

Zintegrowane fenotypowanie funkcjonalne roślin

Konferencja IPAP4 w Brnie

Integrated functional plant phenotyping
IPAP4 conference in Brno

Krystyna Rybka¹✉, Piotr Stefański²

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy (IHAR – PIB), Radzików, 05-870 Błonie

² Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o. Grupa IHAR, ul. Główna 20, 99-307 Strzelce

✉ k.rybka@ihar.edu.pl

Artykuł przedstawia osiągnięcia i perspektywy fenotypowania funkcjonalnego roślin omawiane podczas konferencji IPAP4 w Brnie. Obejmowały one systemy wysokoprzepustowego fenotypowania: obrazowanie RGB, termiczne, multispektralne i hiperspektralne, fluorescencję chlorofilu, metody 3D oraz fenotypowanie z wykorzystaniem bezałogowych statków powietrznych (BSP, ang. unmanned aerial vehicle, UAV). Dużą część prezentacji poświęcono reakcji roślin na stesy abiotyczne, łączeniu danych fenotypowych z danymi genomowymi i środowiskowymi oraz zastosowaniu uczenia maszynowego w analizie obrazów i przewidywaniu cech agronomicznych. Omówiono także metody fenotypowania systemu korzeniowego, badania alg i cyjanobakterii oraz sposoby organizacji i ponownego wykorzystania danych. Przedstawione prace wskazały, że fenotypowanie coraz częściej wykracza poza opis cech roślin i staje się narzędziem do przewidywania ich reakcji w warunkach naturalnych oraz do wspierania decyzji hodowlanych.

Słowa kluczowe: BSP, doświadczenia polowe, fenomika, fenotypowanie, obrazowanie spektralne, stres środowiskowy, uczenie maszynowe

This article presents the achievements and prospects of plant functional phenotyping discussed at the IPAP4 conference in Brno. Topics included high-throughput phenotyping systems such as RGB, thermal, multispectral, and hyperspectral imaging; chlorophyll fluorescence; 3D methods; and UAV-based phenotyping. Many presentations focused on plant responses to abiotic stresses, integrating phenotypic data with genomic and environmental data and applying machine learning to image analysis and agronomic trait prediction. The presentations also covered methods for root system phenotyping, research on algae and cyanobacteria, and approaches to data organization and reuse. The work presented showed that phenotyping is increasingly moving beyond describing plant traits to become a tool for predicting plant responses under natural conditions and supporting breeding decisions.

Keywords: environmental stress, field trials, machine learning, phenomics, phenotyping, spectral imaging, UAV

Wstęp

Fenotypowanie funkcjonalne roślin polega na ilościowej charakterystyce cech fizjologicznych, morfologicznych i rozwojowych, które opisują funkcjonowanie rośliny w określonych warunkach środowiskowych. Analizowane są m.in. efektywność wykorzystania wody, tempo transpiracji, wydajność fotosyntezy, dynamika wzrostu oraz budowa części nadziemnych i systemu korzeniowego. W tym ujęciu fenotyp, będący wynikiem interakcji genotypu ze środowiskiem, zmienia się wraz z fazą rozwojową rośliny oraz przebiegiem stresu. Wraz z rozwojem genotypowania i metod „omicznych” jednym z głównych wyzwań w biologicznej interpretacji zmienności genetycznej oraz jej wykorzystaniu w hodowli stało się uzyskanie precyzyjnej charakterystyki fenotypu (Rybka i Nita, 2014; Sytar i wsp., 2018).

Tradycyjne pomiary, zwykle wykonywane w pojedynczych terminach i dla ograniczonej liczby cech, coraz częściej zastępowane są przez niede-

strukcyjne pomiary wykonywane w wielu punktach w czasie. Wysokoprzepustowe platformy fenotypowe, w tym BSP, umożliwiają wykorzystanie obrazowania RGB, termicznego, multispektralnego i hiperspektralnego, fluorescencji chlorofilu, skanowania 3D oraz automatycznych pomiarów środowiskowych. Pozwala to śledzić dynamikę reakcji roślin, a nie tylko rejestrować ją w jednym momencie.

Rosnąca liczba sensorów oraz częstotliwość wykonywanych pomiarów sprawiają, że ograniczeniem przestaje być samo pozyskiwanie danych. Coraz większego znaczenia nabierają: ich integracja, standaryzacja, automatyczna analiza oraz powiązanie z informacją genomową, środowiskową i agronomiczną. Stąd szybki rozwój metod uczenia maszynowego, analizy obrazu i modelowania predykcyjnego, a także standardów umożliwiających ponowne wykorzystanie danych. Główną osią konferencji IPAP4 (4th Integrated Plant and Algal Phenomics Meeting, Brno 2026, <http://psi.cz/ipap/>) było łączenie nowych technologii pomiarowych z analizą danych i ich biologiczną interpretacją.

Konferencja została zorganizowana przez Photon Systems Instruments (PSI, Drasov, Czechy), dlatego znaczną część programu stanowiły prace zespołów wykorzystujących platformy tej firmy w badaniach prowadzonych w warunkach kontrolowanych oraz polowych.

Sesja otwierająca

Konferencję poprzedziło spotkanie grupy roboczej poświęcone zarządzaniu danymi, zorganizowane w siedzibie Photon Systems Instruments (PSI). Oficjalną część wydarzenia rozpoczęły dwa wykłady, które wyznaczyły jego główne perspektywy: rozwój infrastruktury badawczej oraz praktyczne wykorzystanie wyników fenotypowania w rolnictwie i gospodarce żywnościowej.

Martin Trtílek, CEO Photon Systems Instruments, przedstawił najnowsze rozwiązania w zakresie automatyzacji, obrazowania i integracji czujników, obejmujące m.in. platformę AlgaeScreen, nowe systemy monitorowania środowiska i rozwiązania hiperspektralne. Wykład pokazał kierunek rozwoju aparatury, w którym pomiary obrazowe, fizjologiczne i środowiskowe są łączone w jednym, zautomatyzowanym systemie badawczym.

Szerszą perspektywę przedstawił Antony Bačić z La Trobe University (Australia). Zwrócił uwagę, że znaczenie fenomiki nie ogranicza się do coraz dokładniejszego i szybszego pomiaru cech roślin. Jej wartość zależy przede wszystkim od tego, czy uzyskane dane umożliwiają identyfikację i wyko-

rzystanie cech poprawiających produktywność, odporność na stres, jakość plonu oraz zrównoważoną produkcję. Fenotypowanie powinno zatem łączyć wiedzę o fizjologii roślin z celami hodowlanymi, praktyką rolniczą, oczekiwaniami konsumentów oraz założeniami polityki rolnej i żywnościowej. O znaczeniu fenomiki nie decyduje sama ilość generowanych danych, lecz ich przełożenie na wymierne korzyści w całym łańcuchu rolno-spożywczym.

Oba wykłady wyznaczyły główne perspektywy konferencji: rozwój technologii fenotypowania oraz wykorzystanie uzyskanej wiedzy w badaniach biologicznych i praktyce rolniczej.

Konferencja została podzielona na następujące sesje tematyczne:

1. Zintegrowane fenotypowanie funkcjonalne pod kątem wydajności roślin i odporności na stres;
2. Innowacyjne technologie fenotypowania na rzecz rolnictwa odpornego na zmiany klimatu;
3. Biotechnologia i fenotypowanie alg;
4. Obrazowanie wspomagane sztuczną inteligencją i technologie czujnikowe w fenotypowaniu roślin.

Po wykładach odbyły się dwa równoległe warsztaty:

1. Dyskusja przy okrągłym stole Grupy Roboczej ds. Zarządzania Danymi;
2. Warsztaty na temat fenotypowania roślin w kontrolowanych warunkach (ang. CePPG, Controlled Environment Plant Phenotyping) – tryb hybrydowy.

Tabela 1
Table 1

Przegląd najnowszych osiągnięć w zakresie fenotypowania zaprezentowanych w wystąpieniach ustnych na IPAP4 w Brnie
An overview of the latest developments in phenotyping, as presented in oral presentations at IPAP4 in Brno

Autor/tytuł wystąpienia Author/title of the presentation	Materiał i sposób fenotypowania Material and phenotyping method	Wnioski Conclusions	Bibliografia, przykłady Bibliography, examples
Sesja 1. Zintegrowane fenotypowanie funkcjonalne pod kątem wydajności roślin i odporności na stres Session 1. Integrated Functional Phenotyping for Plant Performance and Stress Resilience			
Thomas Altman et al.: the IPK Gatersleben team and partner institutions from Germany and Italy <i>Plants – Dynamic Genetic Systems in Dynamic Environments: Assessment of (Growth) Performance through Automated Non-invasive Phenotyping</i>	Kukurydza, rzepak, <i>Arabidopsis</i> i inne gatunki. Automatyczne obrazowanie części nadziemnych i korzeni, fluorescencja chlorofilu <i>a</i> oraz integracja fenotypowania z GWAS i analizami omicznymi. W IPK PhenoSphere porównano rozwój 11 linii kukurydzy w dynamicznie symulowanych warunkach klimatycznych, w szklarni i doświadczeniach polowych.	Warunki symulujące środowisko polowe pozwalały lepiej odtworzyć naturalną dynamikę wzrostu i rozwoju roślin niż standardowe warunki szklarniowe.	Heuermann i wsp., 2023 Knoch i wsp., 2024 Shi i wsp., 2026
Carl-Otto Ottosen et al.: Aarhus University and University of Copenhagen, Denmark. <i>Plant Responses to Co-occurring Heat and Water Deficit Stress – Are the Modern Wheat Genotypes More Resilient?</i>	Starsze i współczesne genotypy pszenicy poddane deficytowi wody oraz jednocześnie stresowi termicznemu (31 °C i 37 °C) w fazie strzelania w źdźbło oraz kwitnienia. Oceniano fotosyntezę, przewodnictwo szparkowe, temperaturę liści oraz zawartość chlorofilu przy użyciu systemów PlantScreen i PhenoLab.	Współczesne genotypy były mniej podatne na jednoczesne działanie deficytu wody i podwyższonej temperatury niż starsze genotypy. Stabilniej utrzymywały fotosyntezę, przewodnictwo aparatów szparkowych i chłodzenie liści, a podczas kwitnienia miały wyższą zawartość chlorofilu. Mechanizm regulujący fotosyntezę zależał od fazy rozwojowej.	Ibrahimova i wsp., 2025 Jahangirloo i wsp., 2026 Jensen i wsp., 2024 Liu i wsp., 2026 Mendanha i wsp., 2020 Sharma i wsp., 2015 Sørensen i wsp., 2026

Tabela 1 (cd.)

