



Sundhet hos utsäde

Gränsvärden, metoder och beredskap

André Åbonde, Björn Andersson, Hanna Friberg,
Anders Kvarnheden och Anna Berlin

Sveriges Lantbruksuniversitet, SLU
2026



Sundhet hos utsäde. Gränsvärden, metoder och beredskap.

André Ábonde, <https://orcid.org/0009-0003-2760-9270>, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för skoglig mykologi och växtpatologi

Björn Andersson, <https://orcid.org/0000-0002-7756-6534>, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för Skoglig mykologi och växtpatologi

Hanna Friberg, <https://orcid.org/0000-0003-3181-1597>, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för skoglig mykologi och växtpatologi

Anders Kvarnheden, <https://orcid.org/0000-0001-9394-7700>, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för växtbiologi

Anna Berlin, <https://orcid.org/0000-0002-9518-5719>, Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för skoglig mykologi och växtpatologi

Nyckelord: utsäde, sundhet, utsädesburna sjukdomar, gränsvärden, sundhetsanalys, analysmetoder, livsmedelsberedskap

© 2026 André Ábonde, Björn Andersson, Hanna Friberg, Anders Kvarnheden och Anna Berlin. Detta verk är licensierat under CC BY, andra licenser eller upphovsrätt kan gälla för illustrationer.

DOI: <https://doi.org/10.54612/a.5i5eftuhhi>

ISBN: 978-91-8124-160-0

Framsida: Vetekärnor (sort Brons) som väntar spánt på sundhetsanalys. Foto: Anna Berlin.

Förord

Sverige är ett av få länder som tillämpar behovsanpassad betning av utsäde i jordbruksgrödor. Det är en viktig del i Sveriges arbete med att tillämpa ett integrerat växtskydd (IPM). Metodutvecklingen för att identifiera och kvantifiera olika sjukdomar går snabbt framåt men de metoder som används för utsädesanalys har inte förändrats på flera årtionden. I ett förändrat omvärldsläge, med ökad osäkerhet kring handel, tillgång till insatsmedel och klimatrelaterade risker, har frågor om utsädeskvalitet och försörjningsberedskap fått ökad betydelse. Detta har föranlett Jordbruksverket att initiera föreliggande rapport.

Syftet är att bidra med ett samlat kunskapsunderlag kring hur gränsvärden och analysmetoder för utsädesburna sjukdomar påverkar möjligheten att säkerställa tillgången till sunt utsäde, både under normala förhållanden och vid kriser i samhället. Rapporten ska även utgöra ett stöd i det fortsatta arbetet med att utveckla och vid behov uppdatera befintliga regelverk och arbetsätt.

Rapporten har sammanställts av André Åbonde, Björn Andersson, Hanna Friberg, Anders Kvarnheden och Anna Berlin. Författarna ansvarar för de analyser och slutsatser som presenteras. SLU som helhet kan därför inte per automatik anses stå bakom rapportens slutsatser.

Sammanfattning

Friskt utsäde är en förutsättning för god skörd. Samtidigt utgör utsäde en effektiv spridningsväg för växtpatogener, både mellan odlingssäsonger och geografiska områden. Därför är certifiering av utsäde, inklusive sundhetstest, en viktig del av det integrerade växtskyddet. I princip allt utsäde som saluförs ska vara certifierat och uppfylla fastställda krav på sundhet. Utsädesburna sjukdomar påverkar grobarhet, etablering av grödan, skörd och kvalitet. Smittans placering i fröet och dess biologiska beteende avgör hur den analyseras, vilka gränsvärden som tillämpas och om behandling är möjlig.

I Sverige används kvantitativa gränsvärden främst för utsädesburna svampar i fröburna grödor. För bakterier, virus och nematoder är det istället vanligare med krav på frihet från förekomst, enligt EU:s växtskyddslagstiftning. Gränsvärdena används som beslutsunderlag för certifiering, krav på behandling eller rekommendationer om att inte använda utsädet. Dessa gränsvärden skiljer sig mellan grödor, sjukdomar och certifieringsklasser, och deras funktion varierar från absoluta förbud till rådgivande riktlinjer. De flesta gränsvärden som används i Sverige togs fram under 1970- och 1980-talen. Sedan dess har odlingsystem, klimat, patogenförekomst och tillgängliga behandlingsmetoder förändrats, vilket innebär att många gränsvärden inte längre är anpassade till dagens förhållanden.

Sundhetsanalyser bygger i dag huvudsakligen på traditionella odlingsbaserade metoder, såsom agar-, filterpappers-, embryo-, osmos- och tvättmetoder. Dessa är väl beprövade, kostnadseffektiva och tillförlitliga för rutinanalyser, men de är ofta tidskrävande, beroende av mykologisk expertis och kan ha begränsad känslighet vid låg smittograd. Nya metoder, särskilt molekyllära, erbjuder högre känslighet och snabbare analys, men kan inte alltid skilja mellan livskraftigt och icke-livskraftigt patogenmaterial. Därför bedöms de i nuläget främst vara lämpliga som komplement till befintliga metoder.

En uppdatering av gränsvärden bör ske genom en tydlig och systematisk metodik. Gränsvärden måste balansera biologisk risk och ekonomisk konsekvens, samt ta hänsyn till tillgängliga behandlingsmöjligheter. Denna metodik bör omfatta val av lämplig analysmetod, biologiskt relevant definition av smittograd, kontrollerade fleråriga fältförsök samt identifiering av den smittnivå där effekter på etablering, sjukdomsutveckling och skörd blir tydliga.

I ett beredskapsperspektiv framstår Sveriges utsädesförsörjning som delvis sårbar. Landet är beroende av import för vissa grödor och för viktiga insatsvaror och analyser.

Ett långsiktigt hållbart system för sundhetskontroll av utsäde är avgörande för växtskydd, skördens kvalitet och Sveriges livsmedelsförsörjning i såväl normalläge som vid kris. Rapporten identifierar tre övergripande behov: uppdaterade och vetenskapligt förankrade gränsvärden som speglar dagens odlingsförhållanden, ett ändamålsenligt utnyttjande av både befintliga och nya analysmetoder, och vikten av ett nationellt system för utsädesdiagnostik och produktion i händelse av kriser.

Nyckelord: utsäde, sundhet, utsädesburna sjukdomar, gränsvärden, sundhetsanalys, analysmetoder, livsmedelsberedskap

Summary

Healthy seeds are essential for achieving high-quality yields. At the same time, seeds constitute an effective pathway for the spread of plant pathogens, both between growing seasons and across geographical areas. Seed certification, including seed health testing, therefore plays a vital role in integrated plant protection. In principle, all seeds placed on the market must be certified and meet established seed health requirements. Seed-borne diseases affect germination, crop establishment, yield, and quality. The location of the infection within the seed and its biological behaviour determine how it is analysed, which threshold values are applied, and whether treatment is possible.

In Sweden, quantitative threshold values are mainly applied to seed-borne fungal diseases in seed-propagated crops. For bacteria, viruses, and nematodes, EU plant health legislation generally requires seeds to be free from infection. Threshold values are used as a basis for decisions on certification, treatment requirements or recommendations not to use the seed. These thresholds vary between crops, diseases and certification classes, and their function ranges from absolute prohibitions to advisory guidelines. Most of the threshold values currently used in Sweden were developed in the 1970s and 1980s. Since then, cultivation systems, climate, pathogen occurrence and available treatment options have changed, meaning that many threshold values are no longer fully adapted to current conditions.

Seed health testing is currently based primarily on traditional culture-based methods, such as agar, filter paper, embryo, osmosis and washing methods. These methods are well established, cost-effective and reliable for routine analyses, but they are often time-consuming, dependent on mycological expertise and may have limited sensitivity at low infection levels. New methods, particularly molecular techniques, offer higher sensitivity and faster analysis, but cannot always distinguish between viable and non-viable pathogen material. Consequently, they are currently considered mainly suitable as a complement to existing methods.

Threshold values should be updated using a clear and systematic methodology. Such values must balance biological risk and economic consequences, while taking available treatment options into account. This methodology should include the selection of appropriate analytical methods, a biologically relevant definition of infection level, controlled multi-year field trials, and identification of the infection level at which effects on crop establishment, disease development and yield become evident.

From a preparedness perspective, Sweden's seed supply appears partly vulnerable. The country relies on imports for certain crops, as well as for key inputs and analytical services.

A long-term, sustainable system for seed health is essential for effective plant protection, crop quality and Sweden's food supply, both under normal conditions and in times of crisis. The report identifies three key needs: updated and scientifically grounded threshold values that reflect current growing conditions; effective use of both existing and alternative analytical methods; and the importance of a national capacity for seed diagnostics and production in the event of a crisis.

Keywords: seed, seed health, seed-borne diseases, threshold values, seed health testing, diagnostic methods, food security and preparedness

Innehållsförteckning

| | |
|---|-----------|
| Tabellförteckning | 9 |
| Figurförteckning | 10 |
| Förkortningar | 11 |
| Inledning | 12 |
| Utsädesburna sjukdomar | 14 |
| 1.1 Utsädesburna sjukdomar hos fröburna grödor..... | 14 |
| 1.2 Utsädesburna sjukdomar hos potatis | 16 |
| Gränsvärden för sundhetsanalyser | 18 |
| 2.1 Våra grannländers och Estlands gränsvärden för sundhetsanalyser | 18 |
| 2.2 Tänkbara orsaker till skillnader mellan länderna | 21 |
| 2.3 Behov av uppdatering av gränsvärden | 23 |
| Dagens analysmetoder och möjliga alternativ | 24 |
| 3.1 Dagens analysmetoder..... | 25 |
| 3.2 Möjliga alternativ till dagens metoder | 26 |
| 3.2.1 Molekylära metoder..... | 27 |
| 3.2.2 Immunologiska metoder | 30 |
| 3.2.3 Sensor- och bildbaserade metoder | 31 |
| 3.2.4 Implementering av alternativa metoder | 32 |
| 3.3 Jämförelse av analysmetoder..... | 33 |
| 3.4 Sammanfattande bedömning av analysmetoder..... | 35 |
| Metodik för uppdatering av gränsvärden | 37 |
| 4.1 Biologisk bakgrund till smittograd | 37 |
| 4.2 Principer för fastställande av gränsvärden | 38 |
| 4.3 Fördjupande exempel som illustrerar processen | 40 |
| 4.4 Föreslagen metodik för att ta fram nya gränsvärden | 41 |
| Tillgången på sunt utsäde i händelse av kris | 44 |
| 5.1 Övergripande beroende av importerat utsäde | 44 |
| 5.2 Analysberoenden och diagnostisk säkerhet | 45 |
| 5.3 Åtgärder för att minska sårbarheten..... | 46 |
| Slutsatser | 48 |
| Referenser | 50 |
| Bilaga 1. Översikt av utsädesburna sjukdomar | 57 |

Tabellförteckning

| | |
|--|----|
| Tabell 1. Sammanställning av utsädesburna svampsjukdomar hos fröburna grödor relevanta för sundhetsanalys i Sverige | 16 |
| Tabell 2. Gränsvärden för sundhetsanalyser av utsäde för utsädesburna sjukdomar på spannmål, trindsäd och lin, i nordiska länder och Estland | 19 |
| Tabell 3. Jämförelse av dagens analysmetoder med möjliga alternativa metoder för utsädesburna svampsjukdomar | 34 |

Figurförteckning

| | |
|---|----|
| Figur 1. Principer för fastställande av gränsvärden | 39 |
| Figur 2. Metodiken för att ta fram nytt gränsvärde..... | 42 |

Förkortningar

| Förkortning | Term |
|-------------|---|
| DAS-ELISA | Double Antibody Sandwich-ELISA |
| ddPCR | Digital droplet PCR |
| dPCR | Digital PCR |
| ELISA | Enzyme-Linked Immunosorbent Assay |
| FCM | Flow cytometry |
| FSS | Farm-saved seed |
| HSI | Hyper-spectral imaging (sv. Hyperspektral avbildning) |
| ISTA | International Seed Testing Association |
| LAMP | Loop-mediated Isothermal Amplification |
| MARPLE | Mobile and Real-time, PLant disEase |
| mPCR | Multiplex PCR (sv. Multiplex-PCR) |
| NGT | Nya genomiska tekniker |
| PBTC | Pre-basic tissue culture |
| PCR | Polymerase Chain Reaction |
| qPCR | Quantitative PCR/ Real-time PCR (sv. Realtids PCR) |
| SVA | Statens veterinärmedicinska anstalt |

Inledning

Med sundhet hos utsäde menas förekomsten av utsädesburna sjukdomar, som är en viktig kvalitetsparameter hos utsäde. Bedömning av sundhet har en lång tradition inom svensk utsädesproduktion och förekom redan i slutet av 1800-talet (Esbo 1975). Eftersom utsäde är ett effektivt spridningssätt för växtpatogener, både genom att introducera dem till nya områden och genom att möjliggöra deras överlevnad mellan odlings säsonger (Kumar & Gupta 2020), har regler utvecklats för att motverka sådan spridning. Enligt Utsädesförordningen (SFS 2000:1330) ska i princip allt utsäde som saluförs i Sverige vara certifierat och därigenom uppfylla krav på bland annat sundhet.

Sundhetsanalyser görs för att avgöra om utsädet uppfyller kraven för certifiering direkt, om resultatet medför krav eller rekommendation om behandling¹, eller om partiet ska nekas certifiering. Detta sker genom att jämföra analysresultaten med fastställda gränsvärden, så kallade betningströsklar, som anger vid vilken smittograd kraven träder i kraft. På så sätt utgör sundhetsanalyserna beslutsunderlaget för val av behandlingsmetod och nivå av insats, och är en grundläggande åtgärd inom hållbart växtskydd som bidrar till att säkerställa både hög skörd och god kvalitet (Jordbruksverket 2025f).

De flesta gränsvärden som används vid sundhetsanalyser i Sverige togs fram vid SLU under 1970- och 1980-talen. Sedan dess har både odlingsförhållanden, tillgängliga behandlingsmetoder och förekomsten av patogener förändrats, vilket tillsammans med ny kunskap och utveckling av analysmetoder innebär att gränsvärdena behöver uppdateras för att bättre spegla dagens förutsättningar. För att detta ska kunna ske på ett systematiskt sätt krävs en tydlig metodik för hur gränsvärdena regelbundet kan utvärderas och revideras. Dessutom skiljer sig gränsvärden mellan våra grannländer utan att orsakerna till dessa skillnader är klarlagda (Växtskyddsrådet 2024).

¹ I denna rapport används termen *behandling* för alla åtgärder som syftar till att sanera utsäde. Traditionellt används begreppet *betning* för kemisk behandling av utsäde, men eftersom även biologiska och termiska metoder numera tillämpas används här det mer neutrala och samlande begreppet *behandling* (Jordbruksverket 2025f).

Behovet av sunt utsäde hänger nära ihop med växtodlingens centrala roll i livsmedelssystemet. Växtodling utgör grunden för all livsmedelsproduktion (Fogelfors 2023), och all växtodling börjar med sådd av utsäde (Finch-Savage & Bassel 2016). Ett sunt utsäde är därmed inte bara en förutsättning för en hög och stabil skörd, utan är också kärnan i Sveriges livsmedelsförsörjning och beredskap. Tillgången till sunt utsäde är avgörande för möjligheten att upprätthålla inhemsk produktion vid kriser. En bevarad kompetens och kontroll över utsädesproduktion är därför strategiskt betydelsefull för landets långsiktiga livsmedelssäkerhet.

Enligt en rapport från Växtskyddsrådet (2024) har dock den nationella kompetensen inom utsädesbehandling och sundhetsanalyser successivt minskat. Rapporten framhåller behovet av en samlad nationell organisation med ansvar för att följa utsädets sundhet, analysera trender och utvärdera behandlingsmetoders effektivitet. För närvarande finns resultaten från sundhetsanalyser endast i separata register hos olika analysföretag, vilket innebär att det saknas en nationellt samlad bild av sundheten hos det inhemska producerade utsädet.

Mot denna bakgrund framträder ett tydligt behov av att stärka den nationella kunskapen och samordningen kring sundhetsanalyser av utsäde. Föreliggande rapport inleds med en bakgrund om utsädesburna sjukdomar och de faktorer som påverkar deras spridning och analys. Därefter följer en genomgång av de gränsvärden som tillämpas i Sverige och närliggande länder, samt en samlad bild av dagens metoder för sundhetsanalyser och möjliga alternativ till dessa. Vidare diskuteras den metodik som kan användas för att uppdatera befintliga gränsvärden. Slutligen genomförs en riskanalys av tillgången på sunt utsäde vid händelse av kris. Rapporten består av fyra huvudsakliga delar: 1) gränsvärden för sundhetsanalyser, 2) dagens analysmetoder och möjliga alternativ, 3) metodik för uppdatering av gränsvärden, samt 4) tillgången på sunt utsäde vid händelse av kris.

