



NIBIO

NORSK INSTITUTT FOR
BIOØKONOMI

Hvor kommer Svanemuslingen i Transjøen fra?

NIBIO RAPPORT | VOL. 7 | NR. 97 | 2021



Ruben Alexander Pettersen¹, Kristin Forfang¹, Kjell Sandaas², Jørn Enerud³
NIBIO¹, Naturfaglige konsulenttenester², Fisk- og miljøundersøkelser³

TITTEL/TITLE

Hvor kommer Svanemuslingen i Transjøen fra?

FORFATTER(E)/AUTHOR(S)Ruben Alexander Pettersen¹, Kristin Forfang¹, Kjell Sandaas², Jørn Enerud³ (NIBIO¹, Naturfaglige konsulenttjenester², Fisk- og miljøundersøkelser³).

DATO/DATE:	RAPPORT NR./ REPORT NO.:	TILGJENGELIGHET/AVAILABILITY:	PROSJEKTNR./PROJECT NO.:	SAKSNR./ARCHIVE NO.:
20.05.2021	7/97/2021	Åpen	52062	20/00782
ISBN:	ISSN:		ANTALL SIDER/ NO. OF PAGES:	ANTALL VEDLEGG/ NO. OF APPENDICES:
978-82-17-02849-9	2464-1162		19	

OPPDRAUGSGIVER/EMPLOYER:

Statsforvalteren Oslo og Viken

KONTAKTPERSON/CONTACT PERSON:

Terje M. Wivestad

STIKKORD/KEYWORDS:*Anodonta cygnea*, mitokondrielt-DNA, cytochrome oxidase I, truede arter, genetikk**FAGOMRÅDE/FIELD OF WORK:***Anodonta cygnea*, mitochondrial DNA, Cytochrome oxidase I, endangered species, genetics**SAMMENDRAG/SUMMARY:**

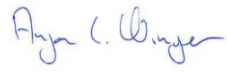
En genetisk undersøkelse av svanemuslingen i Transjøen har avdekket tre unike genvarianter/haplotyper for Norge på cytochrome oxidase I genet som er en del av det mitokondrielle DNAet. En av disse variantene danner en egen gren i det evolusjonære treet ut fra den mest vanlige varianten i Europa. Det kan indikere at populasjonen i Norge har unike egenskaper som bør undersøkes videre.

A genetic study of the Swan mussel in the Lake Transjøen has revealed three unique gene variants (haplotypes) for Norway on the cytochrome oxidase I gene, which is part of the mitochondrial DNA. One of these haplotypes has a separate branch in the evolutionary tree based on the most common haplotype in Europe. This may indicate that the population in Norway has unique characteristics that should be investigated in the further.

LAND/COUNTRY:	Norge
FYLKE/COUNTY:	Oslo og Viken
KOMMUNE/MUNICIPALITY:	Ullensaker
STED/LOKALITET:	Transjøen

**NIBIO**NORSK INSTITUTT FOR
BIOØKONOMI

GODKJENT / APPROVED



ANJA CELINE WINGER

PROSJEKTLEDER / PROJECT LEADER



RUBEN ALEXANDER PETERSEN



Forord

Norsk institutt for bioøkonomi (NIBIO) har gjennomført genetisk undersøkelse av svanemusling i Transjøen. NIBIO har fått tilskudd til tiltak for truede arter § 2, punkt f) og § 3, innvilget av Statsforvalteren i Oslo og Viken. Tiltaket er finansiert med tilskudd fra statsbudsjettet kapittel 1420 post 82.

Ruben Alexander Pettersen har ledet prosjektet, vært ansvarlig for design, prøvetaking og evolusjonære analyser. Kjell Sandaas, Jørn Enerud og Ruben A. Pettersen utførte feltarbeidet. Ekstraksjon av DNA og PCR ble utført av Kristin Forfang på NIBIO på Svanhovd. Sekvensering er gjennomført av Macrogen Europe B.V., i Nederland. Rapportering har blitt utført av Ruben A. Pettersen, Kjell Sandaas og Kristin Forfang.

Rapporten er kvalitetssikret i henhold til NIBIOs rutiner av avdelingsleder Anja Celine Winger, NIBIO.

