

Najnowsze doniesienia z zakresu biotechnologii i hodowli zbóż: CBB7 siódma konferencja Cereal Biotechnology and Breeding w Wernigerode, Niemcy

The latest news in the field of biotechnology and grain breeding: CBB7 – seventh Cereal Biotechnology and Breeding conference in Wernigerode, Germany

Krystyna Rybka✉

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB w Radzikowie

✉k.rybka@ihar.edu.pl

W artykule omówiono wszystkie doniesienia ustne prezentowane na konferencji CBB7, poświęconej biotechnologii i hodowli zbóż, która odbyła się w pierwszej dekadzie listopada 2023 w Wernigerode, w Niemczech. Konferencji przewodniczył Profesor Andreas Börner, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) w Gatersleben, Niemcy, Prezes EUCARPIA a współprzewodniczącymi byli Węgrzy, Profesor János Pauk, Cereal Research Nonprofit Ltd. (Szeged) oraz Profesor Gábor Galiba, Agricultural Institute Centre for Agricultural Research (ELKH) (Martonvásár). Konferencja obejmowała siedem bloków tematycznych: (1) Zasoby genetyczne dla ulepszenia roślin uprawnych, (2) Adaptacja środowiskowa, (3 i 4) Biotyczna reakcja na stres i interakcje roślina-mikrobiom, (5) Poprawa wydajności i jakości plonu, (6) Bioinformatyka, genomika i edycja genomu, (7) Technologie fenotypowania, ogólnie oraz w ramach „Wheat Initiative” a także grupy roboczej ds. fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych (CEPPG – The Controlled Environment Plant Phenotyping Working Group). W artykule zebrano najnowszą bibliografię zespołów badawczych z których wywodzili się kolejni wykładowcy, w ramach poruszanych tematów (<https://static.akcongress.com/downloads/cbb/cbb7-ewac18-boa.pdf>).

Słowa kluczowe: hodowla zbóż, plon, jakość, genetyka molekularna, genotypowanie, fenotypowanie

The article discusses all oral reports presented at the CBB7 conference on biotechnology and cereals breeding, which took place in the first decade of November 2023 in Wernigerode, Germany. The conference was chaired by Professor Andreas Börner, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in Gatersleben, Germany, President of EUCARPIA and the co-chairs were Hungarians, Professor János Pauk, Cereal Research Nonprofit Ltd. (Szeged) and Professor Gábor Galiba, Agricultural Institute Center for Agricultural Research (ELKH) (Martonvásár). The conference included seven thematic blocks: (1) Genetic resources for the improvement of crop plants, (2) Environmental adaptation, (3 and 4) Biotic response to stress and plant-microbiome interactions, (5) Improving yield and quality of crops, (6) Bioinformatics, genomics and genome editing, (7) Phenotyping technologies, in general and within the Wheat Initiative and the working group for plant phenotyping under controlled conditions (CEPPG – The Controlled Environment Plant Phenotyping working Group). The article collects the latest bibliography of the research teams presenting lectures during the conference, within the topics discussed (<https://static.akcongress.com/downloads/cbb/cbb7-ewac18-boa.pdf>).

Keywords: cereal breeding, yield, quality, molecular genetics, genotyping, phenotyping

Wstęp

W pierwszej dekadzie listopada 2023 odbyły się w Wernigerode, w Niemczech, dwie konferencje zorganizowane przy współudziale Sekcji Zbóż EUCARPIA, Europejskiego Stowarzyszenia Badań nad Hodowlą Roślin: 7th CBB (Conference on Cereal Biotechnology and Breeding) oraz konferencja satelitarna 18th EWAC (europejska konferencja w ramach współpracy w zakresie genetyki zbóż). Konferencji przewodniczył Prezes EUCARPIA Profesor Andreas Börner, Instytut im. Leibniza (IPK) w Gatersleben, Niemcy, a współprzewodniczącymi byli Węgrzy, Profesor János Pauk, Cereal Research Non profit Ltd. (Szeged) oraz Profesor Gábor Galiba, Agricultural Institute Centre for Agricultural Research (ELKH) (Martonvásár). Program obejmował szeroki zakres zagadnień z zakresu genetyki, hodowli i biotech-

nologii zbóż. Ostatni dzień konferencji był poświęcony zagadnieniu automatycznego fenotypowania roślin, głównie w warunkach kontrolowanych. Niniejszy artykuł zawiera przegląd wystąpień konferencyjnych oraz listę najnowszych publikacji naukowych (w tematyce wystąpienia) zespołów badawczych z których wywodzili się wykładowcy (<https://static.akcongress.com/downloads/cbb/cbb7-ewac18-boa.pdf>).

W konferencji uczestniczyli naukowcy z 24 krajów, z całego świata: z Austrii, Bułgarii, Czech, Danii, Francji, Niemiec, Węgier, Włoch, Litwy, Holandii, Polski, Rumunii, Szwecji, Szwajcarii, Ukrainy i Wielkiej Brytanii, a także z Turcji, Izraela, Indii, Australii, Nowej Zelandii, Nigerii, Argentyny, USA i z Kanady. Z Polski przyjechali naukowcy z Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, ze Szczecina z Instytutu Technologiczno-

Przyrodniczego-PIB i Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego, z Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin-PIB w Radzikowie, z Poznania z Uniwersytetu Przyrodniczego oraz z Instytutu Genetyki Roślin PAN a także hodowcy z Hodowli Roślin Smolice Sp. z o.o. Grupa IHAR oraz z Danko Hodowla Roślin Sp. z o.o. Wygłoszono dziewięć półgodzinnych wykładów plenarnych oraz trzydzieści cztery dwudziestominutowe wykłady w ramach siedmiu sesji: (1) Zasoby genetyczne dla ulepszania roślin uprawnych, (2) Adaptacja środowiskowa, (3 i 4) Biotyczna reakcja na stres i interakcje roślina-mikrobiom, (5) Poprawa wydajności i jakości plonu, (6) Bioinformatyka, genomika i edycja genomu, (7) Technologie fenotypowania, ogólnie oraz w ramach *Wheat Initiative* a także grupy roboczej ds. fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych (CEPPG-*The Controlled Environment Plant Phenotyping Working Group*). Sesja posterowa obejmowała trzydzieści plakatów.

Sesja 1. Zasoby genetyczne dla ulepszania roślin uprawnych (*Genetic Resources for Crop Improvement*)

Otwierający wykład plenarny, na zaproszenie Organizatorów, wygłosił Martin Mascher z Instytutu Genetyki Roślin i Badań Roślin Uprawnych im. Leibniza (IPK) w Gatersleben, pt.: „Pangenomika roślin uprawnych na przykładzie jęczmienia”. Pangenomika to relatywnie nowa dziedzina genetyki/biologii molekularnej, która rozwinęła się w związku z powstaniem technik sekwencjonowania nowej generacji (NGS, *next-generation sequencing*), zapewniających dużą przepustowość i szybkość procesu. Termin pangenom, dla określenia supergenomu bakteryjnego wprowadził Tettelin i wsp. (2005). Oznacza pełen zestaw genów danego gatunku, występujących w DNA wszystkich osobników poddanych sekwencjonowaniu (tzw. geny rdzeniowe) oraz genów zmiennych, obecnych w DNA niektórych osobników (Hurgobin i Edwards, 2017). Służy do wizualizacji podobieństw i różnic między blisko spokrewnionymi osobnikami, jest wykorzystywany w badaniach zmienności konkretnego genomu, ustalenia stopnia poziomego transferu genów (HGT, *horizontal gene transfer*), a także do zrozumienia różnic pomiędzy fenotypami (Snipen i Usery, 2010). Dr Mascher podsumował prace zespołu IPK: przedstawił reprezentatywny zestaw genów rdzeniowych dla pangenomu jęczmienia, składanie sekwencji referencyjnych w skali chromosomów oraz warianty strukturalne powiązane z cechami agronomicznymi (Mascher, 2023, Monat i in. 2019, Jayakodi i in. 2020, Jayakodi i in. 2021). Wykładowca wskazał również na konieczność opracowania interfejsów pangenomowych, zapewniających łatwy dostęp hodowcom i genetykom do metadanych sekwencji genomów wielu

osobników danego gatunku lub wyższej jednostki taksonomicznej.

Następnie István Molnár przedstawił prace w zakresie krzyżowań oddalonych pszenicy z dzikim żytem *Secale*, z *Agropyron* i z *Aegilops* wspomagane technikami molekularnymi i cytogenetycznymi, prowadzone w Centrum Badań Rolniczych w Martonvasar na Węgrzech oraz w Instytucie Botaniki Eksperymentalnej w Ołomuńcu w Czechach. W ramach prowadzonych prac zidentyfikowano wiele nowych linii z delecjami, translokacjami, addycjami i substytucjami chromosomów z dzikich gatunków, które charakteryzowały się, m.in. podniesioną odpornością na choroby oraz wyższym plonem. Wykładowca wykazał, że markerowanie DArTseq, które nie wymaga wstępnej informacji o sekwencji genomu, nadaje się do tworzenia map genetycznych o wysokiej rozdzielczości a w połączeniu z technikami GISH (*genomic in situ hybridization*) i FISH (*fluorescence in situ hybridization*) ułatwiło introgresję genów do pszenicy (Szakács i in. 2023, Molnar-Lang i in. 2015).

Martin Ganal, zaprezentował mikromacierze SNP (SNP-arrays) do genotypowania zbóż, zoptymalizowane przez zespół SGS Institut Fresenius GmbH z Gatersleben (SGS IF TG) (Ganal i in. 2023, Ganal i in. 2012).

