中国科学: 生命科学 2026 年 第 56 卷 第 5 期: 1239 ~ 1260
SCIENTIA SINICA Vitae lifecn.scichina.com
《中国科学》杂志社 SCIENCE CHINA PRESS
评 述 中国知名大学及研究院所专栏 华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室专辑

作物表型组学: 近十年进展、挑战和展望

汤延[2], 王江林[2], 王曦[2], 邵阳[2], 陈韵宇[2], 冯慧[1,3], 宋鹏[1,2], 杨万能[1,2*]

1. 华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室, 湖北洪山实验室, 武汉 430070
2. 华中农业大学植物科学技术学院, 武汉 430070
3. 华中农业大学信息学院, 武汉 430070
* 联系人, E-mail: ywn@mail.hzau.edu.cn

收稿日期: 2025-08-25; 接受日期: 2025-12-01; 网络版发表日期: 2026-03-10
国家自然科学基金(批准号: U21A20205)资助

摘要 作物表型组学是生命科学与农业科学交叉的前沿领域, 旨在从细胞、器官、单株、小区到田块等全生物体尺度, 高通量精准获取并分析作物生长过程中的多维度表型数据. 本文系统梳理了设施内固定式与移动式平台、田间固定式与移动式平台以及便携式设备等多种表型采集平台与方法, 比较不同场景下表型信息获取的技术路径与适用特点. 在此基础上, 文章详细阐述高通量表型平台在非生物与生物胁迫响应及作物产量评估中的最新应用成果, 并探讨这些技术如何促进作物遗传育种与栽培管理的协同发展. 最后, 本文针对当前作物表型组学研究中所面临的关键科学问题与技术瓶颈进行深入分析, 对未来该领域的研究方向与发展路径提出进一步的展望.

关键词 作物表型组学, 高通量表型, 农业, 作物育种, 交叉学科

从20世纪到21世纪, 伴随着遗传学和基因组学的发展, 表型组学开始登上科学研究的历史舞台, 并引领作物表型组学、动物表型组学、人类表型组学等新兴交叉学科快速发展. “表型(phenotype)”一词起源于希腊语*phainein*(展示)与*typos*(类型), 最先由丹麦植物学遗传学家Johannsen[1]于1911年提出, 他认为“所有类型的生物体都可以通过直接观察或精细测量与描述进行区分”. 随着组学概念的兴起, 表型组(phenome)术语最早于1949年由美国微生物学家Davis教授[2]提出, 他认为基因组构成基因型的物质基础, 而细胞中除基因外的、非自我复制的物质总和则构成表型组, 即所有表型的集合. 1997年, 美国流行病学和生物统计学家Schork教授[3]正式提出表型组学(phenomics)的概念, 作为基因组学研究重要支撑, 表型组学逐渐形成生物学中重要的一个分支. 2010年, 美国佛罗里达州立大学演化遗传学家Houle等人[4]将表型组学定义为“生物体高维度表型数据获取技术的集合”. 在植物科学领域, 德国尤利希植物表型研究中心Fiorani教授与Schurr教授[5]将植物表型分析定义为“不同尺度下精确测量植物生长、结构和成分的方法集合”. 2020年, 华中农业大学杨万能教授等人[6]将作物表型组学定义为“一门全面研究作物表型信息大规模高通量精准获取和分析技术方法的交叉学科”. 可以看出, 作物表型组学作为一门新兴学科已成为全球生命科学和农业科学

引用格式: 汤延, 王江林, 王曦, 等. 作物表型组学: 近十年进展、挑战和展望. 中国科学: 生命科学, 2026, 56: 1239–1260
Tang Y, Wang J L, Wang X, et al. Crop phenomics: progress in the past decade, current challenges, and future perspectives (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2026, 56: 1239–1260, doi: 10.1360/SSV-2025-0292

© 2026《中国科学》杂志社 www.scichina.com
https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

研究的前沿热点领域.

