**Šlechtění plodin pro nasycení 10 miliard**

**Zlepšování plodin nám pomůže vyřešit problém s uživením desetimiliardové populace, ale jsme schopni vyšlechtit lepší odrůdy dostatečně rychle? Technologie jako genotypování, selekce s pomoci markerů, vysoce kapacitní fenotypování, editování genomu, genomická selekce a domestikace de novo by mohly být podpořeny používáním ‘rychlého šlechtění’, které umožní šlechtitelům rostlin držet krok s měnícím se prostředím a stále rostoucí lidskou populací.**

Očekává se, že v příštích třiceti letech vzroste globální lidská populace o 25% a dosáhne 10 miliard. Techniky konvenčního šlechtění doposud produkovaly plodiny s vysokou výživnou hodnotou a výnosy, které mohou být mechanizovaně sklízeny, aby uspokojily požadavky rostoucí populace. Avšak současná rychlost růstu výnosu hlavních plodin, včetně pšenice (*Triticum aestivum*), rýže (*Oryza sativa*) a kukuřice (*Zea mays*) je nedostatečná, aby vyhověla budoucím požadavkům1,2. Šlechtitelé a vědci zabývající se rostlinami jsou pod tlakem zlepšení existujících plodin a vyšlechtění nových plodin, které budou výnosnější, výživnější, odolné škůdcům a chorobám a přizpůsobené změně klimatu.

Na rozdíl od doby kdy byly před 12 000 roky domestikovány první obiloviny, mají dnes šlechtitelé rostlin dostatek inovativních technologií, které mohou využívat při jejich snaze o zlepšení plodin. Vývoj automatizovaných vysoce kapacitních fenotypovacích systémů například umožnil hodnocení větších populací, které zvyšují intenzitu selekce a zlepšují přesnost selekce3. Nástup druhé a třetí generace sekvenovacích platforem znamená, že si šlechtitelé mohou dovolit používat k selekci DNA markery a usnadnil jim objevování genů, analýzu znaků a prediktivní šlechtitelské technologie4. Nejdůležitější limitující faktor šlechtění rostlin, dlouhá generační doba plodin, která obvykle umožňuje jednu nebo dvě generace za rok, byla zkrácena protokoly ‘rychlého šlechtění’ které využívají prodloužených fotoperiod a řízených teplot ke zkrácení generačního období jarní pšenice, ječmenu (*Hordeum vulgare*), cizrny (*Cicer arietinum*) a řepky olejky (*Brassica napus*) o více než polovinu5,6. Kombinace nejmodernějších technologií s rychlým šlechtěním podpoří úsilí nasytit desetimiliardovou populaci.

**Vývoj rychlého šlechtění**

Přibližně před 150 roky botanici poprvé prokázali, že rostliny mohou růst pod umělým osvětlením uhlíkových obloukových lamp7. Krátce na to byly hodnoceny vlivy nepřetržitého osvětlení na růst rostlin8. Arthur s kolegy9 informovali o tom, že při nepřetržitém osvětlení bylo kvetení rychlejší u většiny z téměř 100 rostlinných druhů, včetně zelenin, obilovin, plevelných druhů, léčivých a okrasných zahradních rostlin. V polovině osmdesátých let minulého století NASA společně s Utah State University zkoumaly možnost pěstování pšenice s velmi krátkou vegetační dobou při nepřetržitém osvětlení na kosmických stanicích. Toto společné úsilí mělo za výsledek vyšlechtění linie zakrslé pšenice pro rychlé cyklování ‘USU-Apogee’10. Mezitím v roce 1993 navrhli ruští vědci testování ‘kosmických zrcadel’ s cílem změnit noc na den a teoreticky zvýšit zemědělskou produkci na Zemi. V roce 1990 byly hodnoceny vlivy světlo emitujících diod (LED) na růst rostlin na University of Wisconsin11 a neustálé zlepšování technologie LED12 podstatně snížilo náklady na systémy množení rostlin pod střechou, které zvýšilo produktivitu plodin13.