Matías Schierenbeck z IPK omówił wyniki czteroletnich doświadczeń polowych realizowanych w IPK i w Narodowym Uniwersytecie La Plata w Argentynie zrealizowanych pod kątem oceny wpływu genów *Rht*, warunkujących karłowatość pszenicy, na wyrzucanie pylników i skuteczność krzyżowań, w aspekcie hodowli odmian hybrydowych. Wykazano ujemną korelację pomiędzy wysokością roślin (warunkowaną różnymi allelami *Rht*), a liczbą wyrzucanych pylników i ich długością, które są ważnymi cechami dla produkcji nasion hybrydowych. Wskazano, że w programach hodowli pszenicy hybrydowej należy szukać innych źródeł karłowatości/odporności na wyleganie, niż geny *Rht* (Schierenbeck i in. 2023).

Kilka wykładów dotyczyło wytwarzania podwojonych haploidów (DH) drogą kultur *in vitro*, na czym, w ostatnich latach opiera się hodowla wielu gatunków zbóż. Mimo rozwijających się metod z zastosowaniem markerów molekularnych oraz zautomatyzowanego fenotypowania, ciągle androgeniza indukowana *in vitro* jest najbardziej efektywną metodą biotechnologiczną stosowaną w praktycznej hodowli. Zastosowanie metod kultur *in vitro* w celu poprawy wydajności uzyskiwania linii podwojonych haploidów (DH) o zdefiniowanych cechach, zaprezentowała Pooja Satpathy (IPK), pokazując wyniki ukierunkowanej mutagenyzy jęczmienia prowadzonej w celu określenia warunków indukcji haploidów (Satpathy i in. 2021, Satpathy i in. 2023). Janusz Zimny z IHAR-PIB Radzików przedstawił wyniki wskazujące, że

możliwe jest utrwalenie i przenoszenie cechy zdolności do androgenyzy do elitarnych linii żyta (Zimny i in. 2023). Sekwencjonowanie RNA, pochodzącego z dwóch puli genotypów, o niskiej i wysokiej zdolności do androgenyzy, a następnie analiza uzyskanych transkryptomów pozwoliły na wytypowanie sekwencji odpowiedzialnych za badaną cechę. Janos Pauk przedstawił badania, które doprowadziły do wytworzenia dietetycznej pszenicy. Dieta FODMAP najczęściej zalecana jest pacjentom z zespołem jelita drażliwego (IBS). Polega na wyeliminowaniu produktów zawierających łatwo fermentujące i słabo wchłaniane węglowodany. FODMAP to skrót od „*Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols*”. Niski poziom fruktanów reprezentuje orkisz (*Triticum spelta*). Krzyżowania pszenicy zwyczajnej z orkiszem zakończono wyselekcjonowaniem 820 linii podwojonych haploidów, a z nich 16 linii o niskim poziomie fruktanów. Uzyskano w efekcie mąkę o bardzo dobrej wypiekowości, przydatną do wypieku chleba dietetycznego (FOOFMAP).

Sesję zakończyła Barno Rezaeva prezentując możliwość poprawy profilu kwasów tłuszczowych w odmianie uprawnej lnianki (*Camelina sativa* L.) metodami transformacji za pośrednictwem *Agrobacterium* i edycji genomu (Rezaeva i in. 2023).

Sesja 2. Adaptacja środowiskowa (*Environmental Adaptation*)

Sesję drugą rozpoczął, zaproszony przez organizatorów, Mesut Keser z ICARDA (*International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*, <https://www.icarda.org/>) z Turcji prezentując Międzynarodowy Program Doskonalenia Pszenicy Ozimej (*International Winter Wheat Improvement Program*, IWWIP, <https://www.iwwip.org/>), wspólny program Turcji, Międzynarodowego Ośrodka Uszlachetniania Kukurydzy i Pszenicy (CIMMYT, hiszp.: *Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo*, <https://www.cimmyt.org/>) i ICARDA (*International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*, <https://www.icarda.org/>) działający w Turcji od 1986 roku, a mający na celu opracowywanie materiałów wyjściowych do hodowli pszenicy ozimej i ich światową dystrybucję (Keser 2023, Morgounov i in. 2016).

Następnie Ildikó Karsai z Węgier zaprezentował wyniki mapowania asocjacyjnego parametrów związanych z plonowaniem pszenicy, rejestrowanych w warunkach polowych w pięciu fazach rozwojowych (od pojawienia się pierwszego kolanka do pełnego ukształtowania kłosa), i markerów SNP (Illumina) celem określenia wpływu genu wrażliwości na fotoperiod (PPD-D1) w adaptacji do warunków środowiskowych i tworzeniu plonu (Karsai i in. 2023, Horváth i in. 2023).

Roi Ben-David z Izraela, przedstawił prace prowadzone we współpracy z CIMMYT, dotyczące roli polisacharydów strukturalnych występujących w źdźbłach oraz cukrów rozpuszczalnych uczestniczących w wypełnianiu ziarna pszenicy w warunkach niedoboru wody i wysokiej temperatury (Blum 1998, Saint Pierre i in. 2010, Ntawuguranayo i in. 2023). Prelegent odwołał się do prac nestora badań nad suszą, Dr Abrahama Bluma z Izraela (<https://plantstress.com/abraham-blum/>).

Christian Hertig z IPK przedstawił wyniki badań dotyczących „speed breeding” oraz „speed vernalization”. Skrócenie czasu uzyskiwania kolejnych pokoleń w hodowli ssd (single seed descent) jest uzyskiwane przez wydłużenie czasu dziennej ekspozycji roślin na światło w połączeniu z wczesnym zbiorem nasion, aby skrócić cykl od nasiona do nasiona, co sprawdza się w hodowli gatunków długiego dnia (LD) lub u gatunków neutralnych pod względem fotoperiodu (Ghosh i in. 2018). Skrócenie czasu wernalizacji zbóż ozimych o dwa tygodnie osiągnięto prowadząc wernalizację w warunkach krótkiego dnia, w temp. +10°C, podczas gdy w standardowych warunkach słabego światła: 8/16 h dzień/noc, temp. +2/+4°C proces ten trwa osiem tygodni. Możliwe jest dalsze skrócenie wernalizacji poprzez różne metody kiełkowania nasion, jednakże podkreślono konieczność prowadzenia dalszych badań (Hertig i Kumlehn 2023, Cha i in. 2022).

Gábor Galiba, z Centrum Badań Rolniczych na Węgrzech, (*Eötvös Loránd Research Network*, ELKH, <https://www.earto.eu/member/elkh-eotvos-lorand-research-network/>) omówił wpływ różnych alleli genu karłowatości *Rht* na regulowaną światłem aklimatyzację do chłodu u pszenicy i jęczmienia (cold acclimation), natomiast Péter Borbély, z tego samego zespołu badawczego, zwrócił uwagę na specyficzną rolę światła niebieskiego w indukowanej światłem aklimatyzacji do chłodu u jęczmienia. Obydwa wystąpienia prezentowały różne aspekty opublikowanych ostatnio wyników (Borbély i in. 2023; Borbély i in. 2022, Ahres i in. 2023, Kovács i in. 2020, Ahres i in. 2021, Kameniarová i in. 2022, Kotilainen i in. 2020).

Guy Golan z IPK przedstawił wyniki badań szklarniowych nad wpływem interakcji między genotypem a środowiskiem na alokację biomasy do liści, łodyg, kłosów oraz ziarna, prowadzonych na rekombinowanych liniach pszenicy (*Triticum* spp.) uprawianych w świetle słonecznym oraz w świetle symulującym zacinienie w łanie, wskazując na możliwość selekcji w kierunku tolerancji na zacinienie w łanie w warunkach szklarniowych (Golan i in. 2023 a, Golan i in. 2023 b).

Pierwszy dzień zamknęła Cordelia Dravitzki, z Uniwersytetu w Melbourne w Australii przedsta-

wiając zmiany w wernalizacji i reakcji fotoperiodycznej australijskiej pszenicy na podstawie danych z ostatnich 130 lat. (Bloomfield i in. 2023, Dravitzki i in. 2023).

Sesja 3 i 4. Biotyczna reakcja na stres i interakcje roślina-mikroby (*Biotic Stress Response and Plant-Microbe Interaction*)

Sesja trzecia, dotycząca stresów biotycznych obejmowała trzy wykłady, w tym dwa plenarne. Zaproszeni wykładowcy: Beat Keller, przedstawił prace międzynarodowego zespołu (Szwajcaria, Niemcy, Hiszpania) zrealizowane w celu ustalenia genomów referencyjnych pszenicy oraz mączniaka prawdziwego, jako podstawy do identyfikacji genów zaangażowanych w interakcje żywiciel-patogen, a także atlasu genów odporności pszenicy (Hafez i in. 2021)/atlasu genów awirulencji patogenów (McIntosh i in. 1992), obejmujących białka specyficznie rozpoznawane przez patogeny (Keller i in. 2023, Dracatos i in. 2023, Gaurav i in. 2023). Yvan Moëgne-Loccoz z Uniwersytetu w Lyonie we Francji omówił prace francusko-niemieckiego zespołu dotyczące wpływu zmian ewolucyjnych w genomie pszenicy na interakcje roślina-mikrobiom ryzofery (Gruet i in. 2023a, Gruet i in. 2023b). Dejana Pankovic przedstawiła możliwość podniesienia odporności na rdzę jęczmienia oraz plamistość siatkową jęczmienia wywoływanych przez *Puccinia hordei* oraz *Pyrenophora teres* f. *teres*, dzięki kondycjonowaniu roślin jęczmienia (*priming*) przez bakterie Gram-ujemne (np *Ensifer meliloti*), a dokładniej dzięki zjawisku *Quorum Sensing* i wytwarzaniem przez bakterie cząsteczek sygnałnych takich jak lakton N-acylo-L-homoseryny (AHL), które podnoszą odporność rośliny (gospodarza) na patogen (Pankovic i in. 2023, Matros i in. 2022).