Ås, 20.05.21

Ruben A. Pettersen

Innhold

1 Innledning.....	6
2 Transjøen.....	7
3 Metode.....	10
3.1 Oversikt over undersøkelsene.....	10
3.1.1 Innsamling.....	10
3.1.2 DNA-ekstraksjon.....	11
3.1.3 PCR.....	11
3.1.4 Sekvensering og statistisk analyse.....	12
4 Resultater.....	13
5 Diskusjon.....	15
6 Konklusjon.....	16
Referanser.....	17

1 Innledning

Svanemusling (*Anodonta cygnea* Linnaeus, 1758) er registrert kun to steder i Norge, Transjøen og Hersjøen i Ullensaker, Viken (tidl. Akershus) (Sandaas m. fl. 1999). Foryngelse er påvist kun i Hersjøen. Artsdatabanken har tidligere klassifisert arten til å være sterkt truet (Lopes - Lima m. fl. 2017). Da den nye rødlisten kom i 2015 hadde svanemusling blitt satt ned til sårbar, uten at kunnskapsgrunnlaget var forbedret (Henriksen 2015). Det er derfor behov for å styrke kunnskapsgrunnlaget gjennom videre datainnsamling (Jeschke og Strayer 2008). Et sentralt spørsmål i den forbindelse vil da være om denne populasjonen er en restpopulasjon nært beslektet med de som finnes i Sør-Europa, om de er like de populasjonene som er funnet i Sverige og Nord-Europa, eller om det finnes en helt egen variant. I så fall vil det være enda viktigere å ta vare på den norske populasjonen (Groom m. fl. 2006). Det er mulig å finne ut av dette ved å bruke cytochrome oxidase I (COI) genet i mitokondrielt-DNA (mtDNA) fra svanemusling. COI-genet brukes til artsidentifisering i prosjektet Barcode of life¹ og er derfor har et meget konservert mutasjonsrate innenfor ulike arter. Dette kan gjøres ved å sjekke de norske svanemuslingene sine sekvenser mot sekvenser som allerede ligger i GenBank^{®2}(Mills 2007). Vi har på forhånd laget et fylogenetisk tre basert på sekvensene som ligger i GenBank[®]. Her fant vi tre genetiske grupper av svanemusling i Europa (Froufe m. fl. 2014), dermed kan vi finne ut i hvilken av disse genetiske gruppene den norske svanemuslingen hører hjemme. For å undersøke dette, samlet vi inn 50 individer fra Transjøen til molekylæranalyse.

Svanemusling tilhører slekten dammuslinger familien og regnes blant de store ferskvannsmuslingene. Den lever i elver og i innsjøer, oftest på bløtbunn. Svanemuslingen har rask vekst frem til kjønnsmoden alder ved 4-6 år, da stagnerer veksten. Voksne svanemuslinger er som regel ca. 12-16 cm lange, men enkelte individer kan bli over 20 cm. Svanemuslingene har et larvestadie som er parasittisk på fisk, de slipper larvene sine (glochidier) senvinter/våren, og disse fester seg over hele vertsfisken (Paula m. fl. 2006). Etter at de har festet seg, gjennomgår de en metamorfose. Etter noen måneder slipper de taket i fisken og etablerer seg i mudderet, der de begynner å filtrere vannet (Paula m. fl. 2006). Stadiet hvor svanemuslingen er parasittisk er dårlig undersøkt. Denne co-evolusjonen (samspeillet) mellom fisk og musling er en viktig faktor i bevaringen av svanemuslingen (Huber og Geist 2017; Ozerov m. fl. 2010).

¹ <http://www.barcodinglife.com/>

² <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

2 Transjøen

Transjøen ligger 169 moh. i Ullensaker kommune, og i vannområdet Hurdalsvassdraget og Vormå (tabell 1). Nedbørsarealet er på 3,86 km², og består av 7 % landbruk, 1 % myr, 61 % skog, 4% innsjø og 12% urbant areal. Trandum militærleirer dekker en stor del av nedbørsfeltet, og Gardemoen lufthavn ligger tett inntil vannet (figur 1). Transjøen er en liten lavlandsjø (0,108 Km², <200 moh), middels årsvolum er 1,71 Mm³ pr år, og en midlere avrenning på 443 mm pr år, med et maksdyp på 22 m, den er kalkrik (Ca > 20 mg/l, Alk > 1 mekv/l), klar (TOC₂₋₅, STS < 10 mg/L). En oppsummering av litteraturen fra 1994, viste at det var en ultra-oligotrof innsjø med sterk påvirkning av grunnvann. Grunnvannet har høy grad av saltinnhold og det har medført at Transjøen er meromiktisk³ (Halvorsen 1994). Det finnes registrert tre arter av fisk - abbor, gjedde og mort (Halvorsen 1994).