Inspirování prací NASA použili vědci University of Queensland v roce 2003 poprvé termín ‘rychlé šlechtění’ pro soubor vylepšených metod pro urychlení šlechtění pšenice. Protokoly rychlého šlechtění jsou nyní k dispozici pro mnoho plodin5. Na rozdíl od technologie dvojitých haploidů, při kterých jsou produkovány haploidní embrya a chromozómy jsou zdvojeny k tomu, aby byly získány kompletně homozygotní linie14,15, rychlé šlechtění je vhodné pro různé druhy rostlin a nevyžaduje speciální laboratoře pro kultivace v podmínkách *in vitro*. Tato technika využívá optimální kvalitu světla, intenzitu světla, řízení délky dne a teploty ke zrychlení fotosyntézy a kvetení, spolu s časnou sklizní semen ke zkrácení délky generace. Pro druhy vyžadující specifické impulzy prostředí pro indukci kvetení, jako je vernalizace nebo krátké dny, jsou dostupné speciální protokoly. Když jsou tyto techniky používány u malozrnných obilovin, které mohou být pěstovány ve velkých hustotách, např. 1 000 rostlin/m2, prostor a náklady spojené se získáním velkých počtů inbredních linií mohou být sníženy6. Kombinace technologie ‘čipování semen’ a čárových kódů pro sledování jednotlivých rostlin může usnadnit vysoce kapacitní selekci s pomocí markerů (marker-assisted selection, MAS). Pro urychlení pokroku ve výzkumu rostlin mohou být činnosti jako křížení, příprava mapovacích populací a fenotypování určitých znaků u dospělých rostlin prováděny systémem rychlého šlechtění5. Kromě toho rychlé šlechtění může urychlit zpětná křížení, pyramidování genů16 a také systém přípravy transgenních rostlin5.

Pečlivé plánování může být použito k přípravě systému testování DNA markerů, rychlého šlechtění a polního hodnocení. První odrůda jarní pšenice vyšlechtěná s pomocí rychlého šlechtění, ‘DS Faraday’, byla povolena v Austrálii v roce 2017. V tomto případě bylo rychlé šlechtění použito k urychlení introgrese genů pro dormanci semen, které inhibují klíčení v době zralosti rostliny, aby byla vytvořena mlynářská pšenice s vysokým obsahem proteinů a se zlepšenou odolností k předsklizňovému klíčení17.

Pro vědce, kteří nemají přístup k velkým zařízením, mohou být postaveny malé nenákladné jednotky rychlého šlechtění6. Rychlé šlechtění by také mohlo urychlit objevování a využívání diverzity alel v krajových odrůdách a v planých příbuzných plodinách. Například skrínink Vavilovovy kolekce na rezistenci k listovým rzem pomocí rychlého šlechtění, společně s DNA markery vázanými se známými geny, vedl k objevení nových zdrojů rezistence18.

**Rychlejší, lepší fenotypování**

Fenotypování se týká hodnocení jakéhokoliv aspektu růstu, vývoje a fyziologie rostlin. Fenotyp vychází z interakcí mezi genotypem a prostředím, včetně fluorescenčních vlastností fotosyntetického aparátu, rychlostí růstu, odolnosti k chorobám, tolerance k abiotickým stresům, morfologie, fenologie a nakonec výnosových prvků a výnosu. Masivní fenotypování je nejdůležitější po šlechtění rostlin, protože je základem pro selekci linií pro vyšlechtění nových odrůd. Proto vylepšení fenotypovacích metod musí mít vyvážené zvýšená přesnost, rychlost a náklady. Zatímco ‘šlechtitelovo oko’ nemůže být nikdy nahrazeno, technika může rozšířit to, co šlechtitel vidí a lépe informovat o výběrech založených na fenotypu. Inovace vytvářejí technologie, včetně robotiky, ke snímání rostlin (s použitím dopravních pásů, mobilních pozemních vozidel a dronů) s až stovkami spektrálních pásem ve viditelném a dlouhovlnném spektru. Toto umožní nedestruktivní monitorování růstu a funkcí rostlin pomocí počítačového zobrazování a automatizovaného studia s cílem zpracovat obrázky a extrahovat cenné informace (znaky). Naše znalosti reakcí rostliny na prostředí lze dále zlepšovat pomocí monitoringu prostředí s mnoha připojeními (https://www.miappe.org). Kombinace těchto technologií poskytuje zajímavé možnosti zvýšení přesnosti fenotypování a snížení jeho ceny. Prvním příkladem takové platformy, použitého v kontrolovaném prostředí, je Plant Accelerator (https://www.plantphenomics.org.au), který stále hraje cennou roli, když řešíme otázky vyžadující řízené změny prostředí. Levnější polní platformy se stávají výkonnějšími a užitečnějšími, především se snadnějším přístupem k dronům s rozumnými letovými časy a možností nést značné zatížení19,20. Hlavním přetrvávajícím problémem této nové generace fenotypování zůstává zvládání dat a zpracování obrázků. Pokračující příspěvky počítačových odborníků budou rozhodující pro udržení rychlého pokroku. Společně s rychlým pokrokem v genomice, jsou pro urychlení šlechtitelských programů zaváděny lepší fenotypovací nástroje3,21.