Sesja 5. Poprawa wydajności i jakości plonu (*Yield and Quality Improvement*)

Sesję czwartą, poświęconą wielkości i jakości plonów pszenicy otworzył zaproszony przez organizatorów, Hans-Joachim Braun z CIMMYT, emerytowany dyrektor Globalnego Programu Pszenicy, wykładem na temat tego gatunku i perspektyw hodowli w warunkach zmieniającego się klimatu (Braun 2023). Twinkal Lapasiya, przedstawił prace zespołów z Uniwersytetu Heinrich Heine w Düsseldorfie oraz Julius Kühn Institute w Sanktitz, (Niemcy) nad lokalizacją QTLi rozmiaru liści u jęczmienia, z wykorzystaniem populacji wielodzicielskich (*multi-parent populations*) (Lapasiya i in. 2023, Gao i in. 2023, Shrestha i in. 2022).

Arianna Frittelli z Włoch przedstawiła wyniki zastosowania technologii TILLING (Rybka 2009) do supresji genu *TdMRP3* kodującego białko transporterowe kwasów fitynowych do wakuoli w ziarnie, które wpływa na zmniejszenie zawartości

kwasu fitynowego i zwiększa akumulację składników odżywczych w ziarnie pszenicy twardej (Frittelli i in. 2023 a, Frittelli i n. 2023 b).

Dorota Weigt z Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu omówiła strategię zwiększania wydajności uzyskiwania zielonych roślin podwojonych haploidów na drodze androgenyzy przez wprowadzenie zmian epigenetycznych (demetylację DNA i acetylację histonów) za pomocą modyfikacji składu pożywki indukującej. Do pożywki dodawano: 5-azacytydynę, 5-aza-2'-deoksycytydynę, zebularynę bądź trichostatynę A, w stężeniach 2,5 μM bądź 5 μM , na okres 2 lub 7 dni. Materiał do badań stanowiły cztery genotypy pszenicy chlebowej. Pożywki grupy kontrolnej nie były modyfikowane. W zrealizowanym doświadczeniu zaobserwowano różnice genotypowe oraz stwierdzono, że niższe stężenie modyfikatora chemicznego w ośrodku indukcyjnym przy dłuższym czasie ekspozycji pozwalały uzyskać większą liczbę zielonych regenerantów (Weigt i in. 2023).

Sesja 6. Bioinformatyka, genomika i edycja genomu (*Bioinformatics and Genome Editing*)

W sesji bioinformatycznej wykład plenarny dotyczył walidacji przewidywania wariacji genomu między potomstwami pszenicy ozimej na podstawie symulacji komputerowych i danych eksperymentalnych, a wygłosiła go Claire Oget-Ebrad z INRAE, Francja (*France's National Research Institute for Agriculture, Food and Environment*, <https://www.inrae.fr/en>) (Oget-Ebrad et al. 2023).

Alf Ceplitis, Lantmännen Agriculture, Svalöv, Szwecja przedstawił nowy chip SNP (7K) dla owsa jako narzędzie do genotypowania w celach naukowych i hodowlanych (Ceplitis 2023, Kamal i in. 2022, Peng i in. 2022, Tinker i in. 2014).

Następnie Xianran Li z Departamentu Rolnictwa Stanów Zjednoczonych (USDA) przedstawił BRIDGEcereal: aplikację internetową usprawniającą przeszukiwanie baz danych pangénomów zbóż i ich wizualizację (<https://bridgereal.scinet.usda.gov/>). Aplikacja BRIDGEcereal (dla pszenicy, kukurydzy, ryżu, sorgo i jęczmienia) może mieć potencjalnie duże znaczenie w przezwyciężeniu problemów wynikających z ograniczeń związanych z mapowaniem i katalogowaniem krótkich, polimorficznych odczytów, szczególnie w przypadku dużych insercji i delecji przyczyniających się do zmian fenotypowych poprzez zmianę struktury lub ekspresji genów (Zhang i in. 2023 a, Zhang i in. 2023 b).

Robert Hoffie przedstawił wykorzystanie technologii ukierunkowanej mutagenyzy CRISPR/Cas9 do edycji genów wrażliwości na wirusa żółtej mozaiki jęczmienia, BaYMV (*Barley yellow mosaic virus*) oraz wirusa łagodnej mozaiki jęczmienia, BaMMV (*barley mild mosaic virus*), w jęczmieniu ozimym oraz jarym w celu wygene-

rowania nowych alleli odporności (Hoffie i in. 2023a, 2023b; Hoffie i in. 2021; Hisano i in. 2021). Natomiast Iris Hoffie przedstawiła możliwość podniesienia odporności na rdzę (*Puccinia striiformis* oraz *Puccinia triticina*), a także na mączniaka (*Blumeria graminis*) u pszenicy oraz jęczmienia metodą ukierunkowanej mutagenyzy w obrębie genu *STP13* kodującego białko transportujące heksozy (Hoffie i Kumlehn 2023, Moore i in. 2015).

Sesja 7. Technologie fenotypowania (*Phenotyping Technologies*)

Sesja dotycząca fenotypowania pokazała jak duży postęp uczyniono w ostatnich latach w automatycznym badaniu roślin. W ramach Programu Ramowego UE, HORIZON 2020, sfinansowana została sieć EPPN 2020 (European Plant Phenotyping Network), w celu zapewnienia dostępu do najnowocześniejszych obiektów, technik i metod oraz do wiedzy na temat gromadzenia i przetwarzania danych. Do tej sieci należało 13 placówek naukowych: Forschungszentrum Jülich, Germany (koordynator); Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Germany; Helmholtz Zentrum München, Germany; Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Germany; Institut National de la Recherche Agronomique, France; University of Nottingham, United Kingdom; Aberyswyth University, United Kingdom; Wageningen University and Research, The Netherlands; Aarhus University, Denmark; Hungarian Academy of Sciences, Hungary;

Global Change Research Centre, Czech Republic; Australian Plant Phenomics Facility, Australia; Phenom-Networks, Israel oraz 1 korporacja: Keygene Inc., The Netherlands (Rybka 2017). Na obecnie omawianej konferencji, wyniki realizowanych doświadczeń przedstawiło wielu z ówczesnych konsorcjantów. Wiele prac prezentowali członkowie bardzo silnej badawczej *Plant Reproductive Biology* (PRB) z IPK- Gatersleben, kierowanej przez doktora Jochen'a Kumlehn'a. Badania podstawowe realizowane przez tę grupę dotyczą transgenezy i edycji genomu, obejmują również manipulacje na żywych komórkach roślinnych (<https://www.ipk-gatersleben.de/en/research/physiology-and-cell-biology/plant-reproductive-biology>). Wyniki badań podstawowych są wykorzystywane w programach aplikacyjnych nakierowanych na podniesienie produktywności roślin uprawnych (zarówno ilości jak i jakości plonu). Główne aspekty tych programów, to: rozmnażanie płciowe i bezpłciowe roślin, udomawianie roślin dzikich, modyfikacje interakcji roślina-patogen oraz poprawa cech plonotwórczych. Grupa PRB utworzyła platformę edycji genomu w IPK i jest odpowiedzialna za jej rozwój i sprawne funkcjonowanie. W czasie konferencji, członkowie grupy prezentowali wyniki badań nie tylko w ramach Sesji 7 lecz także w pozostałych sesjach, co zostało, sukcesywnie omówione. Wyniki prezentowane w ramach Sesji 7, dla przejrzystości, zestawiono w formie tabelarycznej (Tabela 1).

Tabela 1
Table 1

Zestawienie wykładów zaprezentowanych w ramach sesji *Phenotyping Technologies* i ich tematyka. W tabeli podano nazwisko wykładowcy, instytucję macierzystą, infrastrukturę do fenotypowania oraz najnowszą bibliografię zespołów, w ramach prezentowanego tematu (data dostępu 28.12.2023).

List of lectures presented during the *Phenotyping Technologies* session and their most important theses. The table includes the name of the lecturer, home institution, phenotyping facilities and the latest publications of the teams within the presented topic (access date 28/12/2023).

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Thomas Altmann	Mapowanie asocjacyjne populacji 382 genotypów <i>Arabidopsis</i> hodowanych w warunkach kontrolowanych przy stałym lub zmiennym natężeniu światła. QTL zidentyfikowane w stałych reżimach światła były związane ze wzrostem i fotosyntezą. QTL charakterystyczne dla zmiennego światła związane były z fitochromami i procesami fizjologicznymi dostosowania się <i>Arabidopsis</i> do zmieniającego się światła. Założono, że konieczne jest prowadzenie eksperymentów fitotronowych w symulowanych warunkach "quasi-naturalnej" fluktuacji światła i temperatury. Udowodniono to w doświadczeniu z kukurydzą. https://www.ipk-gatersleben.de/en/research/molecular-genetics/automated-plant-phenotyping	IPK, Germany; automated plant phenotyping systems (APP): A- small size plants, B- medium plants, C- tall plants https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Heuermann i in. 2023 a, Heuermann i in. 2023 b, Knoch i in. 2023, Shi i in. 2023, Meyer i in., 2023
Alan Pauls	Wykorzystanie infrastruktury Phenovator do identyfikacji oparzeń (tipburn) liści sadzonek sałaty (uprawianej w hydroponice, w warunkach deficytu jonów Ca ²⁺) na podstawie zdjęć RGB, i parametru fluorescencji chlorofilu Fv/Fm, charakteryzującego wydajność kwantową fotosystemu II. Niedobór wapnia indukuje powstawanie zmian na liściach sadzonek sałaty, analogicznych do tych, które pojawiają się na liściach sałaty w warunkach naturalnych tuż przed zbiorami. Niemożność selekcji we wczesnych fazach rozwojowych powoduje spadek jakości i wartości rynkowej roślin. Zaprezentowane podejście jest sposobem rozwiązania tego problemu.	Uniwersytet Wageningen, The Netherlands: system Phenovator. WUR (Wageningen University & Research, https://www.wur.nl/en/wageningen-university.htm)	Flood i in. 2016, Pauls i in. 2023

Tabela 1 cd.
Table 1 cont.

