandi
16.45	Samantekt	
16.50-18.30	Veggspjöld og veitingar í Öskju í boði Gróco	

---

## Veggspjöld:

Höfundar	Titill
Ester Rut Unnsteinsdóttirog Páll Hersteinsson	Árstíðabreytingar í stofnvistfræði hagamúsa á tveimur ólkum búsvæðum á SV- landi
Etienne Kornobis og Snæbjörn Pálsson	Speciation within the subterranean <i>Crangonyx islandicus</i>
Guðmundur S. Gunnarsson og Guðbjörg Á. Ólafsdóttir	Habitat preferences and behavioural ecology of juvenile Atlantic cod ( <i>Gadus morhua</i> )
Guðríður Gyða Eyjólfssdóttir	Sveppir í greninálabreiðum
Hildur Magnúsdóttir, Zophonías O. Jónsson og Erla Björk Örnólfssdóttir	Population genetics of the common whelk ( <i>Buccinum undatum L.</i> ) in Iceland and the Faroe Islands
Kalina Kapralova, Valerie H. Maier, James McEwan, Arnar Pálsson, Zophonías O. Jónsson, Sigurður S. Snorrason, Sigríður Rut Franzdóttir, Bjarni K. Kristjánsson og Skúli Skúlason	Molecular mechanisms underlying Arctic charr polymorphism and development
Karl Gunnarsson og Svanhildur Egilsdóttir	Tegundafjölbreytni sjóþörunga við Ísland
Leivur Janus Hansen og Gísli Már Gíslason	Physical nature of streams in the Faroe Islands with notes on their biota
M.D.S.T de Croos og Snæbjörn Pálsson	Signs of 'unnatural selection' in the shrimp <i>Parapenaeopsis coramandelica</i> off the coastal waters of Sri Lanka.
Ólafur Patrick Ólafsson, Gísli Már Gíslason og Guðni Guðbergsson	Population densities of brown trout in relation to temperature in geothermal stream systems
Óskar Sindri Gíslason, Snæbjörn Pálsson, Marinó F. Pálsson, Halldór P. Halldórsson og Jörundur Svavarsson	Erfðabreytileiki meðal grjótkrabba við Ísland; landnemaáhrif og uppruni
Ragnar Óli Vilmundarson og Arnar Pálsson	Genetic variation in morphological and immunological genes in Icelandic Arctic charr ( <i>Salvelinus alpinus</i> )
Sigrún Reynisdóttir, Kalina H. Kapralova, Valerie H. Maier og Arnar Pálsson	Genetic variation in mitochondrial and immunological genes in Arctic charr ( <i>Salvelinus alpinus</i> ) from Thingvallavatn
Simon Jeffery, Ciro Gardi og Karl Ritz	Life beneath our feet: The factory of life – why soil biodiversity is important
Starri Heiðmarsson	Sveppir á íslenskum fléttum
Ubaldo B. Hernandez og Einar Árnason	The Pantophysin I (Pan I) Locus in Atlantic Cod ( <i>Gadus morhua</i> ): A Continuation Study on DNA Sequence Variation
Ute Stenkewitz, Karl Skírnisson og Ólafur K. Nielsen	Parasite Diversity of the Rock Ptarmigan in Iceland

## Styrktaraðilar:

Umhverfisráðuneytið



*Við erum lifandi dæmi um líffræðilega fjölbreytni*

**Erindi**

## Líffræðileg fjölbreytni og nýlegar rannsóknir á henni á Mið-Atlantshafshryggnum

Ástþór Gíslason  
Hafrannsóknastofnunin

Í erindinu verður fyrst fjallað almennt um líffræðilega fjölbreytni, þýðingu hennar og varðveislugildi. Þá verður sjónum beint að alþjóðlegu rannsóknáataki 16 þjóða, MAR-ECO (Mid Atlantic Ridge Ecosystem), sem beinist að vistkerfi Mið-Atlantshafshryggjarins milli Íslands og Azoreyja, sem nú er á lokastigum og Hafrannsóknastofnunin tekur þátt í. Megninmarkmið rannsóknanna er að rannsaka líffræðilega fjölbreytni og fæðutengsl lífvera á og yfir Mið-Atlantshafshryggnum og greina þá haf- og líffræðilegu ferla sem valda breytingum á þessum þáttum. Nokkrir rannsóknaleiðangrar hafa verið farnir í tengslum við verkefnið til að safna göngum, m.a. einn á íslenska rannsóknaskipinu Árna Friðrikssyni sumarið 2003. Umfangsmesti leiðangurinn var hins vegar farinn á norska rannsóknaskipinu GO Sars sumarið 2004. Í erindinu verður fjallað um þau gögn sem söfnuðust í þessum tveimur leiðöngrum. Í rannsóknunum var lífríki botnsins kannað og uppsjávarins frá yfirborði og allt niður á 4500 m dýpi. Auk hefðbundinna aðferða var beitt margvíslegri nýrri tækni við öflun gagna, svo sem svifsjám, ómönnuðum kafbátum, mælingum á lífljómun og bergmálsmælingum á mörgum tiðnum. Rannsóknirnar hafa staðfest það sem eldri rannsóknir höfðu sýnt, nefnilega auðugt lífríki á og yfir hryggjasvæðunum. Fjölbreytni reyndist mikil á og yfir hryggnum, sem í meginatriðum er lík því sem gerist yfir aðliggjandi landgrunnshöllum. Um það bil miðja vegu á milli Íslands og Azoreyja (48-53°N), við skil tiltölulega hlýs Atlantssjávar í suðri og kaldari sjávar í norðri, voru mörk fjölmargra svifdýrategunda og þar var lífríki einnig auðugra en norðar og sunnar. Þannig reyndist þörungavöxtur, framleiðni rauðátu og lífljómun (sennilega aðallega frá krabbadýrum og hveljum) tiltölulega há við skilin, og þar fannst einnig tiltölulega mikið af uppsjávarfiskum. Þá sáust fleiri hvalir og sjófuglar á þessu svæði en annars staðar. Þannig er útbreiðsla afræningja á efstu fæðuhjöllum (hvala og fugla) nátengd útbreiðslu fæðudýranna. Magn svifdýra snarminnkaði með dýpi, en lífmassi uppsjávarfiska reyndist mestur á 1500-2300 m dýpi og rétt yfir botni (innan við 200 m frá botni). Fjölmargar fágætar tegundir fundust í rannsóknunum og nokkrar sem eru nýjar fyrir vísindin.

# **Large and small scale patterns in groundfish species diversity**

Jónas Páll Jónasson\*, Lilja Stefánsdóttir and Guðrún Marteinsdóttir  
Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugata 7, 101 Reykjavík, Iceland

Jón Sólmundsson and Kristján Kristjánsson  
Marine Research Institute, Skúlagata 4, 121 Reykjavík, Iceland

Dissimilar responses of fish species to elevated oceanic temperatures can lead to changes in assemblage structure and local species richness. Here we present a macro analysis from a large number of scientific bottom trawl surveys from West Greenland to the Adriatic to compare the distribution of species richness and average number of individuals caught per hour of trawling across different fish communities. On a finer scale we examined the assemblage structure and diversity of groundfish in Icelandic waters using data from the annual autumn groundfish survey conducted by the Marine Research Institute (MRI) during 1996-2007. In spite of highly variable data the large scale analysis revealed several overall patterns. Going from north to south the total species richness and the total number of individuals caught per hour of trawling increase, while the average log maximum length of the individuals shows a consistent decrease. In contrast the average log maximum length of the species recorded remains stable throughout the area. In Icelandic waters four major species assemblages were identified. Assemblages in the hydrographically stable deep waters north of the country were consistent during the study, in contrast to the more variable shallow waters where a change in assemblage structure was observed. For this period of generally increasing sea temperature a shift was noted towards species representative of warmer temperatures. Diversity was highly variable both temporally and spatially and varied with depth and temperature. Species richness increased with temperature and time southwest of the country, but decreased northeast of the country. The different trends detected between the northern and southern areas illustrate the importance of performing analyses at the most appropriate scale.

\*e-mail: [jonajon@hi.is](mailto:jonajon@hi.is)

## Líffræðilegur fjölbreytileiki á kóralsvæðum

Steinunn Hilma Ólafssdóttir\*

Hafrannsóknastofnunin, Skúlagötu 4, 101 Reykjavík

Kóralsvæði eru talin vera þau búsvæði á sjávarbotni sem hafa hvað mestan líffræðilegan fjölbreytileka. Ástæður fyrir þessu geta verið margar. Kóralar hafa til dæmis sýnt sig geta breytt straumum við botninn og þannig er líklegt að þeir nái meiri fæðu til sín sem þeir síða úr sjónum. Aukið fæðuframboð nýtist þannig öðrum dýrum sem eru nálægt kóralnum og greiningar út frá myndefni sýna að sírar eru algengir á kóralsvæðum. Flókin bygging kóralsvæða getur einnig reynst mikilvæg sem felustaður fyrir fiska og önnur dýr.

Við Ísland virðast kóralsvæðin fylgja landgrunnskantinum úti fyrir suðurströnd landsins. Þau er helst að finna á 200-600 m dýpi. Stærð þeirra og umfang hér við land er ekki vel þekkt en útbreiðsla hefur verið kortlöögð út frá upplýsingum frá sjómönnum og gögnum frá BIOICE og botndýragagnagrunni. Hafrannsóknastofnunin hefur farið í þrjá leiðangra til að mynda kóralsvæði hér við land og skoða ástand þeirra, lífríki við þau og staðfesta útbreiðslu.

Kóralsvæði sem hafa verið könnuð hér við land eru í mjög misjöfnu ástandi og flest þeirra virðast hafa orðið fyrir röskun að einhverju eða miklu leyti. Gerð og útlit þeirra er mismunandi allt frá einstökum greinum upp í stór rif. Líffræðilegur fjölbreytileiki og tegundasamsetning er breytileg eftir gerð, ástandi og staðsetningu kóralsvæðanna. Helstu sambýlisdýr við þau eru önnur kóraldýr (svo sem hornkóralar, sæfjaðrir og sæfíflar), svampar (margar tegundir) og skrápdýr (slöngustjörnur og krossfiskar) en fjölmörg önnur dýr er einnig að finna. Fiskar sem halda sig á kóralsvæðunum eru karfi, keila, bláriðdar og geirnyt.

