

# Framtidens träd och träråvara



Ove Nilsson

Umeå Plant Science Centre

Institutionen för skoglig genetik och växtfysiologi

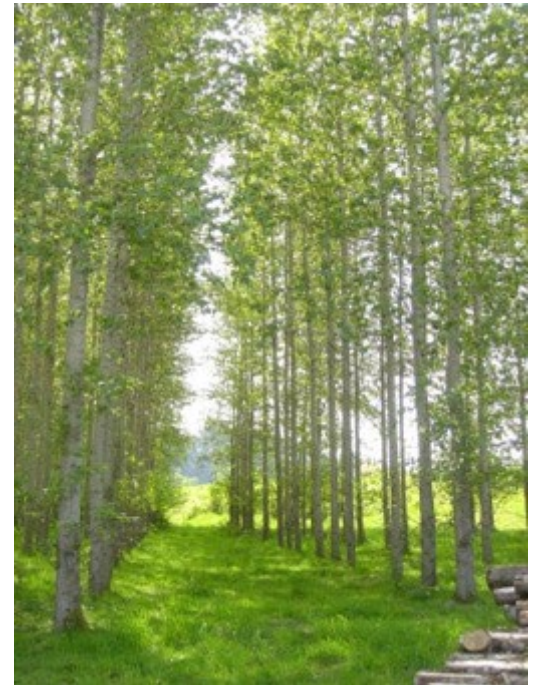
SLU

# Vi har stora utmaningar framför oss!

- Befolkningstillväxten
- Klimatförändringar
- Omställning från fossila bränslen/råvaror till förnybara koldioxidneutrala råvaror
- Hotad biodiversitet
- Stor press på våra skogar

# Slutsatsen är klar

- Vi kommer att behöva producera mer biprodukter med råvara från samma eller mindre mängd land än idag och med träd som klarar ett förändrat klimat.
- Våra skogar är hotade!
  - Torka
  - Insekter
  - Sjukdomar
- Vi behöver bättre anpassade träd!



# Den Biologiska Revolutionen

Arvsmassorna (genomen) kartläggs

År  
2000



Arabidopsis

År  
2006



Poppel/Asp  
(UPSC + USA)  
KAW

År  
2013



Gran  
(UPSC+KTH)  
KAW

År  
2014



Eukalyptus

# Gran 3.0, Tall 1.0

## KAW Barrträdsgenomik. (2019-2024)



Ove Nilsson, UPSC



Harry Wu, UPSC



Pär Ingvarsson, SLU



Nathaniel Street, UPSC



Ellen Sherwood, SciLifeLab



Björn Nystedt, SciLifeLab

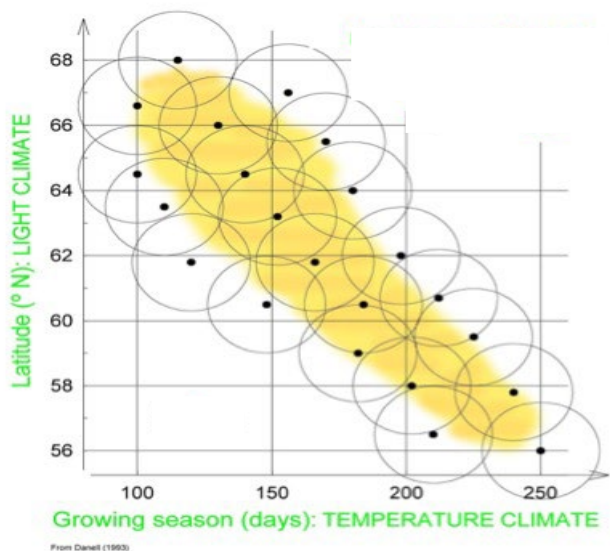


Ulf Gyllensten, SciLifeLab



# KAW Barrträdsgenomik

Har kartlagt granens och tallens arvsmassor i detalj (Granen 10000x bättre än 2013)



Kartlagt arvsmassorna hos 1000 granar och 600 tallar (!)