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Andreas Hund	Przedstawiono koncepcję i dotychczasowe osiągnięcia programu "Global wheat" w zakresie zastosowania metod uczenia maszynowego w celu wytrenowania algorytmów do analizy obrazów RGB pszenicy. Zostało zgromadzone ~40 000 zdjęć RGB zarejestrowanych przez platformy do fenotypowania w warunkach polowych na całym świecie, w różnych fazach rozwojowych i poziomach stosowanej agrotechniki. W oparciu o manualną klasyfikację i dostępne metainformacje zostanie wybrany zróżnicowany podzbiór ~4000 zdjęć w celu oznaczenia wszystkich istotnych cech obserwowalnych w łanie pszenicy. Zbiór danych posłuży jako publiczny punkt odniesienia do uczenia i walidacji algorytmów uczenia maszynowego.	międzynarodowe konsorcjum Global wheat http://www.global-wheat.com/	Hund i in. 2023, Anderegg i in. 2023, Dandriofosse i in. 2022, Serouart i in. 2022
Salar Shaaf	Przedstawiono najnowsze osiągnięcia wysokoprzepustowej analizy obrazów w doświadczeniu oceny reakcji jęczmienia na suszę. Badano podzbiór 400 genotypów, HEB-400 (Halle Exotic Barley) wybranych w ramach projektu BRACE (Barley Response and Adaptation Changing Environments), które zostały szczegółowo scharakteryzowane w różnych warunkach naturalnych oraz na platformach fenotypowania w warunkach kontrolowanych. W dzikich formach jęczmienia identyfikowano allele sprzężone z tolerancją na suszę. W infrastrukturze IPK, APP-B (do fenotypowania roślin średnich rozmiarów) suszę indukowano indywidualnie dla każdej rośliny w fazie BBCH31. Wykazano, że parametr „bioobjętość” uzyskany na podstawie obrazu RGB, jest potencjalnym wskaźnikiem zastępczym biomasy, ponieważ umożliwia wyraźne rozróżnienie profili fenotypowych roślin poddanych wpływowi suszy i może stanowić podstawę wykrywania QTLi związanych z procesem wzrostu roślin w warunkach niedoboru wody.	Martin-Luther-University Halle-Wittenberg, Germany IPK, Germany; Infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Shaaf i in. 2023, Shaaf i in. 2019
Tsu Wei Chen	Warunki środowiskowe determinują wielkość plonu w sposób zależny od faz rozwojowych. Ponieważ efekty te są połączone z fenologią specyficzną dla odmiany, badania oddziaływań ze środowiskiem różnych genotypów mogą dać sprzeczne wyniki dotyczące kluczowych faz rozwojowych wpływających na plon. Przedstawiono wyniki analiz interakcji między genotypem a środowiskiem (nasłonecznienie, temperatura i opady) a plonem ziarna pszenicy ozimej, które wykonano dla 220 genotypów w 81 oknach czasowych w trakcie wzrostu roślin w warunkach polowych. Reakcje wrażliwości na bodźce środowiskowe były widoczne dla krótkich okien czasowych. Wykazano, że dokładna analiza interakcji między fenologią roślin, plonem a zmianami parametrów pogodowych jest niezbędna w gromadzeniu kompleksowych informacji dla hodowli i modelowania upraw zbóż.	IPK, Germany; infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Chen i in. 2023, Wang i in. 2023, Sabir i in. 2023
Mateo Bozzoli	Omówiono projekt H2020 "InnoVar", który ma na celu zwiększenie i poprawę skuteczności i dokładności europejskich testów odmian roślin uprawnych oraz podejmowania decyzji przy wykorzystaniu zintegrowanego podejścia obejmującego genomikę, fenomikę i uczenie maszynowe. Zaprezentowano wyniki badań europejskich pszenic chlebowych oraz pszenic twardych (dwa zestawy po ok. 270 odmian) w doświadczeniach polowych w 13 lokalizacjach przez 3 lata (2020–2023). Rejestrowano 30 cech wg europejskiego protokołu rejestracji odmian DUS CPVO oraz dodatkowo, za pomocą UAV, odpowiedź na choroby i indeksy wegetacyjne. Równolegle wykonano genotypowanie przy użyciu chipów Illumina oraz Select SNP 90K. Fenotypowanie UAV wykonano w 9 kluczowych stadiach rozwojowych pszenicy, uzyskując ponad 20 wskaźników wegetacyjnych, które wykorzystano do oszacowania parametrów dynamicznych związanych z: pokryciem terenu, akumulacją biomasy, poborem azotu i zawartością chlorofilu, tempem starzenia. Uzyskane wyniki poddano analizie GWAS (https://www.h2020innovar.eu/promising-results-from-the-phenotyping-studies-in-innovar-dustrials/).	University of Bologna, Italy https://www.h2020innovar.eu/	Bozzoli i in. 2023, Sánchez i Akdemir 2021, Vranic i in. 2022, Rio i in. 2022, https://www.h2020innovar.eu/scientific-publications/
Dagmar van Dusschoten	Przedstawiono wyniki badań systemu korzeniowego 8 linii rodzicielskich pszenicy populacji NIAB MAGIC, we wczesnych fazach rozwojowych, przy użyciu rezonansu magnetycznego (MRI). Rejestrowano 4 obrazy dziennie. Określono ilościowo wyraźne różnice fenotypowe pod względem strukturalnym (np. kąt korzenia, długość korzeni i liczba) i czasowym (np. czas pojawiania się korzeni, wschodów pędów). Początkowy kąt korzenia może być ważny dla głębokości ukorzenia na późniejszych etapach, co może potencjalnie wpłynąć na profile głębokości pobierania wody przez korzenie.	Institute for Bio- and Geosciences Plant Sciences (IBG-2), Forschungszentrum Jülich, Germany https://www.fz-juelich.de/en/ibg/ibg-2	van Dusschoten i in. 2023, Giraud i in. 2023, Müllers i in. 2023,

Tabela 1 cd.
Table 1 cont.

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Mercy Appiah	Przedstawiono wyniki wysokoprzepustowego fenotypowania jęczmienia poddanego działaniu suszy w celu lepszego zrozumienia mechanizmów adaptacyjnych. Eksperyment prowadzono przy użyciu czterech odmian jarych jęczmienia na zautomatyzowanej platformie umożliwiającej automatyczny pomiar przepływu wody w systemie gleba-roślina-atmosfera. Badane odmiany różniły się sposobem gospodarowania wodą: od transpirujących w stopniu maksymalnym do minimalizujących transpirację w trakcie narastania suszy. Wywnioskowano, że optymalny ideotyp warunkujący stabilne plonowanie w warunkach zagrożenia umiarkowanymi suszami, powinien charakteryzować się dynamicznymi zmianami w wykorzystaniu wody, w połączeniu z tolerancją na suszę zapewniającą dobrą regenerację rośliny po ustąpieniu stresu. Prace zrealizował międzynarodowy zespół, którego liderem był R. P. Rötter z University of Göttingen.	University of Göttingen, Germany; Hebrew University of Jerusalem, Israel; University of Helsinki, Finland, Uniwersytet Śląski, Polska https://www.uni-goettingen.de/en/48115.html ; https://www.plant-ditech.com/ , https://www.helsinki.fi/en/infrastructures/national-plant-phenotyping/	Appiah i in. 2023 a, Appiah i in. 2023 b, Appiah i in. 2023 c
Ahossi Patrice Koua	Przedstawiono wyniki doświadczenia prowadzonego w celu zrozumienia podstaw efektywności wykorzystania azotu (NUE) przez pszenicę, w warunkach suszy. Doświadczenie realizowano z wykorzystaniem 200 odmian. Oceniano zmienność genetyczną cech związanych z efektywnością wykorzystania azotu oraz reakcją aparatu fotosyntetycznego na suszę w celu identyfikacji QTLi metodami GWAS. Zidentyfikowano 27 QTLi związanych z reakcją na suszę oraz 10 QTLi związanych z efektywnością wykorzystania azotu. Analiza haplotypów ujawniła dwa regiony na chromosomach 1B i 5A różniące badane materiały w warunkach niedoboru wody i azotu. Analiza in silico wskazała na gen kodujący białko szoku termicznego. Po walidacji markery molekularne znalezionych QTLi będzie można stosować jako markery diagnostyczne do badań przesiewowych w kierunku identyfikacji genotypów efektywnie wykorzystujących azot i tolerancyjnych na suszę u pszenicy.	University of Bonn, Germany https://www.aol.uni-bonn.de/en/research/phenet ; https://www.phenorob.de/index.html	Koua i in. 2023 a, Koua i in. 2023 b, Kambona i in. 2023 a, Kambona i in. 2023 b, Siddiqui i in. 2020
Fenotypowanie w ramach grupy roboczej CePPG (Controlled Environment Plant Phenotyping), fenotypowanie roślin w warunkach kontrolowanych	Fenotypowanie w ramach grupy roboczej CePPG (Controlled Environment Plant Phenotyping), fenotypowanie roślin w warunkach kontrolowanych	https://www.plant-phenotyping.org/index.php?index=682	https://www.plant-phenotyping.org/index.php?index=682
Eyal Fridman	Zaprezentowano wyniki doświadczeń prowadzonych w celu wyjaśnienia roli chloroplastów i mitochondriów w kontroli cyklu okołodobowych i ich związku z tolerancją roślin na stresy abiotyczne. Do realizacji doświadczeń na jęczmieniu wykorzystano platformę fenomiki SensyPAM w połączeniu z doświadczeniami polowymi. W oparciu o pangenom jęczmienia, zidentyfikowano loci zegara okołodobowego, które kontrolują utratę jego plastyczności w populacjach uprawnych, w porównaniu z dzikimi. Zidentyfikowano allele genomu chloroplastu, modulujące plastyczność zegara w jęczmieniu i ich powiązanie z allelami jądrowymi. Plejotropowy wpływ na kondycję roślin w warunkach polowych wskazał na konieczność opracowania zaawansowanej populacji mapującej dla przed-hodowlanej selekcji materiałów oraz modelowania fenomiki jęczmienia w różnych środowiskach.	System Phenome-network, Izrael https://phenome-networks.com/en/ ; https://www.sensypam.com/	Bdolach i in. 2023, Hübner i in. 2009, Prusty i in. 2021, Bdolach i in. 2019
Karin Köhl	Przedstawiono wyniki doświadczeń, w których oceniano w systemie zautomatyzowanym odpowiedzi ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i> ssp. <i>tuberosum</i>) na suszę, szukając markerów fenotypowych tolerancji na niedobory wody. Testowaniu poddano 63 genotypy o zróżnicowanej odpowiedzi fenotypowej na suszę. Populacja walidacyjna obejmowała 13 genotypów z populacji testowej oraz 7 odmian spoza zbioru testowego. Skaner laserowy stale monitorował wzrost pędów, aby oszacować takie cechy jak wysokość rośliny, powierzchnia liści i ruch liści. Analiza statystyczna uzyskanych wyników wyróżniła powierzchnię liści, wysokość rośliny pod koniec wzrostu wegetatywnego i kąt liścia przed południem jako najważniejsze cechy przewidywania klasy tolerancji genotypów ziemniaka na suszę. Analiza regresji wielokrotnej danych pochodzących z bardziej zróżnicowanej genetycznie populacji walidacyjnej potwierdziła, że parametry powierzchni i położenia liści są predykcyjnymi cechami tolerancji ziemniaka na suszę.	Max Planck-Institute of Molecular Plant Physiology, Germany https://www.mpimp-golm.mpg.de/5692/facilities	Köhl i in. 2023 a, Köhl i in. 2023 b, Haas i in. 2020, Sprenger i in. 2018,