Table 1 (cont.)

Autor/tytuł wystąpienia Author/title of the presentation	Materiał i sposób fenotypowania Material and phenotyping method	Wnioski Conclusions	Bibliografia, przykłady Bibliography, examples
Marek Živčák et al.: Slovak University of Agriculture (SUA), Slovakia. <i>A High-Throughput Phenotyping Approach to Screen for Genotypic Variation in Wheat Tolerance to Nocturnal Warming</i>	Genotypy pszenicy; nocna temperatura podwyższona o 3-4 °C przy jednakowych warunkach dziennych; obserwacje od wschodów do dojrzałości ziarna. Platforma PlantScreen (PSI); obrazowanie RGB, fluorescencja chlorofilu oraz obrazowanie hiperspektralne VNIR i SWIR, uzupełnione pomiarami fotosyntezy.	Podwyższona temperatura nocna przyspieszała rozwój powierzchni liści, osiąganie maksymalnej sprawności fotosyntetycznej oraz późniejsze starzenie się roślin. Reakcja na nocne ocieplenie była wyraźnie zależna od genotypu, co wskazuje na możliwość selekcji odmian o większej tolerancji na ten stres.	Barboricova i wsp., 2022 Brestic i wsp., 2018 Chovancek i wsp., 2019 Shomali i wsp., 2025
Muhammad Ahmad et al.: Austrian Research Center for Forests (BFW), Austria <i>From pixels to pathways in trees: multi-scale phenotyping of drought response in seedlings of a widespread Oak</i>	Siewki dębu szypułkowego (<i>Quercus robur</i> L.); 17 rodzin z plantacji nasiennej; 38-dniowy cykl suszy i regeneracji. Fluorescencja chlorofilu i obrazowanie termiczne w systemie PHENO-Plant wyposażonym w PlantScreen Modular System (PSI). Dla 12 rodzin o zróżnicowanej reakcji wykonano czasowo rozdzielone analizy transkryptomyczne i metabolomiczne łączonych prób liści i pędów.	Rodziny różniły się pod względem fizjologicznej odpowiedzi na suszę. Akumulacja cukrów, związana z aktywacją szlaków degradacji skrobi, była potencjalnie powiązana z odpornością na suszę i wymaga walidacji.	
Éva Darkó, István Molnár et al.: HUN-REN Agricultural Institute, Martonvásár, Hungary <i>Utilisation of high-throughput phenotyping platform in Martonvásár (Hungary)</i>	Zboża, głównie pszenica, jęczmień i kukurydza; ocena reakcji na stresy abiotyczne oraz cech agronomicznych. Platforma PlantScreen (PSI), zainstalowana w HUN-REN w 2023 r., obejmuje dwie niezależnie sterowane komory wzrostowe z automatycznym podlewaniem. Pomiary obejmują fluorescencję chlorofilu i fluorochromów, obrazowanie RGB i termiczne, skanowanie laserowe 3D oraz obrazowanie hiperspektralne w zakresie VNIR i SWIR (380-1700 nm).	Platforma umożliwia selekcję genotypów o zwiększonej tolerancji na stresy abiotyczne i korzystnych cechach agronomicznych. Platforma jest również udostępniana użytkownikom zewnętrznym.	Kruppa i wsp., 2024 Türkös i wsp., 2025
James Whelan et al.: Zhejiang University, China <i>Plant Phenomics for Discovery</i>	Ryż, soja i <i>Arabidopsis</i> . Ilościowe obrazowanie 2D i 3D z wykorzystaniem PlantScreen Phenotyping System (PSI), obejmujące automatyczne wyodrębnianie tac i donic, segmentację rozet i liści oraz ekstrakcję cech morfologicznych. Analizę obrazów, w tym ocenę ich złożoności na podstawie entropii, integrowano z jonomiką i innymi analizami „omicznymi”.	Fenotypowanie może ujawniać funkcje genów i procesów komórkowych niewidoczne w samych danych omicznych oraz generować hipotezy do badań funkcjonalnych. Przedstawione przykłady wskazywały m.in. na rolę mitochondriów we wzroście i plonowaniu roślin.	He i wsp., 2026 Lozano-Claros i wsp., 2020 Nguyen i wsp., 2022 Sarić i wsp., 2025
Jana Kholová and team, CATRIN / IPK / PSI, Czech Republic. <i>Genetic determination of physiological responses to drought stress in barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) landraces</i>	121 lokalnych form jęczmienia jarego pochodzących z Europy, Azji i Afryki; warunki kontrolne i susza; dwa niezależne doświadczenia. Platforma PlantScreen; obrazowanie RGB i termiczne, fluorescencja chlorofilu oraz manualna ocena cech agronomicznych. Dane filtrowano według fazy rozwojowej, nasilenia stresu, liczby obserwacji, dziedziczalności ($H^2 > 0,7$) i współczynnika zmienności ($CV < 21\%$), a następnie przeprowadzono GWAS z wykorzystaniem 18 629 markerów SNP.	Zidentyfikowano 434 asocjacje marker-cecha, obejmujące 265 unikatowych loci. Część loci była związana z fotosyntezą i regulacją aparatów szparkowych, szczególnie na chromosomach 1H, 2H i 6H, co wskazuje nowe źródła zmienności przydatnej w hodowli jęczmienia odpornego na suszę.	Kholova i wsp., 2022 Kosová i wsp., 2014 Varshney i wsp., 2021
Huma Majeed et al.: IPK Gatersleben and NPZ Innovation, Germany <i>STRESS-STOPP: Increasing drought stress adaptation in oilseed rape – yield stability and stress tolerance as selection targets for optimization via physiological phenotyping</i>	Rzepak ozimy; 80 linii w trzech doświadczeniach Container/PhenoCrane, w tym 20 linii ocenianych także w warunkach kontrolnych; dwa uzupełniające doświadczenia ryzonowe. Codzienne obrazowanie RGB i skanowanie laserowe 3D; dwa razy w tygodniu obrazowanie hiperspektralne i fluorescencja chlorofilu; pomiary SPAD, osmolarności, przewodnictwa aparatów szparkowych i tempa transpiracji i deficyt ciśnienia pary wodnej liść-powietrze. Wyodrębniono 56 cech korzeni i ponad 30 cech części nadziemnych.	Badane cechy pozwalały różnicować genotypy pod względem reakcji na suszę, przy czym ich przydatność zależała od fazy rozwojowej i przebiegu stresu. Do obiecujących wskaźników należały osmolarność, zawartość chlorofilu, przewodnictwo szparkowe, tempo transpiracji, cechy pędu uzyskane z obrazowania 3D oraz architektura korzeni. Trwające analizy zmierzają do ich integracji w modelach selekcji genomowo-fenotypowej.	Majeed i wsp., 2024
Sesja 2: Innowacyjne technologie fenotypowania na rzecz rolnictwa w zmieniającym się klimacie Session 2: Innovative phenotyping technologies for agriculture in a changing climate			
Astrid Junker et al.: AJ Consulting (Halle) and IPK Gatersleben, Germany <i>From Sensors to Decisions: Translating Plant Phenotyping Innovation into Breeding and Agronomic Value</i>	Przekrojowe przykłady wykorzystania fenotypowania w badaniach, hodowli i agronomii: od platform działających w warunkach kontrolowanych po sensory polowe, UAV i teledetekcję. Omówiono cały proces, obejmujący projektowanie doświadczeń, dobór i kalibrację sensorów, ekstrakcję cech, analizę danych, ocenę niepewności i interoperacyjność, a także zasady FAIR i harmonizację danych.	Same sensory nie tworzą wartości. Fenotypowanie staje się użyteczne dopiero po przekształceniu danych w wiarygodne i interpretowalne informacje, dostarczane w czasie umożliwiającym ich wykorzystanie w konkretnych decyzjach hodowlanych i agronomicznych.	Arend i wsp., 2016 Junker i wsp., 2015 Ugochukwu i Phillips, 2022

Tabela 1 (cd.)
Table 1 (cont.)

