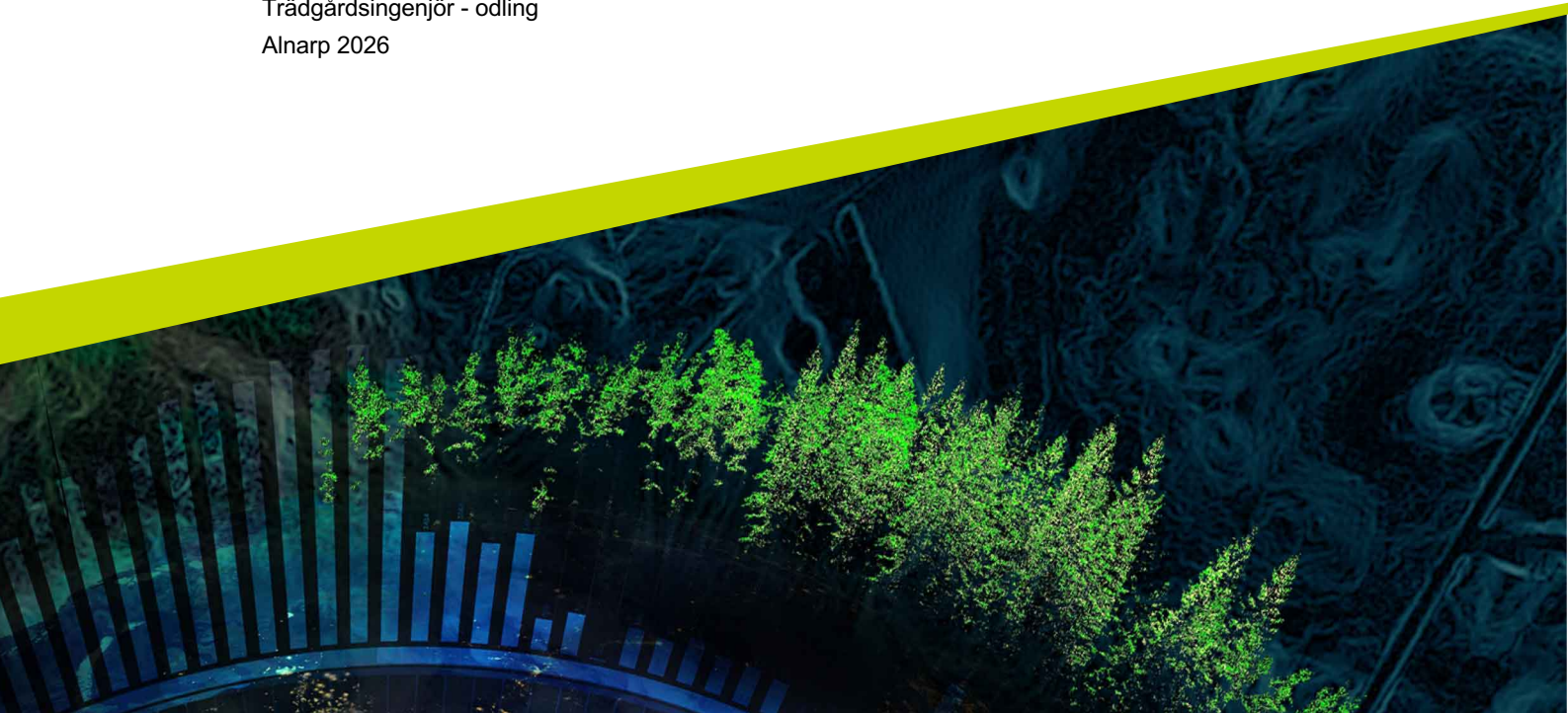




CRISPR/CAS9 som metod för att senarelägga blomning hos *Lonicera caerulea*

Victoria Hansson

Examensarbete/Självständigt arbete • 15 hp
Sveriges lantbruksuniversitet, SLU
Institutionen för växtförädling
Trädgårdsingenjör - odling
Alnarp 2026



CRISPR/Cas9 som metod för att senarelägga blomning hos *Lonicera caerulea*.

CRISPR/Cas9 as a method to postpone flowering in Lonicera caerulea.

Victoria Hansson

Handledare: Emelie Ivarson, SLU, Institutionen för växtförädling

Examinator: Ida Lager, SLU, Institutionen för växtförädling

Omfattning: 15 hp
Nivå och fördjupning: Grundnivå, G2E
Kurstitel: Självständigt arbete i Trädgårdsvetenskap
Kurskod: EX0844
Program/utbildning: Trädgårdsingenjör odling
Kursansvarig inst.: (Institutionen för växtförädling)
Utgivningsort: Alnarp
Utgivningsår: 2026
Upphovsrätt: Alla bilder används med upphovspersonens tillstånd.

Nyckelord: Lonicera caerulea, blåbärstry, blomning, CRISPR/Cas9

Sveriges lantbruksuniversitet

Institutionen för växtförädling

Sammanfattning

Klimatförändringarna och ett ostabilt geopolitiskt läge har lett till en större uppmärksamhet kring självförsörjning och utveckling av ett mer hållbart jordbruk i Sverige. I detta sammanhang väcks även ett ökat intresse för mindre etablerade grödor. Blåbärstry (*Lonicera caerulea*) är en art som potentiellt skulle kunna öka i produktion både inom kommersiell odling och hobbyodling, tack vare dess goda hortikulturella och gastronomiska egenskaper. En nackdel med blåbärstry är att den blommar mycket tidigt, och den tidiga blomningen kan öka risken för frostsador och bristfällig pollinering under nordiska klimatförhållanden.

Syftet med denna studie är att undersöka vilka gener som potentiellt kan modifieras för att senarelägga blomning hos blåbärstry och därigenom bättre anpassa arten till odling i tempererade regioner. Forskning om genetisk reglering av blomning och genmodifiering i olika arter undersöks. Resultaten visar att flera gener i blomningsreglerande nätverk, såsom *FT*, *FLC*, *VRN1*, *COL9*, *SOC1*, *TFL* och *LFY* framgångsrikt har modifierats i olika växtarter för att senarelägga blomningstiden. Resultaten indikerar att liknande genetiska signalvägar potentiellt skulle kunna utnyttjas i förädlingsarbete med blåbärstry.

Nyckelord: *Lonicera caerulea*, blåbärstry, blomning, CRISPR/Cas9

Abstract

Climate change and an unstable geopolitical situation have increased attention to food self-sufficiency and the development of a more sustainable agriculture in Sweden. In this context, interest has also grown in less established crops. Blue honeysuckle (*Lonicera caerulea*) is a species that has the potential to increase in production both in commercial cultivation and in hobby gardening due to its favourable horticultural and gastronomic properties. Flowering time is a key trait in the cultivation of blue honeysuckle, as early flowering can increase the risk of frost damage and insufficient pollination under Nordic climatic conditions.

The aim of this study is to investigate which genes could potentially be modified to delay flowering in blue honeysuckle and thereby better adapt the species for cultivation in temperate regions. Research on the genetic regulation of flowering and gene modification in different plant species was reviewed. The results show that several genes involved in flowering regulatory networks, such as *FT*, *FLC*, *VRN1*, *COL9*, *SOC1*, *TFL* and *LFY*, have been successfully modified in different plant species to delay flowering. These findings indicate that similar genetic pathways could potentially be utilised in breeding programmes for blue honeysuckle.