Tabela 1 cd.
Table 1 cont.

Wykładowca Lecturer	Tematyka wykładu Lecture topic	Instytucja, kraj Institution, country	Bibliografia Bibliography
Rongli Shi	Zautomatyzowaną platformę do fenotypowania części naziemnej i korzeni wykorzystano do oceny dynamiki wzrostu wegetatywnego korzeni i pędów pięciu linii wsobnych kukurydzy i czterech mieszańców, a także reakcji pięciu linii wsobnych na narastającą suszę. Wyniki wykazały, że większy (heterozja) wigor u mieszańców obserwowano zarówno w korzeniach i jak i pędach. W przypadku niedoboru wody dynamika wzrostu korzeni była wyższa niż pędów. Podczas gdy całkowita objętość korzeni uległa znacznemu zmniejszeniu w ciągu 10 dni od początku trwania suszy, szacowana objętość biologiczna pędów uległa znacznemu zmniejszeniu dopiero ok. 6 dni później. W ramach projektu DROMAMED wykorzystano wiele zautomatyzowanych, wysokowydajnych urządzeń do fenotypowania, aby zbadać mechanizmy fizjologiczne i morfologiczne związane z odpornością kukurydzy na suszę i stres związany z wysoką temperaturą w kontrolowanych warunkach środowiskowych. Do eksperymentów bezstresowych (kontrolnych) i stresowych (susza i upał) wykorzystano wybrany zestaw genotypów z obszaru Morza Śródziemnego. Fenotypowanie korzeni podzbioru tych linii przeprowadzono w systemie PhenoSphere Rhizotron. Na podstawie wyników tych badań wybrano podzbiór linii i przeprowadzono dalsze dokładne fenotypowanie w symulowanych warunkach terenowych w systemie PhenoSphere_PhenoCrane.	IPK, Germany; infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Shi i in. 2023 a, Shi i in. 2023 b, Narisetti i in. 2019
Ricardo Giehl	Przedstawiono wyniki doświadczenia realizowanego na zautomatyzowanej platformie ryzotronowej zainstalowanej w zautomatyzowanym fitotronie, PhenoSphere, w IPK, w celu poznania zmian strukturalnych (plastyczności) korzeni jęczmienia w zależności od czasowych i przestrzennych zmiany dostępności azotu w ryzofere. Manipulowano przestrzennym rozkładem N w ryzotronach, rejestrując trajektorie wzrostu oraz rozwój korzeni. Aby zbadać, które zmiany w architekturze korzeni są powiązane ze zwiększonym poborem azotu, znaczniki izotopowe rozmieszczono w określonych częściach ryzotronów, a ich stężenie oceniono w pędach. Stwierdzono, że korzenie jęczmienia wykazują silną, lokalną reakcję na obecność nawozu azotowego, zwiększając boczny rozwój korzeni mających bezpośredni kontakt z nawozem i zmniejszając rozgałęzienia korzeni w innych miejscach. Taki sposób realizacji doświadczenia jest obecnie stosowany do analizy architektury systemu korzeniowego i akumulacji N w genotypach jęczmienia z kolekcji Banku Genów z IPK. Jednorazowo screening można prowadzić na 200 osobnikach. Zidentyfikowano dużą zmienność fenotypową kilku cech korzeni, a w przypadku niektórych cech dynamicznych, takich jak wydłużenie korzenia nasiennego, wykryto dodatnią korelację z pozyskiwaniem azotu. Uzyskane wyniki pomogą w mapowaniu czynników genetycznych leżących u podstaw różnorodności fenotypowej systemów korzeniowych jęczmienia i ich reakcji na azot.	IPK, Germany; infrastruktura APP https://www.ipk-gatersleben.de/en/infrastructure/phenotyping	Giehl i in. 2023 a, Jia i in. 2023, Huang i in. 2023, Jia i in. 2022
Jasper Kröbmann	Przedstawiono dwa równoległe wykorzystywane systemy do fenotypowania roślin w warunkach kontrolowanych. Badano rośliny pszenicy w stadium siewki w aspekcie odporności na rdzę liści i tolerancji na suszę. System Macrobot to procedura oparta na rejestracji i interpretacji obrazów; system Plantarray (DiTech) służy do ilościowego określania wzorców transpiracji roślin w warunkach stresu. Oprócz objawów reakcji na stres, oznaczano również przyrost biomasy. Przedstawiono wstępne dane z realizowanego doświadczenia, które pozwalają na ocenę cech niemożliwych do pomiaru w warunkach polowych. Integracja tych systemów umożliwiła kompleksową ocenę badanych materiałów.	Julius Kühn Institute (JKI) – Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Resistance Research and Stress Tolerance, Quedlinburg, Germany https://www.julius-kuehn.de/en/	Kröbmann i in., 2023, Varekhina i in. 2022, Zetzsche i in. 2019, Beukert i in. 2021, Pfrieme i in. 2022, Lück i in. 2020

Podziękowania

Dziękuję Redaktorowi Wiodącemu oraz Szanownym Recenzentom za pracę włożoną w korektę mojego manuskryptu.

Udział w konferencji został sfinansowany przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi, jako Dotacja Celowa dla IHAR-PIB, w Obszarze 3: Hodowla i nasiennictwo roślin uprawnych, Zadanie 3.5: Wyodrębnienie form roślin uprawnych o podniesionej odporności na okresowe niedobory wody.