Tabell 1: Lokalt data for Transjøen.

Navn	Vannforekomst ID	Prøvelokalitet	Vanntype	UTM 33
Transjøen	002-4169-L	Nord i vannet	L109	Ø 2855761 N 6681660

³ En meromiktisk innsjø har vannlag som ikke blander seg med de andre vannlagene under vår og høstsirkulasjonen.



Figur 1: Transjøen, prøvene (markert med røde punkter) ble tatt ut på ulike lokaliteter langs litoralsonen helt nord øst i vannet.



Figur 2: Nordenden av Transjøen der vi gikk ut for å samle inn svanemuslingene.

3 Metode

3.1 Oversikt over undersøkelsene

3.1.1 Innsamling

Svanemuslingen lever fra 0,5 m til 3 meter under vannoverflaten og kan lett hentes opp. Vi brukte fridykkerutstyr for å samle inn svanemuslinger fra ulike steder langs litoralsonen (figur 2). For at ikke individer skulle tas fra samme «koloni», ble det valgt ut ett individ fra muslinger i klynger på opptil 10-15 individer. Svanemuslingen som ble tatt opp, ble lagt i bøtter med vann. For å ta prøver ble skallet ved hjelp av en spesieltang åpnet forsiktig slik at en fikk en skalpell inn for å ta et lett skrap av kappen. Sterile skalpell ble brukt kun en gang per individ, etter protokoll fra Karlsson m. fl. 2013 (Karlsson m. fl. 2013). Dette skrapet ble umiddelbart tatt over i et rør med 96% etanol for konservering (figur 3). Etter prøvetaking ble svanemuslingene satt tilbake til sitt naturlige miljø.



Figur 3: Feltbordet med prøvetstyr.

3.1.2 DNA-ekstraksjon

Prøvene ble sendt til NIBIO sitt laboratorie på Svanhovd. Her ble DNA ekstrahert fra vevet til 18 individer, plukket ut fra de 50, der det var synlig vev. Det var veldig lite materiale i prøvene og stort sett ble alt vev brukt i en ekstraksjon. Prøvene ble ekstrahert og renset med Qiagen Blood & Tissue kit, med noen endringer i forhold til vanlig vevsprotokoll:

- det ble tilsatt 30 µL proteinase
- prøvene ble inkubert på 58°C i 2 timer.
- prøvene ble eluert i 2 x 25µL.

Konsentrasjonsområde for prøvene var 1-30 ng-DNA/µL.

3.1.3 PCR

For PCR reaksjonene ble det brukt modifiserte primere til COI-genet, tilpasset nettopp denne arten (Walker m. fl. 2006, 2007):

	Navn	Sekvens	Temp.	Referanse
Modifiserte primere	LCO22me2	GGTCAACAAAYCATAARGATATTGG	48	Walker m. fl. 2006
	HCO700dy2	TCAGGGTGACCAAAAAYCA	48	Walker m. fl. 2006

PCR-reaksjoner ble satt opp som beskrevet i Froufe m. fl. (2014):

25µL reaksjon:	PCR-program:
2.5 µL Applied Biosystems GeneAmp 10X Gold buffer	Innledende denaturering 94°C 3 min
1.25 µL hver primer (10 mmol/L)	40 sykler
3.0 µL MgCl ₂ (25 mmol/L)	Denaturering 94°C 30 sek
2.5 µL Thermo Scientific dNTP mix (20 mmol/L)	Primer påslag 48°C 40 sek
0.2 µL Applied Biosystems AmpliTaq Gold DNA Polymerase (5U/µL)	Stabilisering 72°C 60 sek
1-2 ng* DNA templat	Siste stabilisering 72°C 10 min

*Det ble tilsatt enten 2.5µL eller 5µL DNA til PCR-reaksjonene basert på DNA-konsentrasjon i eluatet målt ved fluorometri (QuantiFluor ONE dsDNA System, Promega).