Keywords: *Lonicera caerulea*, haskap, flowering, CRISPR/Cas9

Innehållsförteckning

1. Inledning	5
1.1 Bakgrund	5
1.1.1 Nya behov	5
1.1.2 <i>Lonicera caerulea</i>	6
1.1.3 För tidig blomning.....	8
1.1.4 CRISPR/Cas9	9
1.2 Syfte och frågeställning	11
1.3 Material och metod	11
2. Resultat	13
2.1 Blomningstid	13
2.2 CRISPR/Cas9 för att modifiera blomning	13
2.3 Möjliga målgener	14
2.3.1 <i>FLOWERING LOCUS T (FT)</i>	15
2.3.2 <i>FLOWERING LOCUS C (FLC)</i>	15
2.3.3 <i>VERNALIZATION 1 (VRN1)</i>	16
2.3.4 <i>CONSTANS-like 9 (COL9)</i>	16
2.3.5 <i>FRIGIDA (FRI)</i>	16
2.3.6 <i>CONSTANS (CO)</i>	17
2.3.7 <i>SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CONSTANS 1 (SOC1)</i>	17
2.3.8 <i>TERMINAL FLOWERING PROTEIN (TFL1)</i>	17
2.3.9 <i>LEAFY (LFY)</i>	18
3. Diskussion	19
Referenser	22

1. Inledning

1.1 Bakgrund

1.1.1 Nya behov

Klimatomställningar, jordens ökande befolkning, globalt ostabilt politiskt läge, Covid19-pandemin, större medvetenhet kring människans miljöpåverkan och så vidare har lett till allmänhetens växande intresse för självförsörjning och produktion av näringstät lokalproducerade grödor. Varmare vintrar leder till förekomst och etablering av nya sjukdomar och skadegörare (Upson, 2020) med samtidiga förbud mot användning av allt fler bekämpningsmedel. Under dessa omständigheter kan samhället inte bara förlita sig på de välbeprövade grödorna, utan behöver blicka framåt och utforska andra arter som skulle kunna odlas i framtiden (ibid.).

Flera av de faktorer som nämns ovan lyfts även i Regeringens Livsmedelsstrategi 2.0 (2025) som har tagits fram för att bidra till uppfyllandet av såväl nationella som globala miljömål. Det påpekas att samhället står inför en större grön omställning samt att jordbruket är en av de samhällssektorer som påverkas mest av klimatomställningen.

Strategin betonar särskilt följande fokusområden:

- *Ökad robusthet i livsmedelskedjan*, där den totala livsmedelsproduktionen ska öka, vilket ska kunna bidra med en ökad självförsörjningsgrad av livsmedel i landet. Idag ligger Sveriges självförsörjningsgrad på enbart 50% enligt Sveriges riksdag. Det påpekas att de globala störningarna i försörjningskedjan, klimatförändringarna och det geopolitiska läget i Europa har visat att ett sådant högt importberoende är ytterst sårbart.
- *Exportfrämjande* nämns som ett sätt att öka lönsamheten i livsmedelskedjan. I Livsmedelsstrategin 2.0 framgår att det finns en efterfrågan på produkter med en hög livsmedelssäkerhet som de svenska producenterna kan förse den globala marknaden med.
- *Svensk kvalitet och gastronomi*. En av de drivande faktorerna som nämns i Livsmedelsstrategin 2.0 är efterfrågan som drivs av intresset för hållbart och lokalt producerade varor. Sverige är bland de länderna där klimatomställningen har bidragit med en längre växtsäsong, vilket innebär att nya grödor kan introduceras och anpassas till de svenska odlingsförhållandena. Mycket av dagens frukt, grönsaker och bär

importeras från medelhavsområdet, där varmare medeltemperaturer och vattenbrist i framtiden kan äventyra leveranssäkerheten.

1.1.2 *Lonicera caerulea*

I sökandet efter grödor som kan bidra till en mer resilient och lokalt anpassad livsmedelsproduktion har flera mindre etablerade arter börjat uppmärksammas. Blåbärstry, *Lonicera caerulea* (Fig. 1), är en potentiell ”ny” basgröda på den svenska marknaden. Den har traditionellt odlats i östra delar av Ryssland, nordöstra Asien och Japan (Svarcova et al., 2007). I Sverige registrerades den först 2018 (Gołba et al., 2020). Frukterna är avlånga, ovala, blåsvarta bär med en vaxbeläggning och söt-sur-besk smak som kan variera beroende på sort (ibid.). Bärens vikt kan variera mellan 0,3 och 2,0 g (ibid.). Blåbärstry är en självinkompatibel art och kräver korspollinering med pollen från en annan sort som blommar samtidigt (Sobkowicz et al., 2021). Bland de mest attraktiva egenskaperna är blåbärstryns extremt tidiga fenologi och köldtålighet samt dess unika smak och näringsinnehåll (Thompson & Barney, 2007).



Figur 1. En kvist av blåbärstry med bär. Konstnär: Irina Ilina, 2026

- Näringsinnehåll

Blåbärstryets höga C-vitamininnehåll (Sobkowicz et al., 2021), som är högre än hos apelsiner och jordgubbar, antocyaninhalt överstigande de amerikanska blåbären med över 1300% (Neuman, 2017), högt vitamin- och mineralinnehåll samt förmåga

att sänka blodtrycket, förbättra matsmältning, ge visst skydd mot diabetes, blodbrist, hjärt- och kärlsjukdomar (Cheng et al., 2023) med flera kan väcka intresset hos konsumenten. Det har även påvisats att extraktet har antibakteriella, antimikrobiella och svampdödande egenskaper (ibid.). Dessutom är bären icke-toxiska även vid intag av stora mängder (ibid.).

- *Användning*

Bärens kan konsumeras färska men lämpar sig även väl för infrysning, torkning samt vidareförädling till exempelvis saft och andra bärprodukter. Trots denna mångsidighet är den kommersiella produktionen i dagsläget huvudsakligen inriktad på färskkonsumtion (Sobkowicz et al., 2021).

- *Lagringsduglighet*

Frukterna har en relativt fast konsistens, vilket bidrar till att de kan förbli torra och behålla sin struktur under mer än två veckors kylförvaring (Thompson & Barney, 2007). Denna egenskap gör bären särskilt attraktiva för färskförsäljning. Därtill har frukterna visat god hållbarhet vid fryslagring, där både färg och form i stor utsträckning bevaras (Bozek, 2012).

- *Vinterhärdighet*

Blåbärstrybuskar är väl anpassade till kalla klimatförhållanden och uppvisar en hög tolerans mot låga temperaturer (Svarcova et al., 2007). Växten kan överleva temperaturer ned till cirka $-46\text{ }^{\circ}\text{C}$, vilket gör den särskilt lämpad för odling i nordliga regioner. Även de utslagna blommorna uppvisar en relativt god köldtolerans och vissa sorter kan klara temperaturer ned till omkring $-8\text{ }^{\circ}\text{C}$ (Plekhanova, 2000).

- *Resistens*

Det har rapporterats att blåbärstry i vissa fall kan angripas av *Botrytis* sp. (gråmögel), särskilt under blöta och kalla vårförhållanden (Thompson & Barney, 2007). Trots detta har sjukdoms- eller insektsangrepp hittills inte visat sig vara så omfattande att de kräver särskilda bekämpningsåtgärder i odlingen.