Kartlägger Skogforsks förädlingspopulationer för genomisk selektion (10000 gran, >5000 tall)

Utökad karakterisering av rotröte- och snytbaggeresistens

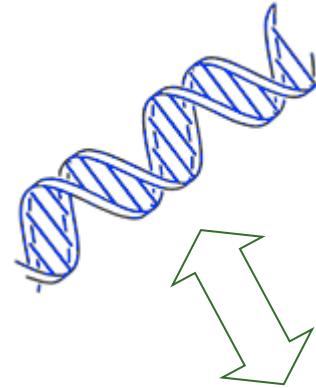
Uthålligare och mer adaptivt skogsbruk som bättre kan möta snabba förändringar i klimat och sjukdomar/insektsangrepp

Kommer att revolutionera den operativa trädförädlingen!

# Hur kan vi utnyttja kunskapen om arvsmassorna?

Koppla gener till funktion

Genmodifiering/redigering



Effektivare klassisk förädling

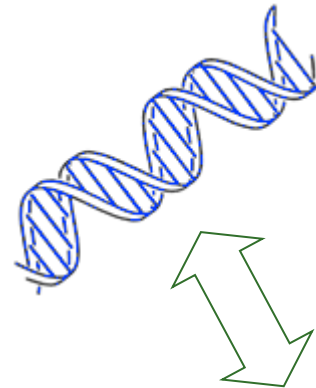


# Hur kan vi utnyttja kunskapen om arvsmassorna?

Koppla gener till funktion

KAW Skogsbioteknik

Genmodifiering/redigering



KAW Barrträdsgenomik

Effektivare klassisk förädling



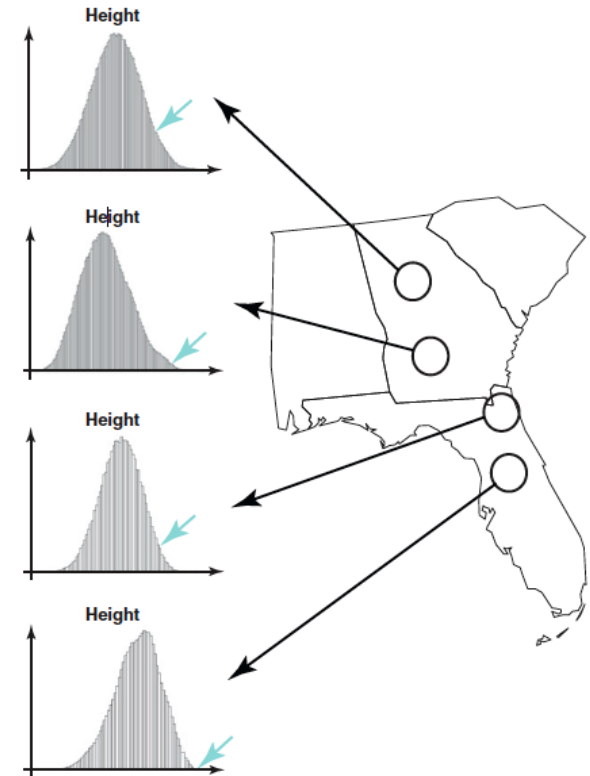
# Genomisk Selektion (GS) kommer att revolutionera barrträdsförädlingen

Egenskaper hos tusentals träd kopplas till en karakterisering av variationen i ALLA gener

Modeller kan förutsäga vilka egenskaper ett visst träd kommer att få och vilka som blir de bästa föräldrarna i ett förädlingsprogram