Autor/tytuł wystąpienia Author/title of the presentation	Materiał i sposób fenotypowania Material and phenotyping method	Wnioski Conclusions	Bibliografia, przykłady Bibliography, examples
Kerstin Neumann et al.: IPK Gatersleben, Germany <i>High-Throughput Phenotyping Reveals Genetic Diversity for Climate Adaptation in Chickpea</i>	200 linii ciecierzycy z panelu INCREASE T-Core, pochodzących z materiału z banków genów. W fazie wegetatywnej rośliny poddano suszy albo suszy połączonej z wysoką temperaturą, a następnie ponownie nawodniono. W warunkach kontrolowanych oceniano dynamikę wzrostu, akumulację biomasy, zmiany barwy roślin oraz parametry fluorescencji chlorofilu: QY, Fv/Fm i NPQ. Dane fenotypowe zestawiono z wynikami sekwencjonowania genomów.	Genotypy znacznie różniły się przebiegiem reakcji na suszę i współwystępujące stresy (susza i temperatura), a także zdolnością do regeneracji. Pozwoliło to wskazać cechy i geny kandydujące, które mogą być przydatne w hodowli ciecierzycy lepiej przystosowanej do suszy i wysokich temperatur.	Gladilin i wsp., 2025 Lauterberg i wsp., 2023 Lauterberg i wsp., 2024 Sahu i wsp., 2025 Schüler i wsp., 2025 Soleimani i wsp., 2026 Wonneberger i wsp., 2025
Tim van Daalen et al.: international IPPN working group and the Netherlands Plant Eco-phenotyping Centre (NPEC), the Netherlands <i>Describing High-Throughput Plant Phenotyping experiments</i>	Dane z wysokoprzepustowego fenotypowania roślin, obejmujące obrazy, pomiary środowiskowe i cechy rejestrowane w czasie. Analizowano zakres informacji potrzebnych do opisu projektu doświadczalnego, konfiguracji platformy, warunków środowiska, ustawień sensorów, protokołów pomiarowych oraz ekstrakcji cech. Punktem wyjścia były standard MIAPPE (Minimum Information About Plant Phenotyping Experiments) oraz zasady FAIR.	Dane z fenotypowania wysokoprzepustowego są rzadko wykorzystywane ponownie, ponieważ bez pełnego opisu tracą kontekst niezbędny do ich interpretacji. Zespół zaproponował rozszerzenie MIAPPE-HTP, obejmujące metadane platform i przebiegu analiz oraz automatyzację ich zapisu. Ma to ułatwić łączenie doświadczeń, metaanalizy oraz wykorzystywanie danych do trenowania modeli AI.	Papoutsoglou i wsp., 2020 https://www.miappe.org/
Marie Blomme et al.: Ghent University, Belgium <i>Hyperspectral imaging as a non-destructive phenomics tool to guide the discovery of novel metabolites during tomato–<i>Serendipita</i> interactions</i>	Pomidor (<i>Solanum lycopersicum</i> cv. 'Money-maker') oraz linie z osłabioną sygnalizacją zależną od kwasu salicylowego i jasmonowego, kolonizowane przez endofityczny grzyb <i>Serendipita</i> . Zastosowano dwa układy doświadczalne: całe rośliny oraz kultury korzeni włośnikowych. Obrazowanie multispektralne i hyperspektralne połączone z oceną wzrostu grzyba i kolonizacji korzeni.	Obrazowanie multispektralne i hyperspektralne wykrywało subtelne zmiany widmowe towarzyszące interakcji pomidora z <i>Serendipita</i> . Uzyskane wyniki mają stanowić podstawę analiz transkryptomicznych i metabolomicznych służących identyfikacji nieznanych metabolitów oraz poznaniu komunikacji chemicznej między rośliną a endofitem.	Tran Minh i wsp., 2025 http://hdl.handle.net/1854/LU-01KEVB-WYND7PCFQN-HB598QPIQN
Iñigo Saiz-Fernández et al.: CATRIN, CARC, NEIKER, Czech Republic and Spain <i>LOCOPOTS: a Low-Cost high-throughput screening platform for in vitro POTatoes under abiotic Stress</i>	30 odmian ziemniaka hodowanych in vitro w warunkach kontrolnych, przy niedoborze składników pokarmowych oraz przy zasoleniu. Platforma LOCOPOTS łączy indywidualną hodowlę roślin, niskokosztowe obrazowanie RGB i automatyczną segmentację obrazu z wykorzystaniem sieci U-Net. Oceniano wzrost, barwę, wskaźniki vegetacyjne i fluorescencję chlorofilu, a wyniki uzupełniono profilowaniem metabolomicznym.	Cechy wzrostu, wskaźniki barwy i fluorescencja chlorofilu różnicowały odmiany pod względem reakcji na niedobór składników pokarmowych i zasolenie. Analizy metabolomiczne ujawniły zmiany metabolizmu węgla i azotu zależne od genotypu oraz wskaźaty potencjalne markery chemiczne stresu. LOCOPOTS umożliwiła tanią, powtarzalną i niewymagającą dużej przestrzeni wstępną selekcję materiałów ziemniaka.	Saiz-Fernández i wsp., 2026
Peter Pietrzyk et al.: Fraunhofer Institute for Integrated Circuits IIS, Germany <i>Opportunities and Challenges of 3D Root and Shoot Phenotyping in Controlled Environments</i>	Burak cukrowy, kukurydza i młode drzewa cytrusowe jako przykłady fenotypowania organów podziemnych, części nadziemnych i pojedynczych liści. Optyczne obrazowanie 3D połączone z rentgenowską tomografią komputerową, co umożliwiała niedestrukcyjną ocenę architektury pędów i korzeni oraz śledzenie ich wzrostu w czasie. Badania prowadzono w kontrolowanych warunkach środowiskowych w ośrodku Fraunhofer IIS/EZRT.	Fenotypowanie 3D dostarcza informacji o przestrzennej budowie pędów, liści, korzeni i organów spichrzowych, których nie można uzyskać z obrazów 2D. Wymaga jednak dłuższej akwizycji, starannej kalibracji, przetwarzania dużych zbiorów danych oraz wiarygodnej segmentacji. Właściwe przygotowanie pomiaru ogranicza błędy skuteczniej niż ich późniejsza korekta podczas przetwarzania obrazów.	Pietrzyk i wsp., 2026a Pietrzyk i wsp., 2026b
Alexey Shapiguzov et al.: University of Helsinki, Finland <i>Exploring flash-induced chlorophyll fluorometry: from mitochondrial mutants to tomato production</i>	Kinetykę fluorescencji chlorofilu OJIP rejestrowano po krótkich impulsach światła w układach punktowym i obrazowym. Badano mutanty <i>Arabidopsis</i> o zwiększonym oddychaniu mitochondrialnym oraz rośliny traktowane metylooliogenerem w warunkach zróżnicowanej dostępności tlenu. Pomiary w stanie zaadaptowanym do światła kalibrowano z wykorzystaniem mutantów o zaburzonych procesach metabolicznych oraz analizowano je metodami uczenia maszynowego. Metodę testowano także w różnych porach roku w szklarni produkcyjnej pomidorów.	Faza I–P kinetyki OJIP może odzwierciedlać dostępność tlenu w tkankach i intensywność oddychania mitochondrialnego. W stanie zaadaptowanym do światła sygnał jest trudniejszy do interpretacji mechanistycznej, lecz jego dobowa i sezonowa zmienność może służyć do bieżącej oceny stanu fizjologicznego roślin oraz wspomagać sterowanie warunkami w szklarni.	Baral & Brosché, 2026 Punkkinen i wsp., 2026 Punkkinen i wsp., 2024 Selinski i wsp., 2024 Shapiguzov & Kangasjärvi, 2022 Shapiguzov i wsp., 2020 Vainonen i wsp., 2023

Tabela 1 (cd.)

Table 1 (cont.)

Autor/tytuł wystąpienia Author/title of the presentation	Materiał i sposób fenotypowania Material and phenotyping method	Wnioski Conclusions	Bibliografia, przykłady Bibliography, examples
Phanchita Vejchasarn: Ministry of Agriculture, Thailand. <i>Toward Climate-Resilient Rice: Integrative Genomic Approaches for Candidate Gene Discovery Under Drought-prone Environments</i>	Zróżnicowane genotypy ryżu uprawiane w warunkach ograniczonej dostępności wody. Oceniano plon oraz cechy architektury korzeni, w tym kąt ich wzrostu, wielkość naczyń metaksylemu i zagęszczenie korzeni bocznych. Podłoże genetyczne tych cech analizowano za pomocą GWAS i mapowania loci cech ilościowych (QTL), z wykorzystaniem markerów genomowych o wysokiej gęstości.	Wyższemu plonowaniu podczas suszy sprzyjały bardziej stromy kąt wzrostu korzeni, większe naczynia metaksylemu i mniejsze zagęszczenie korzeni bocznych. Taka budowa może ułatwiać pobieranie wody z głębszych warstw gleby i zwiększać zdolność jej transportu. Analizy genomowe wskazały region typu DRO1 oraz geny kandydujące związane z regulacją kąta wzrostu korzeni i rozwojem tkanek przewodzących.	Klinsawang i wsp., 2024 Siangliw i wsp., 2022
Sesja 4. Obrazowanie wspomagane sztuczną inteligencją i technologie czujnikowe w fenotypowaniu roślin Session 4. AI-assisted imaging and sensor technologies in plant phenotyping			
Sónia Negrão et al.: School of Biology and Environmental Science, University College Dublin, Ireland <i>The Road to Precision: Spectral Imaging for Abiotic Stress Responses – Are We There Yet?</i>	Dawne odmiany hodowlane i lokalne formy jęczmienia oceniane pod względem tolerancji na stresy abiotyczne w warunkach kontrolowanych, obejmujących korzenie i części nadziemne, oraz w warunkach polowych. Opracowano sieć głębokiego uczenia do segmentacji obrazów hyperspektralnych, a znaczenie cech oceniano metodami uczenia maszynowego. Dane fenotypowe połączono z GWAS i analizą zmian zachodzących w czasie.	Sieci neuronowe umożliwiły przewidywanie tolerancji i porządkowanie genotypów w warunkach polowych, a przydatność poszczególnych wskaźników wegetacyjnych zmieniła się między fazą wczesnego i późnego stresu a fazą regeneracji. Opracowane narzędzie 3DQTL-Vis ułatwiało identyfikację regionów genomu związanych z reakcją jęczmienia na podtopienie.	Al-Tamimi i wsp., 2022 Bernád i wsp., 2026 Bucksch i wsp., 2026 Chang i wsp., 2026
Anshu Rastogi et al.: Poznań University of Life Sciences, Poland <i>Integration of Hyperspectral Reflectance and Sun-Induced Fluorescence for Stable Estimates of Gross Primary Productivity in Peatlands.</i>	Torowisko w Polsce, ze zbiorowiskami obejmującymi mchy z rodzaju <i>Sphagnum</i> , krzewinki i inne rośliny naczyniowe. Ocieplenie i ograniczenie opadów symulowano za pomocą promienników podczerwieni, otwartych komór oraz osłon przeciwdeszczowych. Mierzono hyperspektralne widma odbicia, fluorescencję wzbudzaną promieniowaniem słonecznym (SIF), produktywność pierwotną brutto (GPP) na poziomie zbiorowiska oraz fluorescencję chlorofilu na poziomie liści.	Krótkotrwałe ocieplenie i ograniczenie opadów zmieniły skład zbiorowisk oraz ich funkcjonowanie fizjologiczne, a reakcja zależała od gatunku. SIF w zakresie dalekiej czerwieni oraz SIF zintegrowana w pełnym zakresie widma silnie korelowały z GPP ($R^2 > 0,85$) we wszystkich typach roślinności i wariantach klimatycznych. Wskazuje to na przydatność SIF do monitorowania bilansu węgla torfowisk.	Bandopadhyay i wsp., 2020 Rastogi i wsp., 2022
Krystyna Rybka et al.: Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute, Poland <i>Monitoring Yield-Related Spectral Responses of Spring Cereals under Contrasting Hydrothermal Conditions Using UAV-Based Phenotyping.</i>	Pszenica jara, jęczmień jary i owies w doświadczeniach polowych prowadzonych w Strzelcach w latach 2024–2025. Sezon 2024 charakteryzował się długotrwałą suszą, natomiast rok 2025 był chłodniejszy i bardziej wilgotny. W pięciu terminach wykonano obloty dronem DJI Phantom 4 Multispectral i wyznaczono wskaźniki NDVI, GNDVI, NDRE, LCI, OSAVI i EVI. Warunki pogodowe opisano za pomocą wskaźników SPI i HTC, a wskaźniki spektralne skorelowano z plonem.	W sezonie suszy związki wskaźników spektralnych z plonem były silniejsze niż w roku o korzystniejszych warunkach wodnych. Najbardziej stabilne relacje uzyskano dla wskaźników wrażliwych na zakres red-edge i zawartość chlorofilu, w szczególności NDRE i LCI. Przydatność wskaźników zależała jednak od gatunku, terminu fenotypowania i warunków pogodowych, dlatego ocena plonowania wymaga podejścia wielowskaźnikowego uwzględniającego przebieg sezonu.	Góral i wsp., 2026 Góral & Rybka, 2026
Lamis Abdelhakim et al.: Photon Systems Instruments (PSI), Czech Republic <i>Root-to-Shoot Stress Response Dynamics: A Case Study of Barley Drought Resilience.</i>	Dziesięć genotypów jęczmienia ocenianych we wczesnych fazach rozwoju w ryzoboksach, w warunkach umiarkowanej suszy. System PlantScreen Root umożliwił kontrolę wilgotności podłoża oraz równoczesne, niedestrukcyjne obrazowanie korzeni i części nadziemnych. Cechy morfologiczne określano na podstawie obrazów RGB, natomiast obrazowanie multispektralne i w bliskiej podczerwieni wykorzystano do oceny cech fizjologicznych, w tym zawartości wody w korzeniach. Segmentację obrazów i ekstrakcję cech przeprowadzono automatycznie. Wyniki zestawiono z oceną polową w projekcie BarleyMicroBreed.	Genotypy różniły się dynamiką wzrostu korzeni i części nadziemnych oraz sposobem reakcji na suszę. Łączna analiza obu części rośliny pozwala wskazać cechy ujawniające się już na etapie siewki, które mogą być związane z późniejszym funkcjonowaniem roślin i stabilnością plonowania podczas suszy.	Bandopadhyay i wsp., 2020 Kurtz-Sohn i wsp., 2026 Neuwirthová i wsp., 2026 Tietze i wsp., 2025

Tabela 1 (cd.)
Table 1 (cont.)