Utsädesburna sjukdomar

Utsädesburna sjukdomar utgör en grundläggande utmaning inom växtodling eftersom de kan påverka både grobarhet, plantetablering och skördens kvalitet (Gebeyaw 2020). Begreppet *utsädesburen* används dock inte alltid konsekvent, och det finns flera närliggande definitioner. Enligt den internationella standarden ISPM 38 och ISTA definieras en **utsädesburen skadegörare** (seed-borne pest) som en skadegörare som bärs av fröet, antingen på ytan eller inuti, och som kan men inte nödvändigtvis behöver överföras till plantan som växer från det fröet. En **utsädesöverförd skadegörare** (seed-transmitted pest) är däremot en sådan som alltid överförs direkt via fröet till den planta som växer från det fröet. Därutöver finns organismer som inte infekterar själva fröet men som kan följa med utsädet och därefter spridas till nya områden. I dessa fall fungerar **utsädet som spridningsväg** (seed as a pathway), snarare än en direkt smittkälla (IPPC 2017; Denancé & Grimault 2022). Mjöldryga (*Claviceps purpurea*) är ett sådant exempel, den är inte biologiskt utsädesburen, men sklerotier kan förekomma som förorening i utsädespartier och spridas vid sådd, och kan praktiskt betraktas som utsädesburen i bemärkelsen ”seed as a pathway” (Neergaard 1977; Växtskyddsrådet 2024).

I växten kan infektionen utvecklas på olika sätt. Systemiska infektioner innebär att patogenen sprider sig inuti plantan från en lokal infektionspunkt, vilket gör att hela växten infekteras. Sekundära infektioner uppstår däremot när patogenen sprids vidare mellan plantor under växtsäsongen, exempelvis genom luftburna sporer. Utsädesburna sjukdomar kan således beskrivas utifrån två biologiska perspektiv, var smittan sitter, på fröets yta eller inuti kärnan, och hur infektionen utvecklas i växten, antingen systemiskt eller sekundärt. Dessa egenskaper påverkar både analysmetod, gränsvärden och möjligheten till behandling, och förklarar delvis varför gränsvärden skiljer sig mellan olika sjukdomar (Neergaard 1977).

1.1 Utsädesburna sjukdomar hos fröburna grödor

Hos fröburna grödor är det endast utsädesburna svampsjukdomar som i dagsläget har fastställda gränsvärden i Sverige. För bakterier, virus och nematoder gäller istället att vissa reglerade arter omfattas av krav på frihet från förekomst enligt EU:s växtskyddslagstiftning. Det innebär att dessa organismer inte ska kunna påvisas vid

analys, snarare än att uppfylla ett specificerat gränsvärde. I praktiken är det därför endast för svampsjukdomar som kvantitativa gränsvärden används vid sundhetsanalys och certifiering av utsäde (Jordbruksverket 2025f).

De flesta utsädesburna svamppatogenerna sitter som mycel (vilmycel) eller sporer på fröets yta eller i de yttre delarna av kärnan, och betraktas därmed som **ytburen smitta**. Exempel är bladfläcksjuka (*Pyrenophora* spp.), bipolaris (*Bipolaris sorokiniana*), strimsjuka (*Pyrenophora graminea*), brunfläcksjuka (*Parastagonospora nodorum*), snömögel (*Microdochium* spp.), samt stinksot (*Tilletia caries*) och dvärgstinksot (*T. controversa*). En mindre grupp svamppatogener infekterar istället insidan av fröet, som vilmycel innanför fröskalet eller i embryot, och betraktas som **inre infektioner**. Ett typiskt exempel är flygsot i korn (*Ustilago nuda*), där smittan infekterar blomman och växer in i kärnan. En tredje kategori består av svamppatogener som både kan sitta **på inre och yttre delar**, exempelvis fusarioser (*Fusarium* spp.), som kan infektera kärnan men också förekomma på fröets yta (Jordbruksverket 2025f).

Tabell 1 ger en översikt över de utsädesburna svampsjukdomar för vilka gränsvärden tillämpas i Sverige. För varje sjukdom redovisas placering i fröet, typ av utsädesrelaterad smitta, eventuell internationell reglering samt de analysmetoder som används i Sverige. Skillnaderna i smittans placering och överföringssätt påverkar val av provtagnings- och analysmetod. Invärtes smitta kräver mer destruktiva metoder, som embryometoden, medan ytburen smitta i regel kan påvisas med tvätt- eller pappersmetoder. Mjöldryga utgör ett specialfall eftersom sklerotierna är makroskopiskt synliga och därför kan detekteras genom visuell (okulär) bedömning.

Tabell 1. Sammanställning av utsädesburna svampsjukdomar hos fröburna grödor relevanta för sundhetsanalys i Sverige: sjukdomarnas placering i fröet, typ av utsädesrelaterad smitta, eventuell internationell reglering samt de analysmetoder som används i Sverige. (U = utsädesburen skadegörare, Ö = utsädesöverförd skadegörare, S = utsädet som spridningsväg).

| Sjukdom (gröda) | Placering i frö | Typ av utsädesburen | Typ av infektion | Analysmetod |
|------------------------------------|-----------------------------|---------------------|------------------|--------------|
| Bipolaris (stråsäd, särskilt korn) | Fröskal och ytliga fröskikt | U + Ö + S | Sekundär | Filterpapper |
| Bladfläcksjuka (havre) | Fröskal | U | Sekundär | Filterpapper |
| Bladfläcksjuka (korn) | Fröskal | U + Ö + S | Sekundär | Osmotisk |
| Brunfläcksjuka (vete) | Kärnans yttre delar | U + Ö + S | Sekundär | Agar |
| Bönfläcksjuka (åkerböna) | I fröskal | U + Ö + S | Systemisk | Agar |
| Dvärgstinksot (vete) | På och i fröskal | U + Ö + S | Systemisk | Tvättmetod |
| Flygsot (havre) | På och i fröskal | U + Ö + S | Systemisk | Tvättmetod |
| Flygsot (korn) | Embryo | U + Ö + S | Systemisk | Embryo |
| Fusarium (stråsäd) | På och i fröskal | U + Ö | Sekundär | Filterpapper |
| Gråmögel (oljevaxter, ärt) | På och i fröskal | U | Systemisk | Agar |
| Mjöldryga (stråsäd, särskilt råg) | Sklerotier ersätter frö | U + Ö + S | Sekundär | Okulär |
| Snömögel (stråsäd, vall) | Kärnans yttre delar | U + Ö + S | Sekundär | Filterpapper |
| Stinksot (vete) | På och i fröskal | U + Ö + S | Systemisk | Tvättmetod |
| Strimsjuka (korn) | Fröskal | U + Ö + S | Systemisk | Osmotisk |
| Svartfläcksjuka (lin) | Kärnans yttre delar | U | Systemisk | Agar |
| Ärtfläcksjuka (ärt) | I fröskal | U + Ö + S | Systemisk | Agar |

Källor: (CABI 2010; 2019; 2021b; a; Tronsmo et al. 2020; ISTA 2025h; a; Jordbruksverket 2025f)

1.2 Utsädesburna sjukdomar hos potatis

Till skillnad från fröburna grödor utgörs potatisutsäde av vegetativt förökat material. Den första generationen av utsäde produceras från meristem, det vill säga celler från potatisplantans tillväxtpunkt, genom odling under sterila förhållanden för att säkerställa att plantorna är fria från virus, svamp och bakteriesjukdomar. Därefter sker uppförökning genom kloning i kontrollerade miljöer innan produktionen fortsätter i fält (Jordbruksverket 2025f).

Sundhetskriterierna för certifiering av utsädespotatis baseras främst på visuell bedömning av knölarna, exempelvis olika typer av rötter och skorv, samt på laboratorieanalys av virus, framförallt potatisvirus Y (PVY). För sådana skador och virus finns procentuella gränsvärden för olika utsädesklasser (Jordbruksverket

2025d), medan förekomst av andra svampsjukdomar kan regleras genom krav på frihet, snarare än genom fastställda gränsvärden (Statens jordbruksverk 1995).

Som vegetativt förökad växt skiljer sig potatis från de fröburna grödorna i flera väsentliga avseenden, bland annat vad gäller analysmetoder, smittspridning och reglering av sundhet (Neergaard 1977). Följande avsnitt om gränsvärden, analysmetoder och metodik avgränsas därför till de fröburna grödor som idag omfattas av fastställda gränsvärden och rekommendationer (stråsäd, trindsäd och lin). Potatis är dock en nationellt viktig gröda och återkommer i diskussionen om tillgången på utsäde vid en eventuell kris.

Gränsvärden för sundhetsanalyser

I Sverige fastställs gränsvärden för olika sjukdomar av Jordbruksverket, med utgångspunkt i EU:s regelverk för certifiering samt nationella erfarenheter och forskningsresultat. De fungerar både som ett verktyg för kvalitetssäkring av utsäde och som ett instrument för att förebygga spridning av växtsjukdomar inom landet (Statens jordbruksverk 1995; Växtskyddsrådet 2024). Utsädesklasser i det svenska certifieringssystemet innefattar stamutsäde (F, A), basutsäde (B) och certifikatutsäde (C, C1, C2 och C3 (endast lin)) (Jordbruksverket 2025f).

Gränsvärdena och rekommendationerna fyller olika funktion beroende på sjukdom, gröda och certifieringsklass, vilket kan illustreras med tre exempel. För stinksot i höstvetete får ett utsädesparti inte certifieras om gränsvärdet på 1000 sporer per gram överskrids, om nivån är lägre krävs istället behandling med ett effektivt medel. För flygsot på korn och havre innebär gränsvärdena för klass C2 att behandling rekommenderas, men inte är obligatorisk (Jordbruksverket 2025a). För ärtfläcksjuka anges att utsädet inte bör användas om gränsvärdet överskrids, men utgör inget krav (Jordbruksverket 2025f). Dessa tre exempel visar att gränsvärden kan innebära förbud mot certifiering, krav på behandling eller enbart en rekommendation.

2.1 Våra grannländers och Estlands gränsvärden för sundhetsanalyser

För att förstå hur sundhetsanalyser tillämpas i praktiken krävs en överblick av de gränsvärden som används som beslutsunderlag vid certifiering och behandling. Tabell 2 sammanfattar de aktuella gränsvärdena och rekommendationerna för utsädesburna svampsjukdomar i stråsäd (vete, speltvete, råg, rågvete, korn, havre), trindsäd (ärt, åkerböna, lupin) och lin, i länderna Sverige, Danmark, Norge, Finland och Estland.

Tabell 2. Gränsvärden och rekommendationer för sundhetsanalyser av utsäde för utsädesburna sjukdomar på spannmål, trindsäd och lin, i nordiska länder och Estland. För Sverige anges gränsvärden och rekommendationer för certifierat bruksutsäde i klass C2 (Jordbruksverket 2025f; a). För Danmark anges rådgivande gränsvärden för behandlingsbehov enligt *Landbrugsinfo.dk* (SEGES u.å.). För Norge anges gränsvärden för certifieringsutsäde samt rådgivande behandlingsrekommendationer (Jordbruksverket 2025c). För Finland anges gränsvärden enligt Livsmedelsverkets anvisning och dess bilaga (Livsmedelsverket 2025a; b). För Estland anges gränsvärden för utsäde som ska certifieras (Jordbruksverket 2025c).

| Värdväxt | Sjukdom | Sverige | Danmark | Norge | Finland | Estland |
|--|--|----------------------------|--------------------------|-------|---------|------------|
| Vårvete | <i>Fusarium</i> | x | > 30% | ≥ 15% | x | x |
| | Brunfläcksjuka | x | > 15% | ≥ 5% | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + brunfläcksjuka | x | > 30% | x | x | x |
| | | | (max 15% brunfläcksjuka) | | | |
| | Bipolaris | x | x | ≥ 10% | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + snömoegel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 30% | x | x | x |
| | Flygsot | x | > 2% | x | x | x |
| | Stinksot | x | > 10 s/g | x | > 0 s/g | x |
| | Dvärgstinksot | x | x | x | x | x |
| Stinksot + dvärgstinksot | x | x | x | x | x | |
| Höstvete | <i>Fusarium</i> | x | > 10% | ≥ 15% | x | x |
| | Brunfläcksjuka | x | > 10% | ≥ 5% | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + brunfläcksjuka | x | > 10% | x | x | x |
| | Bipolaris | x | x | ≥ 10% | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + snömoegel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 15% | x | x | x |
| | Flygsot | x | > 2% | x | x | x |
| | Stinksot | > 1000 s/g* | > 10 s/g | x | > 0 s/g | > 1000 s/g |
| | Dvärgstinksot | > 500 s/g* | x | x | x | x |
| | Stinksot + dvärgstinksot | > 500 s/g* (av vardera) | x | x | x | x |
| Mjöldryga | > 6 sk/kg | x | x | x | x | |
| Höstspeltvete | Stinksot | > 1000 s/g* | > 10 s/g | x | > 0 s/g | > 1000 s/g |
| | Dvärgstinksot | > 500 s/g* | x | x | x | x |
| | Stinksot + dvärgstinksot | > 500 s/g* (av vardera) | x | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + snömoegel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 15%/30% | x | x | x |
| | Mjöldryga | > 6 sk/kg | x | x | x | x |
| Vårråg | <i>Fusarium</i> | x | > 15% | ≥ 15% | x | x |
| | Bipolaris | x | x | ≥ 10% | x | x |
| | Brunfläcksjuka | x | > 15% | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + snömoegel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 15%/30% | x | x | x |
| | Mjöldryga | > 6 ^{a)} sk/kg | x | x | x | x |
| Höstråg | <i>Fusarium</i> | x | > 15% | ≥ 15% | x | x |
| | Bipolaris | x | x | ≥ 10% | x | x |
| | Brunfläcksjuka | x | > 15 % | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + snömoegel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 15%/30% | x | x | x |
| | Mjöldryga | > 6 ^{a)} sk/kg | x | x | x | x |
| Vårrågsvete | <i>Fusarium</i> | x | > 30% | x | x | x |
| | Brunfläcksjuka | x | > 15% | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + brunfläcksjuka | x | > 30% | x | x | x |
| | | | (max 15% brunfläcksjuka) | | | |
| | Stinksot | x | > 10 s/g | x | x | x |
| <i>Fusarium</i> + snömoegel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 15%/30% | x | x | x | |

| Värdväxt | Sjukdom | Sverige | Danmark | Norge | Finland | Estland |
|-------------|---|-------------------------|---------------------------------|--------|------------|------------|
| Höstrågvete | <i>Fusarium</i> | x | > 15% | x | x | x |
| | Brunfläcksjuka | x | > 15% | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + brunfläcksjuka | x | > 15% | x | x | x |
| | Stinksot | x | > 10 s/g | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + snömjögel + brunfläcksjuka + bipolaris | > 30% | > 15%/30% | x | x | x |
| | Mjöldryga | > 6 ^{a)} sk/kg | x | x | x | x |
| Vårkorn | <i>Fusarium</i> | > 25% | > 30% | ≥ 25% | x | x |
| | Bipolaris | > 20% | > 30% | ≥ 10% | x | x |
| | Strimsjuka | > 15% | > 5% | ≥ 10% | > 5% | > 0,1% |
| | Bladfläcksjuka | > 15% | > 15% | ≥ 10% | > 5% | x |
| | Flygsot | ≥ 0,5% | > 2% | ≥ 0,1% | > 1% | ≥ 1,0-2,9% |
| | Bipolaris + <i>Fusarium</i> | x | x | ≥ 25% | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + bipolaris + bladfläcksjuka + strimsjuka | > 35% | > 30% | x | x | x |
| Höstkorn | <i>Fusarium</i> | > 25% | > 15% | ≥ 25% | x | x |
| | Bipolaris | > 20% | > 15% | ≥ 10% | x | x |
| | Strimsjuka | > 15% | > 5% | ≥ 10% | > 5% | > 0,1% |
| | Bladfläcksjuka | > 15% | > 15% | ≥ 10% | > 5% | x |
| | Flygsot | ≥ 0,5% | > 2% | ≥ 0,1% | > 1% | ≥ 1,0-2,9% |
| | Bipolaris + <i>Fusarium</i> | x | x | ≥ 25% | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + bipolaris + bladfläcksjuka + strimsjuka | > 35% | > 15% | x | x | x |
| Havre | <i>Fusarium</i> | > 20% | > 30% | ≥ 15% | x | x |
| | Bipolaris | x | > 30% | x | x | x |
| | Bladfläcksjuka | > 50% | > 15% | ≥ 25% | x | ? |
| | Flygsot | > 500 s/g | > 10 s/g | ≥ 0,1% | > 5000 s/g | > 5000 s/g |
| | <i>Fusarium</i> + bladfläcksjuka | > 60% | x | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> + bladfläcksjuka + bipolaris | > 60% | x | x | x | x |
| Ärt | Ärtfläcksjuka | > 5% | > 5% | x | x | x |
| | Ärtfläcksjuka + gråmjögel + <i>Fusarium</i> | x | > 25% (max 5% ärtfläcksjuka) | x | x | x |
| | | | | | | |
| Åkerböna | Bönfläcksjuka | > 5% | > 5% | x | x | x |
| | Bönfläcksjuka + gråmjögel + <i>Fusarium</i> | x | > 25% (max 5% bönfläcksjuka) | x | x | x |
| | | | | | | |
| Lupin | Antraknos | x | > 0% | x | x | x |
| | <i>Fusarium</i> | > 25% | > 25% | x | x | x |
| | Gråmjögel | > 25% | > 25% | x | x | x |
| Lin | Gråmjögel | x | x | x | > 5% | x |
| | Svartfläcksjuka | > 5% | x | x | > 1% | x |
| | Svartfläcksjuka + <i>Ascochyta</i> | x | x | x | > 5% | x |
| | + antraknos + <i>Fusarium</i> | x | x | x | > 5% | x |

Not: För källor och metodkommentarer, se efterföljande text.