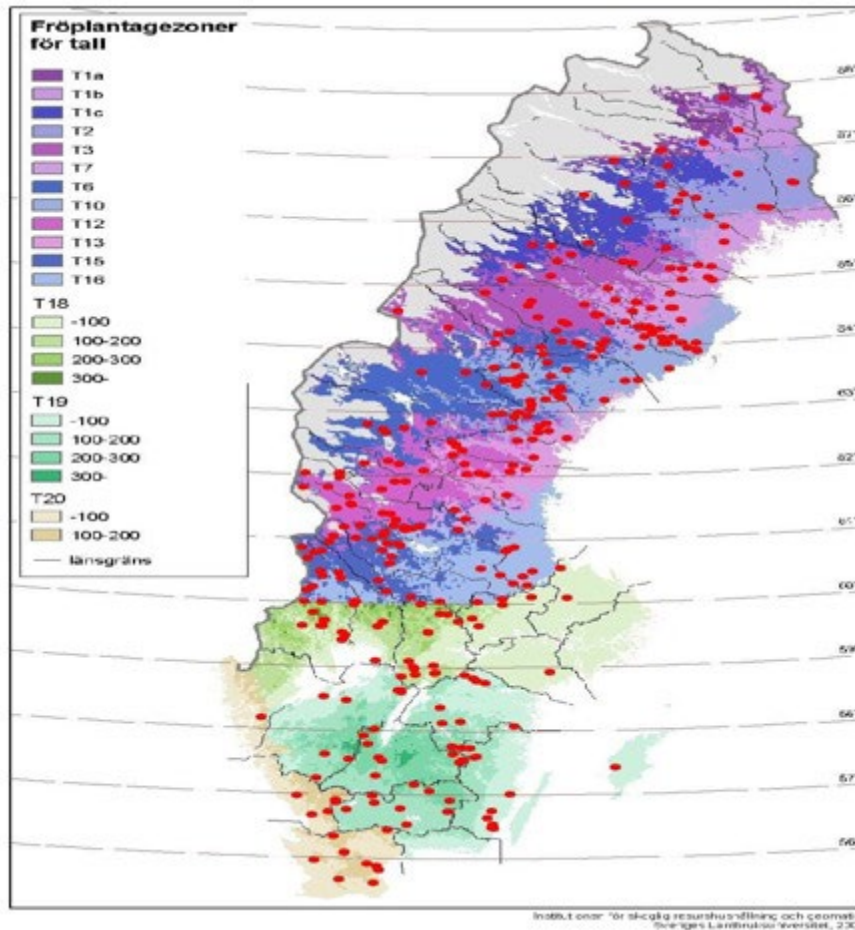
Tillåter mycket effektivare urval och sparar tid eftersom fält-tester inte behövs.

Speciellt lämpligt för träd med lång generationstid och komplexa egenskaper (= tall och gran)