---

\* steinho@hafro.is

## Tegundarfjölbreytni – samfélög og landslag

Ingibjörg Svala Jónsdóttir og Þóra Ellen Þórhallsdóttir  
Líffræðistofnun Háskóla Íslands, Sturlugötu 7, 101 Reykjavík

Tegundarfjölbreytni innan (*alpha*) og milli samfélaga (*beta*) og heildar fjölbreytni svæðis (*gamma*) varpar mikilvægu ljósi á dreifingu líffræðilegrar fjölbreytni í landslagi. Margvíslegir vistfræðilegir þættir hafa áhrif á hvernig breytileikinn deilist á þessi skipulagsstig og má þar nefna heildar fjölda tegunda (flóra, fána), framleiðni svæðisins og samspil milli fæðuþrepa. Þekking á því hvaða þætti takmarka og ráða dreifingu tegunda er mikilvæg fyrir varðveislu líffræðilegs fjölbreytileika. Niðurstöður rannsókna á tegundarfjölbreytni eru hins vegar afar viðkvæmar fyrir því hvaða kvarði er notaður við mælingarnar, en af eðlilegum ástæðum er tilhneiting til að nota smáa kvarða við mæligar á fjölbreytni smásærra lífvera (örverur, hryggleysingjar) og mun stærri við mælingar á stórum lífverum (stór hryggdýr, tré) og torveldar það mjög allan samanburð. Jafnvel innan lífveruhópa gætir einnig mikils ósamræmis í notkun kvarða.

Í þessu erindi munum við fjalla um tegundarfjölbreytni plöntusamfélaga og þá þætti sem hafa áhrif á deilingu hans innan og milli samfélaga með dæmum frá Svalbarða og Íslandi. Við munum einnig fjalla um áhrif mismunandi kvarða við mælingar á fjölbreytni.

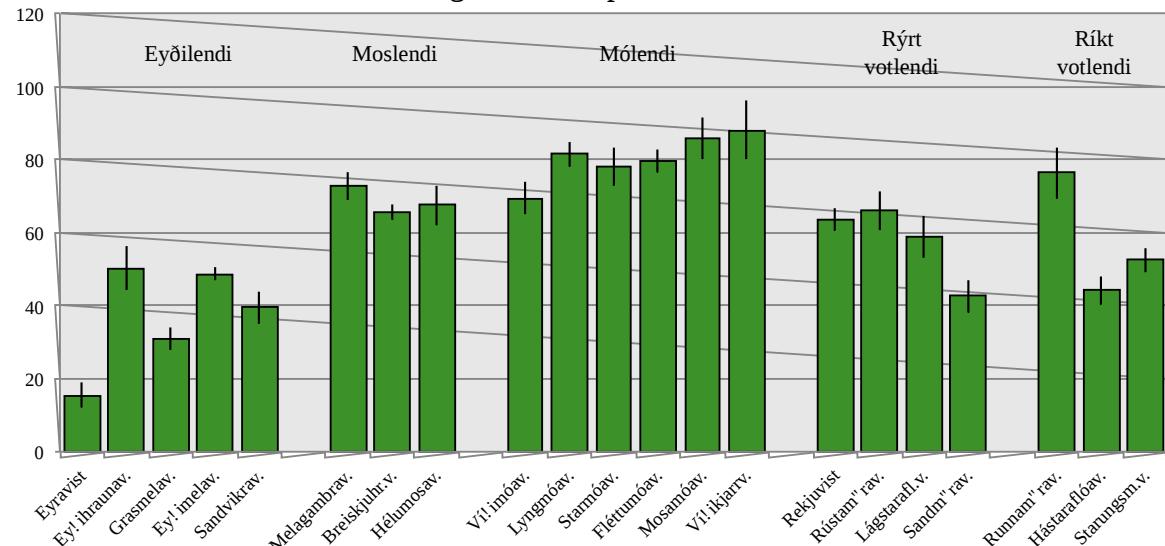
## Tegundafjöldi í vistgerðum á miðhálendi Íslands: háplöntur, mosar, fléttur, smádýr og fuglar

Sigurður H. Magnússon<sup>1</sup>, Starri Heiðmarsson, Guðmundur A. Guðmundsson  
og Erling Ólafsson

Náttúrufræðistofnun Íslands, Urriðaholtsstræti 6–8, 212 Garðabær og Borgum við Norðurslóð, 600 Akureyri

Árið 1999 hófust á Náttúrufræðistofnun Íslands rannsóknir á vistgerðum á miðhálendinu í þeim tilgangi að kanna hvaða vistgerðir eru þar, lýsa þeim, meta útbreiðslu og þróa aðferðir til að meta verndargildi þeirra [1]. Rannsökuð voru átta svæði norðan og sunnan jökla. Gróður var kannaður á alls 393 sniðum. Smádýrafána var rannsökuð á völdum gróðursniðum og þéttleiki varpfugla skráður á sérstökum sniðum, alls um 900 km að lengd. Á grunni fjölbreytugreininga voru ákvarðaðar 24 vistgerðir sem felldar voru í fimm vistlendi; eyðilendi, moslendi, mólendi, rýrt votlendi og ríkt votlendi. Í rannsóknunum fengust m.a. upplýsingar um tegundafjölda háplantna, mosa, fléttina, smádýra og fugla.

Tegundafjöldi var misjafn milli vistgerða og eftir tegundahópum (1. mynd). Háplöntutegundir voru flestar í mólendisvistum, einkum í víðikjarrivist, giljamóavist og lyngmóavist en fæstar í sandvikravist og eyravist sem báðar tilheyra eyðilendi. Mosaflóra var fjölbreyttust í vistgerðum moslendis, mólendis og votlendis en fábreyttust í vistgerðum eyðilendis. Fléttufungan var að jafnaði ríkust í vistgerðum þurrlandis en rýrust í votlendisvistum. Fjöldi fuglategunda í varpi var mestur í mólendi, rýru votlendi og í ríku votlendi en minnstur í vistgerðum eyðilendis og moslendis. Frekar líttill munur var á tegundafjölda smádýra milli vistgerða. Ríkustu vistgerðirnar voru breiskjuhraunavist og fléttumóavist en rýrast var smádýralífið í eyravist. Þegar á heildina er litið benda niðurstöðurnar til að mólendi sé tegundaríkast þeirra vistlenda sem finnast á miðhálendinu.



1. mynd. Tegundafjöldi háplantna, mosa og fléttina (teg./400 m<sup>2</sup>) í vistgerðum á miðhálendi Íslands. Lóðrétt strik tákna staðalskekkju meðaltals.

[1] Sigurður H. Magnússon, Borgþór Magnússon, Erling Ólafsson, Guðmundur Guðjónsson, Guðmundur A. Guðmundsson, Hörður Kristinsson, Kristbjörn Egilsson, Kristinn Haukur Skarphéðinsson, Starri Heiðmarsson og Jón Gunnar Ottósson 2009. Vistgerðir á miðhálendi Íslands. Flokkun, lýsing og verndargildi. Náttúrufræðistofnun Íslands, NÍ-09008. 176 bls.

## Áhrif skógræktar á tegundaauðgi planta, dýra og sveppa

Ásrún Elmarsdóttir<sup>1\*</sup>, Bjarni Diðrik Sigurðsson<sup>2</sup>, Edda Sigurdís Oddsdóttir<sup>3</sup>,  
Arne Fjellberg<sup>4</sup>, Bjarni E. Guðleifsson<sup>2</sup>, Borgþór Magnússon<sup>1</sup>, Erling Ólafsson<sup>1</sup>,  
Guðmundur Halldórsson<sup>5</sup>, Guðmundur A. Guðmundsson<sup>1</sup>,  
Guðríður Gyða Eyjólfssdóttir<sup>1</sup>, Kristinn Haukur Skarphéðinsson<sup>1</sup>,  
María Ingimarsdóttir<sup>1</sup> og Ólafur K. Nielsen<sup>1</sup>.

1) Náttúrufræðistofnun Íslands 2) Landbúnaðarháskóli Íslands 3) Skógrækt ríkisins,  
Móglilsá 4) Entomological Research, Tjöme, Noregi 5) Landgræðsla ríkisins

Við skógrækt eða náttúrulega útbreiðslu birkiskóga verða breytingar á vistkerfi svæða sem skógarnir leggja undir sig. Breytingarnar felast einkum í því að trén draga úr því ljósi sem nær til jarðar og breyta skilyrðum fyrir plöntur og dýr. Einnig geta orðið breytingar á t.d. hitafari, jarðraka, lífrænu efni og frjósemi. Lífveruhópar bregðast á mismunandi hátt við þessum breytingum og hvort tegundum fjölgar eða fækkar getur verið háð því hverskonar land er tekið undir skóg. Hér á landi hefur áhugi á skógrækt verið að aukast jafnt og þétt og er mikilvægt að skógræktendur geri sér sem gleggsta grein fyrir þeim breytingum sem við má búast í kjölfar skógræktar. Algengustu gróðursettu tegundirnar eru síberíulerki, sitkagreni og stafafura, sem samtals eru um helmingur árlegrar skógræktar. Íslenskt birki er um þriðjungur gróðursettra trjáplantna og algengast er að gróðursett sé í mólendi.

Á árunum 2001–2006 voru áhrif skógræktar á lífríki könnuð á Austurlandi og Vesturlandi í verkefninu SKÓGVIST. Fimm lífveruhópar voru kannaðir; jarðvegsdýr, smádýr á yfirborði, sveppir, plöntur og varpfuglar. Mælingar voru gerðar í mólendi, birki-, lerki-, stafafuru- og sitkagreniskómum. Í verkefninu gafst færi á að kanna heildaráhrif skógræktar á líffræðilega fjölbreytni, en oftar en ekki hafa sambærilegar rannsóknir beinst að einum eða fáum lífveruhópum. Tegundafjöldi er notaður sem vísir á líffræðilega fjölbreytni.

