




BIOFAG SÆRNUMMER

Biodiversitet

Arter, gener og økosystemer

Udgivet af:
Foreningen af Danske Biologer og Center for Makro-
økologi, Evolution og Klima, Københavns Universitet

Redigeret af:
Carsten Rahbek, Karsten Elmoose Vad,
Jesper Mebus og Emma Emilie Andersen



Biodiversitetsforskningen følger klassisk videnskabelig metode og tænkning. Den levende verden kan dog være langt mere uforudsigelig og tilfældig end fx almen mekanisk fysik, bl.a. fordi arter og processer forandrer sig over tid pga. evolution og ændringer i Jordens geofysiske forhold. Derfor er der flere lag i biodiversitetens forskningsmetode end der nødvendigvis er i visse andre videnskabelige discipliner.

An aerial photograph of a vast, flat, snow-covered landscape under a clear blue sky. The snow is textured with subtle ripples and shadows. In the lower center of the frame, a small, dark, rounded object, likely a seal pup, is visible, partially buried in the snow. The overall scene is serene and minimalist.

Forskning i biodiversitet

Carsten Rahbek
og Emma Emilie Andersen

Naturvidenskabelig metode og tænkning

Traditionel naturvidenskabelig metode kan kort opridses som formuleringen af en hypotese og en forudsigelse om, hvad der vil ske, hvis hypotesen er korrekt, samt udførelsen af et eller flere eksperimenter, hvorfra de analyserede og fortolkede resultater leder til en af- eller bekræftelse af hypotesen.

En hypotese bruges altså til at komme nærmere på et svar på et forskningsspørgsmål. Bliver hypotesen afkræftet, så formulerer man en ny hypotese på baggrund af den information, man har opnået. Bliver hypotesen bekræftet, så gentager man lignende eksperimenter, så man kan underbygge fundamentet for sin bekræftede hypotese.

Biologisk variation

Inden for biologisk forskning kan indsamlet data dog ikke altid struktureres på en måde, hvor en hypotese nemt kan be- eller afkræftes. Biologiske systemer er opbygget af så mange forskellige processer med så forskellige data, at det kan være svært at isolere virkningen af én bestemt proces.

Derfor kan det være mere hensigtsmæssigt at se på, hvor meget man kan forklare ved at bygge computermodeller af de systemer, man er interesseret i, og vurdere, hvilke virkninger forskellige processer har på modellens resultater. Man kan også bygge en model eller en simulering baseret på en hypotese og derfra observere forudsigelsen for, hvordan ens datasæt bør se ud, hvis det alene er dén hypotese, som er rigtig.

I begge tilfælde udtaler man sig i højere grad om *sandsynligheden* for, at et mønster i naturen ser ud på en bestemt måde, og derved undgår man hypoteser, som man entydigt kan enten be- eller afkræfte.

Peer-review

En vigtig del af videnskabelig metode og forskning er, at forskere bidrager til at sikre en høj standard i forskningen. En vigtig måde for forskerne at kvalitetssikre anden forskning på er gennem peer-review (på dansk *fagfællebedømmelse*) af hinandens forskning.

Når en gruppe forskere har gennemført et studie og skrevet en forskningsartikel om det, så sendes artiklen til gennemgang hos et videnskabeligt tidsskrift (figur 6). Inden artiklen kan udgives, skal den gennemlæses af andre forskere. Der gives typisk feedback, som skal rettes til af forfatterne inden artiklen evt. kan godkendes og udgives. En forskningsartikel kan således ikke udgives, hvis ikke andre forskere vurderer, at de anvendte metoder og argumenter følger god, videnskabelig praksis.

Ud over artikler i de videnskabelige tidsskrifter udgiver forskere også forskellige typer af rapporter. I biodiversitetsforskningen drejer det sig typisk om detaljerede faglige rapporter med forskningsbaseret baggrundsviden, som opsummeres i resuméer til fx beslutningstagere. Som eksempler på disse typer rapporter kan nævnes IPBES' videnskabelige konsensusrapporter og rapporten om bevarelse af biodiversitet i de danske skove, som Center for Makroøkologi, Evolution og Klima (CMEC) udgav i 2016 (se artikel om dansk skov på s. 35). Sådanne rapporter er ikke altid in-

Figur 6. To forsider på videnskabelige tidsskrifter baseret på artikler med forskere fra CMEC, i hhv. *Science* (th), hvor hovedartiklen fra 2016 beskrev en global kortlægning af genetisk diversitet for landlevende pattedyr og padder, og *Nature* (tv), hvor hovedartiklen fra 2020 fra *The Bird 10,000 Genomes (B10K) Project* kortlagde 363 fulde genomer fra 92,4% af verdens familier af fugle.



ternationalt eksternt fagfællebedømt, som IP-BES' konsensusrapporter er det, men hvordan og hvorvidt de er blevet eksternt bedømt bør som minimum være beskrevet i rapporten.