Pokroky ve fenotypování byly uskutečněny společně se zlepšením porozumění vztahů fenotyp-genotyp pomocí přirozeně se vyskytujících nebo v laboratoři vytvořených populací. Těmito metodami byly například úspěšně mapovány genetické oblasti ovlivňující komplexní fenotypy, jako jsou výnosové prvky u rýže22 a výška u čiroku23. Kombinací těchto technologií se šlechtěním s pomocí genomických přístupů se mohou linie plodin rychleji zlepšit3,24.

Inovace ve fenotypování polních plodin mohou být kombinovány s rychlým šlechtěním u znaků, které jsou stabilní v různých cílových prostředích a podmínkách používaných při rychlém šlechtění, jako jsou dlouhý den a spektra umělého světla. Fenotypování rezistence k některým škůdcům a chorobám může být začleněno do systému rychlého šlechtění16,25,26, stejně jako fenotypování jednoduchých znaků, jako jsou některé morfologické znaky a schopnost pokračovat ve vegetativním růstu v suboptimálních podmínkách (například s chladnými dny nebo teplými nocemi), které by se mohly podílet na odpovědi rostlin na určité abiotické stresy27,28. Integrace zařízení pro rychlé šlechtění s automatizovanými vysoce kapacitními fenotypovacími platformami29,30 dále urychlí objevování lokusů a genů a charakterizaci vlivů specifických genů na růst a vývoj rostlin.

Vzhledem k používání nenákladných počítačům31 a dalších zařízení se fenotypovací platformy stávají lacinějšími a dostupnými. A ačkoli má fenotypování v řízených podmínkách výhody, pro jednoduché odolnosti k chorobám je nejlepší fenotypování potvrdit v opakovaných polních testech. Pro komplexnější znaky, včetně toleranci k suchu nebo výnosu, musí být fenotypování uskutečněno v cílovém prostředí na poli.

**Specifické editování pro zlepšení plodin**

Přednosti editování (úprav) genů a geneticky modifikovaných (GM) znaků by mohly být realizovány za kratší dobu zařazením těchto prostředků do procesu rychlého šlechtění. Mnoho aplikací první generace editování genů je odkázáno pouze na jeden nebo dva neelitní genotypy, které jsou ochotné regenerace z tkáňových kultur a transformace. Nově vyvinuté techniky nabízejí vysokou efektivnost transformací i pro elitní genotypy32,33. Používání editování genů stále vyžaduje časově náročné tkáňové kultury a také specializované laboratoře s materiálním vybavením vhodným pro provádění genetických manipulací s použitím *Cas9* genu a single guide RNA (sgRNA) sekvencí34. Avšak systémy, které začleňují editování genů přímo do rychlého šlechtění, jako je ExpressEdit, by se mohly vyhnout překážkám *in vitro* manipulací s rostlinnými materiály. Ačkoli doposud ne rutině, mnoho kroků bylo uděláno směrem k rychlému editování genů, jak je popsáno níže.