Niðurstöðurnar sýna að heildarfjöldi tegunda er minnstur í þéttum og dimmum skógum en hann er svipaður í mólendi samanborið við elstu birkiskóga og og grisjaða greniskóga. Hins vegar svara lífveruhóparnir skógrækt á mismunandi hátt. Þannig fækkar plöntum og fuglum, jarðvegsdýrum og sveppum fjölgar en fjöldi smádýra helst svipaður. Það skiptir því máli hvaða hópar eru rannsakaðir þegar meta á áhrif skógræktar á fjölda tegunda. Venja er að líta til líffræðilegrar fjölbreytni þegar meta á gæði vistkerfa og er sívaxandi áhersla á að viðhalda henni. Hér á landi er eitt af markmiðum stjórnvalda í náttúruvernd að viðhalda líffræðilegum fjölbreytileika og vernda búsvæði. Því er mikilvægt að þekking sé fyrir hendi á þeim breytingum sem verða á landi í kjölfar skógræktar.

## Vistkerfisáhrif innfluttra trjátegunda: Áhrif á lífmassa, rotnunarferla og efnafraði jarðvegsvatns

Ragnhildur Sigurðardóttir

Háskólfafélag Suðurlands, Tryggvagötu 36, 800 Selfoss

Vistkerfisáhrif tveggja innfluttra skógartegunda, Rússalerkis (*Larix sibirica*) og stafafuru (*Pinus contorta*), voru skoðuð í Hallormsstaðaskógi og borin saman við náttúrulegan birkiskóg (*Betula pubescens*) [1]. Skoðað var hvernig kolefni binst í þessum reitum í mismunandi hluta vistkerfisins og hvernig tegundirnar hafa áhrif á vistkerfisferla í skóginum. Mældur var rotnunarhraði lífræns efnis og lífmassi botngróðurs, jafnframt því sem áhrif skógargerðanna á efnafraði jarðvegsvatns voru skoðuð.

Lífmassi dauðs og lifandi lífræns efnis var mælt í öllum skógargerðunum. Niðurbrotshraði elftingar og birkilaufs var mældur yfir tveggja ára tímabil, jafnframt því sem niðurbrotshraði lerkinála og furunála var mældur í lerki og furuskógunum. Lífmassi og framleiðni tegundahópa plantna á skógarbotninum var mældur og flokkaður í i) jurtir, ii) grös, iii) mosa, iv) runna, v) elftingar og vi) hattsveppi. Leiðni og sýrustig var mælt í öllum reitum, auk þess sem mældur var styrkur Mg, Ca, K, Na, Cl, SO<sub>4</sub>, Fe, Al, Zn, NO<sub>3</sub>, NH<sub>4</sub>, PO<sub>4</sub>, IC (inorganic carbon) og TOC (total organic carbon).

Niðurstöður tilraunarnar bentu til að skógarreitir af lerki, furu og birki binda kolefni á mismunandi hátt í vistkerfunum, ekki hvað síst í uppsöfnun á dauðu og oft þurru lífrænu efni. Leiðna má líkum að því að þessi uppsöfnun lerkisins og furunnar að dauðu lífrænu efni endurspegli aðlögun tegundanna að skógareldum í náttúrulegum heimkynnum sínum. Með innflutningi þessara tegunda og víðtækum gróðursetningum gætu Íslendingar verið að innleiða nýja röskunarferla í íslenska náttúru.

Niðurstöður benda til þess að innfluttu tegundirnar hafi áhrif á niðurbrotsferla í vistkerfunum eins og þeir eru mældir með rannsókn á rotnunarhraða lífræns efnis í kerfunum. Af því má leiða að líffræðilegur fjölbreytileiki jarðvegslífvera verði fyrir áhrifum af völdum notkunnar þessara trjátegunda í íslenskum vistkerfum. Ennfremur hefur ræktun þessara tegunda áhrif á lífmassa undirgróðurs og tegundahópa þar sem fjölbreytni minnkar og vistkerfin verða einsleitari.

Niðurstöður tilraunarnar benda til þess að innfluttar tegundir geti haft áhrif á efnafraði jarðvegsvatns og þar af leiðandi grunnvatns. Furureitirnir virðast ná að draga til sín jónir sem rekja eiga uppruna sinn til andrúmslofts og/eða úrkomu. Lerki virðist aftur á móti hafa áhrif á efnaveðrun jarðvegsins á þann hátt að málmjónir sem algengar eru í íslenskri eldfjallajörð, t.d. járn og ál leysast út í vatnslausn. Áberandi var einnig í lerkireitunum hár styrkur nítrats, sérstaklega yfir sumarmánuðina frá byrjun júní fram á miðjan ágúst. Í birkireitunum má sjá merki ólífraennar bindingar kolefnis við efnaveðrun jarðvegs og má því ætla að heildarkolefnisbinding í birkiskógunum sé í raun meiri en mæla má í lífmassa skógarins sjálfs með hefðbundnum aðferðum.

[1] Ragnhildur Sigurðardóttir. 2000. Doktorsritgerð. Yale University.

## Fjölbreytt gróðurfar í ræktuðu túni gaf meira fóður og dró úr illgresi

Áslaug Helgadóttir<sup>1</sup>

Landbúnaðarháskóla Íslands, Keldnaholti, 112 Reykjavík

Brýnt er að þróa sjálfbær ræktunarkerfi til þess að fullnægja þörfum mannkyns fyrir mat í framtíðinni. Liður í þeiri viðleitni er að finna leiðir til þess að auka framleiðslu í ræktuðu graslendi á sama tíma og draga þarf úr öllum aðföngum eins og kostur er. Nú liggja fyrir niðurstöður úr tilraun sem lögð hafði verið út á 32 stöðum víða í Evrópu og Kanada þar sem fjölbreytt jarðvegs- og loftslagsskilyrði ríkja. Greint var samspil milli tegunda í blöndu og metinn var áviningurinn af því að rækta blöndur tveggja grastegunda og tveggja belgjurtategunda umfram það að rækta þessar sömu tegundir í hreinrækt. Á öllum tilraunastöðunum kom í ljós að blöndur gáfu að meðaltali meiri uppskeru og vörðust illgresi betur en sí hreinræktin sem gaf mesta uppskeru. Áviningurinn kom fljótt í ljós, varði í a.m.k. þrjú ár og var tiltölulega óháður hlutfalli tegundanna í blöndunni. Því má álykta að ögn fjölbreyttari tegundasamsetning geti leitt til hagkvæmari og sjálfbærari framleiðslu af ræktuðu graslendi.

---

<sup>1</sup> [aslaug@lbhi.is](mailto:aslaug@lbhi.is)

Flutt fyrir hönd samstarfsaðila í COST Action 852.

# **Soil Biodiversity and the European Commission**

Simon Jeffery\* and Ciro Gardi

Joint Research Centre, The European Commission, Ispra, Italy

The requirement for a coherent approach to soil protection has become more recognised within the European Commission over recent years. This recognition led to the protection of soil being introduced as one of the thematic strategies to be developed within the Commission's 6th Environment Action Programme due to soils being recognized as "a fundamental environmental compartment performing vital ecological, social and economic services". These include: filtering and buffering of contaminants from water; providing a pool of biodiversity; a source of raw materials; a sink for atmospheric carbon dioxide; an archive of cultural heritage. The culmination of this work to date within the European Commission is the development of the Soil Thematic Strategy, with the aim of protecting soils across Europe. Soil biodiversity and the ecosystem services that it provides is a relatively new area of study, despite the economic value of soil ecosystem services being valued in the range of \$1.5 trillion annual [1,2], and as such data are often lacking. To counter this, one of the main goals with regard to soil biodiversity at the JRC, is raising awareness of issues surrounding soil biodiversity aimed at everyone from the public, through to academics and including policy makers. A large step in this direction was the production of the European Atlas of Soil Biodiversity, produced in conjunction with experts from Europe and around the world. This atlas is being distributed to as wide an audience as possible, with the aim of shining some light on this understudied area. An overview of some of the key points and statistics of the atlas will be discussed.

Much of life below ground is microbial, and an estimated 90 – 99% of the microbes have not yet been cultured in the laboratory, meaning much of it is still unknown. Even for larger organisms many species still remain to be discovered and their roles within the soil system fully elucidated. Currently, no baseline exists with regard to levels of soil biodiversity at anything beyond a local level in a very limited number of instances. Therefore, quantifying threats to soil biodiversity and which policy steps need to be undertaken to protect soil biodiversity, if any, remains problematic. As a first step to overcoming this issue, the JRC has produced the first map of pressures to soil biodiversity at the European scale, covering 24 of the EU member states. This map is presented in the atlas and highlights where the soil biota is likely to face relatively high pressures due to numerous anthropogenic and biological factors, ranging from soil organic carbon depletion through to invasive species. Finally, a brief overview of some ongoing research on soil biodiversity within the JRC will be presented and some very preliminary results will be presented.

[1] D.C. Pimentel, C. Wilson, C. McCullum, R. Huang, P. Dwen, J. Flack, Q. Tran, S. Saltman and B. Cliff, (1997), Economic and environmental benefits of biodiversity, *BioScience* **47** pp. 747–757.

[2] W.H. van der Putten et al. (2004), The sustainable delivery of goods and services provided by soil biota. In: D.H. Wall, Editor, *Sustaining Biodiversity and Ecosystem Services in Soils and Sediments*, Island Press, San Francisco (2004), pp. 15–43.

\*e-mail: simon.jeffery@jrc.ec.europa.eu

# Áhrif landgræðslu á líffræðilega fjölbreytni

Guðmundur Halldórsson, Anna María Ágústsdóttir, Jóhann Þórsson, Kristín Svavarsdóttir og  
Magnús H. Jóhannsson

Landgræðsla ríkisins, Gunnarsholti, 851 Hella

Hnignun vistkerfa hefur víðtæk áhrif um heim allan og eru ein helsta orsök hnignunar líffræðilegs fjölbreytileika og markviss endurheimt vistkerfa er því nauðsynlegur þáttur í aðgerðum til að sporna við hnignun líffræðilegs fjölbreytileika. Þetta er m.a. viðurkennt í samþykkt aðildarríkjafundar Samningsins um líffræðilega fjölbreytni sem fram fór í Nagoya í Japan í október 2010.