Kvantificering

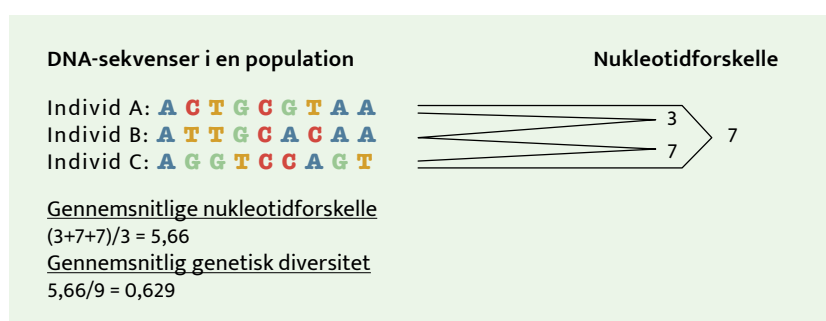
I biodiversitetsforskningen kan man kvantificere observationer på en række forskellige måder. Den form for kvantificering, man bruger, afhænger af, hvilke typer data man arbejder med, og er ofte forskellig på de tre niveauer af biodiversitet (gener, arter eller økosystemer introduceret i artiklen på s. 7), som man beskæftiger sig med.

Genetisk diversitet kvantificeres typisk ved at tælle den gennemsnitlige frekvens af forskelle mellem individers DNA (figur 7). Man kan sammenligne hele eller mindre dele af organismernes genomer, men typisk kigger

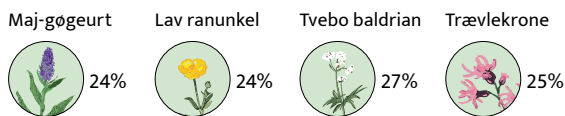
man på enkelte gener, altså mindre dele af en DNA-streng, der koder for et enkelt protein. Den genetiske diversitet er *intraspecifik*, hvis den måler forskelle mellem individer af den samme art, eller *interspecifik*, hvis den måler forskelle mellem forskellige arter.

Artsdiversitet kvantificeres normalt som enten *artsrigdom* (antal af arter) eller som en *frekvensfordeling* af antal individer for alle de enkelte arter, som man har observeret i eller indsamlet fra et område. Man kan så sammenligne artsrigdommen eller frekvensfordelingen mellem flere områder (figur 8 på næste side). Artsrigdom og frekvensfordeling kan kombineres i et samlet såkaldt *diversitetsindeks*, som fx Sorensen-indekset (opkaldt efter den danske botaniker Thorvald Sørensen), som man også kan bruge til at sammenligne, hvor forskellig artsdiversiteten er mellem to eller flere områder.

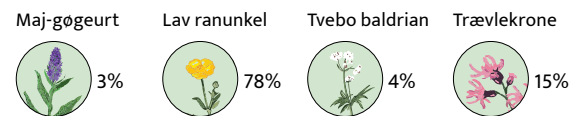
Figur 7. Kvantificering af genetisk diversitet som den gennemsnitlige frekvens af nukleotidforskelle på en DNA-sekvens eller et fuldt genom delt med længden på den analyserede DNA-sekvens.



Område 1



Område 2

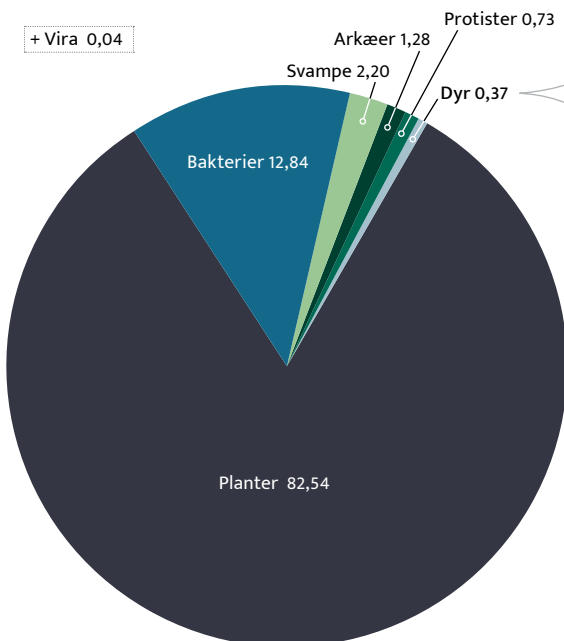


Figur 8. To fiktive danske blomsterenge. Artsrigdommen af de blomsterplanter, som kigges på i de to områder, er ens, men frekvensfordelingen af arterne er forskellig.