% = andel infekterade kärnor

s/g = antal sporer per gram utsäde

sk/kg = antal sklerotier eller fragment av sklerotier per kilogram utsäde

^{a)} = antal sklerotier eller fragment av sklerotier per kg (vid certifikatutsäde av hybridråg är detta värde 9 st)

> = nivåer över vilka behandling krävs

≥ = vid denna nivå eller högre rekommenderas behandling

* = överskrids värdet får utsädet ej certifieras; underskrids det krävs behandling

+ = gränsvärdet gäller den totala summan av sjukdomarna

x = gränsvärde saknas

Tabellen visar de gränsvärden eller rekommendationer som tillämpas vid certifiering av utsäde i respektive land. I Sverige avser dessa certifikatutsäde i klass C2 (Jordbruksverket 2025f; a). I Danmark gäller värdena inte någon särskild certifieringsklass utan fungerar som rådgivande riktmärken för behandlingsbehov. Ett delat gränsvärde anges för summan av *Fusarium*, snö mögel, brunfläcksjuka och bipolaris i speltvete, råg och rågvete (15% / 30%), men underlaget specificerar inte om detta avser olika grödor, exempelvis höst- respektive vårgör, och värdena redovisas därför i tabellen såsom de är angivna (Jordbruksverket 2025b; SEGES u.å.). Danmark har även ett gränsvärde för strårrost i råg (*Urocystis occulta*), men sjukdomen anses i praktiken ha försvunnit från svensk odling sedan länge och har därför utelämnats i tabellen (Jordbruksverket 2000; Växtskyddsrådet 2024).

I Norge avser gränsvärdena för flygsot i korn och havre certifieringsutsäde (klasserna C, C1 och C2), där utsäde får certifieras om det behandlas med ett effektivt medel. Övriga norska gränsvärden är inte kopplade till någon specifik klass, utan utgör rådgivande behandlingsrekommendationer för utsädespartier som uppnår eller överstiger de angivna nivåerna (Jordbruksverket 2025c).

I Finland analyseras havreflygsot för alla sorter i basutsädesklasserna B1-B3, medan gränsvärden för övriga grödor (t.ex. korn och lin) inte är klassspecifika utan gäller generellt för samtliga utsädesklasser. Eftersom nivåerna är desamma oavsett klass har tabellen utgått från de högst tillåtna smittograderna, det vill säga de värden där marknadsföring endast tillåts efter behandling med ett effektivt preparat (Jordbruksverket 2025b; Livsmedelsverket 2025a; b).

I Estland gäller gränsvärdena utsäde som ska certifieras, och partier som överskrider nivåerna måste behandlas, med undantag för strimsjuka i korn (*Pyrenophora graminea*), där värdet utgör en behandlingsrekommendation. Det framgår dock inte vilken certifieringsklass dessa nivåer avser. För flygsot anges ett intervall (1,0 - 2,9%); eftersom det är oklart om detta motsvarar olika certifieringsklasser redovisas inte ett enskilt värde i tabellen (Jordbruksverket 2025c).

2.2 Tänkbara orsaker till skillnader mellan länderna

Sammanställningen visar tydligt att gränsvärdena skiljer sig mellan länderna och att det i många fall helt saknas officiella värden. Trots att sjukdomarnas biologi är densamma oavsett land, även om faktorer som överlevnad under vintern, infektionsförlopp och synkronisering med grödans utveckling påverkas av klimat och växtstadium (Tronsmo et al. 2020), varierar gränsvärdena markant mellan de nordiska länderna. Detta tyder på att skillnaderna främst beror på hur kunskapen

om patogenernas biologi omsätts i praktiken, genom skillnader i analysmetoder, klimatförutsättningar, riskbedömningar och nationella traditioner inom utsädeskontroll (Hutchins et al. 1997; Växtskyddsrådet 2024). Sådana variationer i sjukdomsförekomst, klimatförhållanden och växtskyddsstrategier har tidigare pekats ut som förklaringar till skillnader i gränsvärden mellan länder (Sveriges Utsädesförenings Tidskrift 2014).

Bakgrunden till dessa skillnader bör rimligen härstamma från hur gränsvärdena ursprungligen fastställdes. Hur de historiska förutsättningarna påverkat framtagandet är dock oklart om man ser till utvecklingen i Danmark i förhållande till Sverige. Danska fältförsök under 1930–50-talen visade betydligt mindre skördeökning av behandling än motsvarande försök i Sverige under 1930–60-talen, vilket tyder på att det danska utsädet då hade lägre smittograd. I Sverige var däremot utsädet ofta mer infekterat, och det kallare vinterklimatet bidrog till större effekter av behandling (Neergaard 1977). Trots dessa historiska underlag är de svenska gränsvärdena i många fall högre än de danska.

De danska gränsvärdena har dessutom utvecklats utifrån forskning och praktisk erfarenhet, och har, till skillnad från de svenska, uppdaterats sedan de ursprungligen fastställdes. I slutet av 1990-talet låg exempelvis det danska gränsvärdet för *Fusarium* i vårvete och vårkorn på 15%, för kornets bladfläcksjuka på 5%, och för stinksot i höstvetete på förekomst av sporer (> 0 sporer per gram) (Hutchins et al. 1997). Idag är motsvarande nivåer 30% för *Fusarium*, 15% för bladfläcksjuka och 10 sporer per gram för stinksot (se tabell 2), vilket innebär att gränsvärdena höjts och numera ligger närmare de svenska nivåerna.

I motsats till Danmark, där gränsvärdena har höjts över tid, tyder underlag från Norge på en stramare hållning. Till skillnad från fallet med Sverige tycks här de historiska förutsättningarna motivera de nuvarande gränsvärdena. Under 1990-talet rapporterades högre smittograd i vårvete och vårkorn i Norge vid fältförsök som låg till grund för deras behandlingsrekommendationer, än vad som noterades i danska fältförsök (Hutchins et al. 1997). Detta kan ha bidragit till att Norge fastställde striktare gränsvärden för att begränsa sjukdomstrycket, vilket i sin tur kan förklara varför de norska värdena för vårvete och vårkorn generellt är lägre än de danska.

Att länder saknar officiella gränsvärden för vissa sjukdomar väcker frågan om detta beror på om sjukdomarna förekommer eller inte, eller om de helt enkelt inte orsakar större skördeförluster eller kvalitetsförsämringar. *Bipolaris* har länge varit vanligt förekommande på kornutsäde i Finland (Kurppa 1984) och har, tillsammans med *Fusarium*, betraktats som en av de viktigaste växtsjukdomarna på korn (VYR u.å.). Trots detta finns inga specifika gränsvärden för dessa patogener. I Norge

rapporterades under 1990-talet en ökad förekomst av stinksot i vete, baserat på uppgifter från utsädehandlare om försämrad foderkvalitet hos infekterat utsäde (Hutchins et al. 1997). Den nuvarande förekomsten är dock oklar, liksom orsaken till att något gränsvärde för sjukdomen inte har fastställts. Analystekniska svårigheter att särskilja arter, till exempel mellan *Fusarium* och brunfläcksjuka i vete och råg (Växtskyddsrådet 2024), kan också vara en bidragande orsak till att vissa länder har avstått från att fastställa specifika gränsvärden för dessa sjukdomar. I nuläget går det dock inte att med säkerhet avgöra varför vissa sjukdomar saknar gränsvärden i enskilda länder.

2.3 Behov av uppdatering av gränsvärden

Sverige tillämpar *behovsanpassad utsädesbehandling*, vilket innebär att behandling endast utförs när analys visar att smittograden överstiger fastställda gränsvärden. De andra länderna i jämförelsen använder också gränsvärden som grund för att avgöra när behandling krävs eller rekommenderas, även om detta inte uttrycks som en samlad princip på samma sätt. I praktiken fyller gränsvärdena därmed en liknande funktion som beslutsstöd, vilket förutsätter att de är uppdaterade och att analysmetoderna ger tillförlitliga resultat.

De identifierade skillnaderna mellan länderna visar samtidigt på ett behov av att se över hur gränsvärden fastställs och tillämpas. Internationell handel med utsäde innebär betydande växtskyddsrelaterade risker, där patogener och ogräsfrön kan spridas snabbt mellan länder (Buddenhagen et al. 2021). Skillnader i nationella kontrollrutiner och i vilka arter som regleras påverkar därmed risken för introduktion och spridning av utsädesburna sjukdomar. För att säkerställa att gränsvärdena speglar aktuella odlingsförhållanden och ger ett effektivt beslutsstöd bör de regelbundet uppdateras. En framtida harmonisering av metoder och bedömningsprinciper mellan länder skulle dessutom underlätta jämförelser, även om gränsvärden behöver anpassas till lokala odlingsförhållanden. Sammantaget understryker detta behovet av att se över både gränsvärden och analysrutiner för sundhet hos utsäde.

Dagens analysmetoder och möjliga alternativ

Den internationella organisationen International Seed Testing Association (ISTA) grundades redan 1924 och har sedan dess utvecklat och publicerat standardiserade metoder för analys av utsäde, inklusive sundhetsanalyser (ISTA u.å.). I Sverige är Jordbruksverket ackrediterat av ISTA och följer deras internationellt erkända och validerade regler för provtagning och analys av utsäde, för de utsädesburna sjukdomar som omfattas av ackreditering (Jordbruksverket 2023). För övriga sjukdomar används istället internationellt erkända publicerade metoder. Dagens metoder för sundhetsanalys består därmed dels av ISTA:s ackrediterade metoder och dels av andra internationellt erkända metoder. De är väl beprövade och har generellt använts under lång tid, men det centrala är att de är vetenskapligt fastställda, standardiserade och tillförlitligt validerade. I takt med utvecklingen av ny teknik, förändringar i taxonomin hos kända patogener samt förekomsten av nya, kan dock även dessa beprövade metoder behöva ses över eller kompletteras (Tsedaley 2015).

Vid val av analysmetod är det viktigt att ta hänsyn till flera faktorer. I bästa fall bör metoden vara känslig, specifik, snabb, tillförlitlig, kostnadseffektiv samt enkel att använda och tyda. En metod bör vara känslig i den bemärkelsen att den kan upptäcka organismer som förekommer i låg frekvens i ett utsädesparti, och specifik genom sin förmåga att skilja den aktuella målorganismen från andra organismer. Den bör vara snabb, för att möjliggöra analys av stora mängder utsäde och så att åtgärder kan vidtas i tid, samt tillförlitlig genom att ge reproducerbara resultat inom och mellan prov från samma utsädesparti, oberoende av vem som utför analysen. Kostnaden för analysen bör stå i rimlig proportion till dess nytta och vara en avgörande faktor för metodens praktiska användning. Slutligen bör metoden vara enkel, med ett begränsat antal analyssteg, för att minska risken för fel och behovet av personal med hög specialkompetens (Ball & Reeves 1991; Walcott 2003).

De metoder och gränsvärden som används för sundhetstestning av utsäde i Sverige är i många fall utvecklade under 1970- och 1980-talen och behöver anpassas till dagens odlingsförhållanden, klimatförändringar och förekomsten av nya patogener (Växtskyddsrådet 2024). Den tekniska utvecklingen inom laboratoriediagnostik, där nya molekylära metoder kan överträffa äldre analysmetoder, medför ytterligare

motivation till en översyn (Hariharan & Prasannath 2021). Syftet med detta avsnitt är att beskriva nuvarande analysmetoder för utsädesburna svampsjukdomar och deras begränsningar, samt belysa nya metoder med potential att komplettera eller ersätta dagens metoder.

3.1 Dagens analysmetoder

Dagens metoder för sundhetsanalys bygger på inkubering, där svamparna tillåts växa fram från fröet och därefter undersöks med blotta ögat eller mikroskop. Dessa traditionella metoder omfattar agar-, filterpappers-, embryo-, osmos- och tvättmetoder (Jordbruksverket 2025f). De är beprövade och används fortfarande för sin enkelhet, men de är ofta tidskrävande, kräver mykologisk färdighet och kan ha begränsad känslighet vid låg smittograd (Mancini et al. 2016).

Vid **agarbaserade metoder** placeras frön på ett näringsmedium (vanligen potatisdekstroagar eller maltagar med streptomycin), och inkuberas vid ca 20 °C under en vecka. Förekomst av svamp (mycel eller sporer) bedöms därefter visuellt, ibland med hjälp av mikroskop, baserat på kolonimorfologi, pigmentering och sporbildning som jämförs med ett referensmaterial. Metoden används bland annat för att påvisa ascochyta (*Ascochyta pisi*) på ärt (ISTA 2025a), svartfläcksjuka (*Alternaria linicola*), gråmögel (*Botrytis cinerea*) och antraknos (*Colletotrichum lini*) på lin (ISTA 2025b), samt brunfläcksjuka (*Parastagonospora nodorum*) och snömögel (*Microdochium nivale*) på vete (ISTA 2025e; f).

Embryoextraktion används för att påvisa flygsot i korn (*Ustilago nuda*). Embryon dissekteras ut ur fröna och undersöks mikroskopiskt för mycel i embryovävnaden (ISTA 2025c). En nordisk variant (ISTA 2025d), framtagen på 1970-talet, inkluderar skalning (dehulling) av fröet innan extraktion, vilket underlättar visualisering av svampmycel.

Den **osmotiska metoden** används för att detektera strimsjuka (*Pyrenophora graminea*) och bladfläcksjuka (*P. teres*) på korn (ISTA 2025g). Frön inkuberas på fuktat filterpapper mättat med sockerlösning, vilket förhindrar groning men tillåter svamptillväxt. *Pyrenophora*-arterna producerar då tegelröda pigment som övergår i violett vid tillsats av en svag NaOH-lösning, vilket bekräftar infektion. Metoden är enkel, kostnadseffektiv och lämpar sig för storskalig testning, men kan inte skilja mellan de två arterna *P. teres* och *P. graminea*.

Tvättmetoden bygger på att sporer och andra patogenstrukturer skakas loss från fröytan i vatten. Den resulterande suspensionsvätskan analyseras i mikroskop för att påvisa infektion. Metoden används bland annat för detektion av stinksot (*Tilletia*

caries, syn. *T. foetida*, *T. laevis*, *T. tritici*) och dvärgstinksot (*T. controversa*) (Tronsmo et al. 2020).

I **filterpappersmetoden** placeras frön på fuktat filterpapper under kontrollerade förhållanden. Efter inkubering identifieras svampar visuellt utifrån kolonimorfologi, pigmentering och sporbildning. Metoden används bland annat för att påvisa fusariumarter (t.ex. *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *F. graminearum*), havrens bladfläcksjuka (*Pyrenophora avenae*) samt bipolaris (*Bipolaris sorokiniana*, syn. *Cochliobolus sativus*) (Tronsmo et al. 2020).

Dagens analysmetoder som används i Sverige täcker ett brett spektrum av patogener och har lång praktisk tillämpning. De är beprövade, relativt enkla att utföra och kräver endast begränsad laboratorieutrustning, vilket gör dem kostnadseffektiva och lättillgängliga för rutinmässig analys. Samtidigt bygger de huvudsakligen på visuella bedömningar och morfologisk identifiering som är beroende av mykologisk expertis. Detta kan begränsa metodernas precision och känslighet, särskilt vid låg smittograd eller när flera arter förekommer samtidigt, samt leda till variation i analysresultat mellan laboratorier.

3.2 Möjliga alternativ till dagens metoder

Nya tekniska lösningar som kan användas för att komplettera eller ersätta dagens metoder för sundhetsanalyser av utsäde utvecklas ständigt. En central fråga vid utveckling av nya tekniker är om metoden kan skilja mellan livskraftigt och icke-livskraftigt patogenmaterial. Det gäller särskilt DNA-baserade metoder, som ofta påvisar allt genetiskt material i ett prov, även från döda celler (Mancini et al. 2016). En stark signal i ett DNA-test behöver därför inte vara relevant ur växtskyddssynpunkt, vilket är en viktig förklaring till att molekylära metoder hittills främst använts inom forskning eller specialiserad diagnostik (Hiddink et al. 2023). Detta begränsar möjligheterna att införa nya DNA-baserade metoder i rutinmässig sundhetsanalys, eftersom beslut kräver verifiering av livskraftig smitta (Santhy et al. 2023).

Trots dessa begränsningar lyfts förskreeening ofta fram som ett möjligt sätt att effektivisera analysarbetet. Genom att snabbt identifiera partier med potentiell smitta kan mer resurskrävande analyser reserveras för prov som verkligen behöver fördjupad analys. För att en sådan strategi ska vara användbar krävs metoder som är tillräckligt känsliga för att inte missa låga smittograder, men samtidigt tillräckligt specifika för att undvika onödiga uppföljningstester (Hiddink et al. 2023; Munkvold et al. 2025). Möjliga alternativ till dagens analysmetoder omfattar tre övergripande kategorier: 1) molekylära metoder, 2) immunologiska metoder och 3) sensor- och bildbaserade metoder.