- *Ståndortskrav*

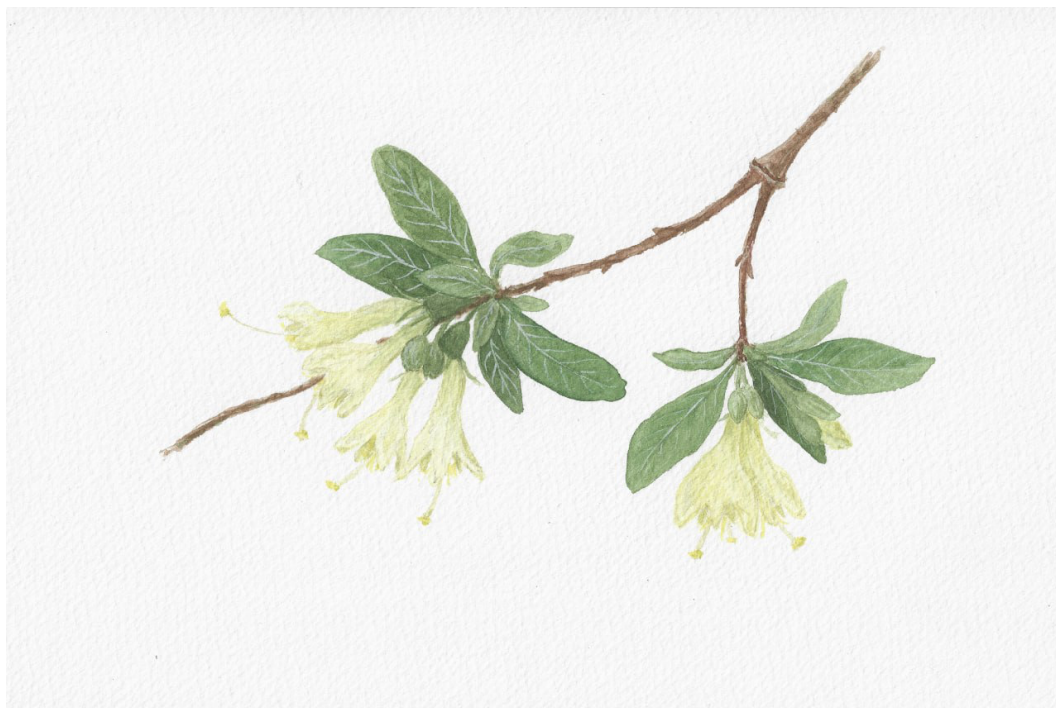
Blåbärstry uppvisar en relativt god anpassningsförmåga till olika markförhållanden när det gäller jordens sammansättning, struktur och pH. För optimal tillväxt föredrar växten dock en bördig, väl-dränerad och måttligt fuktig jord med ett pH-värde kring 5,5–6,5. Buskarna utvecklas dessutom bäst under odling i full sol eller i halvskugga (Neuman 2017).

- *Fruksättning och skörd*

Under europeiska förhållanden kan bären mogna redan under maj–juni (Svarcova et al., 2017), vilket gör blåbärstry till en av de tidigast mognande bärgrödorna. Denna egenskap kan bidra till att förlänga frukt- och bärsäsongen och därmed skapa nya möjligheter för odlare (Thompson & Barney, 2007).

1.1.3 För tidig blomning

De globala förändringarna i klimatet innebär mer fluktuerande väderförhållanden: värmeböljor, extrem kyla, oförutsägbar nederbörd med mera, vilket ändrar fenologi hos många växtarter samt påverkar växt-insekt-interaktionen (Rafferty et al., 2020). Dessa förändringar kan leda till fertilitetsproblem och försämrat skördeutbyte (ibid.). När det gäller blomning är det dokumenterat att klimatomställningen har lett till en tydlig tidsförskjutning hos många arter (Pearce et al 2017). En för tidig blomning kan leda till bristfällig pollinering på grund av otillräcklig tillgång på vakna pollinatörer (ibid.), dessutom kan blomknopparna skadas av frost (Hodaei & Werbrouck, 2023) och leda till total förlust av skörd.



Figur 2. En blommande kvist av blåbärstry. Konstnär: Irina Ilina, 2026

Blåbärstryet har som sagt flera önskvärda egenskaper som potentiellt skulle kunna öka dess popularitet både hos professionella odlare och hobbyodlare. Bland dessa är extrem vinterhärdighet, blommornas resistens mot frost och tidig fruktsättning (Gerbrandt et al., 2017). Trots att växten tål kyla och frost väl i kontinentala klimat,

är den i dagsläget mindre anpassad till att odlas i mildare tempererade områden på grund av dess tidiga knoppsprickning under alltmer skiftande temperaturer i sådana områden (Plekhanova, 1996). Forskningen påpekar att kultivering av blåbärstry i tempererade regioner är begränsad av de flesta sorters låga köldböjbehov (Thomson, 2006). Det krävs relativt få timmar med låg temperatur under vintern för att blåbärstry ska kunna bryta sin vintervila och börja blomma (*fig. 2*) redan under vintermånaderna. I tempererade regioner blommar buskarna redan innan pollinatörer har vaknat, vilket resulterar i dålig korspollinering (Thompson & Barney, 2007).

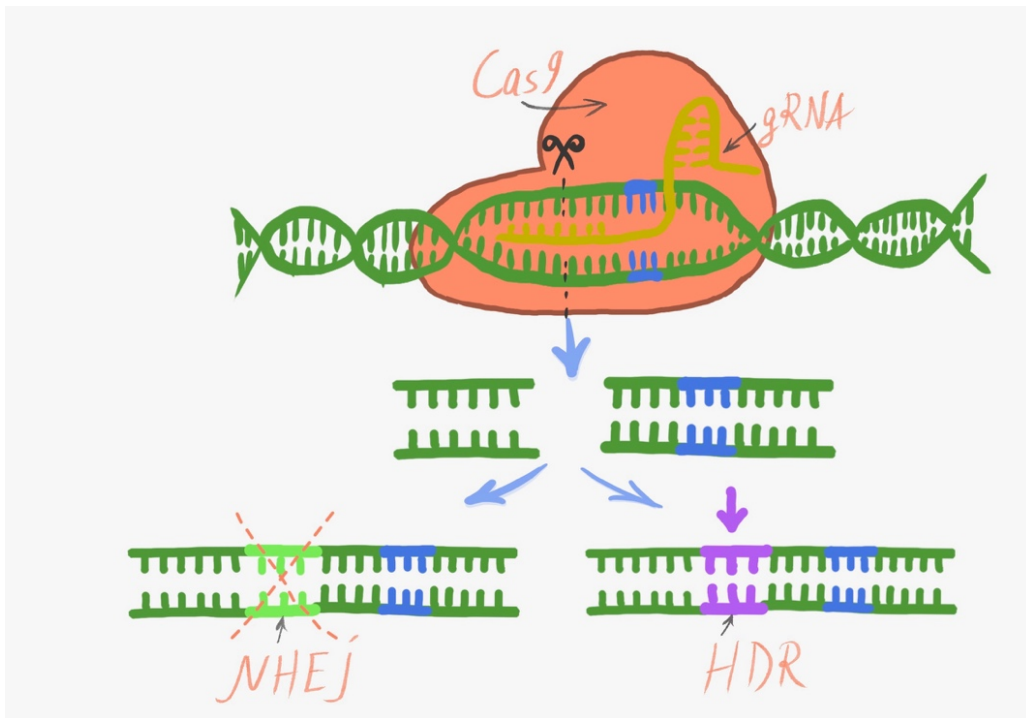
1.1.4 CRISPR/Cas9

Den tidiga blomningen hos blåbärstry innebär som sagt en betydande odlingsrisk i tempererade odlingsområden, då utebliven pollinering kan drastiskt minska skörden. Det finns således ett behov av ett förädlingsarbete för att möjliggöra framgångsrik odling av grödan i svenska förhållanden. Traditionell förädling är en långsam och kostsam process (Acquaah, 2020) som kräver populationsutveckling, fenotypisk selektion, multilokala fältförsök med mera. Då blåbärstry är en perenn växt kan denna process bli ännu svårare och mer tidskrävande jämfört med hur ett förädlingsarbete med årliga grödor ser ut.