Literatura

- Ahres, M., Pálmai, T., Gierczik, K., Dobrev, P., Vanková, R., Galiba, G. (2021). The Impact of Far-Red Light Supplementation on Hormonal Responses to Cold Acclimation in Barley. *Biomolecules*, 11, 450. <https://doi.org/10.3390/biom11030450>
- Ahres, M., Pálmai, T., Kovács, T., Kovács, L., Lacek, J., Vankova, R., Galiba, G., Borbély, P. (2023). The Effect of White Light Spectrum Modifications by Excess of Blue Light on the Frost Tolerance, Lipid- and Hormone Composition of Barley in the Early Pre-Hardening Phase. *Plants*, 12, 40. <https://doi.org/10.3390/plants12010040>
- Anderegg, J., Zenkl, R., Walter, A., Hund, A., McDonald, B.A. (2023). Combining High-Resolution Imaging, Deep Learning, and Dynamic Modeling to Separate Disease and Senescence in Wheat Canopies. *Plant Phenomics*, 5, 0053. <https://doi.org/10.34133/plantphenomics.0053>
- Appiah, M., Abdulai, I., Schulman, A., Moshelion, M., Dewi, E., Daszkowska-Golec, A., ..., Rötter, R. P. (2023 b). Drought response of water- conserving and non-conserving spring barley cultivars. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1247853. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1247853>
- Appiah, M., Abdulai, I., Schulman, A., Moshelion, M., Dewi, E., Daszkowska-Golec, A., ..., Rötter, R. P. (2023 a). Using high-throughput functional phenotyping to increase understanding of plasticity of drought response behavior in barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 67.
- Appiah, M., Bracho Mujica, G., Costa Resende Ferreira, N., Schulman, A., Rötter, R. P. (2023 c). Projected impacts of sowing date and cultivar choice on the timing of heat and drought stress in spring barley grown along a European transect. *Field Crops Research*, 291, 108768. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108768>
- Bdolach, E., Prusty, M. R., Faigenboim-Doron, A., Filichkin, T., Helgerson, L., Schmid, K. J., Greiner, S., Fridman, E. (2019). Thermal plasticity of the circadian clock is under nuclear and cytoplasmic control in wild barley. *Plant Cell Environ.*, 42, 3105–3120. <https://doi.org/10.1111/pce.13606>
- Bdolach, E., Prusty, M. R., Tiwari, L. D., Bodenheime, S., Doron-Feigenbaum, A., Yamamoto, E., Kashkush, K., Fridman, E. (2023). Phenomics of clock and growth plasticity in barley: a tango of two genomes. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 75.
- Beukert, U., Pfeiffer, N., Ebmeyer, E., Hinterberger, V., Lueck, S., Serfling, A., Ordon, F., Schulthess, A.W., Reif, J.C. (2021). Efficiency of a Seedling Phenotyping Strategy to Support European Wheat Breeding Focusing on Leaf Rust Resistance. *Biology*, 10, 628. <https://doi.org/10.3390/biology10070628>
- Bloomfield, M.T., Celestina, C., Hunt, J.R., Huth, N., Zheng, B., Brown, H., ..., Trevaskis, B. (2023). Vernalisation and photoperiod responses of diverse wheat genotypes. *Crop and Pasture Science*, 74, 405-422. <https://doi.org/10.1071/CP22213>
- Blum, A. (1998). Improving wheat grain filling under stress by stem reserve mobilisation. *Euphytica*, 100, 77–83. <https://doi.org/10.1023/A:1018303922482>
- Borbély, P., Gasperl, A., Pálmai, T., Ahres, M., Asghar, M.A., Galiba, G., Müller, M., Kocsy, G. (2022). Light Intensity- and Spectrum-Dependent Redox Regulation of Plant Metabolism. *Antioxidants*, 11, 1311. <https://doi.org/10.3390/antiox11071311>
- Borbély, P., Tahmasebi, Z., Pálmai, T., Ahres, M., Galiba, G. (2023). Evaluating the wavelength specific role of blue light in light-induced cold acclimation of barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 42-43.
- Bozzoli, M., Bruschi, M., Carvalho, H. F., Sánchez, J. I., Ruggeri, M., Meriggi, D., ..., Maccaferri, M. (2023). Remote sensing for plant breeding and variety characterization. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 68.
- Braun, H.-J. (2023). Wheat for 9 billion people. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 24.
- Ceplitis A. (2023). A new 7K SNP array for oats (*Avena sativa*) provides an efficient and informative genotyping tool for research and breeding. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 57.
- Cha, J.-K., O'Connor, K., Alahmad, S., Lee, J.-H., Dinglasan, E., Park, H., ..., Dixon, L. E. (2022). Speed vernalization to accelerate generation advance in winter cereal crops. *Molecular Plant*, 15, 1300-1309. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.06.012>
- Chen, T.-W. (2023). Combining models, standardized experimental setup and specialized protocols to achieve physiological phenotyping in wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 69.
- Dandrifosse, S., Carlier, A., Dumont, B., Mercatoris, B. (2022). In-Field Wheat Reflectance: How to Reach the Organ Scale? *Sensors*, 22, 3342. <https://doi.org/10.3390/s22093342>
- Dracatos, P. M., Lu, J., Sánchez-Martín, J., Wulff, B. B. H. (2023). Resistance that stacks up: engineering rust and mildew disease control in the cereal crops wheat and barley. *Plant Biotechnology Journal*, 21, 1938-1951. <https://doi.org/10.1111/pbi.14106>
- Dravitzki, C., Fournier-Level, A., Celestina, C., Hyles, J., Zheng, B., Trevaskis, B., Hunt, J. (2023). Changes in Vernalisation and Photoperiod Response in Australian Wheat Over 130 years. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 44.
- Flood, P.J., Kruijer, W., Schnabel, S.K., van der Schoor, R., Jalink, H., Snel, J. F. H., Harbinson, J., Aarts, M. G. M. (2016). Phenomics for photosynthesis, growth and reflectance in *Arabidopsis thaliana* reveals circadian and long-term fluctuations in heritability. *Plant Methods* 12, 14 (2016). <https://doi.org/10.1186/s13007-016-0113-y>
- Frittelli, A., Botticella, E., Masci, S., Palombieri, S., Celletti, S., Fontanella, M. C., ..., Sestili F. (2023 a). Development and characterization of durum wheat lpa mutants by modulating the accumulation of phytic acid. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 54.
- Frittelli, A., Botticella, E., Palombieri, S., Masci, S., Celletti, S., Fontanella, M., ..., Sestili, F. (2023 b). The suppression of TdMRP3 genes reduces the phytic acid and increases the nutrient accumulation in durum wheat grain. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1079559, <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1079559>

- Ganal, M. W., Plieske, J., Gross, T., Polley, A., Grafahrend-Belau, E., Kulosa, D., Gnad, H. (2023). Optimized SNP arrays for genotyping cereals. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 32.
- Ganal, M. W., Polley, A., Graner, E. M., Plieske, J., Wieseke, R., Luerssen, H., Durstewitz, G. (2012). Large SNP arrays for genotyping in crop plants. *Journal of Biosciences*, 37(5), 821-8. <https://doi.org/10.1007/s12038-012-9225-3>
- Gao, Y., Stein, M., Oshana, L., Zhao, W., Matsubara, S., Stich, B. (2023). Exploring natural genetic variation in photosynthesis-related traits of barley in the field. *bioRxiv*, 2023.2012.2004.569890. <https://doi.org/10.1101/2023.12.04.569890>.
- Gaurav, K., Arora, S., Silva, P., Sánchez-Martín, J., Horsnell, R., Gao, L., ..., Wulff B. B. H. (2022). Population genomic analysis of *Aegilops tauschii* identifies targets for bread wheat improvement. *Nature Biotechnology*, 40, 422-431, <https://doi.org/10.1038/s41587-021-01058-4>
- Ghosh, S., Watson, A., Gonzalez-Navarro, O., Ramirez-Gonzalez, R., Yanes, L., Mendoza-Suárez, M., ..., Hickey, L. T. (2018). Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. *Nature Protocols*, 13, <https://doi.org/10.1038/s41596-018-0072-z>
- Giehl, R. F. H., Forster, M., Narisetti, N., Schnurbusch, T., Mascher, M., Gladilin, E., ..., von Wirén, N. 2023. Tracking dynamic root responses to nitrogen in barley with an automated rhizotron platform. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 76.
- Giraud, M., Le Gall, S., Harings, M., Javaux, M., Leitner, D., Meunier, F., ..., Schnepf, A. (2023). CPlantBox: a fully coupled modelling platform for the water and carbon fluxes in the soil–plant–atmosphere continuum, *in silico Plants*, 5(2), diad009. <https://doi.org/10.1093/insilicoplants/diad009>
- Golan, G., Abbai, R., Schnurbusch, T. (2023). Exploring the trade-off between individual fitness and community performance of wheat crops using simulated canopy shade. *Plant, Cell & Environment*, 46, 3144–3157. <https://doi.org/10.1111/pce.14499>
- Golan, G., Weiner, J., Zhao, Y., Schnurbusch, T. (2023). Agroecological genetics of allometry and allocation plasticity of wheat to light limitations. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 47.
- Gruet, C., Abrouk, D., Börner, A., Muller, D., Moënnelocoz, Y. (2023). Wheat genome architecture influences interactions with phytobeneficial microbial functional groups in the rhizosphere. *Plant, Cell & Environment*, 46, 1018-1032. <https://doi.org/10.1111/pce.14508>
- Gruet, C., Catry, A., Prigent-Combaret, C., Börner, A., Muller, D., Moënnelocoz, Y. (2023 a). Impact of wheat evolutionary history on interactions with microorganisms in the rhizosphere. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 28.
- Haas, M., Sprenger, H., Zuther, E., Peters, R., Seddig, S., Walther, D., ..., Köhl, K. (2020). Can Metabolite- and Transcript-Based Selection for Drought Tolerance in *Solanum tuberosum* Replace Selection on Yield in Arid Environments? *Frontiers in Plant Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01071>
- Hafeez, A.N., Arora, S., Ghosh, S., Gilbert, D., Bowden, R. L., Wulff, B. B. H. (2021). Creation and judicious application of a wheat resistance gene atlas. *Molecular Plant*, 14, 1053–1070.
- Hertig, C. W., Kumlehn, J. (2023). Accelerated induction of reproductive development in winter wheat to shorten the generation time in breeding programs. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 48.
- Heuermann, M. C., Knoch, D., Junker, A., Altmann, T. (2023 a). Natural plant growth and development achieved in the IPK PhenoSphere by dynamic environment simulation. *Nature Communications*, 14. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41332-4>
- Heuermann, M. C., Meyer, R. C., Junker, A., Knoch, D., Weigelt-Fischer, K., Tschiersch, H., ..., Altmann, T. (2023 b). Needs and opportunities of field-like environment simulation for indoor plant phenotyping and performance assessment. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 23.
- Hisano, H., Abe, F., Hoffie, R. E., Kumlehn, J. (2021). Targeted genome modifications in cereal crops. *Breeding Science*, 71, 405–416. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.21019>
- Hoffie, I., Kumlehn, J. (2023). Generation of new allelic diversity for durable rust resistance of wheat and barley by editing *SUGAR TRANSPORT PROTEIN 13*. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 58-59.
- Hoffie, R. E., Habekuß, A., Perovic, D., Hoffie, I., Otto, I., Kumlehn, J. (2023). Targeted mutagenesis for virus resistance in barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 60.
- Hoffie, R. E., Perovic, D., Habekuß, A., Ordon, F., Kumlehn, J. (2023). Novel Resistance to the Bymovirus BaMMV established by Targeted Mutagenesis of the PDIL5-1 Susceptibility Gene in Barley. *Plant Biotechnology Journal*, 21(2), 331–341. <https://doi.org/10.1111/pbi.13948>
- Hoffie, R. E., Otto, I., Perovic, D., Budhagatapalli, N., Habekuß, A., Ordon, F., Kumlehn, J., Targeted Knock-out of Eukaryotic Translation Initiation Factor 4E Confers Bymovirus Resistance in Winter Barley. *Frontiers in Genome Editing*, 3, 784233. <https://doi.org/10.3389/fgeed.2021.784233>
- Horváth, Á., Kiss, T., Berki, Z., Horváth, Á. D., Balla, K., Cseh, A., Veisz, O., Karsai, I. (2023). Effects of genetic components of plant development on yield-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) under stress-free conditions. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1070410. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1070410>
- Huang, Y., Maurer, A., Giehl, R. F. H., Zhao, S., Golan, G., Thirulogachandar, V., ..., Schnurbusch, T. (2023). Dynamic phytomeric growth contributes to local adaptation in barley. *bioRxiv*, 2023.2006.2002.543309. <https://doi.org/10.1101/2023.06.02.543309>
- Hübner, S., Höffken, M., Oren, E., Haseneyer, G., Stein, N., Graner, A., Schmid, K., Fridman, E. (2009). Strong correlation of wild barley (*Hordeum spontaneum*) population structure with temperature and precipitation variation. *Mol Ecol.*, 7, 1523-1536. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04106.x>
- Hund, A., Andereg, J., Samatan, L. B., Chapman, S., Carlier, A., Chen, Z., ..., Zazueta, C. R. (2023). Global wheat full semantic segmentation dataset. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 70-71.
- Hurgobin, B., Edwards, D. (2017). SNP Discovery Using a Pangenome: Has the Single Reference Approach Become Obsolete? *Biology*, 6, 21. <https://doi.org/10.3390/biology6010021>