3.2.1 Molekylära metoder

Molekylära metoder har stor potential att förbättra detektionen av patogener i utsäde jämfört med traditionella analysmetoder, genom högre specificitet, känslighet och analyshastighet. De molekylära metoderna bygger på att patogenens genetiska material (DNA eller RNA) identifieras med hög precision. Det finns idag ett stort antal olika tekniker, där de flesta baseras på polymeraskedjereaktion (PCR). Grundprincipen i **PCR-baserad analys** är att specifika genssekvenser amplifieras med hjälp av primers, korta DNA-fragment som binder till mål-sekvensen, varefter de amplifierade produkterna detekteras och analyseras för att bekräfta förekomst av patogenen (Mancini et al. 2016). Användning av probes, det vill säga korta fluorescerande DNA- eller RNA fragment som binder specifikt till den amplifierade målsekvensen, kan ytterligare öka analysens specificitet genom att säkerställa att endast den avsedda patogenens DNA ger signal vid detektion (Lievens & Thomma 2005).

Känsligheten och specificiteten hos molekylära analyser beror i hög grad på vilken del av genomet som väljs som målsekvens. Unika sekvenser ger hög specificitet, eftersom de skiljer sig tydligt mellan arter, men de ger lägre känslighet på grund av sitt låga kopietal. Konserverade regioner, såsom 18S och 28S rRNA-gener, finns i många kopior och ger högre känslighet, men då de finns i många olika organismer och variationen mellan närliggande arter kan vara begränsad har de lägre specificitet. Regioner med kända skillnader, exempelvis ITS-regionen hos svampar, används i DNA-barcoding där primrar riktas in mot gener som har tillräcklig variation för artidentifiering (Schoch et al. 2012). Dessa kan användas för släkt- eller artsnivå och vid behov kompletteras med arts specifika prober för att särskilja närliggande arter (Barnes & Szabo 2007). PCR-baserad analys av ITS-regionerna har visat sig möjlig för detektion av exempelvis *bipolaris* (*Bipolaris sorokiniana*) i spannmålsutsäde (Farzana et al. 2025). I äldre studier har PCR-analys även använts för detektion av svartfläcksjuka (*Alternaria linicola*) i linfrö (McKay et al. 1999), men studier med modern metodik och full validering på utsädesnivå tycks vara få eller ej publicerade.

Möjligheterna till automatisering och bredare tillämpning gör ändå dessa metoder attraktiva alternativ till dagens metoder. För att dessa metoder ska kunna rekommenderas för rutinmässig användning krävs dock ytterligare validering, särskilt av tillförlitligheten hos de utvecklade primrarna för respektive molekylär markör. Detta innebär tester i flera laboratorier samt med prover från olika geografiska regioner och patogenpopulationer (Santhy et al. 2023). De största begränsningarna med molekylära metoder är oförmågan att särskilja mellan livskraftiga och icke-livskraftiga sporer eller mycel, vilket kan leda till överskattning av smittan. Dessutom kan provmaterial innehålla ämnen som

hämmar PCR-reaktionen, vilket försvårar möjligheten att ta fram DNA med tillräcklig kvalitet (Mancini et al. 2016).

Bio-PCR är en metod som kombinerar inkubering av organismen och DNA-baserad detektion för att öka PCR-analysens känslighet och tillförlitlighet. Innan DNA extraheras genomgår provet en uppförökning där målorganismen får växa på ett selektivt medium. Detta ger en större mängd mål-DNA och minskar effekten av PCR-hämmande ämnen i provmaterialet. Metoden har fördelen att endast livskraftiga patogener påvisas, eftersom de måste kunna växa under uppförökningen i det första steget, och med specifika primers kräver den inte traditionell identifiering utifrån kolonimorfologi. Nackdelarna är att för varje patogen krävs ett särskilt halvselektivt medium anpassat till deras näringsbehov och kemiska tolerans, samt att metoden är tidskrävande (vanligtvis 2-3 dagar för bakterier och 5-7 dagar för svampar). Bio-PCR är dessutom främst tillämplig för lättodlade mikroorganismer och kan inte användas för obligata parasiter som exempelvis virus (Santhy et al. 2023). För vissa svampar är den dock användbar, metoden har exempelvis utvecklats för att detektera antraknos (*Colletotrichum lupini*) i lupin, där en uppförökning följt av PCR möjliggjorde mycket hög känslighet vid mycket låg smittograd (Pecchia et al. 2019).

Nested PCR är en variant av PCR som ökar metodens känslighet och specificitet genom att amplifikationen sker i två efterföljande steg av PCR. I den första omgången används ett par primers för att amplifiera målsekvensen under 15–30 cykler. Produkten från denna första reaktion används därefter som mall i en andra omgång PCR med ett nytt par primers som binder till en sekvens inuti det första amplifikatet. Genom att den andra primeruppsättningen endast binder till DNA som redan amplifierats i det första steget minskar risken för ospecifik amplifiering och resultatet blir mer träffsäkert. Metoden är dock mer tidskrävande än vanlig PCR och innebär en ökad risk för kontaminering, eftersom provet måste hanteras mellan de två reaktionsstegen, vilket i sin tur kan leda till falskt positiva resultat (Santhy et al. 2023).

Realtids PCR (qPCR) är en metod baserad på amplifiering, samtidig detektion och kvantifiering av specifika DNA-sekvenser. Under reaktionen aktiveras fluorescerande markörer som är fästa till primers, vilket gör att ökningen av DNA kan följas i realtid via en tilltagande fluorescerande signal. Metoden ger en uppskattning av hur mycket mål-DNA som finns i provet vid varje cykel och kan användas både kvalitativt (avgöra om en patogen finns) och kvantitativt (för att bestämma mängden DNA i förhållande till en standardkurva). qPCR har flera fördelar jämfört med konventionell PCR, analysen går snabbare, sker i ett slutet system som minskar risken för kontaminering, kräver ingen efterföljande

gelelektrofores och kan anpassas till multiplexing (mPCR) för att detektera flera patogener samtidigt genom användning av olika fluorescerande färgämnen (Santhy et al. 2023).

qPCR används idag för ett brett spektrum av utsädesburna svampsjukdomar i stråsäd och har etablerats för bland annat kornets bladfläcksjuka (*Pyrenophora teres*), strimsjuka (*P. graminea*), stinksot (*Tilletia caries*) samt flygsot i vete (*Ustilago tritici*) och korn (*U. nuda*) (Bates et al. 2001; McNeil et al. 2004; Yan et al. 2019; Panzetti et al. 2025). Metoden har även utvecklats för brunfläcksjuka (*Parastagonospora nodorum*), där qPCR möjliggjorde samtidig och exakt bestämning av flera patogener i samma prov (Abdullah et al. 2018). qPCR-metodik finns även för mjöldryga (*Claviceps purpurea*), där mängden *Claviceps*-DNA i spannmålsprov visade stark korrelation med visuellt bestämd förekomst av sklerotier (Comte et al. 2017). Artspecifika multiplex-PCR har även tagits fram för flera *Fusarium*-arter i olika spannmålsgrödor (Demeke et al. 2005), liksom primer- och probeset för gråmögel (*Botrytis cinerea*) (Reich et al. 2016).

Digital PCR (dPCR) är en vidareutveckling av PCR-tekniken som möjliggör mycket känslig och absolut kvantifiering av DNA. Till skillnad från qPCR, som mäter mängden DNA i relation till en standardkurva, bygger dPCR på att provet delas upp i ett stort antal mycket små reaktionskammare. Varje kammare innehåller antingen ingen, en eller flera DNA-molekyler, och PCR-amplifiering sker separat i varje del. Efter amplifiering räknas antalet kammare med och utan signal, vilket ger ett direkt mått på antalet målsekvenser i provet. Genom att tillämpa Poisson-baserad statistik korrigeras det för att vissa kammare kan innehålla mer än en DNA-molekyl. På detta sätt kan dPCR ge en exakt kvantifiering utan behov av standardkurvor. Metoden är mycket känslig och reproducerbar, särskilt för detektion av låga smittnivåer eller sällsynta DNA-varianter, men kräver specialiserad utrustning och är i dagsläget främst tillämpad inom forskning (Morcia et al. 2020).

Digital droplet PCR (ddPCR) är en högupplöst variant av digital PCR, som istället för att använda enstaka reaktionskammare delar upp provet i miljontals mikroskopiska droppar, där varje droppe fungerar som en individuell PCR-reaktion. Tekniken har visat betydligt högre noggrannhet och känslighet än traditionell qPCR och kan upptäcka även mycket sällsynta DNA-varianter i stora bakgrunder av icke-infekterat material. ddPCR används idag främst inom forskning och diagnostik, men har även potential för detektion av låga nivåer av utsädesburen smitta där det krävs hög precision (Hindson et al. 2011). Metoden har nyligen tillämpats för detektion av bland annat kornets bladfläcksjuka (*Pyrenophora teres*) och visade mycket hög känslighet och specificitet (Zia et al. 2025).

LAMP är en enkel, snabb och kostnadseffektiv metod för att upptäcka specifika DNA-sekvenser. Metoden använder flera korta DNA-primers och ett värmetåligt enzym för att kopiera DNA vid en konstant temperatur, utan behov av PCR-maskin. Resultatet kan ses direkt genom gelelektrofores eller med tillsats av en färgning (Notomi 2000). Eftersom tekniken inte kräver termocykler (PCR-maskin) är det möjligt att använda i fält, dock har den relativt låg specificitet och känslighet (Yasuhara-Bell et al. 2018).

Utöver PCR-baserade tekniker utvecklas även **nya genomiska tekniker** (NGT), som möjliggör sekvensering av stora mängder genetiskt material. Tekniken används i allt större utsträckning inom växtpatologi för att identifiera och karakterisera sjukdomsframkallande organismer, särskilt virus men även bakterier och svampar (Adams et al. 2009). Inom utsädesanalys har NGT tillämpats för att kartlägga utsädesets mykobiom, det vill säga alla svamparter som förekommer på eller i fröet. Genom att sekvensera allt DNA eller RNA i ett prov kan både kända och tidigare okända patogener upptäckas. NGT erbjuder därmed en kraftfull och bred screeningmetod för detektion av utsädesburna patogener. Tekniken kräver dock avancerad bioinformatisk analys, hög kostnad och specialiserad utrustning, vilket i dagsläget begränsar dess användning i rutinmässig diagnostik (Mancini et al. 2016).

Utvecklingen av NGT-teknik går dock snabbt och nya tillämpningar syftar till att göra tekniken mer tillgänglig och kostnadseffektiv. Ett lovande exempel är *Mobile And Real-time, PLant disEase (MARPLE)*, som är en portabel sekvenseringsplattform som kombinerar *Oxford Nanopore*-teknik med bioinformatisk analys direkt i fält. MARPLE utvecklas för snabb diagnostik av växtpatogener, exempelvis rostsvarpar i vete, och möjliggör artspecifik identifiering och resistensbestämning inom ett par dygn (Radhakrishnan et al. 2019; Savva et al. 2025). Tekniken kräver fortfarande viss specialistkompetens och tillgång till bioinformatiska verktyg, men den illustrerar hur sekvenseringsbaserade metoder snabbt rör sig från forskningslaboratorier till mer praktiskt tillämpad växtskyddsdiagnostik.

3.2.2 Immunologiska metoder

Immunologiska metoder används främst för att påvisa bakteriella och virala patogener. Exempel på sådana metoder är enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA), double antibody sandwich-enzyme-linked immunosorbent assay (DAS-ELISA) och flow cytometry (FCM). Bland dessa är ELISA den mest använda metoden (Vishunavat et al. 2023).

ELISA är en metod där antigener från en specifik organism fångas upp på en belagd yta med hjälp av antikroppar som känner igen just det antigenet. En ELISA-analys är ett indirekt test som inte kan skilja på om antigenets källa är patogen eller livskraftig, och är därför inte tillräcklig för att bevisa att smittan kommer att orsaka sjukdom. Exempelvis för virus, där infektioner i fröskalet inte alltid överförs till grodden, vilket då gör att smittan kan finnas men att viruset inte kommer att orsaka sjukdom. Ett negativt ELISA-resultat kan däremot betraktas som ett tillförlitligt bevis på att ett utsädesparti är friskt, medan ett positivt resultat måste följas upp med ett direkt test för att avgöra patogenernas livsduglighet och patogenicitet (ISF 2025).

DAS-ELISA är en serologisk metod där både fångst- och detektionsantikroppar används för att öka testets specificitet. Patogenens antigen binds först till en antikropp fixerad på en yta, varefter en andra, enzymmärkt antikropp binder till samma antigen. Den enzymatiska reaktionen gör att närvaron av patogenen kan påvisas kvantitativt. Metoden är känslig och robust, men kan ge falskt positiva resultat eftersom den inte skiljer mellan livskraftiga och icke-livskraftiga patogener (Ward et al. 2004).

Flödescytometri är en serologisk metod där celler märkta med fluorescerande antikroppar passerar en laserstråle i flöde. Ljusspridning och fluorescens mäts för tusentals enskilda celler på några minuter, vilket gör det möjligt att kvantifiera patogener och bedöma cellernas egenskaper. Metoden är snabb och ger detaljerad information, och när den kombineras med fluorescerande prober kan den även användas för att bedöma patogenens livsduglighet (Tsedaley 2015).

Immunologiska metoder lämpar sig generellt väl för att identifiera utsädesburna bakterier och virus, men bristen på artspecifika antikroppar är en stor begränsning för deras tillämpning på svampar, vilket måste beaktas vid tolkning av analysresultat. Dessutom kan testerna ge falskt positiva resultat genom att även detektera icke-livskraftiga sporer eller celler, vilket kan leda till tvetydiga resultat. Metoderna saknar även förmåga att detektera alla patogenstammar och är därför begränsade i deras tillämpning (Vishunavat et al. 2023). För virus använder man flera antikroppar för att täcka in diversiteten. Som exempel används antikroppar mot tre olika virus vid analys av förekomst av rödsotvirus för säker diagnostik (Yazdkhasti et al. 2021).

3.2.3 Sensor- och bildbaserade metoder

Sensor- och bildbaserade metoder bygger på att olika typer av signaler som kan kopplas till utsädes sundhet registreras, exempelvis visuella egenskaper som färg och morfologi eller kemiska signaler som flyktiga organiska föreningar (VOCs).

Hyperspektral bildanalys och e-näsor är två exempel på mätmetoder som kan fånga sådana signaler med hög upplösning. De registrerade signalerna kan därefter analyseras med maskininlärningsmodeller som tränas på referensdata för att känna igen mönster som indikerar förekomst av specifika patogener och på så sätt stödja klassificering av utsädeskvalitet (Ferreira et al. 2024; Chetna et al. 2025).

Hyperspektral avbildning (Hyperspectral Imaging, HSI) är en bildbaserad mätmetod som använder spektral information från frön för att upptäcka infektion. Mätningen sker optiskt på hela frön och kan därför utföras utan provtagning eller destruktion, vilket innebär att även analyserade frön kan användas som utsäde. Metoden har visat lovande resultat för att särskilja mellan friskt och infekterat utsäde samt mellan olika patogener, och uppnått en noggrannhet på 90–100% för fusarioser i stråsäd (Ferreira et al. 2024). En variant av HSI, multispektral avbildning (MSI), har även använts för att detektera havrens bladfläcksjuka (*Pyrenophora avenae*) på svarthavre (França-Silva et al. 2020). Dessa resultat tyder på stor potential för sundhetsanalys. Samtidigt finns ännu få studier, och resultaten bör betraktas som preliminära. Tekniken kräver dessutom standardisering för varje patogen samt tillgång till kostsam och avancerad utrustning. En relativt hög kompetens inom maskininläring behövs vid utveckling, träning och validering av modellerna, medan den rutinmässiga användningen kan förenklas betydligt när systemet väl är etablerat. För att kunna användas i rutinmässig utsädesanalys krävs därför fortsatt metodutveckling och validering (Ferreira et al. 2024).

E-näsor är sensorbaserade analysverktyg som efterliknar luktsinnet och kan användas för att upptäcka patogener genom utsädets doftprofil. Vid infektion eller nedbrytning avger utsädet specifika flyktiga organiska ämnen (VOCs), vilket gör att tekniken har god förmåga att skilja mellan friska och infekterade frön. E-näsan analyserar frönas luktprofil snabbt och icke-destruktivt. Samtidigt måste sensorerna kalibreras för varje typ av patogen och växtmaterial, och det finns än så länge få validerade studier för specifika utsädesburna svampar. Därför krävs vidareutveckling innan det används i rutinmässig analys (Chetna et al. 2025).

3.2.4 Implementering av alternativa metoder

ISTA har hittills implementerat PCR-baserade tekniker i flera av sina validerade referensmetoder. Dessa används dock inte som fristående ersättningar för dagens odlingstest, utan som kompletterande steg för förskärmning eller konfirmering. Exempel på detta är där qPCR eller bio-PCR kan användas som valbara metoder till förskärmning, för att snabbt sortera bort friska partier (ISTA 2026a), samt där PCR används för att bekräfta symptom eller verifiera isolat efter odlingstester (ISTA 2026b; c). Dessa exempel visar att molekylära metoder redan förekommer i rutinmässig sundhetsanalys, men hittills endast som komplement till direkta

metoder, eftersom livskraftig och sjukdomsduglig smitta fortfarande måste valideras genom konventionella analyser.