Under de senaste åren har genediteringstekniker, särskilt CRISPR/Cas9, utvecklats till kraftfulla verktyg inom växtförädling och erbjuder nya möjligheter att påverka specifika genetiska mekanismer som styr växters utveckling. CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) är en teknik som används i vetenskapen för att selektivt modifiera DNA av levande organismer (Martín-Valmaseda et al., 2023). Det naturliga genomediteringssystemet hos bakterier har anpassats för att användas i laboratorieförhållanden (*ibid.*). Under de senaste åren har CRISPR/Cas9-tekniken blivit alltmer avancerad; i jämförelse med de tidigare genediteringsteknikerna får förädlaren ett billigare, enklare och mer inriktat genediteringssystem (He et al., 2024).

CRISPR är ett genombrott i växtförädling, som förkortar framtagning av nya sorter, ger precision och flexibilitet (Hodaei & Werbrouck, 2023). Tekniken möjliggör en snabb förbättring av hortikulturella egenskaper som mer optimal blomningstid, stressresistens och skörde kvalitet samtidigt som den minskar tidsåtgången dramatiskt (He et al., 2024). Utöver att möjliggöra framtagning av nya plantgenerationer på kortare tid än traditionella metoder, ger tekniken även möjlighet att redigera flera gener parallellt. (Hodaei & Werbrouck, 2023). Metoden

har framgångsrikt tillämpats för att senarelägga blomning hos flera olika arter (Wolabu et al., 2023).



Figur 3. En schematisk beskrivning av en CRISPR/Cas9-medierad transformering.

CRISPR/Cas9 består av en guide-RNA och CAS9-proteinet, som är designade för att matcha en mål-DNA-sekvens (Shamjetsabam et al., 2024). CRISPR/Cas9-mekanismen fungerar i tre huvudsakliga steg: måligenkänning, DNA-klyvning och reparation (Fig. 3). I det första steget binder gRNA-till den målsekvens i DNA som ska modifieras och leder därigenom Cas9-proteinet till rätt plats i genomet. gRNA och SpCas9-proteinet bildar ett komplex som skannar DNA efter en så kallad protospacer adjacent motif (PAM). När PAM-sekvensen har identifierats klyver Cas9-proteinet DNA på en specifik plats och orsakar ett dubbelsträngsbrött. Cellen försöker därefter reparera skadan genom någon av två huvudsakliga mekanismer: non-homologous end joining (NHEJ) eller homology-directed repair (HDR). NHEJ är en snabb men felbenägen reparationsprocess som ofta leder till små insertioner eller deletioner i DNA-sekvensen, vilket kan resultera i att genens funktion störs. HDR är däremot en mer precis reparationsmekanism där en DNA-mall används för att reparera brottet.

Följande typer av CRISPR/Cas9-relaterade metoder kan appliceras för att modifiera blomningstiden enligt Hodaei & Werbrouck (2023):

- Cas-klyvd aminosyra resulterar i ett icke fungerande protein;

- Cas-klyvning resulterar i ett för tidigt stoppkodon som terminerar transkriptioner, vilket leder till att proteinet produceras;
- Störning av gentranskription genom målinriktad modifiering av regulatoriska element involverade i transkriptionen, exempelvis transkriptionsfaktorer, promotorregioner och uppströms enhancerregioner;
- Gener som reglerar kromatinomstrukturering fungerar som aktiverare eller repressorer och påverkar transkriptionen genom att förändra kromatinets struktur och därmed dess tillgänglighet.

1.2 Syfte och frågeställning

Syftet med detta arbete är att undersöka möjligheterna att senarelägga blomning hos blåbärstry (*Lonicera caerulea*) genom användning av CRISPR/Cas9-baserad geneditering. Genom att sammanställa och analysera befintlig forskning om genetisk reglering av blomning i olika växtarter syftar arbetet till att identifiera potentiella gener och strategier som skulle kunna användas för att modifiera blomningstid hos blåbärstry.

Frågeställning: Vilka gener skulle kunna modifieras för att kunna senarelägga blomningstiden hos blåbärstry (*Lonicera caerulea*)?

1.3 Material och metod

Detta arbete är en litteraturstudie där vetenskapliga artiklar och andra publiceringar om genetisk reglering av blomning och användning av CRISPR/Cas9 i växtförädling har analyserats. Litteratursökningen genomfördes huvudsakligen i de vetenskapliga databaserna Web of Science, Scopus och Google Scholar. Sökningar gjordes med kombinationer av nyckelord såsom *flowering*, *flowering induction*, *flowering time modification*, *CRISPR/Cas9*, *gene transformation*, *Lonicera caerulea*, *haskap*, *honeysuckle* med flera. Även referenslistor i relevanta artiklar användes för att identifiera ytterligare studier.

Urvalet av litteratur baserades på artiklarnas relevans för arbetets syfte. Fokus låg på studier som behandlar genetisk reglering av blomning i växter samt användning av CRISPR/Cas9 för modifiering av blomningstid eller andra hortikulturellt viktiga egenskaper. Eftersom forskningen om geneditering i blåbärstry fortfarande är begränsad studerades främst publiceringar om andra växtarter där blomningsreglering är välstuderad.

De utvalda studierna analyserades med avseende på vilka gener och regulatoriska signalvägar som är involverade i blomningsreglering samt hur dessa gener har modifierats med hjälp av CRISPR/Cas9 i olika växtarter. Informationen sammanställdes för att identifiera gener som potentiellt skulle kunna utgöra mål för genredigering i syfte att senarelägga blomningstid hos blåbärstry.

2. Resultat

2.1 Blomningstid

I blommande växters livscykel är blomningsinduktion en viktig process som är kopplad till övergång från vegetativt till reproduktivt stadie (Hodaei & Werbrouck, 2023). Modifiering av blomningstiden är ett av de viktigaste målen för förädlingsarbete då blomningstiden visar sig vara en viktig faktor i växtens hortikulturella prestanda (Hong et al., 2021). Genom att förskjuta blomningstiden kan man anpassa plantans fitness och biomassa till varierande miljöförhållanden (Wolabu et al., 2023). En del av biotiska och abiotiska stressfaktorer kan minskas eller elimineras helt genom att senare- eller tidigarelägga blomningstiden hos vissa arter (Hong et al., 2021).

Fysiologiska signalvägar ansvariga för blomning inkluderar fyra signalvägar: fotoperiodiska, autonoma, vernaliserings-, och gibberellinrelaterade signalvägar (Hodaei & Werbrouck, 2023). Beroende på art, sort, odlingsmiljön, plantans respons på dagslängd och så vidare kan de mest effektiva gener som man kan arbeta med identifieras för att modifiera blomningstid (Hodaei & Werbrouck, 2023).

2.2 CRISPR/Cas9 för att modifiera blomning

Blomningen och blomningsinduktionen är komplexa fysiologiska processer där många gener är direkt eller indirekt involverade. Hos backtrav (*Arabidopsis thaliana*), som har ett relativt litet genom, har forskningen identifierat ungefär 300 gener som på ett eller annat sätt är kopplade till blomningsreglering (Gua et al., 2022).