Þurrleidivistkerfi Íslands hafa ekki farið varhluta af þessari þróun. Þau eru mörkuð af óhóflegri nýtingu og óblíðum umhverfisskilyrðum. Samspil þessara þátta leiddi til stórfelldrar eyðingar gróðurs og jarðvegs, sem ógnaði lífsafkomu og byggð á stórum svæðum á landinu um aldir og er nú helsta umhverfisvandamál landsins. Til að bregðast við þessu voru árið 1907 sett lög um „skógrækt og varnir gegn uppblæstri lands“. Nú eru um 5% af flatarmáli landsins skilgreind sem landgræðslusvæði. Þessi svæði eru í mjög mismunandi ásigkomulagi og landgræðsluaðgerðir á þeim mismunandi og hafa einnig verið að breytast í tímans rás. Grunnaðgerðin er beitarfriðun, annaðhvort að fullu eða að mjög verulegu leyti. Öðrum aðgerðum er síðan fléttad saman við þessa grunnaðgerð. Algengasta aðgerðin er væg áburðargjöf, til að styrkja staðargróður og örva fræmyndun. Þar sem talið er að þessi aðgerð ein og sér dugi ekki til að skila árangri er einnig dreift fræblöndu, sem er yfirleitt blanda af túningli (60-70%), vallarsveifgrasi (20-30%) og stundum einnig rýgresi (5%). Aðrar aðgerðir eru einkum sáning eða gróðursetning lúpínu og sáning melfræs. Auk þess hefur öðrum aðferðum verið beitt í litlum mæli. Flatarmál nýrra svæða sem tekin eru til landgræðslu, ár hvert, er 5-10 þúsund hektarar. Á undanförnum 5 árum hafa verið græddir upp árlega um 3.500 hektarar lands með áburðargjöf inni saman, riflega 2000 hektarar með sáningu grasfræsblöndu, 3-400 ha með lúpínu og álíka með melgresi.

Landgræðslan hefur í samstarfi við aðrar stofnanir safnað gögnum um þróun plöntu- og dýrasamfélaga á landgræðslusvæðum. Í fyrilestrinum verða kynnt dæmi þar um og fjallað um hlutverk landgræðslu við endurheimt vistkerfa og landgæða á Íslandi. Auk þess er Landgræðsla ríkisins að byggja upp kerfi fastra mælireita á öllum landgræðslusvæðum þar sem aðgerðir hafa byrjað árið 1990 eða síðar. Þar er mældur kolefnisforði í gróðri og jarðvegi, ásamt því að þar eru gerðar mælingar á þekju gróður og tegundasamsetningu háplantna og byrkninga. Til viðmiðunar eru reitir á óuppgräddum svæðum við jaðar landgræðslusvæða. Nú eru í þessu kerfi um 450 reitir. Áætlað er að þessir reitir veri síðan mældir með 5-10 ára millibili. Þannig munu fást mun betri gögn yfir þróun plöntusamfélaga á landgræðslusvæðum enn nú eru til. Úrvinnsla úr þessum gögnum er hafin að nokkru leyti og niðurstöður þeirra verða kynnt í fyrilestrinum.

# Svertuætt (*Verrucariaceae*) á Íslandi

Starri Heiðmarsson\*

Náttúrufræðistofnun Íslands, Borgum við Norðurslóð, 600 Akureyri

Svertuætt (*Verrucariaceae*) er stór ætt sem einkum geymir fléttumyndandi tegundir. Af ættinni eru um 70 tegundir þekktar á Íslandi. Ættin einkennist m.a. af að hafa aska í skjóðum og vaxa tegundir hennar í ýmsum búsvæðum þó þær séu mest áberandi í votum búsvæðum. Afmörkun ættkvísla innan ættarinnar hafa hingað til einkum byggst á þremur útlitseinkennum: Skilveggjum gróa, últiti þals og hvort þörungafrumur séu til staðar í gróbeði.

Nýlegar þróunarsögurannsóknir byggðar á raðgreiningu tveggja svæða, þ.e. nucLSU og RPB1 benda til að margar ættkvíslir innan ættarinnar séu margætta [1]. Í kjölfarið var tveimur nýjum ættkvíslum, *Hydropunctaria* og *Wahlenbergiella*, lýst. *Hydropunctaria* inniheldur margar tegundir sem vaxa við ferskvatn auk þess sem algengasta tegund ættarinnar, fjörusverta (*Hydropunctaria maura*), tilheyrir henni. Aðrar tegundir sem vaxa í fjörum virðast tilheyra *Wahlenbergiella* eins og grænsverta (*Wahlenbergiella mucosa*). Greint verður frá fyrstu niðurstöðum rannsókna á afmörkun og þróunarsögu íslenskra tegunda ættarinnar. Einnig verður fjallað um strimlaflögu (*Endocarpon pulvinatum*) sem er óvenjulegur fulltrúi svertuættar þar sem hún er runnkennd (Mynd 1).



Mynd 1. Strimlaflaga (*Endocarpon pulvinatum*) við Héraðsvötn nærri Villinganesi.

[1] C. Gueidan, o.fl., 2009 Taxon **58**, 184-208

# **Verndun líffræðilegrar fjölbreytni: mikilvægi vist- og þróunarfræðilegra ferla**

Skúli Skúlason\* og Bjarni K. Kristjánsson  
Hóskóli - Háskólinn á Hólum

Á undanförnum árum hefur þekkingu á tilurð líffræðilegrar fjölbreytni fleytt mikið fram. Mjög mikilvægt er að taka tillit til þess við gerð áætlana um verndun og nýtingu. Þannig hafa rannsóknir sýnt að vistfræðilegir þættir ráða miklu um þróun og eðli líffræðilegrar fjölbreytni. Þetta á sérstaklega við um þróun ólíkra afbrigða, stofna og myndun nýrra tegunda, svokölluð vistfræðileg tegundamyndun. Slík þróun er sérstaklega áberandi á svæðum þar sem samkeppni milli tegunda um auðlindir er lítil. Þetta á t.d. við á eyjum eins og Íslandi þar sem fáar tegundir hafa haslað sér völl vegna landfræðilegrar einangrunar og ungs aldurs núverandi búsvæða (eftir síðustu ísöld). Eldvirkni og landrek hafa enn fremur skapað hér sérstök og fjölbreytt búsvæði fyrir lífverur. Rannsókir á ferkvatnsfiskum sýna að hérlandis hafa þróast margvísleg afbrigði, stofnar og jafnvel nýjar tegundir. Þessi þróun er greinilega tengd staðbundnum vistfræðilegum þáttum. Skilgreining Rio ráðstefnunar 1992 á líffræðilegri fjölbreytni gerir kröfu til að hugað sé að breytileika innan tegunda jafnt sem milli tegunda og vistkerfa. Hefðbundinn skilningur á líffræðilegri fjölbreytni miðast aftur á móti oftast við mat á fjölda tegunda. Þegar teknar eru ákvarðanir um verndurnaraðgerðir eða aðra umgengni við líffræðilega fjölbreytni er nauðsynlegt að taka tillit til þeirra þróunarferla sem valda líffræðilegri fjölbreytni. Þetta er ekki síst mikilvægt við aðstæður hérlandis. Áhersla á slíka ferla við mat á mikilvægi líffræðilegrar fjölbreytni er aftur á móti sjaldgæf. Mjög mikilvægt er að bæta úr þessu og Íslendingar hafa tækifæri til að hafa forgöngu um það.

## **References**

\*e-mail: skuli@holar.is

# **Mikilvægi vistfræði fyrir þróun líffræðilegrar fjölbreytni**

Bjarni K. Kristjánsson\* og Skúli Skúlason  
Hólaskóli - Háskólinn á Hólum

Margvíslegar ógnir steðja að líffræðilegri fjölbreytni. Því er mikilvægt að skilja þá ferla sem mynda, viðhalda og breyta líffræðilegri fjölbreytni. Sérstaklega er mikilvægt að skilja betur hvernig þróunar- og vistfræðilegir þættir tengjast saman. Rannsóknir hafa sýnt að þessir þættir geta starfað á svipuðum tímaskala. Samband vist- og þróunarfræðilegra ferla má rannsaka með tvennum hætti. Annars vegar með því að skoða breytingar yfir tíma í svipfarslegum- og erfðafræðilegum þáttum samhliða þekktum breytingum í vistfræðilegum áhrifaþáttum. Hins vegar með því að bera saman svipfarslegan- og erfðafræðilegan breytileika milli skyldra stofna sem hafa haslað sér völl í ólíkum búsvæðum. Í fyrirlestrinum verður fjallað um tengsl vistfræðilegra- og þróunarfræðilegra þátta, með sérstakri áherslu á mikilvægi þéttleika lífvera fyrir samsvæða tegundamyndun.

## **References**

\*e-mail: bjakk@holar.is

# **Evolution of adaptive diversity and genetic connectivity in Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) in Iceland**

K. Kapralova\* and S. Snorrason  
Institute of Biology, University of Iceland

M. Morrissey  
Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh

B. Kristjánsson  
Hólar University College, Iceland

G. Ólafsdóttir  
Westfjords Research Centre, University of Iceland

M. Ferguson  
Department of Integrative Biology, University of Guelph, Canada

The ecological theory of adaptive radiation predicts that the evolution of phenotypic diversity within species is generated by divergent natural selection arising from different environments and competition between species. Genetic connectivity among populations is likely also to play an important role in both the origin and maintenance of adaptive genetic diversity. Our goal was to evaluate the potential roles of genetic connectivity and natural selection in the maintenance of adaptive phenotypic differences among morphs of Arctic charr, *Salvelinus alpinus*, in Iceland. At a large spatial scale, we tested the predictive power of geographic structure and phenotypic variation for patterns of neutral genetic variation among populations throughout Iceland. At a smaller scale, we evaluated the genetic differentiation between two morphs in Lake Thingvallavatn relative to historically-explicit, coalescent-based null models of the evolutionary history of these lineages. At the large spatial scale, populations are highly differentiated, but weakly structured either geographically, or with respect to patterns of phenotypic variation. At the intra-lacustrine scale, we observe modest genetic differentiation between two morphs, but this level of differentiation is nonetheless consistent with strong reproductive isolation throughout the Holocene. Rather than a result of the homogenizing effect of gene flow in a system at migration-drift equilibrium, the modest level of genetic differentiation could equally be a result of slow neutral divergence by drift in large populations. We conclude that contemporary and recent patterns of restricted gene flow have been highly conducive to the evolution and maintenance of adaptive genetic variation in Icelandic Arctic charr.