3.1.4 Sekvensering og statistisk analyse

PCR-produktene ble sendt til Macrogen Europe B.V. hvor de ble sekvensert ved bruk av de modifiserte COI-primerne (100 pmol/ μ L).

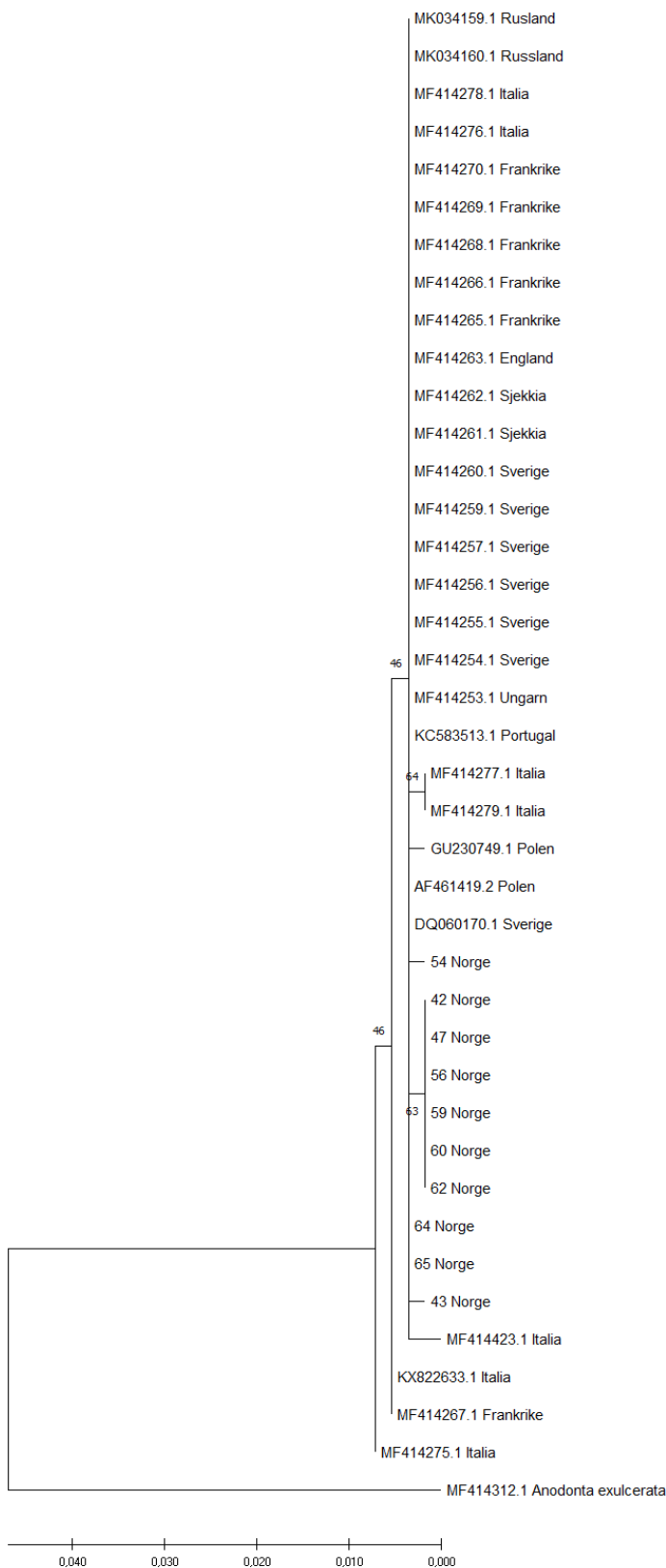
Sekvensene ble sammenstilt og kontrollert i programmet MEGA X (Kumar et al. 2018). Begge veier av genet ble sammenlignet mot hverandre. Da alle sekvensene var kontrollert, ble det foretatt evolusjonsanalyser i MEGA X.

Den evolusjonære historien til svanemuslingene ble utledet ved å bruke metodene maximum likelihood og Tamura-Nei-modellen (Tamura m. fl. 2004) for å lage et evolusjonærtree. For den heuristiske sammenligningen av evolusjonæretre ble Neighbor-Join og BioNJ-algoritmer til en matrise av parvise avstander estimert ved bruk av Tamura-Nei-modellen med 100 000 repetisjoner (Kumar m.fl. 2016). Deretter ble det evolusjonærtreet valgt ut som hadde høyest topologi log-sannsynlighetsverdi. Denne analysen involverte 40 nukleotidsekvenser. Kodon-posisjoner som er inkludert i analysen, var 1. + 2. + 3. + Ikke-kodede områder. Det var totalt 600 basepar i det endelige datasettet.