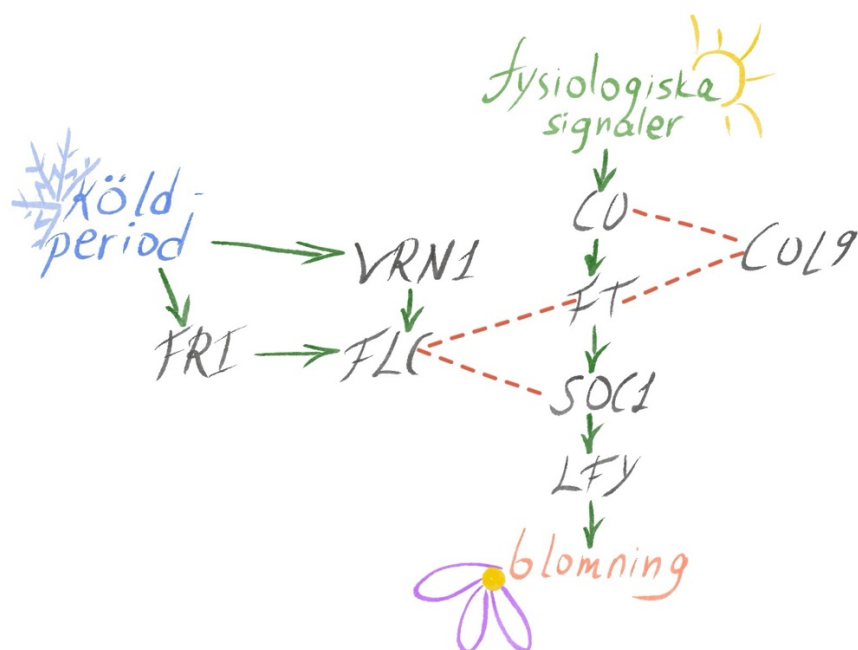
Blomningsgener inkluderar bland andra transkriptionsregulatorer, enzymer, signalmolekyler, epigenetiska modifierare och icke-kodande RNA (Hodaei & Werbrouck, 2023). Genom att försöka identifiera dessa nyckelkomponenter och förstå hur de samarbetar kan man lyckas reglera blomning och förhoppningsvis åstadkomma de önskvärda förädlingsmålen (ibid). Växtförädlaren behöver ta hänsyn till att det finns flera interagerande signalvägar och många av proteiner involverade i blomningsprocessen har flera olika funktioner och kan ge olika effekter (Hodaei & Werbrouck, 2023).

Blomningsprocessen regleras som sagt av ett komplext nätverk av gener som antingen främjar eller hämmar övergången från vegetativ till reproduktiv utveckling. Genom användning av CRISPR/Cas9 kan funktionen hos sådana gener modifieras på flera olika sätt, exempelvis genom att slå ut genfunktionen, inducera

mutationer som förändrar proteinets aktivitet eller genom att påverka regulatoriska sekvenser som styr genuttrycket. Beroende på vilken gen som modifieras kan dessa förändringar leda till tidigare eller senare blomning. I fallet med blåbärstry skulle sådana strategier potentiellt kunna användas för att påverka gener som stimulerar blomning och därigenom bidra till att senarelägga blomningsstarten, vilket kan minska risken för frostsador i nordliga odlingsförhållanden.

2.3 Möjliga målgener

I dagsläget finns det, såvitt känt, ingen publicerad forskning som specifikt behandlar användningen av CRISPR/Cas9 för att modifiera blomningstid hos blåbärstry (*Lonicera caerulea*). Däremot har blomningsreglerande gener studerats ingående i ett flertal andra växtarter, där flera centrala genetiska regulatorer av blomningsprocessen har identifierats. Eftersom kunskapen om blåbärstryns genom fortfarande är begränsad kan det inte med säkerhet fastställas vilka specifika gener som förekommer i arten eller hur de reglerar blomning. Samtidigt visar jämförande studier att många gener som styr blomning är evolutionärt bevarade mellan olika växtarter (Wickland & Hanzawa, 2015). Baserat på denna tidigare forskning är det därför rimligt att anta att homologa gener med liknande funktioner kan förekomma även i blåbärstry. Nedan presenteras några gener som, utifrån studier i andra arter, skulle kunna utgöra potentiella mål för genredigering i syfte att påverka blomningstid (fig. 4).



Figur 4. Samverkan mellan exogena signaler och gener involverade i blomningsinduktion. De gröna pilarna visar att signaler eller gener påverkar uttryck av andra gener positivt; de röda streckade linjer visar att gener hämmar uttryck av andra gener.

2.3.1 FLOWERING LOCUS T (FT)

FT kodar för ett florigenprotein som främjar blomning hos både annuella och perenna växter (Wolabu et al., 2023). Genen är viktig för blomningskontroll (Guo et al., 2022). Det är en nyckelgen för blomning, speciellt i respons till fotoperiod; den främjar blommeristemutveckling genom att aktivera andra blomningsgener (Hassankhan et al 2020). *FT*-proteinet transporteras till skottmeristemet där det inducerar uttryck av gener som *SOC1* (Taiz et al., 2015).

Wollabu et al. (2023) i ett försök har framgångsrikt senarelagt blomning hos lusern (*Medicago sativa* L.) genom att tysta *MsFTa1*-genen via en CRISPR/Cas-medierad transformation. En del av mutantlinjerna har även visat sig få andra önskvärda egenskaper, såsom mer biomassa, lägre ligninnehåll och ökat protein- och mineralinnehåll.

2.3.2 FLOWERING LOCUS C (FLC)

FLC kodar för en *MADS-box*-transkriptionsfaktor som sänker uttryck av blomningsfrämjande genen *FT* och *SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF*

CONSTANS1 (SOC1) (Hong et al., 2021). Genen anses vara den viktigaste determinanten av responsen på vernalisering (ibid.).

I en studie (Capovilla et al., 2017) med backtrav (*Arabidopsis thaliana*) slogs *FLC* ut, vilket inducerade sen blomning hos arten.

2.3.3 *VERNALIZATION 1 (VRN1)*

VRN1 är en transkriptionsrepressor i *MADS-box*-familjen som behövs för övergång till blomning som respons till en köldperiod (Hong et al., 2021). Genen reglerar uttryck av *FT* och *FLC* (ibid.). Innan vernaliseringen är genen svagt uttryckt, men ökar i uttryck efter vernaliseringen. Samtidigt sker nedreglering av *VERNALISATION 2 (VRN 2)* och förstärks uttryck av *FT* (Greenup et al., 2009).

Hong et al. (2021) har lyckats nedreglera *FLC1*-uttryck under vernalisering hos kinakål (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*) genom att modifiera *BrVRN1*. Nedregleringen har lett till senare blomning och stocklöpning hos materialet med 21–43 dagar (jämfört med cirka 16 dagar hos den vilda fenotypen).

2.3.4 *CONSTANS*-like 9 (*COL9*)

COL9 är en blomningshämmare, tillhör *BBX*-genfamilj och kodar för zinc finger transkriptionsfaktorer (Guo et al., 2022). *COL9* kan hämma uttryck av *FT* och *CO* hos backtrav (*Arabidopsis thaliana*), vilket senarelägger blomning (ibid.).

En studie (Guo et al., 2022) med raps (*Brassica napus* L.), vars egentliga mål var att tidigarelägga blomningen, har visat att överuttryck av *COL9* har lett till senare blomning samtidigt som ett starkt underuttryck av *BnaCO* och *BnaFT* kunde observeras hos dessa linjer.

2.3.5 *FRIGIDA (FRI)*

FRI kodar för ett protein som förstärker uttrycket av *FLC* (Hong et al., 2022). Genen ingår i alla sekvenserade genom hos högre växter, oavsett om arten kräver vernalisering för att återgå till blomning eller ej, vilket tyder på att genen sannolikt har funktioner utöver blomningsreglering. (Amasino, 2010) Baserat på den litteratursökning som genomförts under ramen av detta arbete har inga studier identifierats som specifikt undersöker möjligheten att senarelägga blomning genom modifiering av denna gen.