\*e-mail: khk2@hi.is

# **Diversity of threespine stickleback in Iceland: the complex role of contrasting habitats**

Guðbjörg Ásta Ólafsdóttir, Myrsini Eirini Natsopoulou and Alexandreou Andreou  
Vestfirðir Research Centre, University of Iceland, Aðalstræti 21, 415 Bolungarvik, Iceland

Snæbjörn Pálsson and Sigurður S Snorrason  
Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugata 7, 101 Reykjavík, Iceland

Bjarni Kr Kristjánsson  
Holar University Collage, Hólar í Hjaltadal, 551 Sauðárkrúkur, Iceland

Species and speciation are a key part of evolutionary biology. The earliest work focused on ecological species differences and natural selection as a driving force in speciation but as the understanding of molecular genetics grew there was a shift towards neutral models of evolution. The ecological basis of population divergence again gained popularity in the last decades and many of the most recent studies have emphasized the complexity and the multiple numbers of factors that potentially interact in parapatric divergence. In the summer of 2008 threespine stickleback were sampled from 34 sites in 22 lakes in Iceland inhabiting three main substrate types: mud, vegetation and rock. Based on preliminary results from this survey we focused particularly on two potential contributors to the parapatric divergence of Icelandic lava and mud threespine stickleback morphs; 1) selection by parasites and 2) selection for varying social interactions.

According to theory, differential parasitism between host populations has the potential to promote adaptation to local environments and thus rapid divergence due to host-parasite co-evolutionary interactions. Parasite mediated selection has been found to operate on the highly polymorphic genes of the major histocompatibility complex (MHC). We found parallel divergence in parasite infection and MHC allele number between the sympatric lava and mud stickleback morphs. Consequently, parasite mediated selection could play a part in the divergence of the benthic lava-mud morphs in Icelandic lakes.

In nature animals collect information about their environment privately or through socially transmitted information. The information that is gathered individually may be beneficial in terms of being more accurate and up to date while social learning can save time and energy, thereby minimizing the cost of collecting information. We experimentally examined the role of habitat complexity in shaping social and learning behavior in Icelandic stickleback. Consistent differences were found between lava and mud stickleback in the use of social and spatial information to locate a food source. Sticklebacks originating from mud habitats were more likely to join a demonstrator at the feeder, approach conspecifics and aggregate more closely than lava sticklebacks. Discrepancies in the parallel pattern of aggregation, boldness and social learning between mud and lava populations indicate that the aptitude for social learning while foraging has evolved independently of general social behavior.

# Subterranean amphipods diversity and the taxonomic status of Icelandic endemic species

Etienne Kornobis & Snæbjörn Pálsson<sup>✉</sup>

Department of Biology, University of Iceland, Sturlugötu 7, 101 Reykjavík

Cryptic diversity refers to groups of individuals which are morphologically similar but are reproductively isolated and can thus be classified as two or more distinct species. Its detection is important in species assessments and conservation decisions. Cryptic diversity has been frequently observed in past decades within subterranean species and particularly within amphipods. In addition, subterranean amphipod species are subject to convergent evolution of their morphological traits. The lack of phylogenetically informative traits in this group has made taxonomical classification problematic, both within and among genera.



Figure 1: *Crangonyx islandicus* and *Crymostygius thingvallensis*

Two new endemic species of subterranean freshwater amphipods, *Crangonyx islandicus* and *Crymostygius thingvallensis* were recently discovered in groundwater underneath porous lava fields in Iceland. Morphological and meristical features of *Crangonyx islandicus* compared to other *Crangonyx* species indicates that it might represent a new genus [1]. *Crymostygius thingvallensis*, defines a new family [2], is rare and has been found in two locations, lake Thingvallavatn and from Arctic charr in Jökulsá á Fjöllum.

These two species belong to the Crangonyctoidea super family, which has representatives in North America and the Eurasian continent. In order to confirm their taxonomy we sequenced nuclear genes (18S rRNA and 28S rRNA, about 3000 bp per individual) from the two species from Iceland and from species from North-America, Europe and Asia. A phylogenetical analyses of the variation, between our sequences and sequences available in genebanks, resulted in phylogeny comprising 21 amphipod species in 10 genera. Cryptic diversity within *C. islandicus* species was investigated by sequencing two mitochondrial genes (COI and 16S).

The phylogenetic analyses supports that the two species from Iceland are endemic. Furthermore, no species of Crangonyctoidea are closely related to *C. thingvallensis*. An early divergence from the other species of the group is observed, confirming its monotypic family status. The *Crangonyx* genus is polyphyletic and *C. islandicus* is clearly distinct from the other *Crangonyx* species, and may thus define a new monotypic genus. The high genetic variation among *C. islandicus* populations points to two putative cryptic species, a further morphological analysis should be conducted to assess their taxonomical status.

[1] Svavarsson J. and Kristjánsson BK. 2006 *Zootaxa* **1365** 1-17

[2] Kristjánsson BK. and Svavarsson J. 2004 *Journal of Natural History* **38**:15 1881-1894

# Erfðabreytileiki nokkurra tegunda á Íslandi

Snæbjörn Pálsson  
Líf- og umhverfisvísindadeild, HÍ

Erfðabreytileiki tegunda er mikilvægur í rannsóknum á líffræðilegri fjölbreytni. Breytileikinn er hráefni þróunar og því forsenda nýrra aðlaganna og þess að tegundir geti lifað af í síþreytilegum heimi. Breytileikinn skiptir einnig máli fyrir lífverur til að mæta vandamálum vegna skyldleikaæxlunar og skaðlegra stökkbreytinga sem geta haft neikvæð áhrif á vöxt og viðgang stofna. Auk þessa er breytileikinn mikilvægur í rannsóknum okkar til að greina einstaklinga til tegunda, mörk náttúrulegra stofna og sögu þeirra, landnám, far, nýliðun og æxlunarárangur svo eitthvað sé nefnt.

Á síðustu árum hafa verið gerðar fjölmargar athuganir á landfræðilegum breytileika til að greina upprunalandafræði tegunda, þróunarsögu þeirra og sérstöðu. Erfðabreytileiki tegunda á norðurslóðum hefur mótað af kuldaskeiðum ísaldar þar sem stofnar lífvera eru taldar hafa lifað af á suðlægari svæðum, jafnvel í litlum hópum, en aukið útbreiðslu sína í kjölfar bráðnandi jöklar. Almennt má því búast við litlum erfðabreytileika innan tegunda hér á landi. Í fyrirlestrinum verður greint frá niðurstöðum nokkurra rannsókna á Íslandi sem sýna ólík mynstur, þar sem uppsprettu breytileikans getur verið arið misjöfn. Hjá einni vorflugutegund er dæmi um engan breytileika sem skýra má með landnámi fárra einstaklinga, hjá annarri mikinn breytileika sem er tilkominn vegna landnáms og blöndunar ólíkra hópa innan sömu tegundar. Athugun á tveimur endemískum grunnvatnsmarflóm styður þróunarlega sérstöðu þeirra og hjá annarri þeirra, *Crangonyx islandicus*, greinist mikill breytileiki sem hefur orðið til vegna aðgreiningar stofna á Íslandi í milljónir ára. Sérstaða íslenskra deilitegunda hefur bæði verið studd og hafnað með athugunum á mtDNA, þannig bendir athugun á auðnuttitingum til lítillar aðgreiningar milli ólíkra tegunda. Breytileiki innan tegunda hefur einnig mótað af kynblöndun ólíkra tegunda eins og á milli birki og fjaldrapa og meðal mafategunda.

**Veggspjöld**

# Árstíðabreytingar í stofnvistfræði hagamúsa á tveimur ólíkum búsvæðum á SV- landi

## Seasonal dynamics of wood mouse populations in two distinct habitats in SW-Iceland

E. R. Unnsteinsdottir\* and P. Hersteinsson

Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugötu 7, 101 Reykjavik, Iceland

The aim of this study was to compare population dynamics and food habits of long-tailed wood mice (*Apodemus sylvaticus*) in two contrasting habitats, woodland and grassland. The former habitat type is believed to have been very common in lowland regions at the time of the settlement of Iceland while the second is a characteristic of productive lowland regions nowadays due to agricultural practices in the past.

Sampling procedures consisted of 5 day live-trapping censuses with approximately 5 weeks' interval from September 2004 to October 2005. All captured mice were weighed and tagged with micro-tags so that they could be individually identified. Capture-mark-recapture analyses were used to estimate density and survival throughout the study period. Mice were also caught in snap-traps in similar habitats outside the live-trapping areas for analysis of stomach contents and reproductive condition.

The results revealed up to tenfold higher autumn population density in woodland than in grassland throughout the study. Autumn maximum at the woodland site was  $30.84 \pm 4.29$  mice/ha while the autumn maximum at the grassland site was  $3.14 \pm 0.41$  mice/ha. During summer, when numbers were low in both habitats, the mouse population density was still much higher in the woodland than in the grassland. The lowest density was 1.4 mice/ha and 0.2 mice/ha in woodland and grassland, respectively. Apparent monthly survival in the grassland was low at the onset of winter, substantially higher during mid-winter, then decreasing in late winter–early spring. In the woodland, apparent monthly survival remained relatively stable throughout the winter.

Stomach content analysis revealed that in the autumn, mice were predominantly feeding on seeds but in spring, insect larvae were the most important food type in both habitats. There was a greater divergence in food consumed by season than by habitat.

Males were heavier than females in all seasons and woodland mice of both sexes were significantly heavier than in the grassland in mid-winter.

According to testes volume and presence of pregnant and lactating females, breeding takes place from late March or early April to the end of September in both habitats.

\*e-mail: eru@hi.is

# Speciation within the subterranean amphipod *Crangonyx islandicus*

Etienne Kornobis & Snæbjörn Pálsson<sup>✉</sup>

Department of Biology, University of Iceland, Sturlugötu 7, 101 Reykjavík

*Crangonyx islandicus*, an endemic subterranean amphipod found along the active volcanic zone in Iceland, shows genetical patterns which suggest sub-glacial survival during Ice Age [1]. Sequence variation in two mtDNA genes (CO1 and 16S RNA, covering in total 1072 bp), from 130 individuals sampled at 23 locations throughout the volcanic zone in Iceland confines six monophyletic lineages. Its phylogeny, based on nuclear genes suggests also that it defines a new genus within Crangonyctidae, a family of subterranean amphipods. The abundance of cryptic diversity has been frequently documented in the last decade, particularly within subterranean fauna. The similar selective pressures observed in different subterranean habitats induce convergent evolution of morphological traits, hindering clear species delimitation. The bar-coding initiative using COI and 16S genes, as well as the development of molecular divergence threshold for putative species delimitation is therefore of particular interest for a better estimation of the biodiversity in subterranean environments.