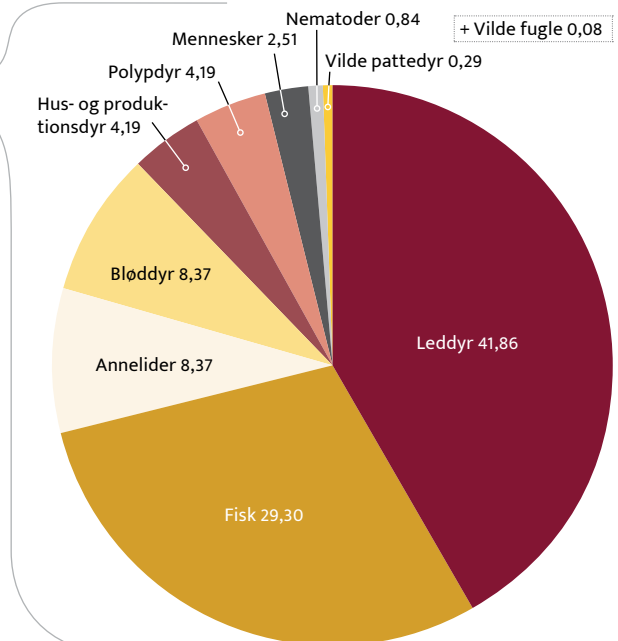
Man kan også kvantificere den taksonomiske (eller fylogenetiske) diversitet mellem forskellige områder, ved at måle på slægtskabsforholdene mellem de grupper af arter, som findes der. Hvis to forskellige områder har den samme artsrigdom, fx 40

forskellige arter, så vil områdernes arts- og biodiversitet se helt forskellig ud, hvis alle planterne i det ene område stammer fra den samme plantefamilie, og altså er tæt beslægtede, mens arterne i det andet område er mere forskellige.

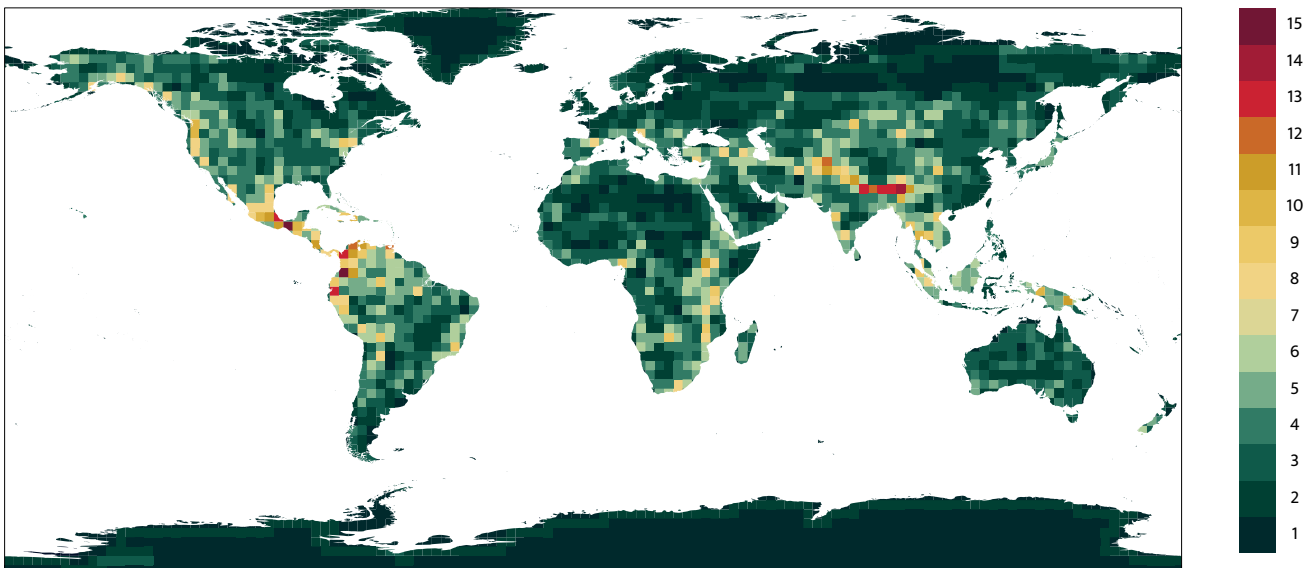
Biomassen på Jorden



Biomassen af dyr



Figur 9. Fordelingen af biomassen på Jorden i procent, til venstre fordelt på de taksonomiske riger og til højre på dyreriget (det er estimeret, at biomassen af reptiler og padder er så lille, at man kan se bort fra den). Figur modificeret fra artiklen Bar-On et al. (2017): The biomass distribution on Earth.



Figur 10. Jordens økosystemdiversitet på land plottet som antallet af økosystemtyper i kvadrater på 100.000 km². Data fra Olson et al. (2001): Terrestrial ecoregions of the world: a new map of life on Earth.