2.3.6 *CONSTANS (CO)*

CO reglerar blomningstid via fotoperiodisk blomningsväg och tillhör *BBX*-familjen av gener (Guo et al., 2022). *CO* ingår i en signalväg som stimulerar blomning vid långa dagar. Den främjar blomning genom att aktivera flera gener med olika funktioner, som tillsammans bidrar till växtens övergång till reproduktiv utveckling. Aktiveringen av dessa gener verkar dessutom bero på andra regulatoriska faktorer, eftersom de inte alltid uttrycks kontinuerligt (Samach et al., 2000).

Baserat på den litteratursökning som genomförts under ramen av detta arbete har inga studier identifierats som specifikt undersöker möjligheten att senarelägga blomning genom modifiering av denna gen.

2.3.7 *SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CONSTANS 1 (SOC1)*

SOC1 kodar för *MADS-box* transkriptionsfaktorer som integrerar signaler från temperatur, fotoperiod, hormonella och utvecklingsrelaterade signalvägar (Guo et al., 2022). Genen är involverad i blommeristemidentiteten och reglering av blomningstid genom att bland annat reglera uttrycket av *LFY* (Hassankhan et al., 2020). *SOC1* är en av de viktigaste generna nödvändiga för aktivering av B- och C-blomorgan enligt ABC-modellen (ibid.).

CRISPR/Cas9-medierad mutation av *SOC1* i sallad (*Lactuca sativa*) har visats sig kunna fördröja stocklöpning och blomning. I *SOC1*-redigerade plantor minskade även uttrycket av flera nedströms blomningsgener, inklusive *LFY*, vilket resulterade i en senare övergång till en generativ fas (Choi et al., 2021).

2.3.8 *TERMINAL FLOWERING PROTEIN (TFL1)*

TFL1 är en blomningsrepressor och har en nyckelroll i knoppvilan under vintern (Martín-Valmaseda, 2023). Balansen mellan *TFL1* och *FT* bestämmer plantarkitekturen genom övergång från indeterminant tillväxt till determinant och tvärtom (Hassankhan et al., 2020). Genen hämmar uttryck av flera blomstimulerande proteiner som *FLOWERING LOCUS T*, *LEAFY* och *APETALA* (Pillitteri et al., 2004). Knock-out av *TFL1*-genen hos äpple (*Malus domestica*) och päron (*Pyrus communis*) har visat sig kunna inducera blomning senare hos dessa arter (Charrier et al., 2019).

2.3.9 *LEAFY (LFY)*

LFY är en blommeristemidentitetsgen som är ett viktigt element i övergången från vegetativ till reproduktiv fas (Hassankhan et al., 2020). *LFY*-genen interagerar även med en annan blomidentitetsgen – *APETALA1 (API)* (ibid.). *LFY* är också associerad med hormonet gibberellin, som även den är involverad i blomregleringen. När *LFY*-aktiviteten sänks, sänks även gibberellinnivån, som i sin tur påverkar *GA-GIDI-DELLA*-proteiner (*DELLAs*). Blomning främjas normalt när *DELLA*-proteiner bryts ned. När gibberellinnivåerna minskar kan dock *DELLA*-proteinerna inte degraderas, vilket bidrar till en fördröjd blomning (Shin & Park, 2022). Det har kunnat bekräftas i en studie (ibid.) om *Agrobacterium*-medierad transformering av genen *BrLFY* hos kinakål (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*).

3. Diskussion

CRISPR/Cas9 har under det senaste decenniet etablerat sig som ett kraftfullt verktyg inom modern växtförädling. Trots att tekniken är relativt ny har den redan använts framgångsrikt för att modifiera ett stort antal egenskaper i olika växtarter, däribland blomningstid, stresstolerans och avkastning. Mot bakgrund av de globala utmaningar som jordbruket står inför, såsom klimatförändringar, ökade produktionskostnader och geopolitiska spänningar som påverkar livsmedelsförsörjningen, lyfts genredigering ofta fram som ett potentiellt viktigt verktyg för att utveckla mer resilienta grödor. I detta sammanhang kan blåbärstry (*Lonicera caerulea*) betraktas som en intressant kandidat för framtida odling i nordliga klimat, bland annat tack vare dess höga köldtolerans och näringsrika bär. Genredigering skulle i detta fall kunna bidra till att förbättra agronomiska egenskaper, exempelvis genom att anpassa blomningstid till lokala klimatförhållanden. Samtidigt är det viktigt att beakta att tekniken, trots sina många fördelar och sin relativt höga precision, även medför vissa biologiska, tekniska och regulatoriska utmaningar. Dessa aspekter behöver därför diskuteras i relation till möjligheten att använda CRISPR/Cas9 för att påverka blomningstid hos blåbärstry.

En framgångsrik modifiering av blomningsegenskaper förutsätter ett noggrant val av både den regulatoriska signalväg och den specifika genprodukt som ska manipuleras. Blomning regleras genom ett komplext genetiskt nätverk där olika gener kan fungera som antingen aktiverare eller repressorer av övergången från vegetativ till reproduktiv utveckling. Effekten av genredigering påverkas därför inte enbart av vilken gen som modifieras, utan även av var i genen mutationen introduceras och vilken typ av genetisk förändring som uppstår, exempelvis en fullständig knockout eller en mer subtil förändring av proteinets funktion. Responsen på sådana förändringar kan dessutom variera mellan arter och genotyper samt påverkas av miljöförhållanden (Hodaei & Werbrouck, 2023). Detta innebär att resultat från modellarter inte alltid kan överföras direkt till andra grödor, vilket gör experimentell verifiering nödvändig.

Eftersom blomning regleras av ett omfattande genetiskt nätverk som omfattar ett stort antal gener – uppskattningsvis omkring 300 gener hos modellarten backtrav (*Arabidopsis thaliana*) (Yu et al., 2022) – kan det i praktiken vara nödvändigt att testa flera olika gener eller genkombinationer för att identifiera de mest effektiva målen för modifiering. I detta sammanhang utgör den relativt höga genetiska diversiteten hos *Lonicera caerulea* en potentiell fördel, eftersom den ger goda förutsättningar för genetisk förbättring genom riktad selektion i kombination med molekylära verktyg (Thompson & Barney, 2007). Samtidigt kan den relativt låga effektiviteten i regenerering hos vissa arter och etablering av genredigerade växter

begränsa genomströmningen i sådana studier, vilket i sin tur kan fördröja identifieringen och utvärderingen av lovande kandidatgener (Hodaei & Werbrouck, 2023).

För att fullt ut kunna utnyttja CRISPR-teknikens potential är det därför ofta nödvändigt att kombinera genreditering med andra tekniska och metodologiska förbättringar. Nya framsteg inom området omfattar bland annat utvecklingen av mer effektiva leveranssystem för CRISPR-komponenter. Exempelvis kan ribonukleoproteinkomplex (RNP) användas för att introducera Cas9 och guide-RNA direkt i cellen utan att integrera främmande DNA i växtens genom. Andra strategier inkluderar optimerade *Agrobacterium*-stammar (Kang et al., 2022), virusmedierad genleverans (Uranga & Darós, 2022) samt användning av genkanon. Ytterligare förbättringar omfattar effektivare regenereringssystem baserade på morfogenetiska regulatorer samt utvecklingen av multiplex genredigering, vilket gör det möjligt att modifiera flera gener samtidigt (Hodaei & Werbrouck, 2023). Dessa tekniska framsteg kan avsevärt öka effektiviteten i molekylära förädlingsprogram.