Autor/tytuł wystąpienia Author/title of the presentation	Materiał i sposób fenotypowania Material and phenotyping method	Wnioski Conclusions	Bibliografia, przykłady Bibliography, examples
Nuria De Diego et al.; CATRIN, VSB—Technical University of Ostrava, PSI, Czech University of Life Sciences Prague, Czech Republic <i>AI-Powered Digital Biomarkers for Stress Resilience and Genotype Classification</i>	Przedstawiono cztery metody analizy danych fenotypowych. AMULET służył do wykrywania infekcji <i>Pseudomonas syringae</i> u <i>Arabidopsis</i> , a SPROUT do śledzenia wschodów siewek na podstawie sekwencji obrazów RGB. W projekcie MARIGOLD połączono połowe obrazowanie hiperspektralne i RGB z uczeniem maszynowym w celu klasyfikacji genotypów nagietka. Złożone dane z doświadczeń wieloczynnikowych analizowano także za pomocą metod topologicznej analizy danych i uczenia kontrastowego.	AMULET wykrywał infekcję przed pojawieniem się widocznych objawów, a SPROUT automatycznie odtwarzał przebieg wschodów i wyznaczał związane z tym cechy. W doświadczeniu z nagietkiem modele klasyfikowały genotypy i wskazywały stabilne cechy spektralne związane z absorpcją karotenoidów i chlorofilu. Metody topologiczne pozwalały rozpoznawać zależności między genotypem, wariantem doświadczenia i czasem, które były słabo widoczne w tradycyjnych analizach.	Klimeš i wsp., 2026 Panáček i wsp., 2026 Saiz-Fernández i wsp., 2026 Zdražil i wsp., 2025 Zdražil i wsp., 2026
Katarzyna Retzer et al.: Institute of Forest Ecology, BOKU University, Austria <i>Affordable Infrared DIY Microscopy for Non-Invasive Root Phenotyping</i>	Korzenie różnych gatunków roślin rosnących w wypelnionych glebą miniryzoboksach. Niskokosztowy, modułowy system zbudowany z elementów mikroskopu OpenFlexure, oświetlenia podczerwonego i części drukowanych w 3D. Obrazowanie poklatkowe przy powiększeniu do 10× umożliwiało obserwację komórek epidermy i włośników, a przy powiększeniu około 2× — śledzenie grawitropizmu i kierunku wzrostu korzeni. Wyniki porównano z oceną architektury korzeni metodą shovelomics w pięciu lokalizacjach na dwóch kontynentach.	Oświetlenie podczerwone umożliwiała długotrwałą obserwację korzeni w ciemności bez zakłócania ich naturalnego wzrostu światłem widzialnym. Niedrogi i skalowalny system łączy szczegółową ocenę komórek i włośników z analizą dynamiki całego systemu korzeniowego, a porównanie z pomiarami połowymi pozwala ocenić znaczenie obserwowanych cech w warunkach naturalnych.	Pree i wsp., 2024
Zhibo Cai et al.: Wageningen University & Research (WUR), Netherlands <i>SP3D: A Benchmark for Systematic Comparison of Image-Based 3D Reconstruction Methods of Cucumber Plants</i>	36 roślin ogórka szklarniowego obrazowanych w sześciu terminach podczas siedmiu tygodni wzrostu, od 2 do około 27 liści właściwych. Zbiór SP3D obejmował obrazy wielokierunkowe z maskami roślin, dane referencyjne ze skanera światła strukturalnego oraz destrukcyjne pomiary powierzchni liści. Porównano trzy metody rekonstrukcji 3D: stereowizję wielowidokową (MVS), neuronowe pola radiancji (NeRF) i trójwymiarowe splattingi Gaussa (3DGS).	MVS najdokładniej odtwarzała geometrię roślin i powierzchnię liści, osiągając F1 = 91,7% oraz błąd oszacowania powierzchni liści wynoszący 14,0% na poziomie pojedynczego liścia i 5,9% na poziomie całej rośliny. Dokładność wszystkich metod malała wraz ze wzrostem roślin i nakładaniem się liści. NeRF i 3DGS systematycznie zawyżały powierzchnię liści wskutek tworzenia podwójnych warstw rekonstruowanej powierzchni.	Poorter i wsp., 2010 Poorter i wsp., 2022 Yuan i wsp., 2025
Rijad Sarić et al.; La Trobe University, PSI, Scientific Instruments Australia and Zhejiang University — Australia, Czech Republic, China <i>Linking Rosettes to Leaves: An AI-Driven RGB Imaging Pipeline for Arabidopsis thaliana Phenotyping</i>	Ekotypy <i>Arabidopsis thaliana</i> obrazowane kamerami RGB w warunkach kontrolowanych. Opracowany pipeline obejmował segmentację całej rozety, rozpoznawanie poszczególnych liści i śledzenie ich w kolejnych terminach, także przy częściowym nakładaniu się blaszek liściowych. Automatycznie wyznaczano cechy wzrostu, morfologii i barwy, a podobieństwo rozwoju rozet i liści analizowano metodami grupowania.	Identyfikacja i śledzenie poszczególnych liści w kolejnych terminach umożliwiają analizę ich wzrostu i zmian fizjologicznych, których nie ujawnia ocena całej rozety. Cechy morfologiczne pozwalały grupować ekotypy według podobieństwa rozwoju. Kolejnym etapem będzie opracowanie modelu śledzenia liści możliwego do zastosowania u różnych gatunków.	Sarić i wsp., 2025
Tim van Daalen, Sebastian Seitner et al.: Netherlands Plant Eco-phenotyping Center (NPEC), Wageningen University & Research (WUR), The Netherlands. Plant Sciences Facility, Vienna and BioCenter Core Facilities GmbH (VBCF), Austria <i>Enabling Reproducible Phenotyping: An Open-Source Python PlantScreen and Fytotron APIs.</i>	Interfejsy programistyczne systemów PlantScreen do fenotypowania oraz Fytotron do sterowania warunkami środowiska. Na podstawie dokumentacji API opracowano specyfikacje OpenAPI, z których automatycznie generowane są pakiety klienckie w języku Python wraz z dokumentacją. Po każdej zmianie specyfikacji pakiety są ponownie generowane i testowane.	Wspólne, otwarte i przetestowane pakiety zastępują odrębne, często niezgodne rozwiązania tworzone w poszczególnych ośrodkach. Ułatwiają bezpośrednie włączanie danych z PlantScreen i Fytotron do automatycznych analiz, stosowanie tych samych procedur w różnych laboratoriach oraz tworzenie porównywalnych zbiorów zawierających wyniki pomiarów i metadane aparatury. Zwiększa to odtwarzalność badań i ułatwia współpracę między ośrodkami.	

Biotechnologia i fenotypowanie alg

Analiza zależności między warunkami środowiska, funkcjonowaniem aparatu fotosyntetycznego i obserwowanym fenotypem może służyć zarówno do identyfikacji szczepów odpornych na niekorzystne warunki, jak i do selekcji organizmów przydatnych do produkcji biomasy, oczyszczania ścieków

oraz wytwarzania produktów o wartości użytkowej. W czasie sesji zwrócono także uwagę na możliwość wykorzystania biomasy alg jako źródła związków stosowanych w rolnictwie, w tym biostymulatorów, których wpływ na produktywność roślin uprawnych można oceniać metodami fenotypowania. Prace swojego zespołu prezentowała prof. Allahverdiyeva-Rinne z University of Turku, Finlandia (Borhan

i wsp., 2026; Chovancek i wsp., 2025; Huokko i wsp., 2026; Mustila i wsp., 2025).

Przykładem rozwoju wysokoprzepustowego fenotypowania mikroorganizmów fotosyntetyzujących jest platforma AlgaeScreen, umożliwiająca zautomatyzowaną hodowlę, monitorowanie i selekcję szczepów. System łączy ocenę wzrostu kolonii z pomiarami widm absorpcji i emisji w zakresie VIS–NIR, obrazowaniem fluorescencji białek i zmiennej fluorescencji chlorofilu oraz analizą składu makromolekularnego z wykorzystaniem spektroskopii Ramana (Masuda i wsp., 2026; Rana i wsp., 2026; López-Adams i wsp., 2026). Rozwinięciem tego podejścia była koncepcja rozproszonego fenotypowania, w której dane pochodzące z wielu bioreaktorów są przesyłane do wspólnej infrastruktury, integrowane w chmurze i analizowane przy użyciu modeli predykcyjnych. Pozwala to nie tylko charakteryzować fizjologię kultur, lecz także optymalizować warunki hodowli w czasie rzeczywistym (Zavřel i wsp., 2019; Zavřel i wsp., 2026).

Znaczenie fenotypowania wysokoprzepustowego pokazano również w badaniach mechanizmów fotoprotekcji okrzemek. Analiza mutantów *Phaeodactylum tricornutum* wykazała, że białka Lhcx uczestniczą addytywnie w szybkim komponencie niefotochemicznego wygaszania fluorescencji chlorofilu (qE). Efekty poszczególnych mutacji były jednak często subtelne i zależały od warunków środowiskowych, co utrudnia ich analizę klasycznymi metodami fizjologicznymi i wskazuje na potrzebę równoległego fenotypowania dużej liczby linii (Buck i wsp., 2019; Lepetit i wsp., 2017).