Det finns samtidigt enklare verktyg som skulle kunna fungera som en inkörsport till bredare användning av molekylära metoder. LAMP är ett exempel som kan byggas in i enklare screeningrutiner och användas för att stärka kompetensen kring molekylära analyser inom utsädeskontrollen. Även om tekniken idag saknar den precision som krävs för slutgiltig diagnos kan den på sikt bidra till kunskapsuppbyggnad och metodutveckling.

3.3 Jämförelse av analysmetoder

För flera av de viktigaste utsädesburna sjukdomarna, som fusarium, stinksot, bipolaris och mjöldryga, finns väl beskrivna PCR- eller qPCR-metoder med dokumenterat hög diagnostisk prestanda (se tabell 3). Även för sjukdomar som bladfläcksjuka, strimsjuka och svartfläcksjuka finns studier som visar att molekylär detektion är möjlig, men dessa bygger ofta på äldre metodik eller har begränsad validering. För övriga patogener i tabellen, exempelvis ärtfläcksjuka, snömögel och böNFLäcksjuka, har inga studier hittats som specifikt undersöker eller validerar alternativa analysmetoder på utsäde. För dessa sjukdomar baseras diagnostiken därför fortfarande på traditionella metoder.

Tabell 3. Jämförelse av dagens analysmetoder med möjliga alternativa metoder för utsädesburna svampsjukdomar, för deras analytiska egenskaper i mån av känslighet, specificitet, tidsåtgång, tillförlitlighet, enkelhet och kostnadseffektivitet (tecknen anger hur den alternativa metoden skiljer sig från den nuvarande: + = högre/ bättre/ snabbare, - = lägre/ sämre/ långsammare, x = ingen eller otillräcklig information tillgänglig).

| Sjukdom | Dagens analysmetod | Alternativ analysmetod | Känslighet | Specificitet | Tidsåtgång | Tillförlitlighet | Enkelhet | Kostnad |
|------------------------|--------------------|------------------------|------------|--------------|------------|------------------|----------|---------|
| Bipolaris | Filterpapper | PCR | + | + | + | + | - | - |
| Bladfläcksjuka (havre) | Filterpapper | MSI | + | + | + | -/+ | - | -/+ |
| Bladfläcksjuka (korn) | Osmotisk | qPCR/ddPCR | + | + | + | + | - | - |
| Brunfläcksjuka | Agar | qPCR | + | + | + | + | -/+ | -/+ |
| Bönfläcksjuka | x | x | x | x | x | x | x | x |
| Dvärgstinksot | Tvättmetod | x | x | x | x | x | x | x |
| Flygsot (havre) | Tvättmetod | x | x | x | x | x | x | x |
| Flygsot (korn) | Embryo | qPCR | + | + | + | + | - | - |
| Fusarium | Filterpapper | mPCR | + | + | + | + | - | -/+ |
| Gråmögel | Agar | mPCR | + | -/+ | + | + | - | -/+ |
| Mjöldryga | Okulärt | qPCR | + | -/+ | + | + | - | -/+ |
| Snömögel | x | x | x | x | x | x | x | x |
| Stinksot | Tvättmetod | qPCR | + | + | + | + | - | - |
| Strimsjuka | Osmotisk | qPCR | + | + | + | + | - | - |
| Svartfläcksjuka | Agar | PCR | + | + | + | x | - | -/+ |
| Ärtfläcksjuka | Agar | x | x | x | x | x | x | x |

Jämförelsen visar att molekylära metoder generellt uppvisar högre känslighet, specificitet och tillförlitlighet än traditionella analysmetoder, samtidigt som de möjliggör kortare analystid. Nackdelarna är främst kraven på avancerad laboratorieutrustning, hög kompetens och högre initial kostnad (Mancini et al. 2016; Hariharan & Prasannath 2021). Samtidigt finns det exempel på att den tekniska utvecklingen successivt sänker kostnaden per prov (Santhy et al. 2023). För massiv parallell sekvensering, som länge varit en av de mest resurskrävande metoderna, har automation och sjunkande reagenspriser lett till en markant ökad kostnadseffektivitet över tid (Maina et al. 2024). För vissa sjukdomar saknas tillgänglig information om dagens analysmetod, möjliga alternativ eller båda, vilket innebär att någon jämförelse inte kan göras.

Ett tydligt mönster är att flera PCR-baserade metoder som utvecklades runt millenniumskiftet har visat lovande resultat i studier (McKay et al. 1999; Bates et al. 2001; McNeil et al. 2004; Demeke et al. 2005), men har i begränsad utsträckning etablerats i praktisk utsädesanalys. Detta tyder på att deras användbarhet i rutinmässiga sammanhang varit otillräcklig, exempelvis på grund av bristande robusthet, hög kostnad, begränsad skalbarhet eller otillräcklig kompatibilitet med befintliga gränsvärden och certifieringssystem. Diskrepansen mellan lovande forskningsresultat och faktisk användning visar att analytisk känslighet och specificitet inte är tillräckliga kriterier för att en metod ska få genomslag. Praktiska kriterier som möjlighet till standardisering och kostnadseffektivitet måste också vara uppfyllda.

I praktiken kan molekylära metoder fungera som komplement till dagens analyser, särskilt i fall där filterpappers- eller agarmetoder har svårt att skilja mellan morfologiskt lika arter. Det har tidigare rapporterats att det med dagens metoder inte går att skilja på *Fusarium*-arter och snömoegel, samt på strimsjuka och kornets bladfläcksjuka (Växtskyddsrådet 2024). Molekylära metoder som qPCR och multiplex-PCR har däremot visat sig kunna identifiera och särskilja dessa arter med hög specificitet (Bates et al. 2001; Demeke et al. 2005; Sverigeförsöken 2014). För dessa sjukdomar kan molekylära metoder därför bidra med ett tydligt mervärde i diagnostiken.

Ett kvarstående metodologiskt hinder är att DNA-baserade tekniker inte ger någon information om patogenens livsduglighet eller förmåga att orsaka sjukdom. Det betyder att ett positivt DNA-svar kan indikera historisk förekomst av en patogen utan att utsädet faktiskt utgör någon risk för smitta. Detta begränsar möjligheten att direkt ersätta odlingsbaserade metoder, och innebär att DNA-baserade tekniker i nuläget främst lämpar sig för förscreening.

3.4 Sammanfattande bedömning av analysmetoder

Valet av analysmetod måste ytterst styras av syftet med undersökningen. För beslut som kräver verifiering av livskraftig och sjukdomsorsakande smitta, exempelvis vid certifiering av utsädespartier, kommer odlingsbaserade tekniker även fortsättningsvis att vara centrala. I situationer där snabb riskbedömning eller tidig sortering är avgörande kan molekylära metoder däremot ge ett betydande mervärde genom hög analytisk precision, kort analystid och god förmåga att särskilja närbesläktade arter. Eftersom indirekta tester som PCR och ELISA inte kan skilja mellan livskraftigt och icke-livskraftig patogenmaterial bör de användas som förtester och kompletteras med direkta metoder som kan bekräfta att patogenen är livskraftig (Hiddink et al. 2023). En sådan metodkedja minskar risken för att

tidskrävande analyser genomförs på utsädespartier med obefintlig eller minimal smitta. Den mest realistiska och praktiskt användbara strategin är därmed ett kombinerat system där snabb molekylär förscreening följs av riktade bekräftelseanalyser. Genom att använda varje metod där den har störst styrka kan tidsåtgång, kostnadseffektivitet och analyskvalitet optimeras utan att tumma på växtskyddet.

Metodik för uppdatering av gränsvärden

Förändrade analysmetoder, odlingssystem och klimatförhållanden innebär att gränsvärden för utsädesburna sjukdomar behöver ses över regelbundet och anpassas till aktuella förutsättningar (Picard et al. 2018). De gränsvärden som används i Sverige idag fastställdes huvudsakligen under 1970- och 1980-talen och baseras på dåvarande odlingsbetingelser och analysmetoder (Växtskyddsrådet 2024). Sedan dess har både växtskyddsstrategier, tillgången till behandlingsmedel och klimatförutsättningar förändrats avsevärt, vilket innebär att dagens gränsvärden inte nödvändigtvis speglar nuvarande förhållanden (Picard et al. 2018; Växtskyddsrådet 2024).

För att kunna uppdatera gränsvärden på ett vetenskapligt och praktiskt hållbart sätt krävs en förståelse för de biologiska processer som styr hur smittograd i utsäde översätts till sjukdomsutveckling i gröda (Roberts 1999; Sveriges Utsädesförenings Tidskrift 2014). Därför inleds kapitlet med en genomgång av de centrala biologiska faktorerna, följt av de principer som styr fastställandet av gränsvärden. Dessa illustreras därefter med fördjupande exempel innan en föreslagen metodik för att ta fram nya gränsvärden presenteras.

4.1 Biologisk bakgrund till smittograd

Hur mycket smittograde översätts till sjukdomsutveckling i grödan bestäms av samspelet mellan tre faktorer, värdväxt, patogen och miljö, ofta beskrivet som sjukdomstriangeln. För att en sjukdom ska uppstå krävs att alla tre komponenter samverkar under gynnsamma förhållanden. Hur snabbt och i vilken omfattning en infektion utvecklas avgörs alltså inte enbart av smittans mängd, utan av hur dessa faktorer samverkar över tid (Tronsmo et al. 2020).

Värdväxten påverkar sjukdomsförloppet genom sin mottaglighet och utvecklingsstadium. Vissa arter och sorter är naturligt mer motståndskraftiga, andra infekteras lättare beroende på exempelvis blomningstidpunkt, skjutningshastighet eller grobarhet. Ett känsligt växtstadium hos en mottaglig sort som sammanfaller med patogenens infektionsfönster kan leda till snabb sjukdomsutveckling även vid låg smittograd. Patogenen bestämmer sjukdomens aggressivitet och

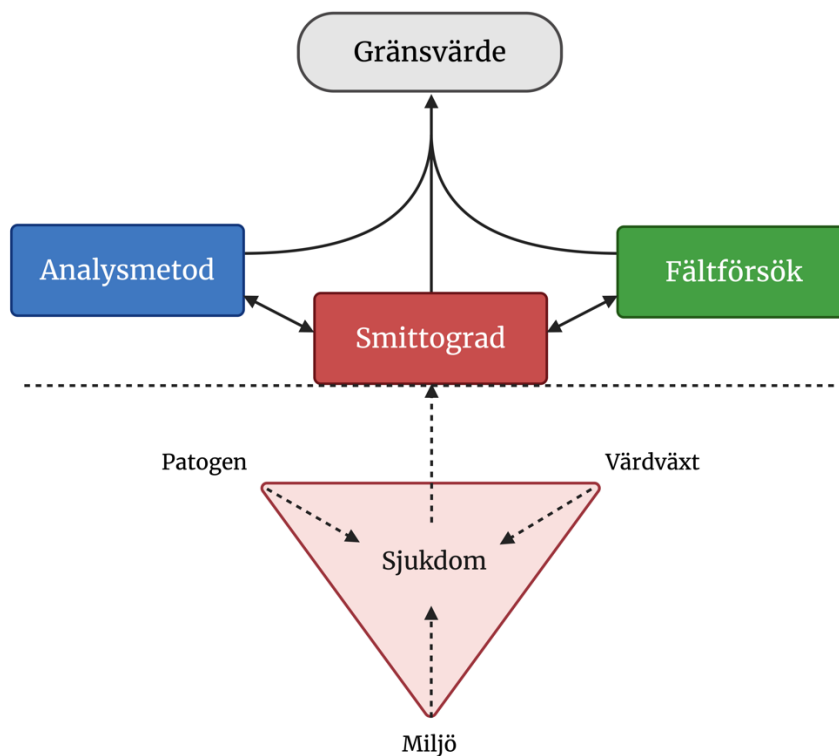
spridningsförmåga. Smittans art, mängd, vitalitet och placering i eller på fröet avgör hur stor del av beståndet som kan infekteras. Även patogenens känslighet för behandling påverkar relationen mellan smittograd och sjukdomsutveckling i gröda. Resistens mot fungicider, eller avsaknad av effektiva behandlingsmetoder, kan snabbt förändra sambandet mellan analysresultat och sjukdomsutfall i fält. Miljön utgör den tredje faktorn, där främst väder och odlingssystem styr om och när smittan får fäste. Väderförhållanden som temperatur, fuktighet, nederbörd och vind, samt agronomiska faktorer som såtidpunkt, växtföljd och jordbearbetning påverkar patogenens överlevnad och infektion (Tronsmo et al. 2020).

Smittograden utgör grunden för att bedöma risken för sjukdom i fält, men den faktiska sjukdomsutvecklingen beror på samspelet mellan värdväxt, patogen och miljö. Det är först när dessa faktorer samverkar som infekterat utsäde leder till sjukdom i växande gröda. Smittograden är därför inte ett konstant värde där ett visst antal sporer alltid ger en viss sjukdomsnivå, utan en biologisk konsekvens av växtens, miljöns och patogenens egenskaper under de specifika förhållanden som råder (Tronsmo et al. 2020).

4.2 Principer för fastställande av gränsvärden

Principerna för att uppdatera gränsvärden bygger på en helhetsbedömning där smittograd, analysmetod och resultat från fältförsök vägs samman. Utgångspunkten är att fastställa hur smittograd översätts till sjukdomsutveckling i fält under olika förhållanden (Roberts 1999). Samtidigt avgör analysmetodens känslighet, detektionsnivå och specificitet vilken smittograd som kan påvisas och därmed vilken precision som är möjlig vid fastställande av gränsvärden (Tsedaley 2015). Utifrån dessa samband bör gränsvärdet beakta både biologisk risk och ekonomisk betydelse, där en högre smittograd sannolikt medför skördeförluster, kvalitetsförsämring eller spridning av patogener (Jones 2000; Choudhury et al. 2017). Dessa principer illustreras i figur 1, där den biologiska bakgrunden till utsädets smittograd kopplas till sambandet mellan analysmetod och fältförsök, vilket tillsammans ligger till grund för kalibrering av gränsvärden utifrån biologiska risker och praktiska begränsningar.

Principer för fastställande av gränsvärden



Biologisk bakgrund till smittograd

Figur 1. Principer för fastställande av gränsvärden. Den övre delen visar de centrala komponenterna i framtagandet av nya gränsvärden: analysmetod, smittograd och fältförsök, vars samspel ligger till grund för fastställandet av gränsvärden. Den nedre delen, biologisk bakgrund till smittograd, illustrerar sjukdomstriangeln (patogen–värdväxt–miljö) som förklarar de grundläggande förutsättningarna för sjukdomsutveckling. *Figuren är skapad med BioRender.com. Åbonde, A. (2026) <https://BioRender.com/5wsyow4>*

Valet av analysmetod måste göras utifrån patogenens biologi och syftet med analysen. Avgörande faktorer är möjlig detektionsgräns, tidsåtgång, kostnad och metodens förmåga att särskilja arter eller bedöma smittans vitalitet. För vissa patogener kan molekylära metoder ge en mer fullständig bild av infektionen, medan traditionella metoder fortfarande är fördelaktiga för att bedöma om smittan är livskraftig och därmed infektiös (McCartney et al. 2003; Tsedaley 2015). I takt med att nya analysmetoder införs, till exempel molekylära, förändras detektionsnivåer och den biologiska tolkningen jämfört med dagens visuella eller mikroskopiska bedömningar. Sådana förändringar innebär att metodens egenskaper alltid måste beaktas vid fastställandet av gränsvärden.

Utöver metodens förmåga att detektera utsädesburna sjukdomar i ett prov måste analysresultaten hanteras på ett sätt som säkerställer att hela partiets sundhet bedöms representativt. För att uppnå detta krävs att provtagningen utförs enligt fastställda protokoll och att antalet delprov är tillräckligt för att spegla variationen inom partiet (ISTA 2025i). Analysresultaten behöver därefter tolkas i relation till partiets totala storlek, smittans spridning och metodens känslighet. Det är först genom denna helhet, från provtagning till tolkning, som en analys kan ge ett tillförlitligt beslutsunderlag (Hiddink et al. 2023).

Relationen mellan analysresultat och sjukdomsutveckling i fält kan dessutom variera mellan olika metoder. Osmometoden tenderar att överskatta smittograden av kornets bladfläcksjuka än den sjukdomsnivå som senare observeras i fält, medan filterpappersmetoden tvärtom ofta underskattar smittograden, särskilt vid låg smitta där sjukdomsutvecklingen i plantorna blir högre än analysresultatet indikerar (Jordbruksverket 2025f). Detta belyser behovet av att klarlägga sambandet mellan analysmetod, utsädes smittograd och sjukdomsutvecklingen i fält.