Při CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) editování genů, navede sgRNA enzym Cas9 k cílovému místu v DNA a *Cas9* štěpí DNA v tomto místě. Mohou být vytvořeny ‘CRISPRready’ genotypy, které obsahují heterologní gen *Cas9*. Například transformovaná rostlina ukrývající v sobě *Cas9* transgen může být použita jako donor při vytváření řady elitních inbredních linií pomocí rychlého marker-assisted zpětného křížení. Jak je probíráno níže, existují různé způsoby, jak dopravit sgRNA pro cílené editování genomu. Tato technika bude stále přinášet transgenní rostliny, které jsou předmětem regulace a následná segregace editovaného lokusu transgenu(ů), *Cas9* a ve většině případů selekční markerovací gen budou potřebné.

Začlenění editování genomu a rychlého šlechtění bez tkáňových kultur vyžaduje množství technologických pokroků s optimálními výsledky modifikacemi alel bez tkáňových kultur nebo aplikace exogenní DNA, protože ty by mohly zabránit označení geneticky modifikovaný organismus. Široce bylo demonstrováno, že může být docíleno jednoduchého nebo mnohonásobné editování35, a toto by nyní mohlo být zavedeno pomocí následujících technik bez tkáňových kultur.

Editování genomu může být například provedeno pomocí CRISPR-Cas9 ribonukleoproteinových komplexů. Toto bylo uskutečněno pro řadu druhů, včetně pšenice36, kukuřice37 a brambor (*Solanum tuberosum*)38. Jako cílová pletiva byla použita nezralá embrya nebo protoplasty. Ideálně by byla tato metodologie optimalizována pro zralá semena nebo klíčící semenáčky39. Fenotypování by mohlo být provedeno v následujících generacích umožňujíc hromadění znaků. Alternativně by mohly být zkonstruovány jílové částice k doručení Cas9 proteinu a sgRNA. Jílové nanočástice mohou být použity pro doručení konstruktů RNA interference (RNAi) do rostlin s cílem učinit je rezistentními k virům40. RNAi vydrží v rostlinách několik týdnů a přesunují se v rostlině. Dopravení komponentů Cas9 a sgRNA může být docíleno pomocí virových vektorů, jako jsou geminiviry41, nebo bombardováním rostlin částicemi pomocí apikálních meristémů zralých semen nebo biolistickým dopravením DNA bez kalusových kultur s cílem vnést editovací zařízení do buněk například pšenice39. Toto může být použito k vnesení předem sestavených ribonukleoproteinů Cas9-sgRNA do rostlinných apikálních meristémů k vyvolání úprav (editů) genů nebo vnesení editů do pletiv pylu a květenství.

**Rychlá genomická selekce**

Marker-assisted selekce, prostřednictvím níž může být sledován malý počet genů nebo znaků pomocí vázaných DNA markerů, byly úspěšně aplikovány ve šlechtitelských programech téměř všech plodin u znaků s mutacemi velkého účinku. Genomická selekce oproti tomu využívá DNA markery po celém genomu, aby predikovala genetickou hodnotu šlechtěných jedinců v komplexních znacích42. Tato technologie byla vyvinuta s cílem porozumět komplexním znakům, jako je třeba výnos, který je ovlivňován variantami velkého počtu genů anebo regulačními elementy, z nichž má obvykle každý malý účinek. Účinek těchto variant je poután vazbovou nerovnováhou (disequilibriem) s DNA markery po celém genomu, například jednonukleotidové polymorfismy (single nucleotide polymorphisms, SNP), a efekty markerů jsou odhadovány ve velkých referenčních nebo testovacích populacích sestávajících z linií nebo jedinců, u nichž jsou hodnoceny markerovací genotypy a znak. Když jsou odhadnuty účinky markeru, kandidátní linie pro šlechtění mohou být genotypovány. Potom pro stanovení hodnoty každé kandidátní linie pro šlechtění, jsou odhadnuty jejich genomické šlechtitelské hodnoty (Genomic Breeding Value, GEBV) jako suma účinku markerů pro markerované alely, které nese. Tyto linie s nejvyššími hodnotami GEBV pak mohou být selektovány pro šlechtění v další generaci. Jednou výhodou genomické selekce v porovnání s tradičními šlechtitelskými metodami je, že linie mohou být selektovány a časně využívány jako rodiče v systému šlechtění odrůd, a více šlechtitelských cyklů založených na GEBV může být dosaženo za stejný čas, jako byl dříve docílen jediný cyklus tradičního šlechtění. Potenciál genomické selekce ušetřit čas a prostředky je vyšší pro znaky, které jsou normálně hodnoceny koncem šlechtitelského cyklu odrůdy a jsou nákladně fenotypovatelné, jako třeba výnos.