Fenotypowanie znalazło też bezpośrednie zastosowanie w optymalizacji hodowli cyjanobakterii jako „fabryk komórkowych”. W szczepach produkujących etylen analizowano wpływ tempa wzrostu, zagęszczenia kultury i dostępności światła na wydajność produkcji. Maksymalny wzrost i maksymalna produktywność nie występowały przy tych samych warunkach: wysoka produktywność objętościowa była związana z dużym zagęszczeniem komórek i silnym samozacienianiem. Badania obejmowały również modyfikację przepływu węgla i energii w procesach wzrostu, fotoprotekcji, transportu elektronów oraz syntezy etylenu (Zavřel i wsp., 2019).

Uzupełnieniem tej części konferencji były prace nad poszerzeniem możliwości analitycznych fenotypowania. Funkcjonalizacja sond do membranowej spektrometrii masowej MIMS za pomocą immobilizowanych enzymów umożliwiła pośrednie oznaczanie związków, które same nie przenikają przez membranę. Jako rozwiązanie modelowe zastosowa-

wano oksydazę glukozową, co pokazuje możliwość selektywnego oznaczania metabolitów w złożonych próbkach bez wcześniejszego ich rozdzielania (Zlámál i wsp., 2026).

Równoległe sesje warsztatowe

Jedną z równoległych sesji warsztatowych była poświęcona zarządzaniu danymi w wysokoprzepustowym fenotypowaniu, zwłaszcza ich opisywaniu, łączeniu danych z różnych źródeł oraz ponownemu wykorzystaniu zgodnie z zasadami FAIR. Drugi warsztat dotyczył fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych i możliwości przewidywania cech plonotwórczych na podstawie zmian obserwowanych w kolejnych fazach rozwoju.

Sesja posterowa

Postery przedstawiały różne zastosowania metod fenotypowania – od analizy fizjologicznej pojedynczych organów po automatyczne przetwarzanie danych z doświadczeń polowych. W badaniach reakcji roślin na stresy środowiskowe łączono ocenę systemu korzeniowego i części nadziemnych z obrazowaniem RGB, multispektralnym i hiperspektralnym w wielu punktach czasowych.

Badania dotyczyły m.in. działania biostymulatorów w warunkach niedoboru wody, ograniczania skutków chłodu u kukurydzy, funkcji genu DHN3 w odpowiedzi pszenicy na suszę oraz roli metabolizmu GABA w reakcji na patogeny. Ogrodowicz i wsp. (2025) wykazali, że tolerancja jęczmienia na jednoczesne działanie suszy i infekcji *Fusarium* wiązała się z terminem kłoszenia, składem wosków kutykularnych i zachowaniem integralności chloroplastów.

W badaniach polowych obrazowanie kukurydzy za pomocą UAV w wielu terminach wykorzystano do oceny przydatności wysokości roślin, pokrycia łąnu, wskaźników wegetacyjnych i dynamiki wzrostu jako predyktorów plonowania (Adak i wsp., 2021; Kovačević i wsp., 2024). Obrazowanie termiczne 196 genotypów pszenicy jarej wykazało, że zdolność rozróżniania genotypów zależała od pory pomiaru, fazy rozwojowej i dostępności wody. Podczas stresu wodnego największe zróżnicowanie obserwowano około godziny 14:00.

Modele głębokiego uczenia zastosowano do segmentacji obrazów hiperspektralnych pozyskiwanych z UAV, przenosząc algorytm opracowany w warunkach kontrolowanych na dane polowe przy niewielkim spadku jakości segmentacji. Połączenie mikrotomografii rentgenowskiej z głębokim uczeniem umożliwiało natomiast niedestrukcyjną, trój-

wymiarową charakterystykę wewnętrznej budowy owoców i automatyczne wyznaczanie cech fenotypowych.

Odrębna grupa posterów dotyczyła organizacji i analizy danych fenotypowych zgodnie z zasadami FAIR oraz standardami MIAPPE i BrAPI. Przedstawiono m.in. ISA Wizard, ułatwiający przygotowanie ujednoliconych metadanych, oraz interaktywny panel do analizy i wizualizacji wielowymiarowych danych fenotypowych.

Wizyta w PSI

Konferencję zakończyła wycieczka do siedziby Photon Systems Instruments w Drásov koło Brna, poświęcona praktycznej prezentacji platform wykorzystywanych w wysokoprzepustowym fenotypowaniu roślin i alg. Program obejmował cztery stanowiska: zrobotyzowany system AlgaeScreen™ do automatycznej hodowli i analizy kolonii mikroalg, modułową platformę PlantScreen™ do fenotypowania części nadziemnych roślin, system do równoczesnego obrazowania korzeni i pędów w ryzoboksach oraz mobilną platformę PlantScreen™ Field przeznaczoną do pomiarów polowych.

Szczególne interesujący dla polskich uczestników był prezentowany podczas wizyty nowy system PlantScreen™ Modular, przygotowywany dla Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB w Radzikowie. Platforma łączy automatyczny transporter roślin z komorą do obrazowania RGB, fluorescencji chlorofilu, termowizji, obrazowania hiperspektralnego VNIR/SWIR oraz skanowania 3D, tworząc zintegrowany układ do badań wzrostu, fizjologii i reakcji na stres.

Wykaz skrótów:

2D, 3D: obrazowanie dwu- i trójwymiarowe (two- and three-dimensional imaging);

3DGS, MVS, NeRF: metody rekonstrukcji trójwymiarowej (3D reconstruction methods);

AI: sztuczna inteligencja (artificial intelligence);

API, BrAPI: interfejsy programistyczne, w tym do wymiany danych hodowlanych (application programming interfaces, including for breeding data);

BSP, UAV: bezzałogowe statki powietrzne (unmanned aerial vehicles);

CV: współczynnik zmienności (coefficient of variation);

EVI, GNDVI, LCI, NDRE, NDVI, OSAVI: wskaźniki spektralne roślinności (spectral vegetation indices);

FAIR: zasady wyszukiwalności, dostępności, interoperacyjności i ponownego wykorzystania danych (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable);

GABA: kwas γ -aminomasłowy (γ -aminobutyric acid);

GPP: produktywność pierwotna brutto (gross primary productivity);

GWAS: badania asocjacyjne całego genomu (genome-wide association studies);

SPI, HTC: wskaźniki warunków opadowych i hydrotermicznych (precipitation and hydrothermal indices);

ISA: schemat opisu metadanych doświadczeń (Investigation–Study–Assay);

MIAPPE, MIAPPE-HTP: standard opisu doświadczeń fenotypowych i jego rozszerzenie dla fenotypowania wysokoprzepustowego (plant phenotyping metadata standard and its high-throughput extension);

MIMS: spektrometria mas z wprowadzaniem próbki przez membranę (membrane inlet mass spectrometry);

QTL: loci cech ilościowych (quantitative trait loci);

RGB: czerwony, zielony i niebieski (red, green, blue);

SNP: polimorfizm pojedynczego nukleotydu (single-nucleotide polymorphism);

SPAD: względny wskaźnik zawartości chlorofilu (relative chlorophyll index);

SWIR, VIS–NIR, VNIR: zakresy widmowe wykorzystywane w obrazowaniu (spectral regions used in imaging);

Fv/Fm, OJIP, I–P, NPQ, qE, qY, SIF: oznaczenia związane z fluorescencją chlorofilu (chlorophyll fluorescence-related notation);

F₁, H², R²: miary statystyczne (statistical measures);

Podsumowanie

Prezentowane podczas konferencji IPAP4 prace pokazały, że fenotypowanie roślin coraz wyraźniej odchodzi od pojedynczych pomiarów wykonywanych w określonym terminie w stronę wieloczasowej obserwacji zmian zachodzących w trakcie wzrostu, rozwoju i odpowiedzi na stres. Coraz częściej łączone są dane obrazowe, fizjologiczne, środowiskowe i genomowe, a ich analiza obejmuje zarówno klasyczne metody statystyczne, jak i uczenie maszynowe oraz modelowanie predykcyjne.

Szczególne widoczny był rozwój metod umożliwiających równoczesną ocenę wielu cech i organów, przenoszenie fenotypowania z warunków kontrolowanych do pola oraz automatyzację analizy dużych zbiorów danych. W prezentowanych badaniach znaczenie miała nie tylko wartość mierzonej cechy, lecz także jej dynamika, faza rozwojowa i termin pomiaru. Zwiększa to możliwości identyfikacji cech związanych z tolerancją na stres i produktywnością, ale jednocześnie wymaga dobrej standaryzacji doświadczeń oraz zachowania pełnej informacji o sposobie pozyskania danych.

Kierunek rozwoju fenomiki coraz wyraźniej prowadzi więc od opisu fenotypu do jego interpretacji i przewidywania późniejszego funkcjonowania roślin. O użyteczności nowych technologii będzie decydować nie sama liczba rejestrowanych parametrów, lecz możliwość przekształcenia ich w informacje przydatne w badaniach biologicznych, hodowli i praktyce rolniczej.

DHN3, DRO1: oznaczenia genów (gene designations);

Lhcx: rodzina białek uczestniczących w fotoprotekcji (protein family involved in photoprotection).