4.3 Fördjupande exempel som illustrerar processen

Ett danskt exempel på hur analysmetoden påverkar möjligheten att fastställa relevanta gränsvärden är *Pyrenophora graminea* och *P. teres* i korn. Den konventionella filterpappersmetoden kan inte skilja dessa arter åt, trots att de har olika gränsvärden (5% respektive 15%). I praktiken innebär detta att det lägre gränsvärdet tillämpas för båda, vilket särskilt i ekologisk produktion har lett till onödiga kasseringar. Med en qPCRmetod kan arterna däremot särskiljas och möjliggör en faktisk användning av två olika gränsvärden (Justesen et al. 2008).

Ett liknande exempel är utvecklingen av en qPCR-metod för att påvisa flygsot (*Ustilago nuda*) i korn (Panzetti et al. 2025). Idag bestäms smittograden vanligen genom visuell analys av embryon, en tidskrävande och ibland osäker metod. I en jämförande studie visade qPCR-metoden högre precision och bättre överensstämmelse med fältobservationer, särskilt vid låga smittograder. Embryometoden har en detektionsgräns på cirka 0,1% infekterade embryon, medan qPCR-metoden detekterar nivåer omkring 0,009%. Detta möjliggör en mer tillförlitlig differentiering av partier över och under gränsvärden, samtidigt som, om så önskas, det tillåter ett lägre och mer biologiskt motiverat gränsvärde.

Ett exempel på hur dos-responsförhållanden kan användas för att fastställa ett gränsvärde ges av Udayashankar et al. (2010), som använde utsäde infekterat i nivåerna 10, 5, 3, 2, 1, 0,75, 0,5 och 0,05%. Alla smittograder över 1% gav betydande skördeföruster, medan de under 1% inte gav någon signifikant

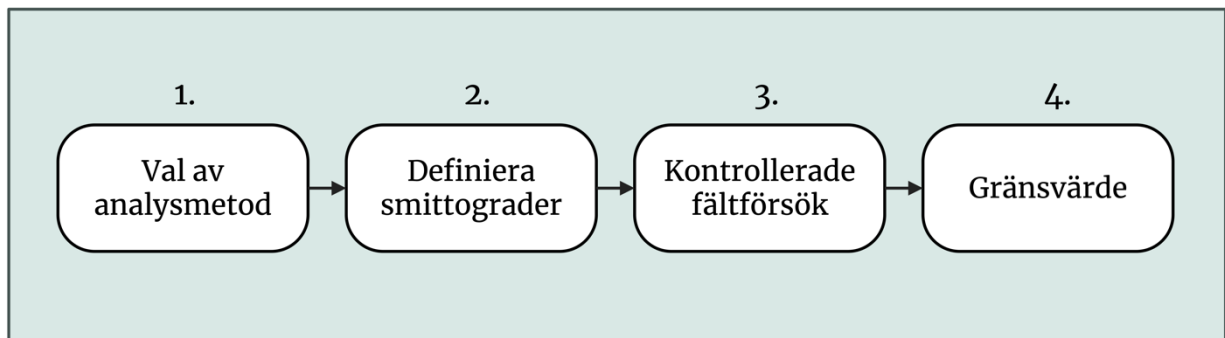
påverkan, och författarna drog slutsatsen att 1% är ett lämpligt gränsvärde. Studien belyser hur en tröskel kan identifieras genom systematiska spändingsserier och kontrollerade fältförsök.

Fältförhållanden har också betydelse för sjukdomsutveckling i grödan. Chang et al. (2014) genomförde fleråriga fältförsök i Kanada för att undersöka relationen mellan smittograd i utsäde och sjukdomsutveckling i åkerböna. Trots låg smitta i utsädet kunde stora negativa effekter på etablering och skörd observeras i system där den totala smittbelastningen i fält redan var hög. Studien visar tydligt att även små smittograder kan ge stora effekter under gynnsamma förhållanden för patogenen, och att gränsvärden därför måste baseras på fältdata som speglar verkliga odlingsförhållanden.

Waldow & Jahn (2007) genomförde ett fältförsök med tre vetesorter med olika mottaglighet (hög, medel och låg) på tre platser, inokulerade med 20, 100 eller 1000 sporer per frö. Resultaten visade att sortens mottaglighet starkt påverkade hur mycket smitta som kunde tolereras och författarna förespråkade flexibla gränsvärden. För utsädesproduktion föreslogs gränsvärden på en spor per frö för mottagliga sorter och 20 sporer per frö för motståndskraftiga sorter. Studien visar hur sortvalet i fältförsök påverkar smittograder som senare används som gränsvärden. Andra studier har också visat att resistent sorter kan ge lägre sjukdomsutveckling än vad utsädets smittograd antyder, vilket innebär att ett gemensamt gränsvärde kan bli missvisande (Justesen et al. 2008). Även om flexibla gränsvärden inte införs i praktiken demonstrerar resultaten att sortens resistensnivå bör beaktas vid fältförsök och vid tolkning av smittograd.

4.4 Föreslagen metodik för att ta fram nya gränsvärden

Exemplen ovan visar att fastställandet av gränsvärden bygger på fyra återkommande moment som kan formaliseras till en arbetsgång: 1) val av analysmetod, 2) definiering av smittograd, 3) kontrollerade fältförsök och 4) identifiering av tröskeln där smittogradens effekt på skörd blir signifikant. Denna metodik skildras nedan i figur 2.



Figur 2. Metodiken för att ta fram nytt gränsvärde. Processen består av fyra steg: 1) val av analysmetod, 2) definiering av smittograd, 3) kontrollerade fältförsök och 4) fastställande av gränsvärde. *Figuren är skapad med BioRender.com. Åbonde, A. (2026) <https://BioRender.com/n51tdq9>*

Det första steget, **val av analysmetod**, utgör utgångspunkten för hela processen. Metoden måste ha tillräcklig känslighet och specificitet för att mäta den relevanta smittograden av den specifika patogenen, och avgör hur analysvärdet ska tolkas biologiskt. Metodens detektionsnivå sätter en praktisk nedre gräns för vilka nivåer som kan användas som gränsvärde, eftersom ett gränsvärde som ligger under detektionsnivån inte kan verifieras i praktiken.

Det andra steget, **definiera smittograd**, innebär att smittan anges på ett sätt som är biologiskt relevant för den aktuella patogenen, som andel infekterade frön, antal sporer per gram utsäde eller mängd sklerotier. Utifrån detta genereras ett antal smittograder genom att späda friskt utsäde med infekterat i distinkta proportioner. Smittograderna bör omfatta hela det intervall där en tröskel förväntas uppträda, med finindelade nivåer som exempelvis 0,05%, 0,5%, 1%, 5% och 10%. Denna detaljerade uppdelning är nödvändig för att senare kunna identifiera vid vilken nivå sjukdomens effekt på grödan blir tydlig.

Det tredje steget, **kontrollerade fältförsök**, är nödvändigt för att ta reda på smittogradens effekt på skörden. Eftersom sambandet mellan utsädets smittograd och sjukdomsutveckling varierar mellan patogener, sortens mottaglighet och miljöförutsättningar krävs underlag från fleråriga fältförsök som speglar verkliga odlingsförhållanden. För att ge ett robust underlag bör försöken omfatta ett intervall av smittograder, genomföras på minst tre platser per år och upprepas under minst två till tre växtsäsonger. Variation i klimat, jordart och sjukdomstryck är nödvändigt för att identifiera en stabil och generaliserbar tröskel, eftersom årsmån

avgör hur representativa försöken är. Fältförsöken bör även inkludera relevanta sorter så att mottaglighetens betydelse kan kvantifieras och justeras för vid behov.

Det fjärde och sista steget är **fastställandet av gränsvärde**. När fältdatan har sammanställts identifieras den smittograd där effekten på grödan leder till mätbara effekter på etablering, sjukdomsutveckling och skörd, även under varierande odlingsförhållanden. Gränsvärdet fastställs vid den nivå där smittograden konsekvent leder till risk för skördeminskning. Eftersom gränsvärdena dessutom utgör beslutsunderlag för om behandling ska rekommenderas eller krävas, måste de relateras till vilka behandlingsmetoder som finns tillgängliga och vilken effekt dessa har. En smittograd som kan hanteras effektivt genom behandling motiverar ett annat gränsvärde än en smittograd där behandling saknas eller ger otillräcklig effekt.

Dessa fyra steg utgör metodiken för fastställandet av nya gränsvärden, där analysmetoden, den definierade smittograden och resultaten från kontrollerade fältförsök tillsammans ligger till grund för att identifiera den nivå av utsädesmitta som är acceptabel ur både biologisk och ekonomisk synvinkel. Ett alltför strikt gränsvärde kan begränsa tillgången på certifierat utsäde, medan ett för generöst värde riskerar skördeförkastelser eller kvalitetsförsämringar. Gränsvärdet bör sättas där smittograden innebär en påtaglig risk för skördebortfall, kvalitetsförsämring eller spridning till andra fält (Choudhury et al. 2017; Buddenhagen et al. 2021), med hänsyn till tillgängliga behandlingsmetoder. Slutprodukten av denna process är ett certifierat utsäde med accepterade nivåer av utsädesburna svampsjukdomar, där både biologiska risker och ekonomiska beslut balanserats.

Tillgången på sunt utsäde i händelse av kris

Det här avsnittet genomför en riskanalys om Sveriges tillgång på sunt utsäde i händelse av kris, där import av insatsmedel som certifierat utsäde, laboratorietjänster och växtskyddsmedel upphör. Fokus är på hur gränsvärden och analysmetoder påverkar möjligheten att ta fram sunt utsäde i en krissituation.

5.1 Övergripande beroende av importerat utsäde

Enligt förslag från Jordbruksverket ska staten bygga upp beredskapslager av utsäde och andra insatsmedel, för att garantera att Sverige kan upprätthålla en viss livsmedelsproduktion även under kris eller krig. Poängen är alltså inte att säkra dagens produktionsnivåer, utan att bibehålla en tillräcklig produktion för att kunna förse svenska folket med livsnödvändig energi och näringsämnen. Jordbruksverket lyfter spannmål, oljeväxter, proteingrödor och potatis som de väsentliga grupperna av grödor i ett beredskapsperspektiv. Vid kris behöver produktionen av oljeväxter och potatis öka, vilket bedöms vara möjligt under förutsättning att insatsvaror som gödsel- och växtskyddsmedel samt utsäde finns tillgängliga i beredskapslager (Jordbruksverket 2025e).

Sverige har i normala år god förmåga att producera utsäde till spannmål, som i princip sker *on-demand*, där behovet ett visst år täcks av utsäde som odlades året innan. Vid normala skördar räcker svensk produktion långt och landet har hög självförsörjningsgrad för utsäde till havre, vårkorn och höstvet, och exporterar vissa år överskott. Efter ett missväxtår ökar dock importbehovet snabbt och mycket, vilket innebär att variationen mellan år kan vara kraftig (Jordbruksverket 2025e).

Hos proteingrödorna har Sverige i stort sett full försörjningsförmåga för kokärter, och dessa bedöms vara kostnadseffektiva att prioritera i ett beredskapsperspektiv. Andra stora proteingrödor som åkerböna kräver däremot stora utsädesmängder och har betydligt högre produktionskostnader, vilket gör att de inte lämpar sig lika väl (Jordbruksverket 2025e).

För raps, som i princip står för hela den odlade oljeväxtarealen, är Sverige i praktiken helt beroende av importerat utsäde. Den svenska utsädesproduktionen av raps har i princip upphört till följd av förbudet mot neonicotinoider, en grupp av

verksamma ämnen som används i växtskyddsmedel, och bortfallet av exportmarknaden för våraps. De hybrid-sorter som dominerar kan dessutom inte uppföras linjärt, vilket innebär att skörden inte kan användas som nästa säongs utsäde och försvårar utsädesproduktionen. Trots det nuvarande importbehovet bedöms raps vara relevant ur beredskapsperspektiv eftersom utsädesmängden per hektar är låg. Höstraps lyfts fram som särskilt relevant eftersom den fyller viktiga funktioner i växtföljden (Jordbruksverket 2025e).

Sverige har en stabil produktion av matpotatis i normala år, men en begränsad och importberoende förmåga att producera certifierat potatisutsäde. Mer än hälften av utsädet bedöms vara importerat, även om omfattningen är osäker då potatis inte omfattas av införselanmälan. Sårbarheten ligger framförallt i beroendet av utländsk laboratoriekompetens i de tidiga leden av utsädesproduktionen. Sverige saknar kommersiell infrastruktur för att ta fram första generationens utsäde, pre-basic-tissue-culture (PBTC). Ett avbrott i dessa flöden skulle snabbt slå ut den svenska uppförökningen och begränsa möjligheten att ta fram utsäde för kommande års produktion (Jordbruksverket 2025e).

Sverige kan därmed odla potatis effektivt i fredstid, men saknar förmåga att säkra utsädet vid kris. I en nödsituation kan matpotatis användas som utsäde, trots avsaknad av certifiering och kvalitetskontroll, men leder till minskad odlingsareal, lägre skördar och kvalitetsproblem. Detta gör det mer ändamålsenligt att prioritera beredskapslager av andra insatsvaror som gödsel- och växtskyddsmedel, som ökar chansen att få ut en acceptabel skörd även när utsädet håller lägre standard. Regeringens uppdrag till Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA) att etablera ett referenslaboratorium för växtskadegörare är ett viktigt steg för att stärka den långsiktiga förmågan, speciellt i förhållande till karantänskadegörare. Sammantaget bedöms dock beredskapslagring av potatisutsäde vara praktiskt och ekonomiskt realistiskt, medan insatsvarulager framstår som en genomförbar beredskapsåtgärd (Jordbruksverket 2025e).

5.2 Analysberoenden och diagnostisk säkerhet

Ett av Sveriges tydligaste utsädesberoenden ligger i analysledet. Vissa centrala testmoment utförs i andra länder, och nationell kapacitet saknas i flera fall. Potatis är det mest akuta exemplet: tester för potatiscystnematoder görs idag i Danmark, under tiden som kapacitet för att genomföra analyserna för dessa karantänskadegörare är under uppbyggnad vid SVA, och PBTC-material tas fram utomlands. Ett avbrott i dessa flöden innebär att certifieringskedjan bryts direkt (Jordbruksverket 2025e).

Även modern molekylär diagnostik är beroende av reagenser, förbrukningsmaterial och utrustning som importeras, vilket gör dessa tekniker känsliga för logistiska störningar, samt att tillgången på nödvändiga insatsvaror snabbt kan bli en flaskhals i en krissituation. Metodkrav som i normala fall är väl motiverade kan därmed bli svåra att upprätthålla om leveranser uteblir under längre perioder. Samtidigt är många molekylära metoder väsentliga inom diagnostik för humansjukdomar, vilket talar för att den underliggande infrastrukturen bör finnas nationellt. En inhemsk kapacitet minskar sårbarheten och gör det möjligt att upprätthålla kritisk diagnostik även om importen begränsas.

Svenska lantbrukare får producera eget utsäde av sin skörd, så kallat farm saved seed (FSS). Det är icke-certifierat och saknar därmed formella kvalitetskrav, men de som producerar eget utsäde testar ofta grobarhet och sundhet på eget initiativ. Andelen egenproducerat utsäde är idag låg, under 10 procent, det kräver förädlingsavgift och får inte säljas vidare (Jordbruksverket 2025e). Vid en krissituation kan användningen av eget utsäde öka och utgöra en nödvändig förstärkning av utsädesproduktionen. En ökad användning av eget utsäde gör enkel och tillgänglig diagnostik avgörande för att bibehålla hög kvalitet och sundhet hos utsäde.

Det finns också en ökad risk för att nya eller ovanliga skadegörare passerar upptäckta och blir svåra att bekämpa om tillgången till certifierat utsäde samt tillgängliga metoder och växtskyddsmedel begränsas. Klimatförändringar påverkar dessutom förekomsten av skadegörare, och avsaknad av diagnostiska verktyg gör avvikande mönster svårare att detektera och hantera (IPPC Secretariat 2021).

5.3 Åtgärder för att minska sårbarheten

Sårbarheten i utsädesförsörjningen kan stärkas med riktade åtgärder. Genetisk bredd i de odlade grödorna, exempelvis genom diversifierade växtföljder eller sortblandningar, bidrar till mer resilienta odlingssystem, med lägre sjukdomstryck och stabilare avkastning (Smith et al. 2023; Ninkovic et al. 2025). Större genetisk diversitet hos utsädet minskar dessutom risken att en enskild skadegörare slår ut hela produktionen, samtidigt som beroendet av enskilda sorter, leverantörer och importkanaler reduceras (Louwaars & Manicad 2022).

Regeringens satsning för inrättandet av ett referenslaboratorium för diagnos av växtskadegörare under 2025 är ett viktigt steg i beredskapen. Deras uppdrag kopplas främst till diagnostik av karantänskadegörare, och den verksamheten är under uppbyggnad och förväntas vara tillgänglig inom några år (Regeringskansliet 2024). Att kapaciteten byggs upp vid SVA innebär också att insatsmedel, reagenser

och laboratorieinfrastruktur som idag är importberoende kan tillgängliggöras genom samordning med analyser av de djur- och humanpatogener som idag analyseras vid SVA. Detta är en viktig del i att stärka den nationella infrastrukturen och tillgången till diagnostik av växtskadegörare, och bidrar till en bredare bas av metodik i landet. Tillsammans kan dessa åtgärder skapa en mer resilient utsädesproduktion som klarar av att upprätthålla sundhetskrav även i händelse av kris.