Slutteligt kan man også se på fordelingen af arter målt i biomasse. Arter, som fylder mere på biomasse-niveau end andre arter, vil typisk også spille en større rolle i de økologiske processer i et givent område. Figur 9 viser fordelingen af biomassen på Jorden fordelt på taksonomiske riger og dyregrupper.

Økosystemdiversitet kvantificeres på samme måde som artsdiversitet, blot ved at bruge data på forekomsten og udbredelsen af økosystemtyper i stedet for arter. Fx viser figur 10, at nogle områder på Jorden indeholder langt flere forskelligartede økosystemtyper end andre. Antallet af forskellige økosystemer pr. 100.000 km² kan aflæses på skalaen til højre.

Man kan også vurdere økosystemdiversitet på baggrund af økosystemernes funktionalitet. Økosystemfunktionalitet handler ikke om, hvordan økosystemerne ser ud, og hvilke arter eller abiotiske faktorer de består af, men om hvad arterne i økosystemet har af funktioner. Et økosystems funktionalitet er fx ikke defineret af antallet af arter, som lever

der, men af de egenskaber som de tilstedeværende arter har, fx bestøvning eller nedbrydning. Med andre ord kan et økosystem med fx 10 meget forskellige arter i princippet have en større variation i økosystemfunktionalitet end et økosystem med 100 arter, der funktionelt ligner hinanden på trods af, at det første område ikke har den højeste artsrigdom.

Beskriv, forstå, anvend

Ud over de ovenstående principper for forskningen, så opererer biodiversitetsforskningen på CMEC efter endnu en rettesnor, som vi kalder *beskriv, forstå og anvend*.

Man begynder med at *beskrive* et område ved at spørge ”hvordan ser tingene ud?”. På baggrund af data finder man mønstre og tendenser, fx en geografisk kortlægning af arter over store områder på basis af en sammenstilling af utallige artsobservationer fra felten. Det kan også gøres i lille skala ved at sammenstille datasæt fra flere små plots i en skov eller indsamlinger fra forskellige steder langs en å.

Som led i beskrivelsesfasen dokumenterer man altså alle de observerede data og prøver så vidt muligt at gøre det på en måde, hvor man kan gå tilbage til dem og se, om de er rigtige. Det kan fx være ved at lave en herbariesamling med et enkelt individ af hver af de arter, som man fandt i et område. På denne måde kan man bedre opfylde det videnskabelige krav om, at resultater skal kunne efterprøves, genanalyseres eller analyseres med en ny metode.

Efter beskrivelsesfasen prøver man at *forstå* området. Det gøres ved at spørge ”hvorforser tingene ud, som de gør?”. Det involverer i høj grad analyser af de observationer, som man gjorde sig i beskrivelsesfasen, fx gennem statistiske modeller.

Det sidste led er *anvendelse* af den viden, som blev dannet i de to første faser, fx til at forstå eller løse nye forskningsspørgsmål eller i forbindelse med naturbevaring eller naturbaserede løsninger. Ofte vil forskere og forskningsinstitutioner lave anvendelsesfokuserede analyser (fx myndighedsrapporter eller rapporter til EU og FN), men de står ikke for selve implementeringen. Det sker som oftest med myndighedernes forvaltning, NGO’er eller den private sektor på baggrund af de anbefalinger og scenarier, som formuleres med udgangspunkt i analysernes resultater.

Skala og perspektiv er afgørende

Når man forsker i biodiversitet er det afgørende, at ens videnskabelige forståelse af begrebet favner alle de relevante perspektiver og skalaer. Uagtet disciplin afhænger forskningsresultater nemlig af forforståelse

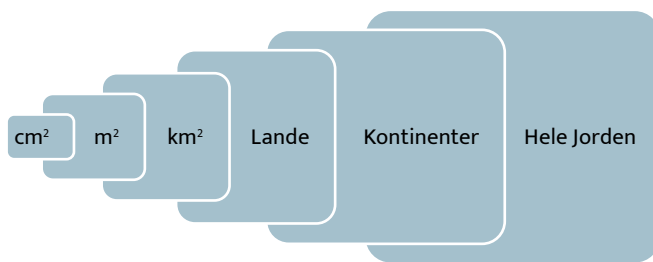
af den brede kontekst og de rammer, som man arbejder med. De følgende afsnit introducerer de videnskabelige tanker og forståelser, som går forud for forskningsarbejdet med biodiversitet.