Vid tillämpning av CRISPR/Cas9-baserad genredigering är det dock viktigt att beakta risken för så kallade off-target-mutationer (He et al., 2024). Dessa mutationer uppstår när Cas9-enzymet klyver DNA vid sekvenser som liknar målsekvensen men inte är identiska. Studier har visat att graden av homologi mellan sgRNA och potentiella off-target-sekvenser är den viktigaste faktorn som påverkar förekomsten av sådana oavsiktliga mutationer (Hong et al., 2021). Noggrann design av guide-RNA samt användning av förbättrade Cas-varianter kan därför bidra till att minska denna risk.

Under de senaste åren har genomediteringstekniker även öppnat nya möjligheter att utveckla grödor som kan fungera som alternativ till traditionella genetiskt modifierade organismer (GMO), vars säkerhet och reglering länge har varit föremål för omfattande debatt. CRISPR/Cas9 möjliggör precisa mutationer i specifika gener utan att nödvändigtvis introducera permanent främmande DNA i växtens genom. De exogena transgener som ofta används vid *Agrobacterium*-medierad transformation – exempelvis gener som kodar för Cas9, sgRNA, promotorer och selektionsmarkörer – kan i efterföljande generationer avlägsnas genom genetisk segregation vid självbefruktning eller korsning (Hong et al., 2021). Detta innebär att de slutliga växtlinjerna i vissa fall inte innehåller något exogent genetiskt material, vilket har lett till att CRISPR-baserad genredigering i vissa sammanhang betraktas som ett potentiellt mer acceptabelt alternativ till tidigare GMO-tekniker.

Sammanfattningsvis visar denna genomgång att CRISPR/Cas9 har stor potential som verktyg för att modifiera blomningstid hos blåbärstry, även om kunskapen om artens specifika genetiska regleringsnätverk fortfarande är begränsad. Erfarenheter från andra växtarter visar dock att många centrala komponenter i blomningsregleringen är evolutionärt bevarade, vilket gör det rimligt att anta att liknande regulatoriska mekanismer även förekommer hos *Lonicera caerulea*. I ett initialt experimentellt arbete skulle det därför vara strategiskt att rikta in sig på gener vars funktion i blomningsregleringen är välbeskriven och där effekten av mutationer är relativt förutsägbar.

En möjlig kandidat är exempelvis *FLOWERING LOCUS T (FT)*, som fungerar som en central integrator i flera blomningsvägar och vars minskade aktivitet i många arter leder till senarelagd blomning. Eftersom de flesta kultiverade sorter av blåbärstry är tetraploida (Gerbrandt et al., 2017) kan valet av målgener påverka effektiviteten av CRISPR/Cas9-baserad genredigering. Gener som *FT*, som fungerar som centrala regulatorer i blomningsnätverket, kan vara särskilt lämpliga mål eftersom mutation i en begränsad andel av genkopiorna kan vara tillräcklig för att påverka blomningstiden.

Gener med repressiv funktion, såsom *TERMINAL FLOWER 1 (TFL1)* eller *FLOWERING LOCUS C (FLC)*, skulle också kunna utgöra intressanta mål beroende på vilken regulatorisk mekanism som visar sig dominera i blåbärstry. Sådana gener kan däremot kräva mutation i flera eller samtliga genkopior, vilket gör dem mer svårmodifierade i en polyploid art (Schaart et al., 2021).

För att identifiera den mest effektiva strategin krävs dock ytterligare funktionella studier av artens blomningsreglering. På längre sikt kan en kombination av genomredigering, molekylära analyser och traditionell växtförädling bidra till att utveckla blåbärstry som en mer robust och klimatanpassad gröda för nordliga odlingsystem.

Referenser

- Acquaah, G. (2020). *Principles of Plant Genetics and Breeding*. Wiley-Blackwell.
- Amasino, R. (2010). Seasonal and developmental timing of flowering. *The Plant Journal*. Vol. 61, s. 1001-1013. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2010.04148.x>
- Božek, M. (2012). The effect of pollinating insects on fruiting of two cultivars of *Lonicera caerulea* L. *Journal of Agricultural Science*. Vol. 56. <https://doi.org/10.2478/v10289-012-0018-6>
- Capovilla, G., Symeonidi, E., Wu, R., & Schmid, M. (2017). Contribution of major FLM isoforms to temperature-dependent flowering in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany*. Vol. 68, s. 5117-5127. <https://doi.org/10.1093/jxb/erx328>
- Charrier, A., Vergne, E., Dousset, N., Richer, A., Petiteau, A. & Chevreau, E. (2019). Efficient targeted mutagenesis in apple and first time edition of pear using the CRISPR-Cas9 system. *Frontiers*. Vol. 10 <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00040>
- Cheng, Z., Bao, Y., Li, Z., Wang, J., Wang, M., Wang, S., Wang, Y., Wang, Y. & Li, B. (2023). *Lonicera caerulea* (Haskap berries): a review of development traceability, functional value, product development status, future opportunities, and challenges. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. Vol. 63 (27), s. 8992–9016. <https://doi.org/10.1080/10408398.2022.2061910>
- Choi, S. H., Lee, M. H., Jin, D. M., Ju, S. J., Ahn, W. S., Jie, E. Y., Lee, J., Kim, C. Y. & Kim, S. W. (2021). TSA promotes CRISPR/Cas9 editing efficiency and expression of cell division-related genes from plant protoplasts. *International Journal of Molecular Science*. Vol. 22 <https://doi.org/10.3390/ijms22157817>
- Gerbrandt, E. M., Bors, R. H., Chibbar, R. N. & Baumann T. E. (2017). Spring phenological adaptation of improved blue honeysuckle (*Lonicera caerulea* L.) germplasm to a temperate climate. *Euphytica*. Vol. 2013. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1958-5>
- Gołba, M., Sokół-Łętowska, A. & Kucharska, A. Z. (2020). Health properties and composition of honeysuckle berry *Lonicera caerulea* L. An update on recent studies. *Molecules*. Vol. 25 (3), s. 749. <https://doi.org/10.3390/molecules25030749>
- Greenup, A., Peacock, W. J., Dennis, E. S. & Trevaskis, B. (2009). The molecular biology of seasonal flowering-responses in *Arabidopsis* and the cereals. *Annals of Botany*. Vol. 103, s. 1165-1172. <https://doi.org/10.1093/aob/mcp063>
- Guo, J., Zeng, L., Chen, H., Ma, C., Tu, J., Shen, J., Wen, J., Fu, T. & Yi, B. (2022). CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of *BnaCOL9* advances the flowering time of *Brassica napus* L. *International Journal of Molecular Sciences*. Vol. 23. <https://doi.org/10.3390/ijms232314944>
- Hassankhan, A., Rahemi, M., Ramshini, H., Sarikhani, S. & Vahdati, K. Flowering in Persian walnut: patterns of gene expression during flower development. (2020). *BMC Plant Biology*. Vol. 20 (136). <https://doi.org/10.1002/tpg2.20220>