4 Resultater

Det ble ekstrahert DNA fra 18 individer. Kun 10 individer hadde tilfredsstillende amplifikasjon av DNA etter PCR, som ga opphav til fullstendige COI-sekvenser. Disse ble analysert i forhold til slektskap. Analysen viser at det er fem grupperinger av slektskap, der Frankrike og Italia har to utgrupper, som grupperer ut før hovedlinjen i Europa og Russland (figur 4). I denne studien fant vi fire unike haplotyper⁴ i Norge, inkludert den vanlige haplotypen som finnes i hele Europa og Russland. Den mest vanlige haplotypen i Norge danner en egen gren med 63 bootstrapverdi, ut fra den vanlige varianten i Europa og Russland. To Italienske haplotyper danner også en tilsvarende gren ut fra den mest vanlige haplotypen i Europa og Russland. De to andre unike haplotypene i Norge stammer også fra Europa og Russland-grenen, men har meget lave bootstrapverdier.

⁴ Haplotype er en unikt sekvens av et gen, som har en eller flere mutasjoner, ulikhet i forhold til andre gener det sammenlignes med.



Figur 4: Evulusjonært tre av mitokondrie-genet (COI) eller barkodingsgenet. Bokstavene og tallene foran landet er genbanknummerert. De norske prøvene har kun løpenummer. Treet er basert på 600 basepar og modellen som er brukt for å lage treet, er «maximum likelihood» med 100 000 repetisjoner (Kumar m. fl. 2016). Treet er rotet med en *Anadonta exulcerata*. Tallene ved grenene er bootstrappverdier.

5 Diskusjon

Den europeiske rødlisten, utarbeidet av European Environment Agency⁵, har klassifisert svanemuslingen som nær truet i IUCN⁶-systemet. Grunnen til at arten er på den europeiske rødlisten, er at det finnes lite informasjon om arten, samt at habitatene som den lever i er sterkt redusert.

Siden funnet av Savnemusling, har det blitt spekulert i om den har en naturlig utbredelse i Norge, eller om den har blitt satt ut. En annen mulighet er at den har blitt spredd via fisk med larver som har blitt flyttet fra Sverige eller andre land i Europa (Huber og Geist 2017).

De genetiske slektskapsanalysene viser at den vanlige varianten som finnes i store deler av Europa, finnes også her. Dette tyder på at svanemusling har en naturlig utbredelse, der Norge er en randpopulasjon.

De unike variantene som bare finnes i Norge, kan ha oppstått på ulikt vis. Etter sist istid, eller mutasjonene har oppstått før, men har overlevd her. Fordi det er så langt til nærmeste forekomst, som er i Sverige, kan det hende at et f.eks. et sykdomsforløp i de mer sentrale delene av Europa ikke har nådd denne norske populasjonen. Dermed kan de europeiske populasjonene hatt en utvasking av genetisk variasjon, som den norske populasjonen ikke har hatt (Mills 2007). Til sammenligning er det kun i Italia det er flere haplotyper, (slik som i Norge), enn det som er vanlig ellers i Europa. Mellom Italia og Europa er Alpene, som kan ha vært en barriere for denne type sykdom.

En annen forklaring kan være at disse to innsjøene, der svanemuslingen lever i dag, er sterkt påvirket av grunnvann som kan ha skapt et helt spesielt miljø som opprettholder disse genvariantene (Halvorsen m. fl. 1994).

En tredje forklaring kan være at vertsfiskene til svanemuslingens larvestadium, altså gjedde, abbor og mort, kan ha ulik immunrespons, og at de ulike genetiske variantene av svanemuslingen skyldes tilpasning til ulike vertsfisker. Et slikt system finnes hos elvemusling (*Margaritifera margaritifera* L.), og kan tenkes å være relevant også for svanemusling (Huber og Geist 2017; Karlsson m. fl. 2014).