Genomická selekce je široce používána ve šlechtitelských programech plodin v soukromém sektoru, například při šlechtění kukuřice43. Cooper *et al.*43 a Gaffney *et al.*44 popisují dopad automatizovaného hodnocení suchovzdorných hybridů kukuřice vytvořených genomickou selekcí. Tyto odrůdy (hybridy ‘AQUAmax’) jsou v současnosti ve velké míře pěstovány na polích farmářů. Rozsáhlé hodnocení dat dodaných farmáři demonstruje, že hybridy kukuřice AQUAmax mají v USA významně vyšší výnosy v příznivých podmínkách i v podmínkách vodního stresu, zlepšenou stabilitu výnosu při nedostatku vody a nesou menší riziko pro farmáře44.

Aby bylo dosaženo ještě větších přínosů, může být současně zacíleno pomocí genomické selekce více znaků. Například při selekci rostlin se zlepšeným výnosem, může být zvýšena přesnost selekce pomocí víceznakového přístupu, který zahrnuje fenotypy, jež mohou být měřeny v časné fázi vysoce kapacitními metodami, jako třeba teplota porostu a normalizovaný diferenční vegetační index, společně s GEBV pro výnos45. Dalším příkladem je koncová kvalita, která je mezi posledními znaky hodnocenými ve šlechtitelských programech pšenice. Používajíce víceznakový přístup, predikci koncové kvality založené na spektrálních analýzách blízce infračerveného a nukleární magnetické rezonanci malých vzorků mouky může být integrována s predikcí DNA markerů s cílem získat přesnou GEBV. Tyto hodnoty potom mohou být použity k selekci rostlin na požadovanou koncovou kvalitou ve šlechtitelském cyklu mnohem dříve, než je to možné v jiných případech46.

Zisk z genomické selekce bude nejvyšší, když bude kombinována s jinými technologiemi, které (i) zkracují generační období a (ii) zahrnují přesnou lokalizaci kauzativních mutací ovlivňujících cílový znak nebo znaky, protože v této situaci predikce již nespoléhá na vazbové disequilibrium mezi DNA markery a kauzativními mutacemi. Vzhledem k tomu že rychlé šlechtění může podstatně zkrátit generační období5, genetický zisk z tohoto přístupu by mohl být výrazně zvýšen aplikováním genomické selekce v každé generaci pro výběr rodičů pro následující generaci. V současnosti jsou náklady na genotypování největším problémem při zavádění genomické selekce. Aby byly sníženy náklady, je jednou možností aplikovat genomickou selekci pouze každou druhou nebo třetí generaci, nebo selektovat pouze kandidátní rostliny, které překročí práh znaků, jež může být spolehlivě fenotypován během cyklů rychlého šlechtění, jako jsou třeba některé typy rezistence k chorobám25. Nové strategie genotypování mající výhodu vysoce kapacitního sekvenování, jako je rAmpSeq, mohou značně snížit náklady na genotypování pro genomickou selekci47.

Přesná lokalizace kauzativních jednonukleotidových polymorfismů je neznáma pro mnoho znaků, ačkoli v některých případech byly jednotlivé polymorfismy identifikovány. Pokud se tyto polymorfismy vyskytují v planých nebo neelitních genových zdrojích, jednou strategií by mohlo být použít přístup ExpressEdit k rychlému vytvoření daného polymorfismu v elitním materiálu a pak použít genomickou selekci k souběžné selekci této úpravy a tisíců dalších polymorfismů ovlivňujících požadované znaky pomocí DNA markerů nacházejících se po celém genomu. Další nadějnou možností by bylo propojit genomickou selekci s rychlým objevováním genů rezistence k chorobám a klonovacími technologiemi48,49. Zatímco marker-assisted selection může být využívána k transferu genů rezistence s velkým účinkem, propojení tohoto přístupu s genomickou selekcí by mohlo pomoci nahromadit a udržet varianty minor genů, které přispívají k účinné rezistenci. Takový přístup by mohl snížit selekční tlak patogenů na překonání variant rezistentních genů.