Finansowanie:

- 1) Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi (lata 2026–2029) w ramach programu „Badania podstawowe na rzecz postępu biologicznego w produkcji roślinnej”, decyzja nr DHR.hn.802.12.2026, zadanie nr 54: „Wykorzystanie metod uczenia maszynowego i fenotypowania spektralnego przy użyciu dronów dla potrzeb detekcji tolerancji na stresy u genotypów pszenicy ozimej w warunkach zmieniającego się klimatu”;
- 2) Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, program operacyjny Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki projekt nr FENG.01.01-IP.01-0014/23: „Wdrożenie do twórczej hodowli roślin uprawnych narzędzi genetycznych w celu wprowadzenia nowoczesnych odmian dostosowanych do zmian klimatycznych, warunków rynkowych oraz zasad Zielonego Ładu”

Literatura

- Adak, A., Murray, S. C., Božinović, S., Lindsey, R., Nakasagga, S., Chatterjee, S., Anderson, S. L., II, & Wilde, S. (2021). Temporal Vegetation Indices and Plant Height from Remotely Sensed Imagery Can Predict Grain Yield and Flowering Time Breeding Value in Maize via Machine Learning Regression. *Remote Sensing*, 13(11), 2141. <https://doi.org/10.3390/rs13112141>
- Ahmad, M., Seitner, S., Jez, J., Espinosa-Ruiz, A., Carrera, E., Martínez-Godoy, M. Á., Baños, J., Ganthaler, A., Mayr, S., Priemer, C., Grubb, E., Ufimov, R., van Loo, M., & Trujillo-Moya, C. (2025). Drought stress responses deconstructed: A comprehensive approach for Norway spruce seedlings using high-throughput phenotyping with integrated metabolomics and transcriptomics. *Plant Phenomics*, 7(2), 100037. <https://doi.org/10.1016/j.plaphe.2025.100037>
- Al-Tamimi, N., Langan, P., Bernád, V., Walsh, J., Mangina, E., & Negrão, S. (2022). Capturing crop adaptation to abiotic stress using image-based technologies. *Open Biology*, 12. <https://doi.org/10.1098/rsob.210353>
- Arend, D., Junker, A., Scholz, U., Schüller, D., Wylie, J., & Lange, M. (2016). PGP repository: a plant phenomics and genomics data publication infrastructure. *Database*, 2016. <https://doi.org/10.1093/database/baw033>
- Arend, D., König, P., Junker, P., Scholz, A. & Lange, U. (2020). The on-premise data sharing infrastructure e!DAL: Foster FAIR data for faster data acquisition. *GigaScience*, 9, 107. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa107>
- Bandopadhyay, S., Rastogi, A., & Juszczak, R. (2020). Review of Top-of-Canopy Sun-Induced Fluorescence (SIF) Studies from Ground, UAV, Airborne to Spaceborne Observations. *Sensors*, 20(4), 1144. <https://doi.org/10.3390/s20041144>
- Baral, B., & Brosché, M. (2026). Decoding plant defense signaling using the defenseless mutant. *New Phytologist*, 250(2), 1141–1156. <https://doi.org/10.1111/nph.70939>
- Barboricova, M., Filacek, A., Mlynarikova Vysoka, D., Gasparovic, K., Zivcak, M., & Brestic, M. (2022). Sensitivity of fast chlorophyll fluorescence parameters to combined heat and drought stress in wheat genotypes. *Plant, Soil and Environment*, 68(7), 309–316. <https://doi.org/10.17221/87/2022-PSE>
- Bernád, V., Walsh, J. J., Jacob, E., Khodaeiaminjan, M., Zhang, N., Wang, K., Fadaei, F., Craig, L., Barreto-Souza, W., Mangina, E., Gutierrez, L., & Negrão, S. (2026). Integrating longitudinal hyperspectral phenotyping with AI and GWAS to dissect barley waterlogging responses. *bioRxiv*, 2026.2006.2002.729597. <https://doi.org/10.64898/2026.06.02.729597>
- Borhan, E., Korhonen, V., Sirin, S., & Allahverdiyeva, Y. (2026). Long-term phycoremediation of hydroponic drainwater in a pilot-scale turbidostat. *Journal of Environmental Management*, 405, 129635. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2026.129635>
- Brestic, M., Zivcak, M., Hauptvogel, P., Misheva, S., Kocheva, K., Yang, X., Li, X., & Allakhverdiev, S. (2018). Wheat plant selection for high yields entailed improvement of leaf anatomical and biochemical traits including tolerance to non-optimal temperature conditions. *Photosynthesis Research*, 136. <https://doi.org/10.1007/s11120-018-0486-z>
- Buck, J. M., Sherman, J., Bártulos, C. R., Serif, M., Halder, M., Henkel, J., Falciatore, A., Lavaud, J., Gorbunov, M. Y., Kroth, P. G., Falkowski, P. G., & Lepetit, B. (2019). Lhcx proteins provide photoprotection via thermal dissipation of absorbed light in the diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *Nature Communications*, 10(1), 4167. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-12043-6>
- Bucksch, A., Chung, Y. S., Clarke, J. L., Gerth, S., von Gyllhaussen, P., Guo, W., Kholová, J., Pariyar, S., Pickering, E., Sankaran, S., Shafiee, S., Cervantes-Perez, S. A., Dhondt, S., Han, Z., Hossain, K., LaVoy, W., Lynch, J. P., Negrão, S., Pridmore, T.,...van de Zedde, R. (2026). Plant Phenomics; the unrecognized rise of a scientific discipline. *TRENDS in Plant Science*. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2026.08.001>
- Chang, J., Walsh, J. J., Mangina, E., Ruan, J., & Negrão, S. (2026). AI-driven 3D point cloud analysis in plant phenotyping: A Systematic Review. *Smart Agricultural Technology*, 13, 101869. <https://doi.org/10.1016/j.atech.2026.101869>
- Chovancek, E., Poque, S., Bayram, E., Borhan, E., Jokel, M., Rantanen, I.-M., Haznedaroglu, B. Z., Himanen, K., Sirin, S., & Allahverdiyeva, Y. (2025). Stepwise processing of *Chlorella sorokiniana* confers plant biostimulant that reduces mineral fertilizer requirements. *Bioresource Technology*, 418, 131923. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2024.131923>

- Chovancek, E., Zivcak, M., Botyanszka, L., Hauptvogel, P., Yang, X., Misheva, S., Hussain, S., & Brestic, M. (2019). Transient Heat Waves May Affect the Photosynthetic Capacity of Susceptible Wheat Genotypes Due to Insufficient Photosystem I Photoprotection. *Plants*, 8. <https://doi.org/10.3390/plants8080282>
- Gladilin, E., Narisetti, N., Neumann, K., & Altmann, T. (2025). End-to-End Deep Learning Approach to Automated Phenotyping of Greenhouse-Grown Plant Shoots. *Agronomy*, 15(5), 1117. <https://doi.org/10.3390/agronomy15051117>
- Góral, T., Jędzura, S., Pacoń, D., Stefański, P., Matysik, P., & Rybka, K. (2026). UAV-Based Spectral Indices Reveal Species-Specific Yield Relationships in Spring Cereals across Contrasting Seasons. *Agronomy*, 16(18), 1848. <https://doi.org/10.3390/agronomy16181848>
- Góral, T., & Rybka, K. (2026). Spectral indices in cereal phenotyping under field conditions: possibilities and limitations (In Polish with English Abstract, table headers and figure legends). *Biuletyn Instytutu Hodowli i Klimatyzacji Roślin*, 305/306. <https://doi.org/10.37317/biul-2026-0001>
- He, C., Narsai, R., Liew, L. C., Zhang, Y., Yin, L., Xu, J., Xie, M., Shou, H., Ecker, J. R., Lewsey, M. G., Wang, Y., Berkowitz, O., & Whelan, J. (2026). Alternative oxidase and ethylene form a positive feed-forward loop in mitochondrial retrograde signaling. *Plant Communications*, 7(6). <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2026.101744>
- Heuermann, M. C., Knoch, D., Junker, A., & Altmann, T. (2023). Natural plant growth and development achieved in the IPK PhenoSphere by dynamic environment simulation. *Nature Communications*, 14(1), 5783. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41332-4>
- Huokko, T., Sporre, E., Koch, B., Patil, P. P., Wey, L., Nikkanen, L., Napaumpaiporn, P., Virtanen, O., Hubáček, M., Kulik, N., Komenda, J., Hudson, E., Vass, I., & Allahverdiyeva, Y. (2026). Differences in photosystem II activity and carbon allocation during photomixotrophic growth in distinct wild-type strains of *Synechocystis* sp. PCC 6803. *The Plant Journal*, 125(2), e70683. <https://doi.org/10.1111/tpj.70683>
- Ibrahimova, U., Talai, J., Mahadi Hasan, M., Huseynova, I., Raja, V., Rastogi, A., Ghaffari, H., Zivcak, M., Yang, X., & Brestic, M. (2025). Dissecting the osmotic and oxidative stress responses in salt-tolerant and salt-sensitive wheat genotypes under saline conditions. *Plant, Soil and Environment*, 71(1), 36–47. <https://doi.org/10.17221/459/2024-pse>
- Jahangirlou, M. R., Pullens, J. W. M., Lindhardt, M. K. K., El Khoury, Y. V., Antoniuk, V., Manevski, K., Ottosen, C.-O., & Jørgensen, U. (2026). Agrivoltaic systems: Trade-offs on microclimate, physiology, yield and canopy thermal-spectral maps. *Agricultural Systems*, 232, 104557. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2025.104557>
- Jensen, N. B., Vrobel, O., Nageshababu, N. A., De Diego, N., Tarkowski, P., Ottosen, C.-O., & Zhou, R. (2024). Stomatal effects and ABA metabolism mediate differential regulation of leaf and flower cooling in tomato cultivars exposed to heat and drought stress. *Journal of Experimental Botany*, 75(7), 2156–2175. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad498>
- Junker, A., Muraya, M. M., Weigelt-Fischer, K., Arana-Ceballos, F., Klukas, C., Melchinger, A. E., Meyer, R. C., & Altmann, T. (2015). Optimizing expression of heterosis using high-throughput plant phenotyping. *Food and Energy Security*, 4(1), 26–44. <https://doi.org/10.1002/fes3.38>
- Kholova, J., Choudhary, S. M., Masner, J., Pavlik, J., Kaliamoorthy, S., Murugesan, T., Jarolimek, J., Schwartz, S., Kartal, S., Anbazhagan, K., Gerth, S., Grain, V., Hajjarpoor, A., Diancumba, M., Nelson, W., Gattu, P., Vohaar, M., & Galba, A. (2022). In pursuit of better world: crop growth models-guided phenomis for Agri-System improvement. 7th International Plant Phenotyping Symposium „Plant Phenotyping for a Sustainable Future”, Wageningen the Netherlands, September 26-30 2022., IPPS 2022 Conference Book, 171.
- Klimeš, P., Voral, V., Gómez Mansur, N. M., Vašák, J., Kholová, J., Zeljković, S. Č., Rozehnalová, M., Spíchal, L., Masner, J., & Diego, N. D. (2026). SPROUT: AI-based seedling emergence PRedictiON and trait extraction using RGB time-series. *Computers and Electronics in Agriculture*, 253, 112184. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2026.112184>
- Klinsawang, S., Aesomnuk, W., Mangkalasane, P., Ruanjaichon, V., Siangliw, J. L., Pandey, B. K., Bennett, M. J., Wanchana, S., & Arikitt, S. (2024). Genome-wide association study identifies key F-box genes linked to ethylene responsiveness and root growth in rice (*Oryza sativa* L.). *Frontiers in Plant Science* 15, 1501533. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1501533>
- Knoch, D., Meyer, R. C., Heuermann, M. C., Riewe, D., Peleke, F. F., Szymański, J., Abbadi, A., Snowdon, R. J., & Altmann, T. (2024). Integrated multi-omics analyses and genome-wide association studies reveal prime candidate genes of metabolic and vegetative growth variation in canola. *The Plant Journal*, 117(3), 713–728. <https://doi.org/10.1111/tpj.16524>
- Kosová, K., Vítámvás, P., Urban, M., Kholova, J., & Prášil, I. (2014). Breeding for enhanced drought resistance in barley and wheat - drought-associated traits, genetic resources and their potential utilization in breeding programmes. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 50, 247–261. <https://doi.org/10.17221/118/2014-CJGPB>
- Kovačević, A., Pavlov, J., Grčić, N., Vančetović, J., Mladenović, M., Lučev, M., ... & Božinović, S. (2024). Pheno_maize project: UAV-driven high-throughput phenotyping for enhanced maize breeding. In *Book of Abstracts of 7th Congress of the Serbian Genetic Society*, October 2-5. 2024., Zlatibor, Serbia (p. 182). Belgrade: Serbian Genetic Society.
- Kruppa, K., Türkösi, E., Holušová, K., Kalapos, B., Szakács, É., Cséplő, M., Farkas, A., Ivanizs, L., Szőke-Pázsí, K., Mikó, P., Kovács, P., Gulyás, A., Hidvégi, N., Molnár-Láng, M., Darkó, É., Bartoš, J., Gaál, E., & Molnár, I. (2024). Genotyping-by-sequencing uncovers a *Thinopyrum* 4StS-1Jvs Robertsonian translocation linked to multiple stress tolerances in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 138(1), 13. <https://doi.org/10.1007/s00122-024-04791-x>