Vi foreslår å gjøre flere genetiske analyser ved bruk av mikrosatellitter hos disse to populasjonene for å finne ut hvor stor effektivpopulasjonsstørrelse⁷ svanemuslingen har, samt hvor nært beslektet de er med de nærmeste svenske populasjonene. For å undersøke den genetiskvariasjon, må en ha et tilstrekkelig materiale og helst ha flere populasjoner utenfor Norge. Da kan det vurderes mer eksakt hvor innavlet populasjonen er. Mikrosatellitter vil også kunne benyttes til å undersøke om populasjonene har gjennomgått en flaskehals⁸, eller en rask ekspansjon. Det er viktig å få et godt kunnskapsgrunnlag for en videre forvaltningsplan av arten i Norge.

⁵ <https://eunis.eea.europa.eu/species/Anodonta%20cygnea>

⁶ <https://www.iucn.org/>

⁷ Effektiv populasjonsstørrelse er bestemt av antall individer, av begge kjønn, som parer seg og får avkom. Mer presist kan effektiv populasjonsstørrelse defineres som størrelsen på en ideell populasjon, med like stor genetisk drift som populasjonen man måler mot.

⁸ Flaskehals er en betegnelse på en hendelse i utviklingen til en bestand, der antallet individer begrenses sterkt i løpet av en kort periode.

6 Konklusjon

Svanemuslingen ser ut til å ha en naturlig utbredelse i Norge. Det er bare Italia i Europa som har flere haplotyper på samme sted. Den norske populasjonen er derfor ganske unik og viktig å beskytte. Ut fra de genetiske analysene, er det lite sannsynlig at svanemuslingen i Transjøen er satt ut. Dette fordi den har flere haplotyper enn de andre undersøkte populasjonene i Europa, og dermed måtte de som eventuelt har satt ut svanemuslingen, ha tatt med seg mange varianter i et tilfeldig utvalg fra flere populasjoner, eller veldig mange individer fra en annen populasjon.

Siden resultatene kan tyde på at den norske populasjonen har sin egen gren på det evolusjonære treet, kan det også tenkes at de har spesielle egenskaper. Derfor bør det gjøres undersøkelser for å finne ut mer om egenskapene til de norske svanemuslingene og deres vertsfisker.

Referanser

- Froufe, E., C. Sobral, A. Teixeira, R. Sousa, S. Varandas, D. C. Aldridge & M. Lopes-Lima, 2014. Genetic diversity of the pan-European freshwater mussel *Anodonta anatina* (Bivalvia: Unionoida) based on CO1: new phylogenetic insights and implications for conservation. *Aquatic Conservation-Marine and Freshwater Ecosystems* 24(4):561-574 doi:10.1002/aqc.2456.
- Groom, M. J., G. K. Meffe & C. R. Carroll, 2006. *Principles of conservation biology*. Sinauer Associates, Sunderland, Mass.
- Halvorsen, G., 1994. Ferskvannsbiologiske undersøkelser av grytehullsjøene i Gardermo-området, vol 057. Norsk institutt for naturforskning, Oslo.
- Henriksen S., H. O., 2015. Norsk rødliste for arter 2015. In: Henriksen S., H. O. (ed). vol 1.2. Artsdatabanken, Artsdatabanken, Norge, 193.
- Huber, V. & J. Geist, 2017. Glochidial development of the freshwater swan mussel (*Anodonta cygnea*, Linnaeus 1758) on native and invasive fish species. *Biological Conservation* 209:230-238 doi:https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.02.030.
- Jeschke, J. M. & D. L. Strayer, 2008. Are threat status and invasion success two sides of the same coin? *Ecography* 31(1):124-130 doi:10.1111/j.2007.0906-7590.05343.x.
- Karlsson, S., B. M. Larsen, L. Eriksen & M. Hagen, 2013. Four methods of nondestructive DNA sampling from freshwater pearl mussels *Margaritifera margaritifera* L. (Bivalvia: Unionoida). *Freshwater Science* 32(2):525-530 doi:10.1899/12-079.1.
- Karlsson, S., B. M. Larsen & K. Hindar, 2014. Host-dependent genetic variation in freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera* L.). *Hydrobiologia* 735(1):179-190 doi:10.1007/s10750-013-1679-2.
- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz & K. Tamura, 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol Biol Evol* 35(6):1547-1549 doi:10.1093/molbev/msy096.
- Kumar, S., G. Stecher & K. Tamura, 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33(7):1870-1874 doi:10.1093/molbev/msw054.
- Lopes - Lima, M., R. Sousa, J. Geist, D. C. Aldridge, R. Araujo, J. Bergengren, Y. Bepalaya, E. Bódis, L. Burlakova, D. Van Damme, K. Douda, E. Froufe, D. Georgiev, C. Gumpinger, A. Karatayev, Ü. Kebapçı, I. Killeen, J. Lajtner, B. M. Larsen, R. Lauceri, A. Legakis, S. Lois, S. Lundberg, E. Moorkens, G. Motte, K. O. Nagel, P. Ondina, A. Outeiro, M. Paunovic, V. Prié, T. Von Proschwitz, N. Riccardi, M. Rudzite, M. Rudzitis, C. Scheder, M. Seddon, H. Şereflişan, V. Simić, S. Sokolova, K. Stoeckl, J. Taskinen, A. Teixeira, F. Thielen, T. Trichkova, S. Varandas, H. Vicentini, K. Zajac, T. Zajac & S. Zogaris, 2017. Conservation status of freshwater mussels in Europe: state of the art and future challenges. *Biological Reviews* 92(1):572-607 doi:10.1111/brv.12244.
- Mills, L. S., 2007. *Conservation of wildlife populations: demography, genetics, and management*. Blackwell, Oxford.
- Ozerov, M. Y., A. J. Veselov, J. Lumme & C. R. Primmer, 2010. Genetic structure of freshwater Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) populations from the lakes Onega and Ladoga of northwest Russia and implications for conservation. *Conservation Genetics* 11(5):1711-1724 doi:10.1007/s10592-010-0064-1.