Genomická selekce by také mohla být použita k hromadění užitečných haplotypů po celém genomu s cílem vytvořit optimální linie plodiny z dostupných haplotypů segregujících v populaci50. Oblasti genomu by mohly být definovány například pomocí nerovnováhy vazbových bloků. GEBV haplotypů jsou definovány jako suma účinků markerů haplotypů. Haplotyp s nejlepším GEBV může být potom identifikován pro každou část genomu a tyto nejlepší haplotypy mohou být nahromaděny v jediném jedinci pomocí optimálního schématu křížení. Haplotypy s požadovanými úpravami genů nebo alel rezistence k chorobám by mohly být stanoveny jako nejlepší haplotypy pro určitou oblast genomu a kombinovány s nejlepším jedincem. Když bude tento přístup hromadění užitečných haplotypy kombinován s rychlým šlechtěním, mohl by být použit k rychlému vyšlechtění nových odrůd plodin s vysokou úrovní mnoha znaků.

**Výhled**

Pro některé plodiny nemohou být přínosy z rychlého šlechtění a integrace s jinými šlechtitelskými technologiemi realizovány, kvůli citlivosti k prodloužené délce dne nebo kvůli tomu, že dodatečné osvětlení neurychluje dobu pohlavní zralosti. Například rajčata jsou citlivá ke stálému osvětlení, vědci však identifikovali gen rajčete, který umožňuje rostlině tolerovat konstantní osvětlení, a když je přenesen do odrůdy pěstované v podmínkách rychlého šlechtění, vede to ke zvýšení výnosu plodů o 20%51. Podobně genetická nebo environmentální řešení by mohly umožnit rychlé šlechtění u dalších rekalcitrantních plodin, jako je třeba krátkodenní druh kukuřice a dvouleté druhy, jako je cukrovka. Inovace jako třeba odpařovací chladicí systémy, které používají mořskou vodu52, polopropustné solární panely, které selektivně vysílají vlnové délky, jež podporují růst rostlin53, a účinnější systémy osvětlení (např. laserové světlo54) by mohly snížit náklady na rychlé šlechtění a rozšířit jeho využití.

Šlechtění rostlin za posledních 100 let přineslo výnosné plodiny, které pomohly nárůstu lidské populace. Šlechtění příští generace odrůd plodin pomocí řady moderních šlechtitelských technologií uspokojí požadavky rostoucí populace v nadcházejících desetiletích.

Literatura

1. Ray, D. K., Ramankutty, N., Mueller, N. D., West, P. C. & Foley, J. A. Recent patterns of crop yield growth and stagnation. *Nat. Commun.* **3**, 1293 (2012).

2. Ray, D. K., Mueller, N. D., West, P. C. & Foley, J. A. Yield trends are insufficient to double global crop production by 2050. *PLoS One* **8**, e66428 (2013).

3. Araus, J. L., Kefauver, S. C., Zaman-Allah, M., Olsen, M. S. & Cairns, J. E. Translating high-throughput phenotyping into genetic gain. *Trends Plant Sci.* **23**, 451–466 (2018).

4. Bassi, F. M., Bentley, A. R., Charmet, G., Ortiz, R. & Crossa, J. Breeding schemes for the implementation of genomic selection in wheat (*Triticum* spp.). *Plant Sci.* **242**, 23–36 (2016).

5. Watson, A. et al. Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nat. Plants* **4**, 23–29 (2018). 6. Ghosh, S. et al. Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. *Nat. Protoc.* **13**, 2944–2963 (2018).

7. Pfeiffer, N. E. Microchemical and morphological studies of effect of light on plants. *Bot. Gaz.* **81**, 173–195 (1926). 8. Siemens, C. W. III On the influence of electric light upon vegetation, and on certain physical principles involved. *Proc. R. Soc. Lond. B* **30**, 210–219 (1880).

9. Arthur, J. M., Guthrie, J. D. & Newell, J. M. Some effects of artificial climates on the growth and chemical composition of plants. *Am. J. Bot.* **17**, 416–482 (1930).