- Jayakodi, M., Padmarasu, S., Haberer, G., Bonthala, V. S., Gundlach, H., Monat, C., ..., Stein, N. (2020). The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature*, 588, 284–289. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8>
- Jayakodi, M., Schreiber, M., Stein, N., Mascher, M. (2021). Building pan-genome infrastructures for crop plants and their use in association genetics. *DNA Research*, 28(1), 1–9. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa030>
- Jia, Z., Giehl, R. F. H., Hartmann, A., Estevez, J. M., Bennett, M. J., & von Wirén, N. (2023). A spatially concerted epidermal auxin signaling framework steers the root hair foraging response under low nitrogen. *Current Biology*, 33(18), 3926–3941.e3925. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.08.040>
- Jia, Z., Giehl, R. F. H., von Wirén, N. (2022). Nutrient-hormone relations: Driving root plasticity in plants. *Molecular Plant*, 15(1), 86–103. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.12.004>
- Kamal, N., Tsardakas Renhuldt, N., Bentzer, J., Gundlach, H., Haberer, G., Juhász, A., ..., Sirijovski, N. (2022). The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. *Nature*, 606, 113–119. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04732-y>
- Kambona, C.M., Koua, P.A., Léon, J., Ballvora, A. (2023). Intergenerational and transgenerational effects of drought stress on winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Physiologia Plantarum*, 175(4), e13951. <https://doi.org/10.1111/ppl.13951>
- Kambona, C.M., Koua, P.A., Léon, J., Ballvora, A. (2023). Stress memory and its regulation in plants experiencing recurrent drought conditions. *Theor Appl Genet*, 136, 26. <https://doi.org/10.1007/s00122-023-04313-1>
- Kameniarová, M., Černý, M., Novák, J., Ondrisková, V., Hrušková, L., Berka, M., Vankova, R., Brzobohatý, B. (2022). Light Quality Modulates Plant Cold Response and Freezing Tolerance. *Frontiers in Plant Science*, 13, 887103. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.887103>
- Karsai, I., Horváth, A., Berki, Z., Horváth, H. D., Balla, K., Cseh, A., Kiss, T. (2023). Effect of PPD-D1, photoperiod sensitivity gene on yield related traits under stress-free conditions in wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 49–50.
- Keller, B., Müller, M., Kunz, L., Carol, P., Yue, L., Herger, A., Sanchez-Martin, J. (2023). Molecular diversity in the resistance interactions of wheat and its fungal pathogens. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 25.
- Keser, M. (2023). Contribution of wheat landraces to wheat breeding and their current status in Türkiye. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 26.
- Knoch, D., Meyer, R. C., Heuermann, M. C., Riewe, D., Peleke, F. F., Szymański, J., ..., Altmann, T. (2023). Integrated multi-omics analyses and genome-wide association studies reveal prime candidate genes of metabolic and vegetative growth variation in canola. *Plant Journal*, <https://doi.org/10.1111/tbj.16524>
- Köhl, K. I., Aneley, G. M., Haas M. (2023 a). Can selection on phenotypic traits replace selection for yield in arid environments? 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 74.
- Köhl, K.I.; Aneley, G.M.; Haas, M. (2023 b). Finding Phenotypic Biomarkers for Drought Tolerance in *Solanum tuberosum*. *Agronomy*, 13, 1457. <https://doi.org/10.3390/agronomy13061457>
- Kotilainen, T., Aphalo, P. J., Brelsford, C. C., Böök, H., Devraj, S., Heikkilä, A., ..., Robson, T. M. (2020). Patterns in the spectral composition of sunlight and biologically meaningful spectral photon ratios as affected by atmospheric factors. *Agricultural and Forest Meteorology*, 291, 108041. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2020.108041>
- Koua, A. P., Léon, J., Ballvora, A. (2023). Genome-wide scan and haplotype analysis identified candidate loci for nitrogen use efficiency under drought conditions in winter wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 73.
- Koua, A. P., Siddiqui, M. N., Heß, K., Klag, N., Kambona, C. M., Duarte-Delgado, D., ..., Ballvora, A. (2023). Genome-wide dissection and haplotype analysis identified candidate loci for nitrogen use efficiency under drought conditions in winter wheat. *The Plant Genome*, e20394, 1–20. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20394>
- Kovács, T., Ahres, M., Pálmai, T., Kovács, L., Uemura, M., Crosatti, C., Galiba, G. (2020). Decreased R:FR Ratio in Incident White Light Affects the Composition of Barley Leaf Lipidome and Freezing Tolerance in a Temperature-Dependent Manner. *Int. J. Mol. Sci.*, 21, 7557. <https://doi.org/10.3390/ijms21207557>
- Krößmann, J., Serfling, A., Stahl, A. 2023. Digital assessment of leaf rust resistance and water use in wheat (*Triticum aestivum* L.) at the seedling stage. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 79.
- Lapasiya, T., Gao, Y., Shrestha, A., Stich, B. (2023). Genetic analysis of flag leaf size diversity in a multi-parent population of barley. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 33.
- Lück, S., Strickert, M., Lorbeer, M., Melchert, F., Backhaus, A., Kiliav, D., ... Douchkov, D. (2020). “MacroBot”: An Automated Segmentation-Based System for Powdery Mildew Disease Quantification. *Plant Phenomics*, <https://doi.org/10.34133/2020/5839856>
- Mascher, M. (2023). Pangenomics in crop plants: the example of barley. [7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 24.](https://doi.org/10.1007/978-3-319-23494-6_24)
- Matros, A., Schikora, A., Ordon, F., Wehner, G. (2023). QTL for induced resistance against leaf rust in barley. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1069087. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1069087>
- McIntosh, R. A., Wellings, C. R. and Park, R. F. (1992) *Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes*. Victoria, Australia: CSIRO Publishing.
- Meyer, R. C., Weigelt-Fischer, K., Tschiersch, H., Topali, G., Altschmied, L., Heuermann, M. C., ..., Altmann, T. (2023). Dynamic growth QTL action in diverse light environments: characterization of light regime-specific and stable QTL in *Arabidopsis*. *Journal of Experimental Botany*, 74(17), 5341–5362. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad222>
- Molnar-Lang, M., Ceoloni, C., Dolezel, J. (Ed.) (2015). *Alien Introgression in Wheat*. Cytogenetics, Molecular Biology, and Genomics. Springer International Publishing Switzerland, <https://doi.org/10.1007/978-3-319-23494-6>
- Monat C, Schreiber M, Stein N, Mascher M. (2019). Prospects of pan-genomics in barley. *Theoretical and Applied genetics*, 132(3), 785–796. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3234-z>