Figure 1: *Crangonyx islandicus*

Under the prevailing model, the high local diversity of subterranean organisms is explained by the formation of stable populations with limited dispersal capacities which are prone to genetic isolation and allopatric speciation. The low number of ecological niches in such extreme environments supports also allopatric differentiation as the main speciation process.

Repeated glaciations and/or geological formations at the tectonic plate boundary in Iceland may have led to vicariance events, where populations have diverged in allopatry for up to four million years, and may even represent two or more cryptic species within Iceland. Two different genetic thresholds, based on COI sequence variation, were applied and discrepancies between the two were observed for the delimitation of putative cryptic species. This indicates that speciation is ongoing, at least for the most divergent populations of *Crangonyx islandicus* in Iceland.

[1] Kornobis *et al.* 2010 *Molecular Ecology* **19**:2516-2530.

---

<sup>✉</sup>etk1@hi.is

# Habitat preferences and behavioural ecology of juvenile Atlantic cod (*Gadus morhua*)

Guðmundur Smári Gunnarsson\* and Guðbjörg Ásta Ólafsdóttir

University of Iceland, Research centre of the Westfjords, Aðalstræti 21, 415 Bolungarvík

Despite the commercial importance of Atlantic cod in the Atlantic ocean, there is a gap in the literature on many aspects of juvenile Atlantic cod ecology, especially in the months following benthic settlement. A few studies have reported habitat preferences and differential survival of juveniles in different substrates [1]. The focus of this project is on ecology of young-of-the-year (YOY) individuals when they shift from pelagic to benthic lifestage, but at this timepoint, the YOY cohort experiences great mortalities, possibly due to competition for food and space [2]. Moreover foraging behaviour, i.e. whether YOY individuals actually feed from the substrate or the watercolumn, has not been reported. Here we present what methods are used, preliminary results of the study and demonstrate our future goals.

YOY cod are sampled with gill nets (10 mm mesh size) in different habitats, kelp forests (complex) and sand substrate (simple) around the Westfjords in Iceland. Fish density is compared among habitats by calculating the catch per unit effort (CPUE). Samples are stored in a freezer for further analysis including stomach content analysis. Benthic and pelagic fauna in different habitats has been sampled to compare with diet. Furthermore, N<sub>15</sub> and C<sub>13</sub> stable isotopes will be measured from muscle tissues as well as benthic and pelagic invertebrates to see what niches individuals have been utilizing for the last several weeks before sampling.

Preliminary results indicate higher densities of YOY cod in kelp habitats than in sandy habitats. Also, in September – October, cod density was generally higher in shallow waters (3 – 10 m) than deeper waters (20 – 30 m). Stomach contents and stable isotopes have not been analyzed.

This project gives new information on ecology of YOY cod around Iceland, i.e. how habitat quality differs and therefore it provides information and raises questions whether and how nursery grounds should be protected. The project will provide new information on how juvenile cod respond to increased intraspecific competition (high density), for instance with decreased growth rate or broader niche use.

[1] M. A Warren, R. S. Gregory, B. J. Laurel, and P. V. R. Snelgrove. Increasing density of juvenile Atlantic (*Gadus morhua*) and Greenland cod (*G. ogac*) in association with spatial expansion and recovery of eelgrass (*Zostera marina*) in a coastal nursery habitat. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* **394**, 154-160.

[2] M. Tupper, and R. G. Boutilier. 1995. Size and priority at settlement determine growth and competitive success of newly settled Atlantic cod. *Marine Ecology-Progress Series* **118**, 295-300

## Sveppir í greninálabreiðum

Guðríður Gyða Eyjólfssdóttir\*

Náttúrufræðistofnun Íslands, Akureyrarsetur, Borgum við Norðurslóð, 600 Akureyri

Barrtré af erlendum uppruna hafa verið ræktuð hérlandis í rúma öld. Elstu trén eru að vísu ekki mörg en þeim sem náð hafa 60 ára aldri fjölgar með ári hverju. Sveppir gegna margvíslegu hlutverki í skógarvistkerfum, t.d. mynda sumir svepprót með trjánum meðan aðrir brjóta niður barr þeirra og smágreinar þær sem drepast og falla niður í svörðinn. Aldin beggja hópa spretta upp í sverðinum, upp af sveppþráðum sem sjúga til sín næringu úr jarðvegi og rotnandi lífmassa í skógarbotninum. Sveppasafn Náttúrufræðistofnunar Íslands (AMNH) varðveitir sýni sem safnað hefur verið í barrskógarreitum frá því árið 1960 er Helgi Hallgrímsson hóf að safna sveppum. Í sveppasafnину liggja fyrir upplýsingar um tegundir og búsvæði þeirra sem nýta má á ýmsan hátt. Hér verður fjallað um bendla, helmur, kveifar og skottur svo dæmi séu tekin um nokkra sveppi sem vaxa oft í greninálabreiðum auk nokkurra tegunda sem fundist hafa í fyrsta sinn hérlandis síðasta áratuginn er höfundur trúðst inn í greniskóg og rak augun í athyglisverð aldin.

# **Population genetics of the common whelk (*Buccinum undatum* L.) in Iceland and the Faroe Islands**

Hildur Magnúsdóttir and Erla Björk Örnólfssdóttir  
Vör Sjávarrannóknarsetur við Breiðafjörð, Norðurtanga, 355 Snæfellsbær

Zophonías O. Jónsson  
Líffræðistofnun Háskóla Íslands, Sturlugötu 7, 101 Reykjavík

A widely distributed subtidal gastropod in the North-Atlantic, the common or waved whelk (*Buccinum undatum* L.) is fished for bait and consumption in Europe and Canada and in Iceland it has been harvested in the bay of Breiðafjörður for more than 10 years.

The morphology of the common whelk, both in appearance and shell ratios, is variable between countries and areas. These differences in morphology indicate that migration of whelks between these areas might be limited enough to form genetically distinct subpopulations. The aim of the study was to test the hypothesis of different genetic populations of the common whelk in Iceland and the Faroe Islands, as well as between areas within Icelandic waters.



Figure 1. A common whelk (*B. undatum*) from Breiðafjörður.

To test the hypothesis, whelks were collected from five locations; two 30 km apart in Breiðafjörður, one in Húnaflói, one in Faxaflói and one in the Faroe Islands. DNA was extracted from the mantle of the whelks and isolated using CTAB and chloroform:isoamyl alcohol. Fragments of two mitochondrial genes, 16SrRNA and COI, were amplified by PCR and sequenced.

The study found that both genes in the common whelk have polymorphic sites and can be used to compare populations. Allele frequencies for both 16S rRNA and COI, were significantly different between Icelandic areas and between Iceland and the Faeroe Islands, but not inside Breiðafjörður.

# Molecular mechanisms underlying Arctic charr polymorphism and development

Kalina Kapralova, Valerie Helene Maier, James McEwan, Arnar Pálsson, Zophonías O.

Jónsson, Sigurður S. Snorrason\*

Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugata 7, 101 Reykjavík, Iceland

Sigríður Rut Franzdóttir

Stem Cell Research Unit, Biomedical Center, University of Iceland, Vatnsmýrarvegur 16, 101 Reykjavík, Iceland

Bjarni K. Kristjánsson, Skúli Skúlason

Hólar University College, Hólar í Hjaltadal, 551 Sauðárkrúkur, Iceland

Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) populated Icelandic rivers and lakes in a single colonisation wave at the end of the last glacial period, approximately 10 thousand years ago. During this time Arctic charr has undergone remarkable divergence in life history, morphology and in behaviour relating to habitat use and foraging. Not only do we see divergence among localities. In several cases this has occurred within lakes resulting in intra lacustrine resource polymorphism. The four sympatric morphs of Arctic charr in Lake Thingvallavatn represent one of the most diverse and best studied systems of resource polymorphism in fish. These morphs differ in terms of body size and the shape of craniofacial structures, and can be divided into two morphotypes: Benthic and limnetic.

We introduce a project aimed at elucidating the molecular mechanisms underlying the rapid evolution of Arctic charr polymorphism, and tackling key developmental, genetic and evolutionary questions. More specifically, our aim is to describe and compare the development of key bone and cartilage elements of the head in the contrasting charr morphs on a morphological and molecular level.

Developmental series from contrasting Arctic charr morphs were sampled and stored for RNA processing and histological stainings. These samples were used for generating a baseline description of bone morphogenesis in benthic and pelagic morphs. Subsequently, we selected four parallel developmental time-points in contrasting morphs and subjected to Solexa deep-sequencing of mRNA and small RNA in order to obtain information on overall and differential gene expression during bone morphogenesis in the different morphs.

Initial morphological analysis revealed early differences between morphs, from the time when the Meckel's cartilage takes shape and followed by shape differences in the forming jaws. Alterations in the timing and pattern of ossification are also evident. This data will be further analysed using geometric morphometrics.

Data from mRNA and micro RNA sequencing is currently under analysis: contigs have been generated from the mRNA sequences and these will serve as a scaffold for quantifying reads from the different time-points and morphs. Differentially expressed genes will be used as candidates for more detailed expression studies, using whole-mount *in situ* hybridization and quantitative real-time PCR. The microRNA sequencing data has shown promising conservation of microRNAs in Arctic charr. Differentially expressed microRNAs will be further analysed and their potential target genes will be identified and characterised.

In conclusion our project is likely to reveal divergences in the expression pattern of developmental factors among morphs, which could be the key mediators of the evolutionary force driving phenotypic divergence.

---

\*signor@hi.is

## **Tegundafjölbreytni sjóþörunga við Ísland**

Karl Gunnarsson og Svanhildur Egilsdóttir.