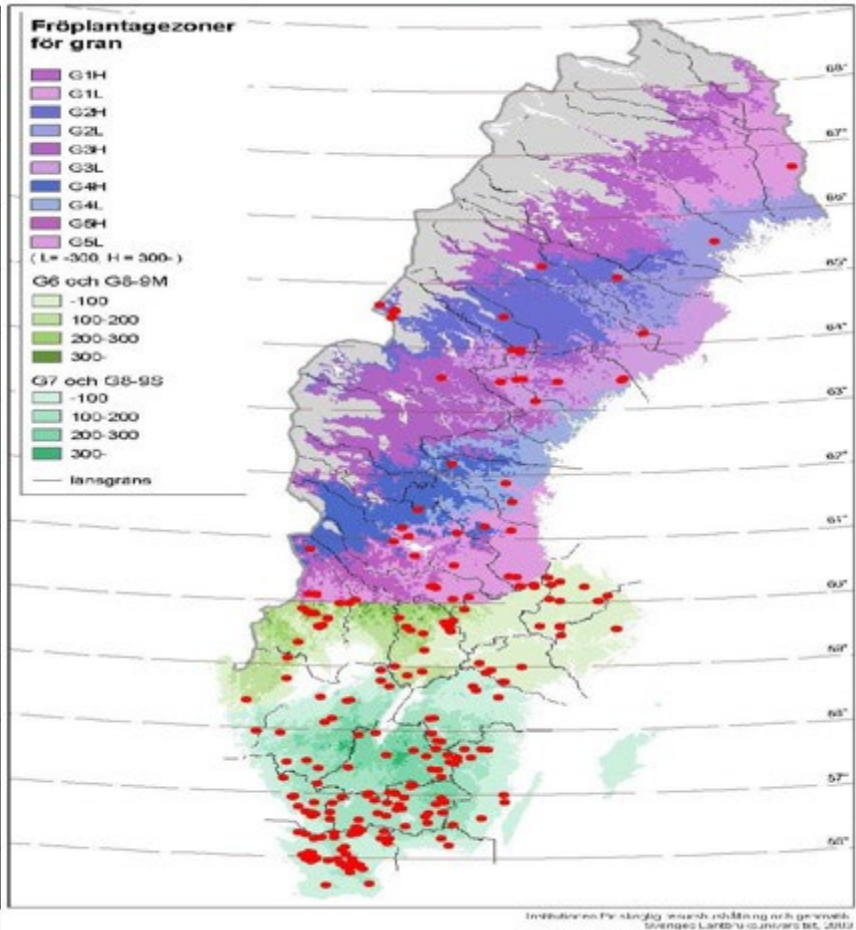


TRENDS in Plant Science

# Sverige har världsunika förutsättningar

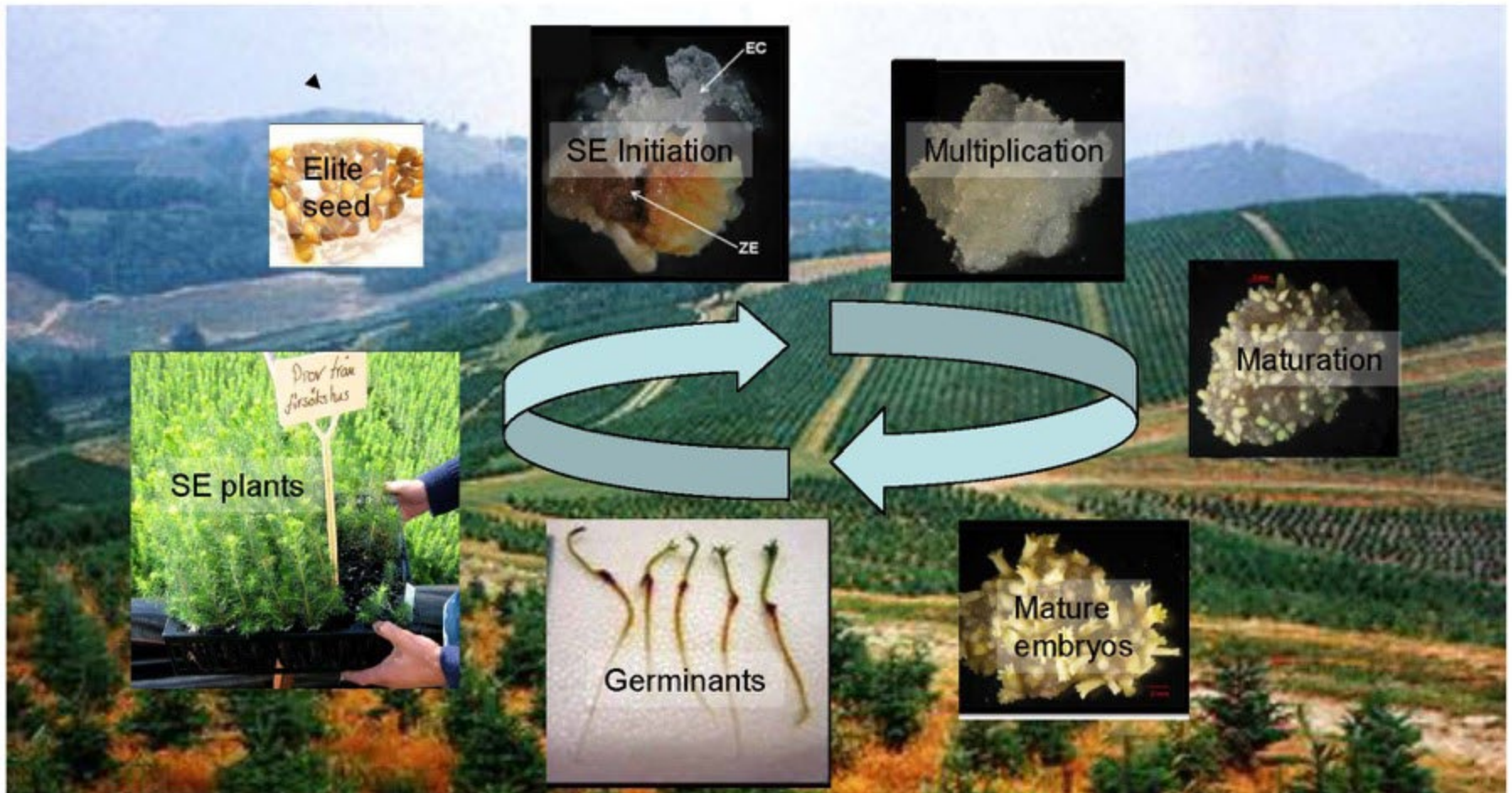


Tall 430 fältförsök

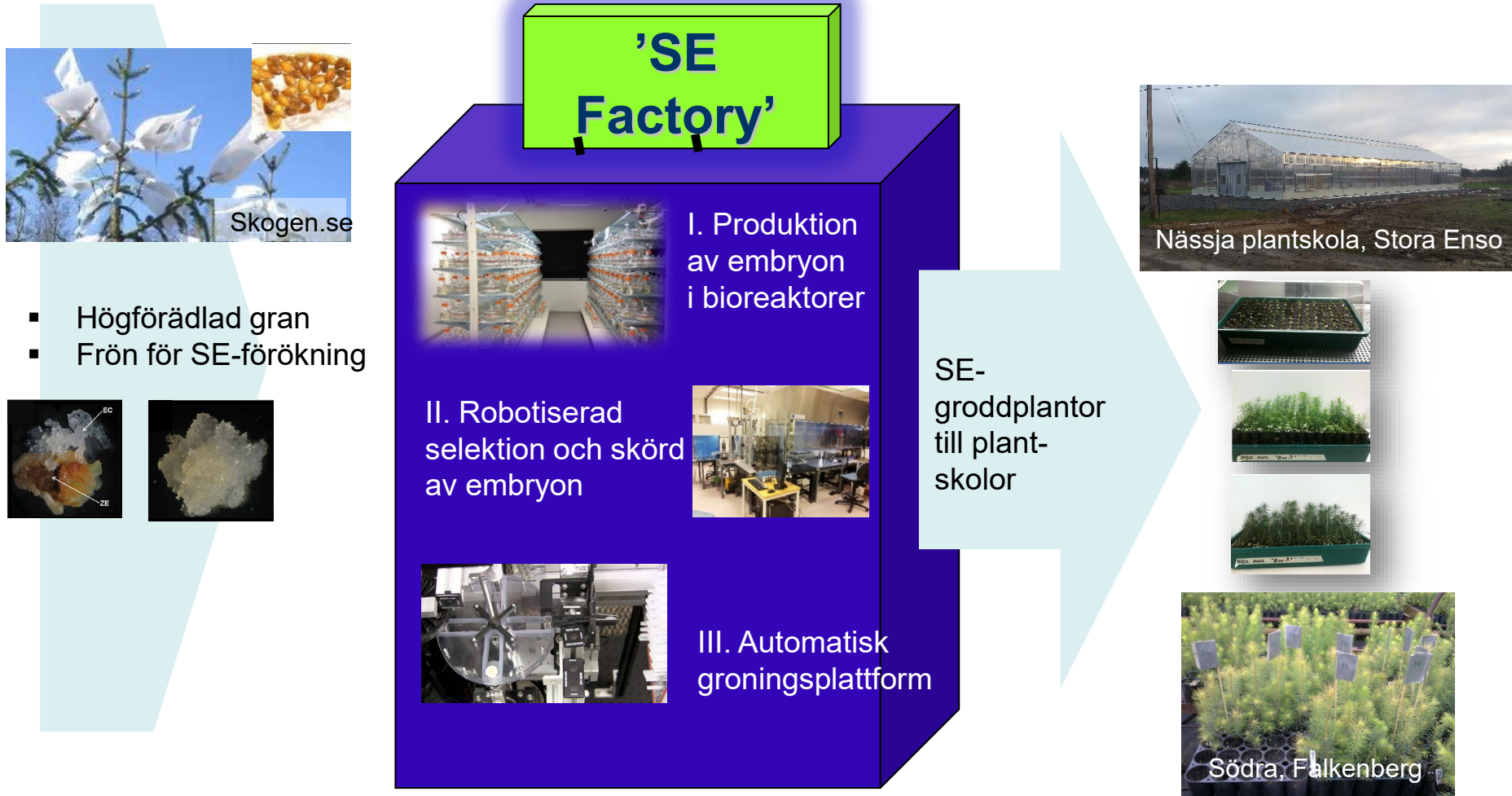


Gran 690 fältförsök