- Moore, J. W., Herrera-Foessel, S., Lan, C., Schnippenkoetter, W., Ayliffe, M., Huerta-Espino, J., ..., Lagudah, E. (2015). A recently evolved hexose transporter variant confers resistance to multiple pathogens in wheat. *Nature Genetics*, 47, 1494–1498. <https://doi.org/10.1038/ng.3439>
- Morgounov, A., Keser, M., Kan, M., Küçükçongar, M., Özdemir, F., Gummadov, N., ..., Qualset, C. O. (2016). Wheat Landraces Currently Grown in Turkey: Distribution, Diversity, and Use. *Crop Science*, 56, 3112–3124. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.03.0192>
- Müllers, Y., Postma, J. A., Poorter, H., Dusschoten, D. (2023). Deep-water uptake under drought improved due to locally increased root conductivity in maize, but not in faba bean. *Plant, Cell & Environment*, 46, 2046–2060. <https://doi.org/10.1111/pce.14587>
- Narisetti, N., Henke, M., Seiler, C., Shi, R., Junker, A., Altmann, T., Gladilin, E. (2019). Semi-automated Root Image Analysis (saRIA). *Scientific Reports*, 9, 19674. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-55876-3>
- Ntawuguranayo, S., Zilberberg, M., Sadeh, R., Bonfil, D., Javier Piñera-Chavez, F., Reynolds, M. P., ..., Ben-David, R. (2023). Stem structural biomass and water-soluble carbohydrate's role in wheat grain filling under water deficit and high temperature. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 40–41.
- Oget-Ebrad, C., Heumez, E., Duchalais, L., Goudemand-Dugué, E., Oury, F.-X., Elsen, J.-M., Bouchet, S. (2023). Validation of cross progeny variance genomic prediction using simulations and experimental data in winter elite bread wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 30–31.
- Pankovic, D., Seiler, C., Marthe, A., Schikora, A., Matros, A., Wehner, G. (2023). Bacterial priming may facilitate enhanced resistance of barley to leaf rust and net blotch. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 52–53.
- Pauk, J., Markó, F., Ács, K., Bekes, F., Cseuz, L., Lantos, C. (2023). Integration of in vitro androgenesis in wheat breeding. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 63–64.
- Pauls, A., Spaninks, K., Offringa, R., Aarts, M. G. M. (2023). Predicting the unpredictable: A novel approach to screening for inner leaf tipburn. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 65.
- Peng, Y., Yan, H., Guo, L., Deng, C., Wang, C., Wang, Y., ..., Ren, C. (2022). Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat. *Nature Genetics*, 54, 1248–1258. <https://doi.org/10.1038/s41588-022-01127-7>
- Pfrieme, A.-K., Ruckwied, B., Habekuß, A., Will, T., Stahl, A., Pillen, K., Ordon, F. (2022). Identification and Validation of Quantitative Trait Loci for Wheat Dwarf Virus Resistance in Wheat (*Triticum* spp.). *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.828639>
- Prusty, M. R., Bdolach, E., Yamamoto, E., Tiwari, L. D., Silberman, R., Doron-Faigenbaum, A., ..., Fridman, E. (2021). Genetic loci mediating circadian clock output plasticity and crop productivity under barley domestication. *New Phytologist*, 230(5), 1787–1801. <https://doi.org/10.1111/nph.17284>
- Rezaeva, B., Otto, I., Bollmann, C., Kelly, A. A., Feussner, I., Kumlehn, J. (2023). Improvement of the fatty acid profile in a camelina cultivar facilitated by novel methods of plant regeneration, *Agrobacterium*-mediated transformation and genome editing. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 35.
- Rio, S., Akdemir, D., Carvalho, T., Sánchez, J. I. (2022). Assessment of genomic prediction reliability and optimization of experimental designs in multi-environment trials. *Theor Appl Genet*, 135, 405–419. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03972-2>
- Rybka, K. (2009). TILLING i FOX-hunting: nowe metody analizy funkcjonalnej genów *Postępy Biologii Komórki*, 36, 539–554. <http://ptbk.mol.uj.edu.pl/download/nagrody/update2014/2009-artku.pdf>
- Rybka, K. (2018). Fenotypowanie roślin. Konferencja EPPN 2020 w Tartu/ Estonia [Eng. Plant phenotyping. The EPPN 2020 Conference in Tartu/ Estonia]. *Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin* 282, 161–174. <https://doi.org/10.37317/biul-2017-0022>
- Sabir, K., Rose, T., Wittkop, B., Stahl, A., Snowdon, R. J., Ballvora, A., ..., Chen, T.-W. (2023). Stage-specific genotype-by-environment interactions determine yield components in wheat. *Nat. Plants*, 9, 1688–1696. <https://doi.org/10.1038/s41477-023-01516-8>
- Saint Pierre, C., Trethowan, R.M., Reynolds, M. (2010). Stem solidness and its relationship to water-soluble carbohydrates: Association with wheat yield under water deficit. *Functional Plant Biology*, 37, 166. <https://doi.org/10.1071/FP09174>
- Sánchez, J. I., Akdemir, D. (2021). Training Set Optimization for Sparse Phenotyping in Genomic Selection: A Conceptual Overview. *Frontiers in Plant Science*, 12, 715910. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.715910>
- Satpathy, P., Audije de la Fuente, S., Ott, V., Müller, A., Büchner, H., Daghma, D. E. S., Kumlehn, J. (2021). Generation of Doubled Haploid Barley by Interspecific Pollination with *Hordeum bulbosum*. *W: Segui-Simarro, J.M. (eds) Doubled Haploid Technology. Methods in Molecular Biology*, vol 2287. Humana, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1315-3_10
- Satpathy, P., Mirzakhmedov, M., Büchner, H., Chamas, S., Hoffie, I., Daghma, D. S., Kumlehn, J. (2023). Generation of haploidy inducers in barley by site-directed mutagenesis. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 15.
- Schierenbeck M., Alqudah, A. M., Lantos, E., Avogadro, E. G., Simón, M. R., Börner, A. (2023). Green Revolution Rht genes affected anther extrusion and floral traits related to cross pollination efficiency in wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 36–37.
- Serouart, M., Madec, S., David, E., Velumani, K., Lopez Lozano, R., Weiss, M., Baret, F., (2022). SegVeg: Segmenting RGB Images into Green and Senescent Vegetation by Combining Deep and Shallow Methods. *Plant Phenomics* 2022, 2022/9803570. <https://doi.org/10.34133/2022/9803570>
- Shaaf, S., Bretani, G., Biswas, A., Fontana, I. M., Rossini, L. (2019). Genetics of barley tiller and leaf development. *J Integr Plant Biol*, 61, 226–256. <https://doi.org/10.1111/jipb.12757>
- Shaaf, S., Wichmann, P., Maurer, A., Pillen, K., Gladilin, E., Neumann K. (2023). Barley response to drought: current achievements based on high-throughput image analyses. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 74.

- Shi, R., Seiler, C., Knoch, D., Junker, A., Altmann, T. (2023). Integrated phenotyping of root and shoot growth dynamics in maize reveals specific interaction patterns in inbreds and hybrids and in response to drought. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1233553. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1233553>
- Shi, R., Seiler, C., Knoch, D., Junker, A., Altmann, T. (2023 b). Integrated phenotyping of root and shoot growth dynamics in maize reveals specific interaction patterns in inbreds and hybrids and in response to drought. *Frontiers in Plant Science*, 14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1233553>
- Shi, R., Seiler, C., Knoch, D., Junker, A., Narisetti, N., Gladilin, E., ..., Altmann, T. (2023 a). Integrated phenotyping of root and shoot growth dynamics in maize. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 80.
- Shrestha, A., Cosenza, F., van Inghelandt, D., Wu, P. Y., Li, J., Casale, F. A., Weisweiler, M., Stich, B. (2022). The double round-robin population unravels the genetic architecture of grain size in barley. *Journal of Experimental Botany*, 73(22), 7344–7361. <https://doi.org/10.1093/jxb/erac369>.
- Siddiqui, M. N., Léon, J., Naz, A. A., Ballvora, A. (2020). Genetics and genomics of root system variation in adaptation to drought stress in cereal crops. *Journal of Experimental Botany*, 72(4), 1007–1019. <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa487>
- Snipen, L., Ussery, D. W. (2010). Standard operating procedure for computing pangenome trees. *Standards in Genomic Sciences*, 2(1), 135–141. <https://doi.org/10.4056/sigs.38923>
- Sprenger, H., Erban, A., Seddig, S., Rudack, K., Thalhammer, A., Le, M.Q., ..., Hinch, D. K. (2018). Metabolite and transcript markers for the prediction of potato drought tolerance. *Plant Biotechnol J*, 16, 939–950. <https://doi.org/10.1111/pbi.12840>
- Szakács, E., Türkösi, E., Farkas, A., Ivanizs, L., Gaál, E., Kruppa, K., ..., Molnár, I. (2023). Genomics-assisted gene introgression from tertiary gene pool species into wheat. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 34.
- Tettelin, H., Riley, D., Cattuto, C., Medini, D. (2008). Comparative genomics: the bacterial pan-genome. *Current Opinion in Microbiology*, 11(5), 472–477. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2008.09.006>
- Tinker, N. A., Chao, S., Lazo, G. R., Oliver, R. E., Huang, Y.-F., Poland, J. A., ..., Jackson, E. W. (2014). SNP Genotyping Array for Hexaploid Oat. *The Plant Genome*, 7, plantgenome2014.2003.0010. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2014.03.0010>
- van Dusschoten, D., Pflugfelder, D., Le Gall, S., Koller, R. (2023). Magnetic Resonance Imaging of early wheat seedlings and possible relevance for root water uptake. *7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts p. 70.*
- Varekhina, A., Guerra, V., Stahl, A., Serfling, A. 2022. Identification of seedling resistance against leaf rust using innovative phenotyping methods. *Journal für Kulturpflanzen*, 74(11-12), 271–281. <https://doi.org/10.5073/JfK.2022.11-12.07>
- Vranic, M., Perochon, A., Benbow, H., Doohan, F. M. (2022). Comprehensive analysis of pathogen-responsive wheat NAC transcription factors: new candidates for crop improvement, *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 12(11), jkac247. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkac247>
- Wang, T. C., Casadebaig, P., Chen, T.-W. (2023). More than 1000 genotypes are required to derive robust relationships between yield, yield stability and physiological parameters: a computational study on wheat crop. *Theoretical and Applied Genetics*, 136, 34. <https://doi.org/10.1007/s00122-023-04264-7>.
- Weigt, D., Szewczyk, K., Mikołajczyk, S., Tomkowiak, A., Zur, I., Nowicka, A. (2023). Impact of epigenetic factors on the induction of bread wheat microspore embryogenesis and plant regeneration. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 55–56.
- Zetzsche, H., Serfling, A., Ordon, F. (2019). Breeding Progress in Seedling Resistance against Various Races of Stripe and Leaf Rust in European Bread Wheat. *Crop Breeding, Genetics and Genomics*, 1(2), e190021. <https://doi.org/10.20900/cbpg20190021>
- Zhang, B., Huang, H., Tibbs-Cortes, L. E., Vanous, A., Zhang, Z., Sanguinet, K., ..., Li, X. (2023 a). BRIDGE-cereal: a webapp streamlining unsupervised learning to survey and graph indels from pangenomes. 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 61–62.
- Zhang, B., Huang, H., Tibbs-Cortes, L. E., Vanous, A., Zhang, Z., Sanguinet, K., ..., Li, X. (2023 b). Streamline unsupervised machine learning to survey and graph indel-based haplotypes from pan-genomes. *Molecular Plant*, 16, 975–8. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.05.005>
- Zimny, J., Michalski, K., Oleszczuk, S. (2023). Can we perpetuate and transfer to valuable lines of rye the trait of androgenesis ability? 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, 7–9 November 2023, Wernigerode, Germany. Book of Abstracts pp. 38–39.