Et holistisk perspektiv

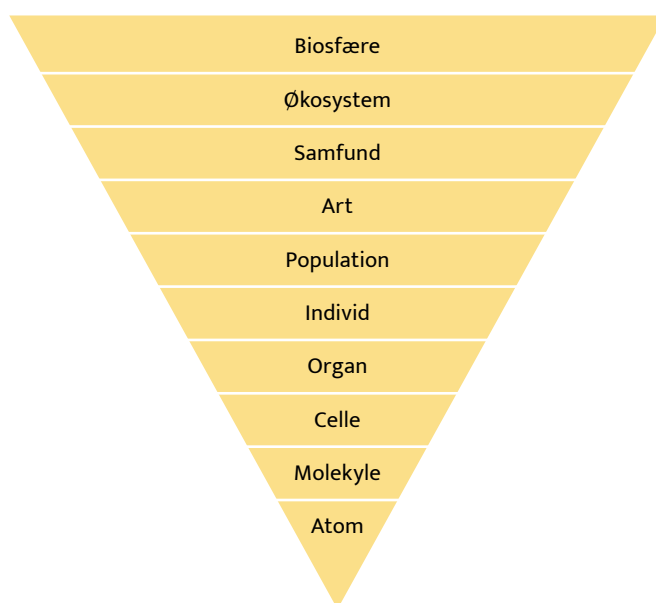
Først og fremmest bør man prøve at forstå biodiversitet så holistisk som muligt. Det vil sige, at man fokuserer på problemernes helhed og kontekst snarere end dets enkelte bestanddele. Inden for biodiversiteten drejer det sig særligt om at have alle tre niveauer (gener, arter, økosystemer og deres processer) samt forskellige skalaer af rum, biologisk organisering og tid for øje, når man undersøger forskningsspørgsmål. Man kan altså ikke blot forholde sig til et lille hjørne af verden eller et øjebliksbillede, hvis man vil forstå biodiversitetens mønstre og mekanismer. Sagt på en anden måde, så er det svært at beskrive hele skovens biologi og biodiversitet ved at studere et enkelt træ – uanset hvor grundig man er.

Biodiversitet i forskellig rumlig skala

Når man arbejder med biodiversitet tager man altid højde for, hvilken rumlig skala man arbejder med (figur 11). Fx vil biodiversiteten inden for en enkelt kvadratmeter skov naturligvis være forskellig fra biodiversiteten i hele skoven. Det skyldes, at de rumlige rammer sætter en række begrænsninger for antallet af individer og arter, som kan være der. Samtidig er de forskellige biologiske processer og interaktioner afhængige af skala. Fx er konkurrence formentlig ikke særlig vigtig, hvis man sammenligner artsrigdommen på forskellige kontinenter.



Figur 11. Forskellig rumlig skala.



Figur 12. Biologisk organisering fra lille til stor skala.

Omvendt vil konkurrence spille en betydelig rolle i lille skala, fx i et enkelt biologisk samfund.

Det betyder ikke, at en bestemt skala er mere korrekt end en anden. Det betyder blot, at man må forholde sig til, hvilken rumlig skala man arbejder med, og kende de processer, der er mest relevante på den skala. Skalaen er også afgørende for de mønstre, som ens observationer giver, og dermed også for ens resultater. Det betyder, at man direkte kan sammenligne forskellige forskningsresultater fra samme skala, mens sammenlig-

ninger af undersøgelser fra forskellig skala i højere grad bruges til at sige noget om skala-forskelle.

Biologisk organisering

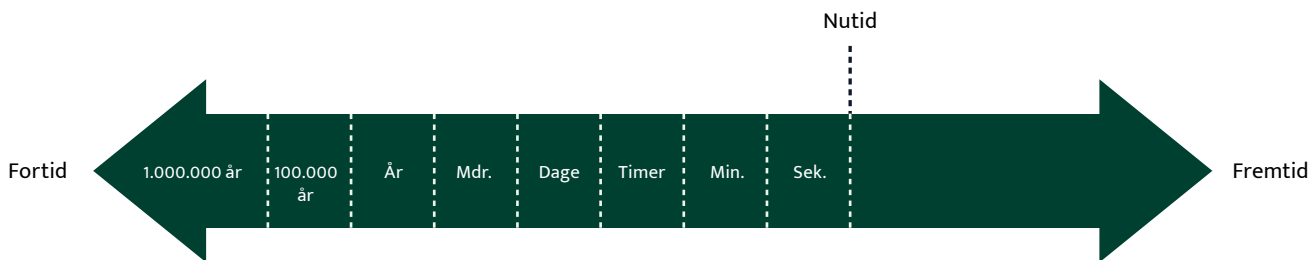
En anden relevant skala er den biologiske organisering (figur 12). Inden for genetisk diversitet arbejder man med de mindste niveauer af biologisk organisering (fx molekyler og DNA-sekvenser). Artsdiversiteten forholder sig til individer og populationer (men kan for så vidt også analyseres med genetisk data i lille skala). Ser man på områder, så vil alle tilstedeværende arter danne et samfund, som sammen med områdets abiotiske og geofysiske faktorer danner økosystemerne (fx steppe eller mose). Tager man endnu et trin op ad den biologiske organisation, så skaber summen af forskellige økosystemer i sidste ende hele biosfæren.

I virkeligheden hænger disse organisatoriske niveauer sammen, idet ændringer i ét niveau oftest vil have effekter på de andre niveauer.