10. Bugbee, B. & Koerner, G. Yield comparisons and unique characteristics of the dwarf wheat cultivar ‘USU-Apogee’. *Adv. Space Res.* **20**, 1891–1894 (1997).

11. Bula, R. J. et al. Light-emitting diodes as a radiation source for plants. *HortScience* **26**, 203–205 (1991).

12. Darko, E., Heydarizadeh, P., Schoefs, B. & Sabzalian, M. R. Photosynthesis under artificial light: the shift in primary and secondary metabolism. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* **369**, 20130243 (2014).

13. Stutte, G. W. J. H. Commercial transition to LEDs: a pathway to high-value products. *HortScience* **50**, 1297–1300 (2015).

14. Blakeslee, A. F. & Avery, A. G. Method of inducing doubling of chromosomes in plants: by treatment with colchicine. *J. Hered.* **28**, 393–411 (1937).

15. Laurie, D. A. & Bennett, M. D. The production of haploid wheat plants from wheat × maize crosses. *Theor. Appl. Genet.* **76**, 393–397 (1988).

16. Hickey, L. T. et al. Speed breeding for multiple disease resistance in barley. *Euphytica* **213**, 64 (2017).

17. Schwager, R. in *The Land* (Fairfax Media, 2017).

18. Riaz, A. et al. Mining Vavilov’s treasure chest of wheat diversity for adult plant resistance to *Puccinia triticina*. *Plant Dis.* **101**, 317–323 (2017).

19. Ziliani, G. M., Parkes, D. S., Hoteit, I. & McCabe, F. M. Intra-season crop height variability at commercial farm scales using a fixed-wing UAV. *Remote Sens.* **10**, 12 (2018).

20. Wang, X. et al. High-throughput phenotyping with deep learning gives insight into the genetic architecture of flowering time in wheat. Preprint at https://doi.org/10.1101/527911 (2019).

21. Tester, M. & Langridge, P. Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Science* **327**, 818–822 (2010).

22. Tanger, P. et al. Field-based high throughput phenotyping rapidly identifies genomic regions controlling yield components in rice. *Sci. Rep.* **7**, 42839 (2017).

23. Wang, X., Singh, D., Marla, S., Morris, G. & Poland, J. Field-based high-throughput phenotyping of plant height in sorghum using different sensing technologies. *Plant Methods* **14**, 53 (2018).

24. Shakoor, N., Lee, S. & Mockler, T. C. High throughput phenotyping to accelerate crop breeding and monitoring of diseases in the field. *Curr. Opin. Plant Biol.* **38**, 184–192 (2017).

25. Riaz, A., Periyannan, S., Aitken, E. & Hickey, L. A rapid phenotyping method for adult plant resistance to leaf rust in wheat. *Plant Methods* **12**, 17 (2016).

26. Dinglasan, E., Godwin, I. D., Mortlock, M. Y. & Hickey, L. T. Resistance to yellow spot in wheat grown under accelerated growth conditions. *Euphytica* **209**, 693–707 (2016).

27. Richard, C. et al. Selection in early generations to shift allele frequency for seminal root angle in wheat. Plant Genome <https://doi.org/10.3835/> plantgenome2017.08.0071 (2018).

28. Fischer, R. A. R. & Rebetzke, G. J. Indirect selection for potential yield in early-generation, spaced plantings of wheat and other small-grain cereals: a review. *Crop Pasture Sci.* **69**, 439–459 (2018).

29. Awlia, M. et al. High-throughput non-destructive phenotyping of traits contributing to salinity tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Front. Plant Sci.* **7**, 1414 (2016).

30. Al-Tamimi, N. et al. Salinity tolerance loci revealed in rice using high-throughput non-invasive phenotyping. *Nat. Commun.* **7**, 13342 (2016).

31. Tovar, J. C. et al. Raspberry Pi-powered imaging for plant phenotyping. *Appl. Plant Sci.* **6**, e1031 (2018).

32. Lowe, K. et al. Morphogenic regulators baby boom and wuschel improve monocot transformation. *Plant Cell* **28**, 1998–2015 (2016).