Sveriges förmåga att ta fram sunt utsäde i en krissituation påverkas av vilka gränsvärden som tillämpas och vilka analysmetoder som faktiskt går att använda om importen bryts. Striktare gränsvärden ger ett starkt växtskydd men minskar mängden certifierat utsäde om analyskapaciteten är begränsad. För att då kunna säkerställa tillräckligt med utsäde av god kvalitet krävs mer flexibla gränsvärden, i kombination med robusta och tillgängliga analysmetoder. Det skulle göra det möjligt att frigöra större volymer utsäde utan att riskera omfattande sjukdomsutbrott. I praktiken innebär detta att utsädesförsörjning kan säkras vid utebliven import, förutsatt att enklare och mer tillgängliga analysmetoder prioriteras och att användningen av lantbrukares egenproducerade utsäde ökar.

Slutsatser

Den här rapporten visar att Sveriges system för sundhetsanalys av utsäde vilar på väl etablerade principer men samtidigt innehåller strukturella svagheter som blir kritiska vid händelse av kris. Gränsvärdena som används idag skiljer sig till våra grannländer, har i flera fall oklara motiveringar och baseras på äldre data som inte nödvändigtvis speglar dagens odlingssystem, förekomst av patogener eller tillgängliga behandlingsmetoder.

Samtidigt utvecklas kontinuerligt nya analysmetoder, men deras användning begränsas av bristande validering, osäkerhet kring kopplingen mellan analysresultat och faktisk sjukdomsutveckling samt praktisk tillämpbarhet och kostnadseffektivitet. I dagsläget lämpar sig molekylära analysmetoder bäst som förtester och komplement till konventionella metoder. Lättillgängliga molekylära metoder, så som LAMP, kan användas för att konfirmera svårtolkade resultat i kunskapsbyggande syfte.

Rapporten visar också att uppdateringen av gränsvärden behöver ske enligt en tydlig och systematisk metodik, från val av analysmetod till definierad smittograd, kontrollerade fältförsök och fastställande av gränsvärden och bekämpningströsklar. Denna struktur är en förutsättning för att gränsvärden ska kunna förbli relevanta, jämförbara över tid och användbara som beslutsstöd.

I ett beredskapsperspektiv framträder utsädesförsörjningen för nuläget som sårbar. Sverige kan under normala år producera stora delar av sitt behov av spannmålsutsäde och för vissa proteingrödor som kokärter. Däremot är landet beroende av import för rapsutsäde och för kritiska led i produktionen av potatisutsäde. Flera nödvändiga analyser utförs idag utomlands, och nuvarande och möjliga alternativa analysmetoder är till stor del beroende av importerade reagenser och förbrukningsvaror. En krissituation innebär därför att både volym och kvalitet snabbt kan försämrans om inte enklare och mer robusta metodkedjor finns på plats.

Sammanfattningsvis pekar rapporten på tre övergripande behov: 1) uppdaterade gränsvärden som speglar dagens odlingsförhållanden, 2) tillämpande av nya analysmetoder som används där de gör som mest nytta, 3) ett stärkt nationellt

diagnostiskt och produktionsmässigt oberoende, särskilt för oljeväxter och potatis där sårbarheten är störst.

Rapportens fokus ligger på utsädesburna svampsjukdomar, men motsvarande resonemang gäller även för andra skadegörare som virus, bakterier och nematoder. Ett långsiktigt hållbart system för utsädeskontroll måste därför omfatta hela spektrumet av skadegörare och ta höjd för att nya patogener kan etableras eller förändras över tid. Endast genom att kombinera biologisk kunskap, praktisk diagnostik och beredskapsplanering kan Sverige säkerställa att tillgången på sunt utsäde är tillräcklig, i såväl fredstid som vid händelse av kris.

Referenser

- Abdullah, A.S., Turo, C., Moffat, C.S., Lopez-Ruiz, F.J., Gibberd, M.R., Hamblin, J. & Zerihun, A. (2018). Real-Time PCR for Diagnosing and Quantifying Co-infection by Two Globally Distributed Fungal Pathogens of Wheat. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1086. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01086>
- Adams, I.P., Glover, R.H., Monger, W.A., Mumford, R., Jackeviciene, E., Navalinskiene, M., Samuitiene, M. & Boonham, N. (2009). Next-generation sequencing and metagenomic analysis: a universal diagnostic tool in plant virology. *Molecular Plant Pathology*, 10 (4), 537–545. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2009.00545.x>
- Ball, S. F. L & Reeves, J. C. (1991). The application of new techniques in the rapid testing for seed-borne pathogens. *Plant Varieties & Seeds*, Vol 4. (3), 169–176
- Barnes, C.W. & Szabo, L.J. (2007). Detection and Identification of Four Common Rust Pathogens of Cereals and Grasses Using Real-Time Polymerase Chain Reaction. *Phytopathology*®, 97 (6), 717–727. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-97-6-0717>
- Bates, J.A., Taylor, E.J.A., Kenyon, D.M. & Thomas, J.E. (2001). The application of real-time PCR to the identification, detection and quantification of *Pyrenophora* species in barley seed. *Molecular Plant Pathology*, 2 (1), 49–57. <https://doi.org/10.1046/j.1364-3703.2001.00049.x>
- Buddenhagen, C.E., Rubenstein, J.M., Hampton, J.G. & Rolston, M.P. (2021). The phytosanitary risks posed by seeds for sowing trade networks. Uludag, A. (red.) (Uludag, A., red.) *PLOS ONE*, 16 (11), e0259912. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0259912>
- CABI (2010). *Didymella fabae* (leaf and pod spot). <https://doi.org/10.1079/cabicompendium.7304>
- CABI (2019). *Alternaria linicola* (seedling blight of flax). <https://doi.org/10.1079/cabicompendium.4513>
- CABI (2021a). *Ascochyta pisi* (blight: pea). <https://doi.org/10.1079/cabicompendium.7332>
- CABI (2021b). *Botrytis cinerea* (grey mould-rot). <https://doi.org/10.1079/cabicompendium.9611>
- Chang, K.F., Conner, R.L., Hwang, S.F., Ahmed, H.U., McLaren, D.L., Gossen, B.D. & Turnbull, G.D. (2014). Effects of seed treatments and inoculum density of *Fusarium avenaceum* and *Rhizoctonia solani* on seedling blight and root rot of faba bean. *Canadian Journal of Plant Science*, 94 (4), 693–700. <https://doi.org/10.4141/cjps2013-339>
- Chetna, Suresh, K., Kumari, S., Singh, S.K., Mandal, R.K. & Singh, A. (2025). Electronic nose (e-nose): Principle and advances for seed quality assessment. *Food Control*, 175, 111291. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2025.111291>
- Choudhury, R.A., Garrett, K.A., Klosterman, S.J., Subbarao, K.V. & McRoberts, N. (2017). A Framework for Optimizing Phytosanitary Thresholds in Seed

- Systems. *Phytopathology*[®], 107 (10), 1219–1228. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-17-0131-FI>
- Comte, A., Gräfenhan, T., Links, M.G., Hemmingsen, S.M. & Dumonceaux, T.J. (2017). Quantitative molecular diagnostic assays of grain washes for *Claviceps purpurea* are correlated with visual determinations of ergot contamination. Singh, J. (red.) (Singh, J., red.) *PLOS ONE*, 12 (3), e0173495. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0173495>
- Demeke, T., Clear, R.M., Patrick, S.K. & Gaba, D. (2005). Species-specific PCR-based assays for the detection of *Fusarium* species and a comparison with the whole seed agar plate method and trichothecene analysis. *International Journal of Food Microbiology*, 103 (3), 271–284. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2004.12.026>
- Denancé, N. & Grimault, V. (2022). Seed pathway for pest dissemination: The ISTA Reference Pest List, a bibliographic resource in non-vegetable crops. *EPPO Bulletin*, 52 (2), 434–445. <https://doi.org/10.1111/epp.12834>
- Esbo, Harald (1975). *Svensk frökontroll 100 år: 1876-1976*. Berling.
- Farzana, L., Islam, S.S., Rahman, M., Ferdus, H. & Hossain, Md.M. (2025). Addressing *Bipolaris sorokiniana* in wheat: challenges, management strategies, and future directions for sustainable food security. *Discover Agriculture*, 3 (1), 211. <https://doi.org/10.1007/s44279-025-00389-z>
- Ferreira, L.D.C., Carvalho, I.C.B., Jorge, L.A.D.C., Quezado-Duval, A.M. & Rossato, M. (2024). Hyperspectral imaging for the detection of plant pathogens in seeds: recent developments and challenges. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1387925. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1387925>
- Finch-Savage, W.E. & Bassel, G.W. (2016). Seed vigour and crop establishment: extending performance beyond adaptation. *Journal of Experimental Botany*, 67 (3), 567–591. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv490>
- Fogelfors, Håkan (2023). *Vår mat: odling av åker- och trädgårdsgrödor i ett klimat under förändring: biologi, klimat, förutsättningar och historia*. Andra upplagan. Studentlitteratur.
- França-Silva, F., Rego, C.H.Q., Gomes-Junior, F.G., Moraes, M.H.D.D., Medeiros, A.D.D. & Silva, C.B.D. (2020). Detection of *Drechslera avenae* (Eidam) Sharif [*Helminthosporium avenae* (Eidam)] in Black Oat Seeds (*Avena strigosa* Schreb) Using Multispectral Imaging. *Sensors*, 20 (12), 3343. <https://doi.org/10.3390/s20123343>
- Gebeyaw, M. (2020). Review on: Impact of Seed-Borne Pathogens on Seed Quality. *American Journal of Plant Biology*, 5 (4), 77. <https://doi.org/10.11648/j.ajpb.20200504.11>
- Hariharan, G. & Prasannath, K. (2021). Recent Advances in Molecular Diagnostics of Fungal Plant Pathogens: A Mini Review. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 10, 600234. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.600234>
- Hiddink, G.A., Willmann, R., Woudenberg, J.H.C. & Souza-Richards, R. (2023). Seed Health Testing: Doing Things Right. *PhytoFrontiers*[™], 3 (1), 71–74. <https://doi.org/10.1094/PHYTOFR-03-22-0029-FI>
- Hindson, B.J., Ness, K.D., Masquelier, D.A., Belgrader, P., Heredia, N.J., Makarewicz, A.J., Bright, I.J., Lucero, M.Y., Hiddessen, A.L., Legler, T.C., Kitano, T.K., Hodel, M.R., Petersen, J.F., Wyatt, P.W., Steenblock, E.R., Shah, P.H., Bousse, L.J., Troup, C.B., Mellen, J.C., Wittmann, D.K., Erndt, N.G., Cauley, T.H., Koehler, R.T., So, A.P., Dube, S., Rose, K.A., Montesclaros, L., Wang, S., Stumbo, D.P., Hodges, S.P., Romine, S., Milanovich, F.P., White, H.E., Regan, J.F., Karlin-Neumann, G.A., Hindson, C.M., Saxonov, S. & Colston, B.W. (2011). High-Throughput Droplet Digital PCR System for Absolute Quantitation of DNA Copy

- Number. *Analytical Chemistry*, 83 (22), 8604–8610.
<https://doi.org/10.1021/ac202028g>
- Hutchins, J.D., Reeves, J.C., International Seed Testing Association, & CAB International (red.) (1997). *Seed health testing: Progress towards the 21st century; [proceedings of the Second International Seed Testing Association Plant Disease Committee (ISTA-PDC) Symposium, held in Cambridge, UK, 5 - 8 August 1996]*. CAB International.
- IPPC (2017). *ISPM 38: International movement of seeds*. (International Standard for Phytosanitary Measures). Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). <https://www.ippc.int/en/publications/84340/> [2025-11-04]
- IPPC Secretariat (2021). *Scientific review of the impact of climate change on plant pests – A global challenge to prevent and mitigate plant pest risks in agriculture, forestry and ecosystems*. FAO on behalf of the IPPC Secretariat. <https://doi.org/10.4060/cb4769en>
- ISF (2025). *Best Practices for ELISA Assays in Seed Health Tests*. International Seed Health Initiative (ISHI) of the International Seed Federation (ISF). <https://worldseed.org/document/ishi-veg-best-practices-elisa/> [2025-11-03]
- ISTA (2025a). 7-005: *Detection of Ascochyta pisi in Pisum sativum (pea) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025b). 7-007: *Detection of Alternaria linicola, Botrytis cinerea and Colletotrichum lini in Linum usitatissimum (flax, linseed) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025c). 7-013a: *Detection of Ustilago nuda in Hordeum vulgare subsp. vulgare (barley) seed by embryo extraction*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025d). 7-013b: *Detection of Ustilago nuda in Hordeum vulgare subsp. vulgare (barley) seed by dehulling and embryo extraction*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025e). 7-014: *Detection of Parastagonospora nodorum in Triticum aestivum subsp. aestivum (wheat) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025f). 7-022: *Detection of Microdochium nivale and Microdochium majus in Triticum spp. (wheat) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025g). 7-027: *Detection of Pyrenophora teres and Pyrenophora graminea in Hordeum vulgare subsp. vulgare (barley) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2025h). *ISTA Reference Pest List*. [seedtest.org. https://www.seedtest.org/en/services-header/tools/seed-health-committee/ista-reference-pest-list.html](https://www.seedtest.org/en/services-header/tools/seed-health-committee/ista-reference-pest-list.html) [2025-11-10]
- ISTA (2025i). *ISTA Rules 2025 Chapter 2: Sampling*. International Seed Testing Association (ISTA). <https://www.seedtest.org/api/rm/78H988G6M29D8Q9/ista-rules-2026-02-sampling-web.pdf> [2025-11-18]
- ISTA (2026a). 7-019a: *Detection of Xanthomonas campestris pv. campestris and Xanthomonas campestris pv. raphani in Brassica spp. seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2026b). 7-020: *Detection of Xanthomonas hortorum pv. carotae in Daucus carota (carrot) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- ISTA (2026c). 7-030: *Detection of Acidovorax valerianellae in Valerianella locusta (corn salad) seed*. International Seed Testing Association (ISTA).
- Jones, R.A.C. (2000). Determining ‘threshold’ levels for seed-borne virus infection in seed stocks. *Virus Research*, 71 (1–2), 171–183.
[https://doi.org/10.1016/S0168-1702\(00\)00197-0](https://doi.org/10.1016/S0168-1702(00)00197-0)

- Jordbruksverket (2000). *Utsädesburna sjukdomar på jordbruksväxter*. (Jordbruksinformation, 8–2000)
- Jordbruksverket (2023). *Tjänster som utsädesenheterna utför*. [text]. <https://jordbruksverket.se/vaxter/odling/utsade-och-registrering-av-vaxtsorter/tjanster-som-utsadesenheten-utfor> [2025-10-27]
- Jordbruksverket (2025a). *Bekämpningsrekommendationer: Svampar och insekter 2025*. Jordbruksverket.
- Jordbruksverket (2025b). *Betningsgränser för Sverige, Danmark och Finland*. [Internt material].
- Jordbruksverket (2025c). *Betningsgränser för Sverige, Norge och Estland*. [Internt material].
- Jordbruksverket (2025d). *Certifierat utsäde*. [jordbruksverket.se](https://jordbruksverket.se/vaxter/handel-och-resor/utsade-och-froer/certifierat-utsade#krav-pa-certifierad-utsadespotatis). [text]. <https://jordbruksverket.se/vaxter/handel-och-resor/utsade-och-froer/certifierat-utsade#krav-pa-certifierad-utsadespotatis> [2025-11-07]
- Jordbruksverket (2025e). *En robust livsmedelsförsörjning i krig och kris - del 2: Beredskapslagring av insatsvaror till jordbruket*. <https://www2.jordbruksverket.se/download/18.73587d8a198eca95c9d62eec/1758044541111/ovr757.pdf> [2025-11-27]
- Jordbruksverket (2025f). *Utsäde: skadegörare, analys och behandling*. Jordbruksverket.
- Justesen, A.F., Hansen, H.J. & Pinnschmidt, H.O. (2008). Quantification of *Pyrenophora graminea* in barley seed using real-time PCR. *European Journal of Plant Pathology*, 122 (2), 253–263. <https://doi.org/10.1007/s10658-008-9278-1>
- Kumar, R. & Gupta, A. (red.) (2020). *Seed-Borne Diseases of Agricultural Crops: Detection, Diagnosis & Management*. Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-32-9046-4>
- Kurppa, A. (1984). *Bipolaris sorokiniana* on barley seed in Finland. *Agricultural and Food Science*, 56 (3), 175–182. <https://doi.org/10.23986/afsci.72169>
- Lievens, B. & Thomma, B.P.H.J. (2005). Recent Developments in Pathogen Detection Arrays: Implications for Fungal Plant Pathogens and Use in Practice. *Phytopathology*®, 95 (12), 1374–1380. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-95-1374>
- Livsmedelsverket (2025a). *Bestämning av utsädesburna växtsjukdomar*. (13002/5)
- Livsmedelsverket (2025b). *Kvalitetsfordringar på utsädespartier med avseende på växtsjukdomar*. (13002/5, Bilaga 1)
- Louwaars, N.P. & Manicad, G. (2022). Seed Systems Resilience—An Overview. *Seeds*, 1 (4), 340–356. <https://doi.org/10.3390/seeds1040028>
- Maina, S., Donovan, N.J., Plett, K., Bogema, D. & Rodoni, B.C. (2024). High-throughput sequencing for plant virology diagnostics and its potential in plant health certification. *Frontiers in Horticulture*, 3, 1388028. <https://doi.org/10.3389/fhort.2024.1388028>
- Mancini, V., Murolo, S. & Romanazzi, G. (2016). Diagnostic methods for detecting fungal pathogens on vegetable seeds. *Plant Pathology*, 65 (5), 691–703. <https://doi.org/10.1111/ppa.12515>
- McCartney, H.A., Foster, S.J., Fraaije, B.A. & Ward, E. (2003). Molecular diagnostics for fungal plant pathogens. *Pest Management Science*, 59 (2), 129–142. <https://doi.org/10.1002/ps.575>
- McKay, G.J., Brown, A.E., Bjourson, A.J. & Mercer, P.C. (1999). Molecular Characterisation of *Alternaria linicola* and its Detection in Linseed. *European Journal of Plant Pathology*, 105 (2), 157–166. <https://doi.org/10.1023/A:1008774221919>
- McNeil, M., Roberts, A.M.I., Cockerell, V. & Mulholland, V. (2004). Real-time PCR assay for quantification of *Tilletia caries* contamination of UK wheat