Biodiversitet i forskellige tidsperspektiver

Man kan ikke forstå biodiversitet uden at forholde sig til tidsperspektiv og tidsskala (figur 13 på næste side). Fx går en stor del af biodiversitetsforskningen ud på at forstå, hvorfor Jordens mangfoldighed og fordeling af liv ser ud som den gør i dag, og svaret på det spørgsmål findes i høj grad langt tilbage i Jordens geologiske og evolutionære historie. Jordens nuværende biodiversitet er formet af de hændelser, som er foregået gennem de sidste mange millioner af år, bl.a. istider, geologiske processer og naturkatastrofer.

Hvordan havde livet fx set ud i dag, hvis ikke Jorden tilfældigvis var blevet ramt af den



Figur 13. Forskellige tidsperspektiver (fortid, nutid og fremtid) fra en lille skala (sekunder) til en stor skala (1.000.000 år).

meteor og de globale vulkanudbrud, som forårsagede dinosaurernes uddøen for ca. 66 millioner år siden? På samme måde som tidligere tilstande har påvirket nutidens biodiversitet, så er nutidens tilstande med til at forme fremtidens biodiversitet. Når man forholder sig til biodiversitet i forskellig tidsmæssig skala, vil man opdage, at livet og dets fordeling på Jorden i dag derfor ikke er et udtryk for en uforstyrrelig balance på kloden. Det er i høj grad dynamisk.

Forskningens forskellige metoder

Biodiversitetsforskningen er i rivende udvikling, og nye (og bedre) metoder udvikles konstant. Forskningen har i nyere tid udviklet sig til en vidtfavnende videnskabelig disciplin, som analyserer ufatteligt store datasæt om arter, deres geografiske bevægelses- og fordelingsmønstre, deres interaktioner med hinanden, deres overlevelsesstrategier og

deres genetiske sammensætning, og det hele typisk sat i forhold til data om abiotiske og geofysiske forhold. Forskningen beskæftiger sig ikke kun med mønstrene i disse datasæt, og hvad der forårsager dem i et nutidigt perspektiv – den analyserer også på data, som er flere millioner år gamle, og forsøger at forudsæ fremtidens mønstre.

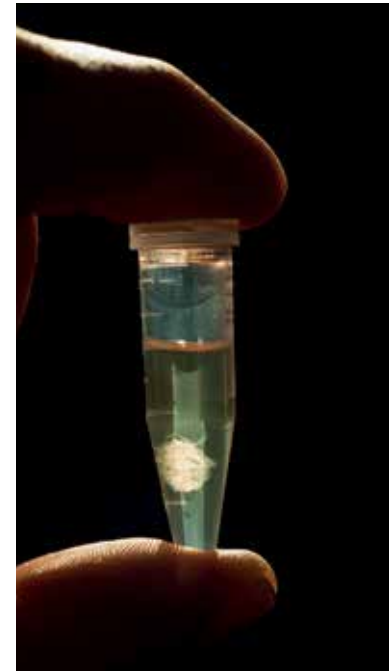
Store og relevante datasæt

Biodiversitet er et forskningsområde, hvor man typisk arbejder på tværs af skalaer, ofte op til kontinentale og globale skalaer, og med lange tidsperspektiver. Det stiller krav til mængden af data og til, at data kommer fra forskellige steder og er sammenlignelige på tværs af tid og rum. I den forbindelse udformer man sine forskningsspørgsmål, og derefter forholder man sig til, hvilke slags data man skal bruge for at svare på netop dét spørgsmål. Ens data skal være passende til at besvare det stillede forskningsspørgsmål under de rette antagelser og parametre. Hvis

ikke lige præcis den slags data, man skal bruge, allerede eksisterer, så må man ud at indsamle dem selv.



Figur 14. Professor Kasper Thorup, CMEC, ringmærker en munk (*Sylvia atricapilla*) i Rungstedlund. I Danmark foretages ringmærkning nænsomt og kun af trænede ringmærkere med licens. Fuglen slippes hurtigt fri efter mærkningen.
Foto: Marie Rubæk Holm.



Figur 15.
 Tv. Biller i samlingen fra Statens Naturhistoriske Museum. Foto: Birgitte Rubæk.
 Th. DNA isoleret fra en dråbe fugleblod og suspenderet i isopropanol. Foto: Brian Guzzetti.

Feltarbejde og dataindsamling

Når biodiversitetsforskere indsamler egne data, kan det foregå på flere måder. Man kan tage i felten og opmåle, optælle eller tage fysiske vævsprøver fra individer i naturen, som der senere kan laves fx genetiske undersøgelser på. Man kan også tage prøver fra organismer i videnskabelige naturhistoriske samlinger (figur 15), fx en DNA-prøve fra en samling af fugleskind, for at udregne den genetiske diversitet blandt arterne eller for at bestemme slægtskabet mellem arter.