Hafrannsóknastofnunin

Botnþörungar í sjó, brún-, græn-, og rauðþörungar voru taldir um 260 hér við land skömmu fyrir síðustu aldamót (Karl Gunnarsson og Sigurður Jónsson 2002). Á árunum 1999 til 2007 var gerð allítarleg könnun á þörungaflórunni allt í kringum land. Í þeirri athugun bættust við listann um 30 tegundir sem ekki höfðu áður fundist hér við land.

Tegundir sem fundust í fyrsta sinn geta ýmist verið nýjir landnemar eða tegundir sem hafa vaxið hér lengi en mönnum hefur yfirsést. Ýmsir þættir skipta þar máli meðal annars hversu vel viðkomandi svæði hefur verið rannsakað, stærð þörunganna (auðvelt að yfirsjást smáar tegundir) og svo sá tími sem rannsakað er. Vaxtartími þörunga getur verið misjafn, sumar tegundir finnast t.d. eingöngu á veturna, aðrar eingöngu á sumrin.

Rauðþörungarnir *Porphyra linearis*, *Polysiphonia brodiei* og brúnþörungurinn *Stictyosiphon griffithsianum* eru allt frekar stórar og áberandi tegundir sem líklegt er að þörungafræðingar fyrri tíma hefðu greint hafi þær vaxið hér við land. Hugsanlegt er að aukning hafi orðið í útbreiðslu þessara tegunda vegna hlýnunar sjávar á undanförnum árum.

# Physical nature of streams in the Faroe Islands with notes on their biota

Leivur Janus Hansen<sup>1,2\*</sup> and Gísli Már Gíslason<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Life- and Environmental Sciences, University of Iceland, Reykjavik

<sup>2</sup> Natural History Museum, Tórshavn. Email: janush@ngs.fo

A total of 2,100 km of streams were identified in the Faroe Islands. They have small catchment areas, mostly between 0.1 to 1 km<sup>2</sup> with the largest drainage basin being 35 km<sup>2</sup>. The mean length of the longest stream channel in each basin was 831 m (n=1205; SD=955) and the longest 7.3 km. The Faroe Islands are mountainous, with 50% of streams above 200 m a.s.l. The slopes of the streams are rather steep, with more than one third of reaches sloping 5° or more. Maximum mean annual discharge is estimated to be 2128 L/s.

Measurements show discharge fluctuated with precipitation as the bedrock is impermeable to water resulting in little retention time. Average discharge of measured streams was 55 L s<sup>-1</sup>, and only 8 streams had greater discharge than 100 L s<sup>-1</sup>. The water temperature followed the ambient air temperature, but could when the streams were small be warmed up by the sun-baked bedrock. Conductivity of the streams was measured around 100 µScm<sup>-1</sup> (between 58 µScm<sup>-1</sup> and 227 µScm<sup>-1</sup>) influenced by sea spray, with high conductivity on Suðuroy. The pH was usually around 7.

Animal communities in Faroese streams were dominated by Chironomidae larvae, and other groups were Oligochaeta, Acarina and Crustacea. Other insect groups had low densities.

\* email: janush@ngs.fo

# **Signs of “unnatural selection” in the shrimp *Parapenaeopsis coromandelica* off the coastal waters of Sri Lanka.**

**M.D.S.T de Croos\* and Snæbjörn Pálsson**

*Institute of Biology, University of Iceland,*

## **Abstract**

Human harvest of wild populations is almost always nonrandom. Thus, individuals with certain size, morphology, or behavior are more vulnerable than others and subsequently can be removed from population through continuous harvesting. This will lead to genetic changes in harvested populations if the selected phenotype has a genetic basis, or to “unnatural” selection.

Off the western coastal waters of Sri Lanka, the shrimp *Parapenaeopsis coromandelica* is harvested at two adjacent non-overlapping fishing grounds; Hendala and Negombo with different fishing intensities. Samples from these two fishing grounds revealed significant differences in length-weight relationships, growth, spawning seasons, sex ratios, gonadosomatic index (GSI), length at 50% maturity ( $L_{50}$ ) and sequence variation of the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI).

Samples of Hendala fishing ground showed lower  $L_{50}$  and genetic diversity which are considered as potential effects and symptoms of extensive selective harvesting. Further, comparison with similar studies on other shrimp species in the region suggest that the shrimps’ behavior and unidirectional circulation is triggering the separation through low mixing of individuals at the two fishing grounds, resulting in a significant genetic divergence ( $F_{st} = 0.037$ ,  $P < 0.036 \pm 0.005$ ). Management of *P. coromandelica* should consider the biological and genetic evidences of existence of two sub-populations/stocks, together with a routine monitoring of genetic effects due to harvesting.

e-mail : [dileepa\\_dc@yahoo.com](mailto:dileepa_dc@yahoo.com)

# **Genetic variation in morphological and immunological genes in Icelandic Arctic charr (*Salvelinus alpinus*)**

R.O. Vilmundarson and A. Pálsson

Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugata 7, 107 Reykjavik, Iceland

The genetic and developmental basis of morphological diversity is a fundamental question in evolutionary biology. Studies of non-model organisms are now starting with the advancement of molecular genetics and genomics technology. Our objective is to deploy population genomics on the ecologically diverse morphs of arctic charr from Thingvallavatn, Iceland. Our focus is on the two smallish morphs, small benthic charr (dwarf) and the small pelagic charr (planktivorous), which have distinct morphology, ecology and susceptibility to parasite infections [1,2]. We studied 11 developmental genes and a single immune system gene for sequence variation by PCR and Sanger sequencing based approach. The sequencing data show that majority of these genes are indeed duplicated in the charr genome which is consistent with reports of a whole genome duplication in the salmonid history. Analysis of the expression of such paralogous genes can be quite complicated, but SNP and insertion/deletion variation can be typed with appropriate techniques. The data gives an indication of genetic variation between the two morphs, but these patterns need to be critically evaluated by sampling more individuals of the two morphotypes.

## **References**

- [1] D. Noakes, Environmental Biology of Fishes, 83, 1, DOI: 10.1007/s10641-008-9379-x (2008)
- [2] F. Frandsen, HJ. Malmquist, and SS. Snorrason. Journal of Fish Biology 34, (1989)

\*e-mail: rov6@hi.is

# **Population densities of brown trout in relation to temperature in geothermal stream systems**

Ólafur Patrick Ólafsson\* and Gísli Már Gíslason

Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugata 7, 101 Reykjavik, Iceland

Guðni Guðbergsson

Institute of Freshwater Fisheries, Keldnaholti, 112 Reykjavik, Iceland

Brown trout (*Salmo trutta*) is abundant in the Hengladalsá river and its tributary streams in the Hengill geothermal area. Some of these tributaries are cold (2-8°C), while others are geothermally heated (12-42°C). The Hengill area is unique among geothermally active areas in that in several locations geothermally heated and cold streams run parallel to each other, separated by only a few meters.

During the spring of 2006, 400 brown trout were caught in 2 cold and 3 warm (12-23°C) tributaries, as well as in Hengladalsá river itself, tagged with PITs (Passive Integrated Transponders), and released at the site where they were caught. Each PIT has a unique code that is identified by an appropriate scanner when exposed to a low frequency signal, positively identifying each tagged individual. The streams were scanned systematically at fortnightly intervals during the summer of 2006 and 2007, and when conditions permitted during the intervening winter.

Many brown trout were found to permanently inhabit geothermally affected streams, while very few inhabited cold streams. There are strong indications that warmer streams can harbor larger populations of brown trout due to longer food chains in these streams.

\*e-mail: patrick@hi.is

# Erfðabreytileiki meðal grjótkrabba við Ísland; landnemaáhrif og uppruni

Óskar Sindri Gíslason<sup>1,2\*</sup>, Snæbjörn Pálsson<sup>1</sup>, Niall McKeown<sup>3</sup>, Halldór P. Halldórsson<sup>2</sup> og Jörundur Svavarsson<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Líffræðistofnun, Háskóli Íslands, Sturlugata 7 og Aragata 9, 101 Reykjavík, Ísland, <sup>2</sup>Háskólastetur Suðurnesja, Háskóli Íslands, Garðvegi 1, 245 Sandgerði, Ísland. <sup>1</sup>Royal Holloway College, University of London

Grjótkrabi (*Cancer irroratus*) er nýr landnemi við Ísland. Þessi norður-ameríkska tegund fannst fyrst hér við land í Hvalfirði árið 2006. Síðan þá hafa fullorðin eintök krabbans fundist á nokkrum stöðum í innanverðum Faxaflóa og í Breiðafirði. Áður hafði krabbinn aðeins fundist við austurströnd N-Ameríku þar sem útbreiðsla hans er samfelld frá S-Karólínu norður til Labrador. Allar líkur benda til þess að tegundin hafi borist hingað til lands með kjölfestuvatni skipa. Miðað við stærð þeirra einstaklinga sem fyrst fundust hefur landnám átt sér stað fyrir síðustu aldamót. Vegna almenns skorts á erfðafræðilegum upplýsingum um tegundina er lítið vitað um stofngerð krabbans. Landnám krabbans við Ísland veitir tækifæri til að meta erfðabreytileika nýnumins stofns og bera breytileika og stofngerð hans við stofna í N-Ameríku. Markmið verkefnisins er tvíþætt. Í fyrsta lagi að meta breytileika hins nýnumda stofns og í öðru lagi að greina uppruna íslenska stofnsins.

Til að greina erfðabreytileika og uppruna grjótkrabba við Ísland hefur breytileiki í hvatberageninu COI (595 bp) og 9 örtunglum (e. microsatellite) verið greindur meðal 95 krabba frá bæði Íslandi og N-Ameríku. Erfðabreytileiki virðist vera hár bæði í N-Ameríku og við Ísland. Íslenski stofninn er greinilega frábrugðinn norður-amerísku stofnunum og engin landnemaáhrif greinast í honum. Hár breytileiki og vaxtarhraði stofnsins gefur vísbendingar um að stofninn sé lífvænlegur og geti þrifist vel við Ísland.