- Kurtz-Sohn, A., Abdelhakim, L., Be'ery, A., Prusty, M., Panzarová, K., & Fridman, E. (2026). Beyond Averaging: Pleiotropic effects of Dry2.2 expose the evolution of growth bet-hedging in barley. <https://doi.org/10.64898/2026.06.22.733768>
- Lauterberg, M., Tschiersch, H., Papa, R., Bitocchi, E., & Neumann, K. (2023). Engaging Precision Phenotyping to Scrutinize Vegetative Drought Tolerance and Recovery in Chickpea Plant Genetic Resources. *Plants*, 12(15), 2866.
- Lauterberg, M., Tschiersch, H., Zhao, Y., Kuhlmann, M., Mücke, I., Papa, R., Bitocchi, E., & Neumann, K. (2024). Implementation of theoretical non-photochemical quenching (NPQ(T)) to investigate NPQ of chickpea under drought stress with High-throughput Phenotyping. *Scientific Reports*, 14(1), 13970. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63372-6>
- Lepetit, B., Gélín, G., Lepetit, M., Sturm, S., Vugrinec, S., Rogato, A., Kroth, P. G., Falciatore, A., & Lavaud, J. (2017). The diatom *Phaeodactylum tricornutum* adjusts nonphotochemical fluorescence quenching capacity in response to dynamic light via fine-tuned Lhcx and xanthophyll cycle pigment synthesis. *New Phytologist*, 214(1), 205–218. <https://doi.org/10.1111/nph.14337>
- Liu, Y., Lv, P., Sun, Y., Chen, H., Ding, F., Jiang, F., Yu, X., Ottosen, C.-O., Song, X., Mittler, R., Wu, Z., & Zhou, R. (2026). Crosstalk between physiological and genetic mechanisms during maintenance of acquired thermotolerance in tomato. *Plant Physiology and Biochemistry*, 231, 110995. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2025.110995>
- López-Adams, R., Hania, A., Mišková, A., Kienhuis M., Piwosz K., Prášil O., Polerecký L., Eichner M. (2026). Spatiotemporal Regulation of N₂ Fixation and Photosynthesis in *Trichodesmium*: New Insights From mRNA CARD-FISH and nanoSIMS. *Environmental Microbiology*, 28(9), e70405. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.70405>
- Lozano-Claros, D., Meng, X., Custovic, E., Deng, G., Berkowitz, O., Whelan, J., & Lewsey, M. G. (2020). Developmental normalization of phenomics data generated by high throughput plant phenotyping systems. *Plant Methods*, 16(1), 111. <https://doi.org/10.1186/s13007-020-00653-x>
- Majeed, H., Meyer, R. C., Abbadi, A., & Altmann, T. (2024). STRESS-STOPP: Increasing drought stress adaptation in oilseed rape – yield stability and stress tolerance as selection targets for optimization via physiological phenotyping. *Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben / NPZ Innovation*. https://www.openagrar.de/receive/openagrar_mods_00108618
- Masuda, T., Konert, G., Pinkas, D., Vancová, M., Filimonenko, V., Kaňa, R., & Prášil, O. (2026). A dual role of phycoerythrin in the nitrogen-fixing cyanobacterium *Crocospaera watsonii*: From light-harvesting to nitrogen reservoir. *Limnology and Oceanography Letters*, 11(5), e70172. <https://doi.org/10.1002/lol2.70172>
- Mendanha, T., Rosenqvist, E., Nordentoft Hyldgaard, B., Doonan, J. H., & Ottosen, C.-O. (2020). Drought priming effects on alleviating the photosynthetic limitations of wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) with contrasting tolerance to abiotic stresses. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 206(6), 651–664. <https://doi.org/10.1111/jac.12404>
- Mustila, H., Hubáček, M., Muth-Pawlak, D., & Allahverdiyeva, Y. (2025). Acclimation of *Synechocystis* sp. PCC 6803 to Alkaline pH Under Ambient Air. *Physiologia Plantarum*, 177(5), e70474. <https://doi.org/10.1111/ppl.70474>
- Neuwirthová, E., Chuchlík, J., Píkl, M., Lhotakova, Z., Kashkan, I., Panzarová, K., Stejskal, J., Albrechtová, J., Lstibůrek, M., & Čepl, J. (2026). Overcoming difficulties in segmentation of hyperspectral plant images with small projection areas using machine learning. *Scientific Reports*, 16. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-31952-9>
- Nguyen, V. D., Sarić, R., Burge, T., Berkowitz, O., Trtilek, M., Whelan, J., Lewsey, M. G., & Čustović, E. (2022). Noninvasive imaging technologies in plant phenotyping. *Trends in Plant Science*, 27(3), 316–317. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2021.06.009>
- Ogrodowicz, P., Kuczyńska, A., Mikołajczak, K., Kempa, M., Maryniak, D., Michałek, M., Krajewski, P., Belter, J., Gawlak, M., Kalaji, H. M., Dąbrowski, P., Mojski, J., & Belusiak, I. (2025). Effect of developmental dynamics on WRKY expression in barley with varying phenologies and trichome micromorphologies. *BMC Plant Biology*, 26(1), 109. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07933-5>
- Panáček, D., Kupka, V., Nalepa, M.-A., Dědek, I., Álvarez-Diduk, R., Olenik, S., Flauzino, J., Zdražil, J., Jakubec, P., Zdražil, L., Spíchal, L., Sonigara, K. K., Zbořil, R., Pumera, M., Merkoçi, A., Wang, J., De Diego, N., Güder, F., & Otyepka, M. (2026). Printing technologies for monitoring crop health. *Nature Communications*, 17(1), 2009. <https://doi.org/10.1038/s41467-026-68778-6>
- Papoutsoglou, E. A., Faria, D., Arend, D., Arnaud, E., Athanasiadis, I. N., Chaves, I., Coppens, F., Cornut, G., Costa, B. V., Ćwiek-Kupczyńska, H., Driesbeke, B., Finkers, R., Gruden, K., Junker, A., King, G. J., Krajewski, P., Lange, M., Laporte, M.-A., Michotey, C., ... Pommier, C. (2020). Enabling reusability of plant phenomic datasets with MIAPPE 1.1. *New Phytologist*, 227(1), 260–273. <https://doi.org/10.1111/nph.16544>
- Pietrzyk, P., Lang, T., Malzer, T., Steinert, J., Gilson, A., Lehretz, G., Henties, T., Hügel, C., Scholz, O., & Gerth, S. (2026a). From seed to field: advancements in controlled environment, robotics and plant phenotyping. *at - Automatisierungstechnik*, 74(4), 289–299. <https://doi.org/10.1515/auto-2025-0083>
- Pietrzyk, P., Liu, S., & Bucksch, A. (2026b). Improving 3D reconstruction quality for root phenotyping: assessing the impact of camera calibration and imaging parameters. *Plant Methods*, 22(1), 33. <https://doi.org/10.1186/s13007-026-01529-2>