Derudover findes der en række andre metoder til dataindsamling, eksempelvis vildtkameraer, automatiserede lydoptagelser, ringmærkning af fugle (figur 14), monitoring via satellitter (fx GPS-sporing af dyrs vandringer eller dokumentation af arealanvendelse) og citizen science (fx apps til registrering af arter). Hertil kommer teknikker, som indsamler data om habitatstrukturer (fx LIDAR-data fra fotografering) eller geofysiske data fra satellitter.

Fordelen ved selv at indsamle sine data som forsker er, at man er fuldt bevidst om, hvor informationen kommer fra, og hvilke processer (transport-, analyse- og beregningsmæssige) data har været igennem, før man anvender dem, og man kan selv lave indsamlingsprotokollerne. En ulempe er, at feltarbejde er tids- og ressourcekrævende, hvorfor man også ofte bruger information fra store databaser, hvor de enorme datamængder i de sidste årtier er blevet gjort frit tilgængelige.

Standardiseret prøvetagning

For at mindske uønsket variation i de biologiske prøver arbejder man med standardiseringer af prøvetagninger. En fælles standard skaber mere troværdige sammenligninger af data og resultater på tværs af forskningsstudier. Man kan også vha. avanceret statistik standardisere indsamlet data, som ikke er ensartet, så det bliver nemmere at arbejde med. Det gør man i høj grad i dag, selvom man klassisk har forsøgt at gøre det ved at standardisere selve dataindsamlingen.



Figur 16. Kvadrant-sampling af en eng med søgræs af arten *Cymodocea rotundata* omkring en ø på Laamu-atollerne, Maldiverne. Foto: Alex Mustard.

Én måde man kan standardisere på, er ved at inddеле ens geografiske arbejdsområder i kvadrater, der alle har nøjagtig samme størrelse og form (figur 16). Man kan undersøge, hvordan variationen af liv ser ud i et givet kvadrat og sammenligne den information med informationen fra områdets andre kvadrater. Her spiller skala naturligvis en rolle igen, fordi man vil opnå forskellige resultater afhængig af, hvilken størrelse kvadraterne har, og hvor stort et område man vælger at undersøge.

Naturens egne eksperimenter

Det er svært at udføre eksperimenter med vilde arter i naturen, som vi kender det fra laboratoriernes kontrollerede forsøg, og umuligt at udføre dem i stor regional eller global skala. Derfor må forskere udnytte naturens egne "eksperimenter", fx ved at observere artsrigdommen på øer af forskel-

lig størrelse og med varierende afstand til fastlandet, som arterne har spredt sig fra. I sådan en situation kan man se øer som "reagensglas" i et meget stort forsøg.

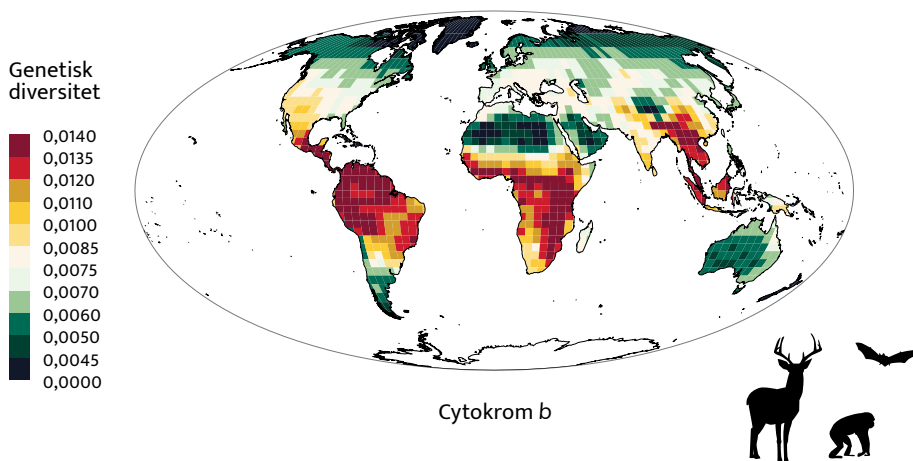
Man kan også se på, hvad der sker efter voldsomme forandringer som følge af fx vulkanudbrud, hvor øer kan komme op til havoverfladen, eller efter skabelsen af kunstige øer som Peberholmen. Hvilke arter indvandrer først? Hvordan formes nye artssamfund, og hvordan udvikler de sig over tid?

Simuleringer

I biodiversitetsforskningen kan data fra fortiden, fx indsamlet fra prøver i naturhistoriske samlinger, bruges til at opnå viden om, hvordan livet på Jorden før i tiden fx har reageret på naturlige klimaforandringer. Den viden kan bruges til at sige noget om, hvordan nutidens liv på Jorden formodes at reagere på de klimaforandringer, som vi står over for nu. Simuleringer bruges ofte til (på basis af eksisterende data) at vise, hvordan verden ville se ud ifølge en bestemt teori eller hypotese. Teorien kan man derefter teste ved at sammenligne simuleringen med observeret data.