---

\*e-mail: osg3@hi.is

# **Genetic variation in mitochondrial and immunological genes in Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) from Thingvallavatn**

S. Reynisdóttir\*, K.H. Kapralova, V.H. Maier and A. Pálsson

Institute of Biology, University of Iceland, Sturlugata 7, 107 Reykjavik, Iceland

The arctic charr populations in icelandic freshwaters represent a natural experiment in rapid evolution. A dwarf morph (small benthic charr) has emerged in many springs, lakes and streams. Population genetic studies indicate that some local evolution [1], which might indicate parallel evolution. Our aim was to use population genetics to study two ecologically different morphs of arctic charr, small benthic (dwarf) and small pelagic (murga,) from Thingvallavatn, Iceland. We used the ~500 specimens studied by Kapralova et al [1] and genotyped portions of three loci (the D-loop of the mtDNA, the antimicrobial peptide cathelicidin and the Major Histocompatibility Complex 2 alfa chain), by PCR, EXOSAP and Sanger sequencing.

The data show low levels of diversity, only 3 single nucleotide polymorphisms are found in the D-loop. One D-loop mutation is found in 12 murtas but not a single dwarf, while two others are more evenly distributed among morphs. The cathelicidin locus shows a similar pattern, with only slight differentiation among morphs. This is in contrast to the MHC2alpha locus . In the sequenced portion of the locus we find two major haplotypes, separated by 7 distinct mutations, with no recombinants observed in our data. A third drastically different haplotype, mainly due to a large insertion in the sequenced intron, is present in five individuals. All three haplotypes were observed by Canojeros et al [2]. We hypothesize that difference in infectious agents, bacteria, fungi, viruses or parasites between habitats in Thingvallavatn could lead to diversifying selection on genetic variation in the MHC2 alpha gene in arctic charr. Consistent with this hypothesis is the fact that the four charr morphs in the lake carry distinct parasite loads [3].

## **References**

- [1] K.H. Kapralova, Journal of heredity, in press.
- [2] Conejeros et al, Immunogenetics 60, DOI 10.1007/s00251-008-0290-6 (2008).
- [3] F. Frandsen, H.J. Malmquist, and SS. Snorrason. Journal of Fish Biology 34, (1989).

\*e-mail: sigreyn@hi.is

## **Life beneath our feet: The factory of life – why soil biodiversity is important**

Simon Jeffery<sup>\*1</sup>, Ciro Gardi<sup>1</sup> and Karl Ritz<sup>2</sup>

Joint Research Centre, The European Commission, Ispra, Italy  
Cranfield University, Cranfield, Bedfordshire, U.K.

Fertile soil is vital for human survival as an estimated 99% of the world's food comes from the terrestrial environment [1]. Soils have a real role in shaping our planet and provide numerous ecosystem services. They can absorb rainwater and act as a buffer against both floods and droughts. Soils also hold more than twice the amount of carbon than is currently contained in the atmosphere. However, most people are unaware that the key drivers of soil ecosystems that control fertility and terrestrial global nutrient cycles are the quantity and quality of living organisms within the soil. This poster presents many of the ecosystem services provided by the soil as defined by the Millennium Ecosystem Assessment and ties them in with their associated goods processes and functions as well as providing examples of soil organisms involved in providing these services.

[1] FAO (2001), *Soil*, Food and Agriculture Organization, United Nations

\*e-mail: simon.jeffery@jrc.ec.europa.eu

# Sveppir á íslenskum fléttum

Starri Heiðmarsson\*

Náttúrufræðistofnun Íslands, Borgum við Norðurslóð, 600 Akureyri

Fléttuháðir (e. lichenicolous) nefnast þeir sveppir sem vaxa á fléttum, ýmist sem sníklar eða hjábýlingar (e. parasymbiont). Margir tilheyra þeir ættkvíslum sem annars eru að mestu fléttur. Sumar tegundir hefja lífsferilinn sem fléttuháðar en mynda síðar sjálfstætt þal t.d. moldarskjóma (*Arthrorrhaphis alpina*) sem hefur lífsferilinn á torfmæru (*Baeomyces rufus*). Í dag er þekkt 141 tegund af fléttuháðum sveppum á íslenskum fléttum og uppgötvast allmargar tegundir árlega auk þess sem nokkrum tegundum hefur verið frumlýst frá Íslandi [1, 2]. Rannsóknum á þeim hefur ekki verið mikið sinnt en á síðustu árum hafa birst allnokkrar greinar er fjalla um fjölbreytni þeirra á Íslandi [1, 2, 3, 4]. Fléttusafn Náttúrufræðistofnunar varðveitir sýni margra þessara tegunda en einnig er gerð fyrir þekktum tegundum fléttuháðra sveppa í tékklista yfir íslenskar fléttur á [www.floraislands.is](http://www.floraislands.is) [5] auk þess sem þýskur sveppafræðingur, Wolfgang von Brackel, birtir tékklista á heimasíðu sinni [6].

[1] W. von Brackel 2010 Herzogia 23, 93-109

[2] W. von Brackel 2010 Acta Botanica Islandica 15: in Press

[3] F. Berger, 2000 Acta Botanica Islandica 13, 69-82

[4] S. Svane & V. Alstrup, 2004 Acta Botanica Islandica 14: 53-58

[5] <http://www.floraislands.is/fletlist-2009.htm>

[6] [http://www.ivl-web.de/docs/CL\\_Lifus\\_Island\\_2010\\_06\\_06.pdf](http://www.ivl-web.de/docs/CL_Lifus_Island_2010_06_06.pdf)

# The Pantophysin I (*Pan I*) Locus in Atlantic Cod (*Gadus morhua*): A Continuation Study on DNA Sequence Variation.

Ubaldo Benitez Hernandez\* and Einar Árnason

Institute of Biology, University of Iceland/Háskóli Íslands, Sturlugötu 7, 101 Reykjavik, Iceland

Pantophysin is an integral membrane protein found in microvesicles, but little is known of its function [1]. The uniqueness of this gene is in indicating high population differentiation in contrast with other, presumably neutral, loci (reviewed in [2]). Evidence points to *Pan I* at being under selection [2]. The goal of this research is to improve our understanding of the role of natural selection on the *Pan I* locus in Atlantic cod.

The *Pan I* gene (1.85 kb in length) has two alleles, *Pan I*<sup>A</sup> and *Pan I*<sup>B</sup> corresponding to absence or presence of a *Dra* I restriction site [3]. Using an allele frequency-based approach, we have found a clear correlation between *Pan I* allele frequencies and depth: There is an allele frequency gradient  $\Delta p_A \approx -0.44\%/\text{m}$  [4]. Furthermore, and along the lines of a sequence-based approach, we have obtained full sequences of the gene from several individuals. Comparative studies of DNA sequence variation of coding and non-coding parts of the *Pan I* gene revealed signals of ongoing selection at the gene [5]. Also, we have assessed whether there exists any association between evolutionary genealogical relationships and either geography or depth. In this study, we have sequence information for both allelic variants of *Pan I*.

## References

- [1] N. Haass, J. Kartenbeck, and R Leube, Journal of Cell Biology 134, 731–746 (1996).
- [2] B. Guinand, C. Lemaire, and F. Bonhomme, Journal of Sea Research 51, 167–182 (2004).
- [3] G. Pogson, Genetics 157, 317–330 (2001).
- [4] E. Árnason, U. Benitez-Hernandez, K. Kristinsson, PLoS ONE 4(5): e5529 (2009).
- [5] U. Benitez-Hernandez, Lecture at Biology Congress , University of Iceland (2009).

\*e-mail: ubaldo@hi.is

# Parasite Diversity of the Rock Ptarmigan in Iceland

Ute Stenkewitz<sup>1,2,3\*</sup>, Karl Skírnisson<sup>2</sup> and Ólafur K. Nielsen<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Icelandic Institute of Natural History, Urriðaholtsstræti 6-8, Pósthólf 125, 212 Garðabær, Iceland

<sup>2</sup>Institute for Experimental Pathology, University of Iceland, Keldur, Vesturlandsveg, 112 Reykjavík, Iceland

<sup>3</sup>Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Iceland, Askja, Sturlugata 7, 101, Reykjavík, Iceland

The rock ptarmigan (*Lagopus muta*) in Iceland shows cyclic population changes with peak numbers c. every 11 years. This project concentrates on the relationship of rock ptarmigan population change and health related parameters, including parasite infections. From 2006 to 2009, each year 100 ptarmigans were collected in northeast Iceland, in total 400 birds. The plumage and skin of every bird was examined for ectoparasites and signs of disease. The intestines and blood were examined for endoparasites. So far, 16 parasite species have been found of which 10 were ectoparasites (Table 1) and 6 were endoparasites (Table 2). Seven of these parasite species were new to science (+). No blood parasites were found.

Table 1. Ectoparasites of the Icelandic rock ptarmigan.

Group	Scientific name
Acari (mites)	<i>Metamicrolichus islandicus</i> <sup>+</sup>
	<i>Strelkoviacarus holoaspis</i> <sup>+</sup>
	<i>Tetraolichus lagopi</i> <sup>+</sup>
	<i>Myialges borealis</i> <sup>+</sup>
	<i>Mirinovia lagopus</i> <sup>+</sup>
Mallophaga (lice)	<i>Goniodes lagopi</i>
	<i>Lagopoecus affinis</i>
	<i>Amyrsidea lagopi</i>
Diptera (flies)	<i>Ornithomya chloropus</i>
Siphonaptera (fleas)	<i>Ceratophyllus garei</i>

Table 2. Endoparasites of the Icelandic rock ptarmigan.

Group	Scientific name
Sporozoa (coccidians)	<i>Eimeria muta</i> <sup>+</sup>
	<i>Eimeria rjupa</i> <sup>+</sup>
Heterocontophyta	<i>Blastocystis</i> sp.
Cestoda (tapeworms)	<i>Passerilepis serpentulus</i>
Nematoda (roundworms)	<i>Capillaria caudinflata</i>
	<i>Trichostrongylus tenuis</i>

The ptarmigan body is habitat for a diverse ensemble of parasite species - a clear example of biodiversity on the micro scale. Each of these species has its specific niche with respect to where to live, what to feed on, and how to disperse. Examples are the five species of mites: one species is confined to the space between the vanes of distinct wing feathers, another is found in the down, at least one in the skin, and one in the quills of the larger wing feathers. Some of these mites feed on wax and keratin, others feed on host cells and body fluids. Dispersal can be direct, from bird to bird, or by phoresis whereby the hippoboscid fly is the vector for the mallophagans and some of the mite species.

\*email: uts1@hi.is