- seed. *Plant Pathology*, 53 (6), 741–750. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2004.01094.x>
- Morcia, C., Ghizzoni, R., Delogu, C., Andreani, L., Carnevali, P. & Terzi, V. (2020). Digital PCR: What Relevance to Plant Studies? *Biology*, 9 (12), 433. <https://doi.org/10.3390/biology9120433>
- Munkvold, G., Du Toit, L. & Dunkle, R. (2025). Seed Pathology: Challenges and Advances in Ensuring a Safe Global Seed Supply. *Annual Review of Phytopathology*, 63 (1), 43–62. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-121423-093855>
- Neergaard, P. (1977). *Seed Pathology*. Macmillan Education UK. <https://doi.org/10.1007/978-1-349-02842-9>
- Ninkovic, V., Zander, S. & Andersson, B. (2025). *Sortblandningar i svensk växtproduktion: möjligheter och utmaningar*. Swedish University of Agricultural Sciences. <https://doi.org/10.54612/a.7flq1m60ai>
- Notomi, T. (2000). Loop-mediated isothermal amplification of DNA. *Nucleic Acids Research*, 28 (12), 63e–663. <https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e63>
- Panzetti, C., Jenny, E., Bänziger, I., Kägi, A., Vogelgsang, S., Hebeisen, T., Büttner, P., Croll, D., Widmer, F. & Sullam, K.E. (2025). A new molecular seed assay to predict *Ustilago nuda* field infection levels. *Scientific Reports*, 15 (1), 34755. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-18544-3>
- Pecchia, S., Caggiano, B., Da Lio, D., Cafà, G., Le Floch, G. & Baroncelli, R. (2019). Molecular Detection of the Seed-Borne Pathogen *Colletotrichum lupini* Targeting the Hyper-Variable IGS Region of the Ribosomal Cluster. *Plants*, 8 (7), 222. <https://doi.org/10.3390/plants8070222>
- Picard, C., Afonso, T., Benko-Beloglavec, A., Karadjova, O., Matthews-Berry, S., Paunovic, S.A., Pietsch, M., Reed, P., Van Der Gaag, D.J. & Ward, M. (2018). Recommended regulated non-quarantine pests (RNQP s), associated thresholds and risk management measures in the European and Mediterranean region. *EPPO Bulletin*, 48 (3), 552–568. <https://doi.org/10.1111/epp.12500>
- Radhakrishnan, G.V., Cook, N.M., Bueno-Sancho, V., Lewis, C.M., Persoons, A., Mitiku, A.D., Heaton, M., Davey, P.E., Abeyo, B., Alemayehu, Y., Badebo, A., Barnett, M., Bryant, R., Chatelain, J., Chen, X., Dong, S., Henriksson, T., Holdgate, S., Justesen, A.F., Kalous, J., Kang, Z., Laczny, S., Legoff, J.-P., Lesch, D., Richards, T., Randhawa, H.S., Thach, T., Wang, M., Hovmøller, M.S., Hodson, D.P. & Saunders, D.G.O. (2019). MARPLE, a point-of-care, strain-level disease diagnostics and surveillance tool for complex fungal pathogens. *BMC Biology*, 17 (1), 65. <https://doi.org/10.1186/s12915-019-0684-y>
- Regeringskansliet (2024). *Budgetpropositionen för 2025*. (2024/25:1). <https://regeringen.se/contentassets/bfe4593f9b0d462f834bc8bbd052a921/budgetpropositionen-for-2025-hela-dokumentet-prop.2024251.pdf> [2025-12-18]
- Reich, J.D., Alexander, T.W. & Chatterton, S. (2016). A multiplex PCR assay for the detection and quantification of *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*. *Letters in Applied Microbiology*, 62 (5), 379–385. <https://doi.org/10.1111/lam.12566>
- Roberts, S. J. (1999). Thresholds, standards, tests, transmission and risks. *Proceedings of 3rd ISTA Seed Health Symposium, Ames, Iowa, USA*, (Vol. 1619). <https://www.planthealth.co.uk/downloads/Brazil2006-Thresholds.pdf> [2025-11-12]
- Santhy, V., Sandra, N., Ravishankar, K.V. & Chidambara, B. (2023). Molecular Techniques for Testing Genetic Purity and Seed Health. I: Dadlani, M. & Yadava, D.K. (red.) *Seed Science and Technology*. Springer Nature Singapore. 365–389. https://doi.org/10.1007/978-981-19-5888-5_15

- Savva, L., Bryan, A., Vinopal, D., Gonzalez-Navarro, O.E., Kosgey, Z., Ndung'u, K.C., Horo, J.T., Danu, K.G., Molla, M., Alemayehu, Y., Hodson, D.P. & Saunders, D.G.O. (2025). A portable, nanopore-based genotyping platform for near real-time detection of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* lineages and fungicide sensitivity. *BMC Genomics*, 26 (1), 327. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11428-w>
- Schoch, C.L., Seifert, K.A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J.L., Levesque, C.A., Chen, W., Fungal Barcoding Consortium, Fungal Barcoding Consortium Author List, Bolchacova, E., Voigt, K., Crous, P.W., Miller, A.N., Wingfield, M.J., Aime, M.C., An, K.-D., Bai, F.-Y., Barreto, R.W., Begerow, D., Bergeron, M.-J., Blackwell, M., Boekhout, T., Bogale, M., Boonyuen, N., Burgaz, A.R., Buyck, B., Cai, L., Cai, Q., Cardinali, G., Chaverri, P., Coppins, B.J., Crespo, A., Cubas, P., Cummings, C., Damm, U., De Beer, Z.W., De Hoog, G.S., Del-Prado, R., Dentinger, B., Diéguez-Uribeondo, J., Divakar, P.K., Douglas, B., Dueñas, M., Duong, T.A., Eberhardt, U., Edwards, J.E., Elshahed, M.S., Fliegerova, K., Furtado, M., García, M.A., Ge, Z.-W., Griffith, G.W., Griffiths, K., Groenewald, J.Z., Groenewald, M., Grube, M., Gryzenhout, M., Guo, L.-D., Hagen, F., Hambleton, S., Hamelin, R.C., Hansen, K., Harrold, P., Heller, G., Herrera, C., Hirayama, K., Hirooka, Y., Ho, H.-M., Hoffmann, K., Hofstetter, V., Högnabba, F., Hollingsworth, P.M., Hong, S.-B., Hosaka, K., Houbroken, J., Hughes, K., Huhtinen, S., Hyde, K.D., James, T., Johnson, E.M., Johnson, J.E., Johnston, P.R., Jones, E.B.G., Kelly, L.J., Kirk, P.M., Knapp, D.G., Kõljalg, U., Kovács, G.M., Kurtzman, C.P., Landvik, S., Leavitt, S.D., Liggenstoffer, A.S., Liimatainen, K., Lombard, L., Luangsa-ard, J.J., Lumbsch, H.T., Maganti, H., Maharachchikumbura, S.S.N., Martin, M.P., May, T.W., McTaggart, A.R., Methven, A.S., Meyer, W., Moncalvo, J.-M., Mongkolsamrit, S., Nagy, L.G., Nilsson, R.H., Niskanen, T., Nyilasi, I., Okada, G., Okane, I., Olariaga, I., Otte, J., Papp, T., Park, D., Petkovits, T., Pino-Bodas, R., Quaedvlieg, W., Raja, H.A., Redecker, D., Rintoul, T.L., Ruibal, C., Sarmiento-Ramírez, J.M., Schmitt, I., Schüßler, A., Shearer, C., Sotome, K., Stefani, F.O.P., Stenroos, S., Stielow, B., Stockinger, H., Suetrong, S., Suh, S.-O., Sung, G.-H., Suzuki, M., Tanaka, K., Tedersoo, L., Telleria, M.T., Tretter, E., Untereiner, W.A., Urbina, H., Vágvölgyi, C., Vialle, A., Vu, T.D., Walther, G., Wang, Q.-M., Wang, Y., Weir, B.S., Weiß, M., White, M.M., Xu, J., Yahr, R., Yang, Z.L., Yurkov, A., Zamora, J.-C., Zhang, N., Zhuang, W.-Y. & Schindel, D. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for *Fungi*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109 (16), 6241–6246. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109>
- SEGES (u.å.). *Bejdsebehov – Udsædsbårne svampesygdomme i korn og bælgæd, vejledende grænser for bejdsebehov i henhold til Fødevarerstyrelsen og forventede tab ved kraftige angreb. Landbrugsinfo.dk.* https://www.landbrugsinfo.dk/-/media/landbrugsinfo/public/0/5/9/bilag1_sadan_bruger_du_egen_udsad_a_f_varsad.pdf [2025-11-09]
- Smith, M.E., Vico, G., Costa, A., Bowles, T., Gaudin, A.C.M., Hallin, S., Watson, C.A., Alarcón, R., Berti, A., Blecharczyk, A., Calderon, F.J., Culman, S., Deen, W., Drury, C.F., Garcia, A.G.Y., García-Díaz, A., Plaza, E.H., Jonczyk, K., Jäck, O., Lehman, R.M., Montemurro, F., Morari, F., Onofri, A., Osborne, S.L., Pasamón, J.L.T., Sandström, B., Santín-Montanyá, I., Sawinska, Z., Schmer, M.R., Stalenga, J., Strock, J., Tei, F., Topp, C.F.E., Ventrella, D., Walker, R.L. & Bommarco, R. (2023). Increasing crop rotational diversity can enhance cereal yields. *Communications Earth & Environment*, 4 (1), 89. <https://doi.org/10.1038/s43247-023-00746-0>

- Statens jordbruksverk (1995). *Statens jordbruksverks föreskrifter om certifiering av utsädespotatis (SJVFS 1995:90)*. Statens jordbruksverks författningssamling. <https://lagen.nu/sjvfs/1995:90> [2025-11-07]
- Sverigeförsöken (2014). *Betning mot stråsådens utsädesburna sjukdomar: Historik, aktuella försöksresultat och nuläget i Sverige*. (Skåneförsök)
- Sveriges Utsädesförenings Tidskrift (2014). Sveriges Utsädesförenings Tidskrift 2-2014. Weibull, Jens (red.) (Weibull, Jens, red.) 123 (2)
- Tronsmo, A.M., Collinge, D.B., Djurle, A., Munk, L., Yuen, J. & Tronsmo, A. (2020). *Plant pathology and plant diseases*. CABI.
- Tsedaley, Binyam (2015). Review on Seed Health Tests and Detection Methods of Seedborne Diseases. *Journal of Biology, Agriculture and Healthcare*, Vol.5, No.5, 2015
- Udayashankar, A.C., Nakaya, S.C., Kumar, H.B., Mortensen, C.N., Shetty, H.S. & Prakash, H.S. (2010). Establishing inoculum threshold levels for bean common mosaic virus strain blackeye cowpea mosaic infection in cowpea seed. *African Journal of Biotechnology*, 9 (53), 8958–8969. <https://doi.org/10.5897/AJB09.1066>
- Utsädesförordning (2000:1330)* (2000). *Svensk författningssamling (SFS)*
- Vishunavat, K., Prabakar, K. & Anand, T. (2023). Seed Health: Testing and Management. I: Dadlani, M. & Yadava, D.K. (red.) *Seed Science and Technology*. Springer Nature Singapore. 335–364. https://doi.org/10.1007/978-981-19-5888-5_14
- VYR (u.å.). 6.4 *Växtsjukdomar, ogräs och liggsäd: Bekämpning av växtsjukdomar. vyr.fi*. <https://guide.vyr.fi/publications/odlingsguide-for-malkorn/6-4-vaxtsjukdomar-ogras-och-liggsad> [2025-11-11]
- Växtskyddsrådet (2024). *Tillgång till friskt spannmålsutsäde i fara: stora utmaningar att hantera utsädesburna sjukdomar*. Jordbruksverket.
- Walcott, Ron R. (2003). Detection of Seedborne Pathogens. *HortTechnology*, 13(1), 40–47
- Waldow, F. & Jahn, M. (2007). Investigations in the regulation of common bunt (*Tilletia tritici*) of winter wheat with regard to threshold values, cultivar susceptibility and non-chemical protection measures. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 114 (6), 269–275. <https://doi.org/10.1007/BF03356228>
- Ward, E., Foster, S.J., Fraaije, B.A. & McCartney, H.A. (2004). Plant pathogen diagnostics: immunological and nucleic acid-based approaches. *Annals of Applied Biology*, 145 (1), 1–16. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2004.tb00354.x>
- Yan, H., Zhang, J., Ma, D. & Yin, J. (2019). qPCR and loop mediated isothermal amplification for rapid detection of *Ustilago tritici*. *PeerJ*, 7, e7766. <https://doi.org/10.7717/peerj.7766>
- Yasuhara-Bell, J., Pedley, K.F., Farman, M., Valent, B. & Stack, J.P. (2018). Specific Detection of the Wheat Blast Pathogen (*Magnaporthe oryzae* Triticum) by Loop-Mediated Isothermal Amplification. *Plant Disease*, 102 (12), 2550–2559. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-18-0512-RE>
- Yazdkhasti, E., Hopkins, R.J. & Kvarnheden, A. (2021). Reservoirs of plant virus disease: Occurrence of wheat dwarf virus and barley/cereal yellow dwarf viruses in Sweden. *Plant Pathology*, 70 (7), 1552–1561. <https://doi.org/10.1111/ppa.13414>
- Zia, R., Popper, Z.A. & Kildea, S. (2025). Barley Disease Screening: A Multiplex Digital Droplet PCR Approach for the Detection of *Ramularia collo-cygni*, *Rhynchosporium graminicola* and *Pyrenophora teres*. *Plant Pathology*, 74 (6), 1752–1762. <https://doi.org/10.1111/ppa.14123>

Bilaga 1. Översikt av utsädesburna sjukdomar

| Patogen | Sjukdom | Värdväxt(er) |
|--|------------------------|---|
| <i>Alternaria linicola</i> | Svartfläcksjuka | Lin |
| <i>Ascochyta fabae</i> | Bönfläcksjuka | Åkerböna |
| <i>Ascochyta linicola</i> | Ascochyta | Lin |
| <i>Ascochyta pisi</i> | Ärtfläcksjuka | Ärt |
| <i>Botrytis cinerea</i> (syn. <i>Botryotinia fuckeliana</i>) | Gråmögel | Oljeväxter, ärt |
| <i>Claviceps purpurea</i> | Mjöldryga | Stråsäd (särskilt råg) |
| <i>Cochliobolus sativus</i> (syn. <i>Bipolaris sorokiniana</i>) | Bipolaris | Stråsäd, särskilt korn |
| <i>Colletotrichum lini</i> | Antraknos | Lin |
| <i>Colletotrichum lupini</i> | Antraknos | Lupin |
| <i>Fusarium</i> spp. | Fusarium | Stråsäd (särskilt vete, rågvete, havre) |
| <i>Microdochium nivale</i> (syn. <i>Monoglyphella nivalis</i>) | Snömögel | Höstsäd och vall |
| <i>Parastagonospora nodorum</i> (syn. <i>Stagonospora nodorum</i>) | Brunfläcksjuka | Vete |
| <i>Pyrenophora avenae</i> (syn. <i>Drechslera avenae</i>) | Havrens bladfläcksjuka | Havre |
| <i>Pyrenophora graminea</i> (syn. <i>Drechslera graminea</i>) | Strimsjuka | Korn |
| <i>Pyrenophora teres</i> (syn. <i>Drechslera teres</i>) | Kornets bladfläcksjuka | Korn |
| <i>Tilletia caries</i> (syn. <i>T. tritici</i>) | Stinksot | Vete |
| <i>Tilletia controversa</i> | Dvärgstinksot | Höstvete |
| <i>Ustilago tritici</i> , <i>U. nuda</i> , <i>U. avenae</i> | Flygsot | Vete, korn, havre |