- He, D., Zhou, R., Huang, C., Li, Y., Peng, Z., Li, D., Duan, W., Huang, N., Cao, L., Cheng, S., Zhan, X., Sun, L. & Wang, S. (2024). Improvement of flowering stage in *Japonica* rice variety Jiahe212 by using CRISPR/Cas9 system. *Plants*. Vol. 13 (15). <https://doi.org/10.3390/plants13152166>
- Hodaei, A. & Werbrouck, P. O. (2023). Unlocking nature's clock: CRISPR technology in flowering time engineering. *Plants*. Vol. 12. <https://doi.org/10.3390/plants12234020>
- Hong, J. K., Suh, E. J., Park, S. R., Park, J. & Lee, Y.-H. (2021). Multiplex CRISPR/Cas9 mutagenesis of *BrVRN1* delays flowering time in Chinese Cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). *Agriculture*. Vol. 11. <https://doi.org/10.3390/agriculture11121286>
- Kang, M., Keunsub, L., Finley, T., Chappel, H., Veena, V. & Wang, K. (2022). An improved *Agrobacterium*-mediated transformation and genome-editing method for maize inbred B104 using a ternary vector system and immature embryos. *Frontiers in Plant Science*. Vol. 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.860971>
- Martín-Valmaseda, M., Devin, S. R., Ortuño-Hernández, G., Pérez-Caselles, C., Mahdavi, S. M. E., Bujdoso, G., Salazar, J. A., Martínez-Gómez, P. & Alburquerque, N. (2023). CRISPR/Cas as a genome-editing technique in fruit tree Breeding. *International Journal of Molecular Sciences*. Vol. 24. <https://doi.org/10.3390/ijms242316656>
- Neuman, M. (2017). *Blåbärstry Lonicera caerulea: en ny bärgröda med potential?* Studentarbete, SLU. https://stud.epsilon.slu.se/9960/1/neuman_m_170123.pdf
- Pearse, W.D., Davis, C.C., Inouye, D.W., Primack, R.B., and Davies, T.J. (2017). A statistical estimator for determining the limits of contemporary and historic phenology. *Nature Ecology & Evolution*. Vol. 1, s. 1876–1882. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0350-0>
- Pillitteri, L. J., Lovatt, C. J. & Walling, L. L. (2004). Isolation and characterization of a terminal flower homolog and its correlation with juvenility in citrus. *Plant Physiology*. Vol. 133, s. 1540-1551. <https://doi.org/10.1104/pp.103.036178>
- Plekhanova M. N. (1996). Blue honeysuckle: a new berrycrop in Russia. Verksamhetsberättelse. *Balsgård, Avdelningen för Hortikulturell Växtförädling*. Vol. 1992-1994, s. 180-182.
- Plekhanova, M. N., (2000). Blue honeysuckle (*Lonicera caerulea* L.) - A new commercial berry crop for temperate climate: genetic resources and breeding. *Acta Horticulturae*. Vol. 538, s. 159-164. [doi:10.17660/ActaHortic.2000.538.25](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2000.538.25)
- Rafferti, N. E., Diez, J. M. & Bertelson C. D. (2020). Changing climate drives divergent nonlinear shifts in flowering phenology across elevations. *Current Biology*. Vol. 30, s. 432-442. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.11.071>
- Samach, A., Onouchi, H., Gold, S. E., Ditta, G. S., Schwarz-Sommer, M., Yanofsky, M., F. & Coupland, G. (2000). Distinct roles of *CONSTANS* target genes in reproductive development of *Arabidopsis*. *Science*. Vol. 288, s. 1613-1616 doi.org/10.1126/science.288.5471.1613.

- Schaart, J. G., van de Wiel, C. C. M. & Smulders, M. J. M. (2021). Genome editing of polyploid crops: prospects, achievements and bottlenecks. *Genome editing in plants*. Vol. 30, s. 337-351. <https://doi.org/10.1007/s11248-021-00251-0>
- Shamjetsabam, N. D., Rana, R., Malik, P. & Ganguly, N. K. (2024). CRISPR/Cas9: an overview of recent developments and applications in cancer research. *International Journal of Surgery*. Vol. 110, s. 6198-6213. <https://doi.org/10.1097/JS9.0000000000001081>
- Shin, Y.-H. & Park, Y.-D. (2022). CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of *BrLEAFY* delays the bolting time in chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). *International Journal of Molecular Science*. Vol. 24 <https://doi.org/10.3390/ijms24010541>
- Sobkowicz, K., Szewczyk, A., Ornat, B. & Bedra-Tokarz, M. (2021). Cultivation, chemical constituents and utilization of *Lonicera caerulea* L. (Blue Honeysuckle) in Poland. *Medicinal Plants*. Vol. 28, s. 357–381. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-74779-4>
- Svarcova, I., Heinrich, L. & Valentova, K. (2007). *Berry fruits as a source of biologically active compounds: the case of Lonicera caerulea*. *Biomedical Papers*. Vol. 151 (2), s. 163-174 <https://doi.org/10.5507/bp.2007.031>
- Taiz, L., Moller, I. M., Murphy, A. & Zeiger, E (2015). *Plant Physiology and Development*. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts.
- Thompson, M. M., 2006. Introducing haskap, Japanese blue honeysuckle. *Journal of American Pomological Society*. Vol. 60, s. 164-168.
- Thomson, M. M. & Barney, D. L. (2007). Evaluation and breeding of haskap i North America. *Journal of the Americal Pomological Society*. Vol. 61 (1), s. 25-33. <https://doi.org/10.71318/apm.2007.61.1.25>
- Upton, T. (2021). Can horticulturists save the world? A reflection on the curation of plant collectors. *Sibbaldia The International Journal of Botanic Garden Horticulture*. <https://doi.org/10.24823/Sibbaldia.2021.354>
- Wickland, D. P. & Hanzawa, Y. (2015). The *FLOWERING LOCUS T/TERMINAL FLOWER 1* gene family: functional evolution and molecular mechanisms. *Molecular Plant*. Vol. 8, s. 983-997. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2015.01.007>
- Wolabu, T. W., Mahmood, K., Jerez, I. T., Cong, L., Yun, J., Udvardi, M., Tadege, M., Wang, Z. & Wen, J. (2023). Multiplex CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of alfalfa *FLOWERING LOCUS Ta1* (*MsFTa1*) leads to delayed flowering time with improved forage biomass yield and quality. *Plant Biotechnology Journal*. Vol. 21, s. 1383-1392. <https://doi.org/10.1111/pbi.14042>
- Uranga, M. & Daròs, J.-A. (2022). Tools and targets: The dual role of plant viruses in CRISPR-Cas genome editing. *The Plant Genome*. Vol. 16. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20220>
- Yu, Z., Chen, Y., Zhang, P., Shi, N. & Hong, Y. (2022). Mobile *Flowering Locus TRNA* – biological relevance and biotechnological potential. *Frontiers in Plant Science*. Vol. 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.792192>

Regeringskansliet. (2025). *Livsmedelsstrategi 2.0 – En uppdaterad strategi för en konkurrenskraftig svensk livsmedelskedja*. Stockholm: Regeringskansliet.
Tillgänglig: <https://www.regeringen.se> (hämtad 9 mars 2026).

Publicering och arkivering

Godkända självständiga arbeten (examensarbeten) vid SLU kan publiceras elektroniskt. Som student äger du upphovsrätten till ditt arbete och behöver i sådana fall godkänna publiceringen. I samband med att du godkänner publicering kommer SLU även att behandla dina personuppgifter (namn) för att göra arbetet sökbart på internet. Du kan närsomhelst återkalla ditt godkännande genom att kontakta biblioteket.

Även om du väljer att inte publicera arbetet eller återkallar ditt godkännande så kommer det arkiveras digitalt enligt arkivlagstiftningen.

Du hittar länkar till SLU:s publiceringsavtal och SLU:s behandling av personuppgifter och dina rättigheter på den här sidan:

- <https://libanswers.slu.se/sv/faq/228316>

JA, jag, Victoria Hansson, har läst och godkänner avtalet för publicering samt den personuppgiftsbehandling som sker i samband med detta

NEJ, jag/vi ger inte min/vår tillåtelse till att publicera fulltexten av föreliggande arbete. Arbetet laddas dock upp för arkivering och metadata och sammanfattning blir synliga och sökbara.