- Paula, L., K. Uthaiwan, K. Satit & M. Jorge, 2006. In vitro Culture of Glochidia from the Freshwater Mussel *Anodonta cygnea*. *Invertebrate biology* 125(1):34-44 doi:10.1111/j.1744-7410.2006.00037.x.
- Sandaas, K., Enerud, J. & Larsen, J.I. 1999. Svanemusling *Anodonta cygnea* funnet i Norge. *Fauna* 52(1):75-81.
- Tamura, K., M. Nei & S. Kumar, 2004. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 101(30):11030-11035 doi:10.1073/pnas.0404206101.
- Walker JM, Curole JP, Wade DE, Chapman EG, Bogan AE, Watters GT, Hoeh WR. 2006. Taxonomic distribution and phylogenetic utility of gender-associated mitochondrial genomes in the Unionoida (Bivalvia). *Malacologia* 48: 265–282.
- Walker, J. M., A. E. Bogan, E. A. Bonfiglio, D. C. Campbell, A. D. Christian, J. P. Curole, J. L. Harris, R. J. Wojtecki & W. R. Hoeh, 2007. Primers for amplifying the hypervariable, male-transmitted COII-COI junction region in amblemine freshwater mussels (Bivalvia: Unionoidea: Ambleminae). *Molecular Ecology Notes* 7 (3):489-491 doi:10.1111/j.1471-8286.2006.01630.x.

Norsk institutt for bioøkonomi (NIBIO) ble opprettet 1. juli 2015 som en fusjon av Bioforsk, Norsk institutt for landbruksøkonomisk forskning (NILF) og Norsk institutt for skog og landskap.

Bioøkonomi baserer seg på utnyttelse og forvaltning av biologiske ressurser fra jord og hav, fremfor en fossil økonomi som er basert på kull, olje og gass. NIBIO skal være nasjonalt ledende for utvikling av kunnskap om bioøkonomi.

Gjennom forskning og kunnskapsproduksjon skal instituttet bidra til matsikkerhet, bærekraftig ressursforvaltning, innovasjon og verdiskaping innenfor verdikjedene for mat, skog og andre biobaserte næringer. Instituttet skal levere forskning, forvaltningsstøtte og kunnskap til anvendelse i nasjonal beredskap, forvaltning, næringsliv og samfunnet for øvrig.

NIBIO er eid av Landbruks- og matdepartementet som et forvaltningsorgan med særskilte fullmakter og eget styre. Hovedkontoret er på Ås. Instituttet har flere regionale enheter og et avdelingskontor i Oslo.