Geografiske kort

Generelt for biodiversitet gælder det, at variationen af liv skal forstås i det rum, det befinder sig i. Man er altså interesseret i den geografiske fordeling af det liv, som undersøges. Ved hjælp af geografiske informationssystemer (GIS) og geoinformatik (videnskab baseret på geografiske data) kan biodiversitetsdata kobles på geografiske kort og dermed netop afsløre mønstre af livets fordeling på Jorden.



Figur 17. En modelleret forudsigelse af den intraspecifikke genetiske diversitet (diversiteten mellem individer af samme art) af terrestriske pattedyr på Jorden, målt som det gennemsnitlige antal mutationer per nukleotid-par for genet cytokrom b. Figur modificeret fra artiklen Theodoridis, Rahbek og Nogués-Bravo (2021): Exposure of mammal genetic diversity to mid-21st century global change.

Der findes mange eksempler på kort, som viser mønstre eller forudsigelser af Jordens biodiversitet, hvad end det er genetisk diversitet, artsdiversitet eller økosystemdiversitet. Figur 17 viser fx en modelleret forudsigelse af den intraspecifikke genetiske diversitet blandt terrestriske pattedyr i genet for cytokrom *b*.

Metoder og muligheder i konstant udvikling

Biodiversitet er et forskningsfelt, som er i rivende og konstant udvikling. Det skyldes bl.a. udviklingen af revolutionerende teknikker inden for indsamling og statistiske analyser af data. Derfor publiceres der med jævnt mellemrum nybrud i biodiversitetsforskningen, og lærebøgerne skal løbende revideres.

Fx har forskere i mere end 100 år kendt til arts-areal-sammenhængen om, at jo større et naturområde er, des flere arter indeholder det. I al den tid har forskerne undersøgt, om en sådan sammenhæng også findes for arters genetiske diversitet. Vha. 92.801 DNA-sekventeringer af gener fra mere end 4.500 forskellige arter udgav en gruppe internationale forskere, bl.a. fra CMEC, i september 2016 en kortlægning af genetisk diversitet på Jorden. De kunne bl.a. konkludere, at den genetiske

diversitet er lavere i områder, som er påvirket af menneskelig aktivitet – og derfor typisk arealmæssigt mindre – end den er i områder, som er større og beskyttede. Vi taber altså ikke kun arter, når vi forstyrrer naturen negativt, vi taber også genetisk diversitet.

Studiet er skelsættende, og det er et godt eksempel på, hvordan forskningen kan rykke grænserne for, hvad der er muligt at undersøge. Indimellem sker der nemlig en opdagelse, som – ligesom studiet i 2016 – får folk til stoppe op og forstå verden på en ny måde. Det er ganske kendetegnende for biodiversitetsforskningen.

Yderligere læsning

Spyros Theodoridis, Carsten Rahbek og David Nogués-Bravo (2021): *Exposure of mammal genetic diversity to mid-21st century global change*. *Ecography*.

Yinon M. Bar-On, Rob Phillips og Ron Milo (2018): *The biomass distribution on Earth*. *PNAS*.

Andreia Miraldo, Sen Li, Michael Krabbe Borregaard, Alexander Flórez-Rodríguez, Shyam Gopalakrishnan, Mirnesa Rizvanovic, Zhiheng Wang, Carsten Rahbek, Katherine A. Marske og David Nogués-Bravo (2016): *An Anthropocene map of genetic diversity*. *Science*.

Biodiversitet – Arter, gener og økosystemer

Biodiversitet handler om livet på Jorden i alle sine former: Arterne, deres genetiske sammensætning og de økosystemer, som de er en del af. Biodiversitet er mangfoldigheden af liv på disse tre niveauer, og de interaktioner, som påvirker niveauerne på kryds og tværs i tid og rum.

Dette særnummer af Biofag er en introduktion til biodiversitet som fagligt begreb, og indholdet dækker:

- Biodiversitetsbegrebets definition og historie
- Sydamerikas tropiske bjergregioner, hvor den største biodiversitet på landjorden findes
- Forskning i biodiversitet
- Biodiversitet i dansk skov
- En holistisk forståelse af biodiversitet

Særnummeret er skabt i et samarbejde mellem biodiversitetsforskere fra Center for Makroøkologi, Evolution og Klima (CMEC) på Københavns Universitet og Foreningen af Danske Biologer (FaDB) med støtte fra Novo Nordisk Fonden.

www.biodiversitetigymnasiet.dk



CENTER FOR MAKROØKOLOGI,
EVOLUTION OG KLIMA
KØBENHAVNS UNIVERSITET



FaDB
FORENINGEN AF
DANSKE BIOLOGER

novo nordisk
fonden