# Somatisk embryogenes (SE) för att ytterligare snabba på processen!



# Automatisering av SE-processen

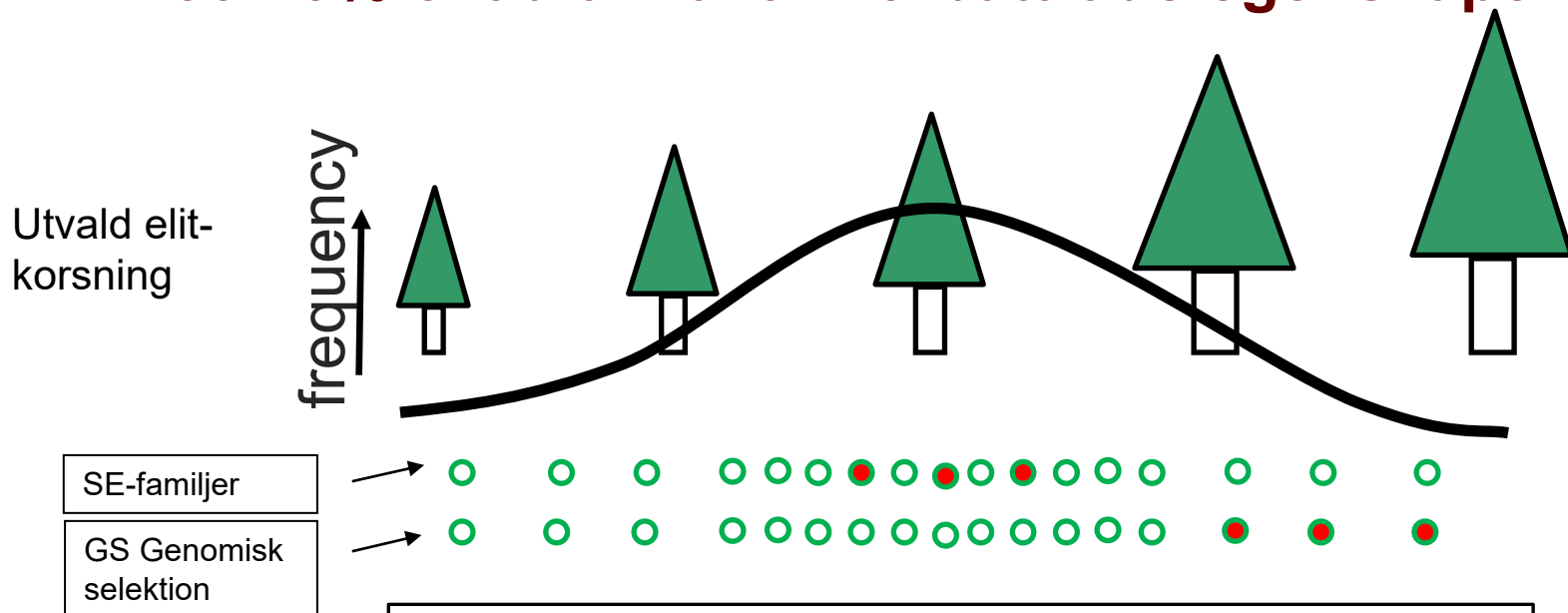


**Första pilotfabriken för >100k plantor/år klar 2023**

# Somatisk embryogenes tillsammans med GS ökar förädlingsvärdena ytterligare



**30-40% ökad tillväxt + förbättrade egenskaper**



- SE: Familjeförökning: +15-20% i tillväxt

- GS kan ge +15-20% extra tillväxt och/eller:
- T.ex. ökad motståndskraft mot sjukdomar eller insektsangrepp.