- Poorter, H., Niinemets, Ü., Walter, A., Fiorani, F., & Schurr, U. (2010). A method to construct dose–response curves for a wide range of environmental factors and plant traits by means of a meta-analysis of phenotypic data. *Journal of Experimental Botany*, 61(8), 2043–2055. <https://doi.org/10.1093/jxb/erp358>
- Poorter, H., Yin, X., Alyami, N., Gibon, Y., & Pons, T. L. (2022). MetaPhenomics: quantifying the many ways plants respond to their abiotic environment, using light intensity as an example. *Plant and Soil*, 476(1), 421–454. <https://doi.org/10.1007/s11104-022-05391-8>
- Pree, S., Kashkan, I., & Retzer, K. (2024). Dynamic Dark Root Chamber: Advancing non-invasive phenotyping of roots kept in darkness using infrared imaging. Preprint. <https://doi.org/10.1101/2024.02.16.580252>
- PSI & IPPN (2026). 4th Integrated Plant and Algal Phenomics Meeting (IPAP 2026): Book of abstracts. <https://psi.cz/ipap>
- Punkkinen, M., Baral, B., Blokhina, O., Ogorek, L. L. P., Kim, M., Fagerstedt, K., Brosché, M., Nikkanen, L., Vierling, E., Pedersen, O., & Shapiguzov, A. (2026). Mitochondria affect photosynthesis through altered tissue levels of O₂. *Plant Physiology*, 200(2). <https://doi.org/10.1093/plphys/kiaf648>
- Punkkinen, M., Blokhina, O., Peralta Ogorek, L., Kim, M., Fagerstedt, K., Vierling, E., Pedersen, O., & Shapiguzov, A. (2024). Mitochondria affect photosynthesis through altered tissue levels of oxygen. Preprint. <https://doi.org/10.1101/2024.07.19.604342>
- Rana, S., Tsurumaki, T., Kotabová, E., Kaňa, R., Prášilová, A., Masuda, T., & Prášil, O. (2026). Diazotrophy affects the state transitions in unicellular nitrogen fixing cyanobacteria. *Photosynthesis Research*, 164(4), 43. <https://doi.org/10.1007/s11120-026-01231-3>
- Rastogi, A., Antala, M., Prikaziuk, E., Yang, P., van der Tol, C., & Juszczak, R. (2022). Exploring the Potential of SCOPE Model for Detection of Leaf Area Index and Sun-Induced Fluorescence of Peatland Canopy. *Remote Sensing*, 14(16), 4010. <https://doi.org/10.3390/rs14164010>
- Rybka, K., & Nita, Z. (2014). Nowoczesne fenotypy zbóż do uprawy na obszarach zagrożonych suszą [Eng.: Modern phenotypes of cereals for cultivation in areas endangered with drought]. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin*, 273, 55–72. <https://doi.org/10.37317/biul-2014-0018>
- Sahu, A., Psaroudakis, D., Rolletschek, H., Neumann, K., Borisjuk, L., Himmelbach, A., Pinninti, K., Knoch, D., Töpfer, N., & Szymański, J. (2025). panomiX: Investigating mechanisms of trait emergence through multi-omics data integration. *Plant Phenomics*, 7(4), 100131. <https://doi.org/10.1016/j.plaphe.2025.100131>
- Siangliw, J. L., Thunnom, B., Natividad, M. A., Quintana, M. R., Chebotarov, D., McNally, K. L., Lynch, J. P., Brown, K. M., & Henry, A. (2022). Response of Southeast Asian rice root architecture and anatomy phenotypes to drought stress. *Frontiers in Plant Science*, vol. 13 - 2022. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1008954>
- Saiz-Fernández, I., Parrado, L. A. B., Klimeš, P., Čavar-Zeljko, S., de Galarreta, J. I. R., de la O Leyva-Pérez, M., Ortiz-Barredo, A., Spíchal, L., & De Diego, N. (2026). LOCOPOTS: a LOW-COST high-throughput screening platform for in vitro POTatoes under abiotic Stress. *bioRxiv*, 2026.2005.2012.724622. <https://doi.org/10.64898/2026.05.12.724622>
- Sarić, R., Čustović, E., Akagić, A., Trtílek, M., Lewsey, M. G., & Whelan, J. (2025). Computer vision-based recognition and distinction of *Arabidopsis thaliana* ecotypes using supervised deep learning models. *The Plant Phenome Journal*, 8(1), e70041. <https://doi.org/10.1002/ppj2.70041>
- Schüler, D., Lange, M., Altmann, T., Cuacos, M., Arend, D., D'Auria, J. C., Fiebig, A., Kumlehn, J., Neumann, K., Melzer, M., Rey-Mazón, E., Rolletschek, H., Scholz, U., Willner, E., & Reif, J. C. (2025). Data management in balance - a decade of balancing pragmatism, sustainability and innovation at plant research center IPK Gatersleben. *Journal of Integrative Bioinformatics*, 22(1). <https://doi.org/10.1515/jib-2025-0012>
- Selinski, J., Frings, S., & Schmidt-Schippers, R. (2024). Perception and processing of stress signals by plant mitochondria. *The Plant Journal*, 120, 2337–2355. <https://doi.org/10.1111/tpj.17133>
- Shapiguzov, A., & Kangasjärvi, J. (2022). Studying Plant Stress Reactions In Vivo by PAM Chlorophyll Fluorescence Imaging. In A. Mhamdi (Ed.), *Reactive Oxygen Species in Plants: Methods and Protocols* (pp. 43–61). Springer US. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2469-2_4
- Shapiguzov, A., Nikkanen, L., Fitzpatrick, D., Vainonen, J., Gossens, R., Alseekh, S., Arabi, F., Tiwari, A., Blokhina, O., Panzarová, K., Benedikty, Z., Tyystjärvi, E., Fernie, A., Trtílek, M., Aro, E.-M., Rintamäki, E., & Kangasjärvi, J. (2020). Dissecting the interaction of photosynthetic electron transfer with mitochondrial signalling and hypoxic response in the *Arabidopsis rcd1* mutant. *Philosophical Transactions of The Royal Society B Biological Sciences*, 375 (1801): 20190413. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0413>
- Sharma, D. K., Andersen, S. B., Ottosen, C.-O., & Rosenqvist, E. (2015). Wheat cultivars selected for high Fv/Fm under heat stress maintain high photosynthesis, total chlorophyll, stomatal conductance, transpiration and dry matter. *Physiologia Plantarum*, 153(2), 284–298. <https://doi.org/10.1111/ppl.12245>
- Shi, R., Knoch, D., López-Malvar, A., Narisetti, N., Gladilin, E., & Altmann, T. (2026). Diversity of Root System Architecture in Mediterranean Maize Inbred Lines Provides New Breeding Opportunities to Improve Stress Resilience and Resource Efficiency. *Plants*, 15(6), 935. <https://doi.org/10.3390/plants15060935>
- Shomali, A., Kamrani, Y. Y., Zivcak, M., Kovar, M., & Brestic, M. (2025). Beyond Photosynthetic Active Radiation: The Role of Far-Red Energy and Signalling in the Improvement of Photosynthesis. *Plant, Cell & Environment*, 48(7), 5009–5018. <https://doi.org/10.1111/pce.15519>

- Soleimani, S., Sazid, A. K. M. T., Nariseti, N., Gladilin, E., Pillen, K., Neumann, K., & Maurer, A. (2026). Optimizing drought stress simulation to enhance greenhouse-to-field transferability in barley breeding. *Plant Stress*, 23, 101495. <https://doi.org/10.1016/j.stress.2026.101495>
- Sørensen, J. C., Reybroeck, E., Kjaer, K. H., Jørgensen, B. N., & Ottosen, C.-O. (2026). A multi-objective evolutionary algorithm for optimization of dynamic supplemental light based on fluctuating electricity prices. *Evolving Systems*, 17(2), 61. <https://doi.org/10.1007/s12530-026-09812-2>
- Sytar, O., Zivcak, M., Olsovska, K., & Brestic, M. (2018). Perspectives in High-Throughput Phenotyping of Qualitative Traits at the Whole-Plant Level. In R. S. Sengar & A. Singh (Eds.), *Eco-friendly Agro-biological Techniques for Enhancing Crop Productivity* (pp. 213–243). Springer Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-10-6934-5_10
- Tietze, H., Abdelhakim, L., Pleskačová, B., Kurtz-Sohn, A., Fridman, E., Nikoloski, Z., & Panzarová, K. (2025). Prediction of harvest-related traits in barley using high-throughput phenotyping data and machine learning. <https://doi.org/10.1101/2025.05.29.656856>
- Tran Minh, T., De Zutter, N., Goossens, A., & Audenaert, K. (2025). Discovering novel bio-active metabolites of the endophyte *Serendipita* by using immuno-compromised tomato plants. 14th Conference of the European Foundation for Plant Pathology. <https://hdl.handle.net/1854/LU-01KEVBWYND7PCFQNH598QPIQN>
- Türkösi, E., Kruppa, K., & Jobbágy, K. (2025). Replacement of chromosome 3D with *Thinopyrum* chromosome 3St led to increased drought tolerance during the flowering stage in wheat. *Plant Cell Reports*, 44. <https://doi.org/10.1007/s00299-025-03632-5>
- Ugochukwu, A. I., & Phillips, P. W. B. (2022). Data sharing in plant phenotyping research: Perceptions, practices, enablers, barriers and implications for science policy on data management. *The Plant Phenome Journal*, 5(1), e20056. <https://doi.org/10.1002/ppj2.20056>
- Vainonen, J. P., Gossens, R., Krasensky-Wrzaczek, J., De Masi, R., Danciu, I., Puukko, T., Battchikova, N., Jonak, C., Wirthmueller, L., Wrzaczek, M., Shapiguzov, A., & Kangasjärvi, J. (2023). Poly(ADP-ribose)-binding protein RCD1 is a plant PARylation reader regulated by Photoregulatory Protein Kinases. *Communications Biology*, 6(1), 429. <https://doi.org/10.1038/s42003-023-04794-2>
- Varshney, R. K., Barmukh, R., Roorkiwal, M., Qi, Y., Kholova, J., Tuberosa, R., Reynolds, M. P., Tardieu, F., & Siddique, K. H. M. (2021). Breeding custom-designed crops for improved drought adaptation. *Advanced Genetics*, 2(3), e202100017. <https://doi.org/10.1002/ggn2.202100017>
- Wonneberger, R., D'Auria, J. C., Neumann, K., Hansen, P. B., Dieseth, J. A., Nielsen, L. K., Niemelä, T., Odilbekov, F., Novakazi, F., Bengtsson, T., Patpour, M., Hovmøller, M. S., Manninen, O., Veteläinen, M., Alsheikh, M., Windju, S., Vallenback, P., Jalli, M., Johansson, A.,...the, C. C. (2025). Integrating metabolomics and high-throughput phenotyping to elucidate metabolic and phenotypic responses to early-season drought stress in Nordic spring wheat. *BMC Plant Biology*, 25(1), 987. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06914-y>
- Yuan, X., Cai, Z., Poorter, H., Heuvelink, E., Bian, Z. H., Marcelis, L., & Yang, Q. (2025). PlantDoseMeta. R package and interactive, no-code web application. Wageningen University & Research, Published - 9 Jun 2025.
- Zavřel, T., Faizi, M., Loureiro, C., Poschmann, G., Stühler, K., Sinetova, M., Zorina, A., Steuer, R., & Červený, J. (2019). Quantitative insights into the cyanobacterial cell economy. *eLife*, 8, e42508. <https://doi.org/10.7554/eLife.42508>
- Zavřel, T., Pohland, A.-C., Pfennig, T., Matuszyńska, A. B., Tóth, S. Z., Bernát, G., & Červený, J. (2026). Estimating the redox state of the plastoquinone pool in algae and cyanobacteria via OJIP fluorescence: perspectives and limitations. *Photosynthesis Research*, 164(1), 6. <https://doi.org/10.1007/s11120-025-01194-x>
- Zdražil, J., Kong, L., Klimeš, P., Jasso-Robles, F. I., Saiz-Fernández, I., Güder, F., Spíchal, L., Snášel, V., & De Diego, N. (2025). Next-generation high-throughput phenotyping with trait prediction through adaptable multi-task computational intelligence. *Computers and Electronics in Agriculture*, 235, 110390. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2025.110390>
- Zdražil, J., Kong, L., Spíchal, L., Snášel, V., & De Diego, N. (2026). Hyperbolic topological data analysis mapper reveals dynamic trait–environment patterns in plant phenomics. *Plant Phenomics*, 8(2), 100186. <https://doi.org/10.1016/j.plaphe.2026.100186>
- Zlámál, T., Kavcová, B., Kašparovský, T., & Červený, J. (2026). Biocatalytic membrane for membrane inlet mass spectrometry. *Scientific Reports*, 16(1), 23194. <https://doi.org/10.1038/s41598-026-50908-1>