33. Richardson, T., Thistleton, J., Higgins, T. J., Howitt, C. & Ayliffe, M. Efficient *Agrobacterium* transformation of elite wheat germplasm without selection. *Plant Cell Tissue Organ Cult.* **119**, 647–659 (2014).

34. Doudna, J. A. C. & Charpentier, E. Genome editing. the new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science* **346**, 1258096 (2014).

35. Zhang, Z. et al. A multiplex CRISPR/Cas9 platform for fast and efficient editing of multiple genes in *Arabidopsis*. *Plant Cell Rep.* **35**, 1519–1533 (2016).

36. Liang, Z. et al. Efficient DNA-free genome editing of bread wheat using CRISPR/Cas9 ribonucleoprotein complexes. *Nat. Commun.* **8**, 14261 (2017).

37. Svitashev, S., Schwartz, C., Lenderts, B., Young, J. K. & Mark Cigan, A. Genome editing in maize directed by CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein complexes. *Nat. Commun.* **7**, 13274 (2016).

38. Andersson, M. et al. Genome editing in potato via CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein delivery. *Physiol. Plant.* **164**, 378–384 (2018).

39. Hamada, H. et al. An in planta biolistic method for stable wheat transformation. *Sci. Rep.* **7**, 11443 (2017).

40. Mitter, N. et al. Clay nanosheets for topical delivery of RNAi for sustained protection against plant viruses. *Nat. Plants* **3**, 16207 (2017).

41. Wang, M. et al. Gene targeting by homology-directed repair in rice using a geminivirus-based CRISPR/Cas9 system. *Mol. Plant* **10**, 1007–1010 (2017).

42. Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J. & Goddard, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**, 1819–1829 (2001).

43. Cooper, M., Gho, C., Leafgren, R., Tang, T. & Messina, C. Breeding drought-tolerant maize hybrids for the US corn-belt: discovery to product. *J. Exp. Bot.* **65**, 6191–6204 (2014).

44. Gaffney, J. et al. Industry-scale evaluation of maize hybrids selected for increased yield in drought-stress conditions of the US corn belt. *Crop Sci.* **55**, 1608–1618 (2015).

45. Crain, J., Mondal, S., Rutkoski, J., Singh, R. P. & Poland, J. Combining high-throughput phenotyping and genomic information to increase prediction and selection accuracy in wheat breeding. *Plant Genome* **11**, 170043 (2018).

46. Hayes, B. J. et al. Accelerating wheat breeding for end-use quality with multi-trait genomic predictions incorporating near infrared and nuclear magnetic resonance-derived phenotypes. *Theor. Appl. Genet.* **130**, 2505–2519 (2017).

47. Buckler, E.S. et al. rAmpSeq: using repetitive sequences for robust genotyping. Preprint at https://doi.org/10.1101/096628 (2016).

48. Steuernagel, B., Witek, K., Jones, J. D. G. & Wulff, B. B. H. MutRenSeq: a method for rapid cloning of plant disease resistance genes. *Methods Mol. Biol.* **1659**, 215–229 (2017).

49. Arora, S. et al. Resistance gene discovery and cloning by sequence capture and association genetics. *Nat. Biotechnol.* **37**, 139–143 (2019).

50. Kemper, K. E., Bowman, P. J., Pryce, J. E., Hayes, B. J. & Goddard, M. E. Long-term selection strategies for complex traits using high-density genetic markers. *J. Dairy Sci.* **95**, 4646–4656 (2012).

51. Velez-Ramirez, A. I. et al. A single locus confers tolerance to continuous light and allows substantial yield increase in tomato. *Nat. Commun.* **5**, 4549 (2014).

52. Al-Ismaili, A. M. & Jayasuriya, H. Seawater greenhouse in Oman: a sustainable technique for freshwater conservation and production. *Renew. Sustain. Energy Rev.* **54**, 653–664 (2016).

53. Liu, W. et al. A novel agricultural photovoltaic system based on solar spectrum separation. *Sol. Energy* **162**, 84–94 (2018).

54. Ooi, A. et al. Growth and development of *Arabidopsis thaliana* under single-wavelength red and blue laser light. *Sci. Rep.* **6**, 33885 (2016).

**Zpracoval:** doc. Dr. Ing. Jaroslav Salava, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i,

salava@vurv.cz