表型组学是科学界公认的生命科学前沿和解析生命规律的关键. 美国国家科学院、工程院和医学院等单位在“Science Breakthroughs to Advance Food and Agricultural Research by 2030”指南中明确指出: “高通量表型技术和表型组学是未来农业发展重要方向之一”(https://doi.org/10.17226/25059). 各国政府与科研机构的持续投入, 为表型基础设施的建设与维护提供坚实支撑, 有效缓解初期高投入带来的技术壁垒. 例如, 英国生物技术与生物科学研究委员会(Biotechnology and Biological Sciences Research Council, BBSRC)自2008至2019年累计投资约4.9亿美元(3.88亿英镑)用于植物科学研究, 其中包括国家植物表型中心(National Plant Phenomics Centre)、约翰英纳斯中心(John Innes Centre)及洛桑研究所(Rothamsted Research)等配备先进表型设施的重点单位的支持; 欧盟“地平线2020”计划(Horizon 2020)资助下的EMPHASIS项目在2015~2019年投入约840万美元(700万欧元), 推动建立泛欧植物表型基础设施网络; 法国国家研究署(French National Research Agency, ANR)于2010年设立的“未来投资计划(PIA)”到2020年承诺投资约500亿美元(470亿欧元), 其中一部分重点支持植物表型方向; 美国国家科学基金会(National Science Foundation, NSF)的“植物基因组研究计划(Plant Genome Research Program, PGRP)”则每年为植物基因组学与表型组学研究提供约3000万美元支持, 美国康奈尔大学、内布拉斯加大学林肯分校、普渡大学、密苏里州圣路易唐纳德植物科学中心等科研院所研究机构纷纷启动表型组平台建设[7]. 2015年, 由全球28个科研机构签署协议在巴塞罗那成立国际植物表型组学会(International Plant Phenotyping Network, IPPN), 并于2024年快速发展至56个成员单位, 成员单位主要分布在德国、法国、英国、中国、澳大利亚和美国等国家, 旨在进一步加强全球植物表型研究机构的交流和合作.

随着国外表型组技术不断发展, 我国科学家较早意识到表型技术研发和表型平台建设的重要性和紧迫性. 通过在Web of Science数据库中检索作物表型组学主题的研究文献, 并对近十年的论文数量进行统计分析(图1). 结果表明, 国内相关科研产出稳步上升, 从2014年的15篇/年上升至2024年的220篇/年, 体现出国内作物表型研究活动的不断活跃与科研体系的逐步完善.

在张启发院士顶层设计下, 华中农业大学率先在全国开展作物表型组技术研发, 于2007年成功研发我国第一套水稻高通量表型平台. “十四五”期间, 随着高通量表型技术的需求不断增加, 中国科学院、中国农业科学院、河南大学、浙江省农业科学院、北京市农林科学院等74家单位相继开展作物表型组平台建设. 2024年, 科学技术部、国家发展与改革委员会等部门联合启动国家作物表型组学研究设施神农大设施建设, 这一设施将为我国布局人工智能育种5.0时代提供重要的科技支撑. 国家自然科学基金委员会生命科学部在总结作物学十年进展中指出: “表型组学已成为作物学领域研究新热点, 但与西方发达国家相比仍有较大差距, 需在高通量表型精准鉴定技术等方面实现自主创新, 将作物表型组学的研究与利用列为作物学未来发展的关键科学问题” [8].

1 表型数据采集平台与技术

作物表型组学研究的发展依赖于高效、精准的表型数据采集. 随着传感器、图像处理技术、数据分析技术以及各类光学成像技术的快速发展, 田间和设施环境下的高通量作物表型分析都有了解决方案, 能有效覆盖从宏观群体到微观组织的多尺度观测需求. 图2展示表型数据采集平台的主要类别, 包含设施内固定式与移动式表型平台、田间固定式与移动式表型平台、便携式表型设备等.

图3展示了我国作物表型设施的建设情况, 涵盖各地区已建设表型平台的单位数量、国产与进口设备比例、室内与室外设施类型等关键指标. 结果表明, 近10年我国作物表型设施总数已达145个, 主要集中在经济发达地区, 其中北京、广东、江苏的设施建设发展最快(图3C). 其中, 国产设备占比达54%(图3A), 受控环境中的基础设施较之室外平台高出24个百分点(图3B). 本节将系统阐述各类表型采集平台的技术原理、应用场景及最新研究进展, 并探讨其技术挑战与发展趋势.

1.1 光学成像技术驱动表型采集: 从宏观到微观

光学成像技术利用光子与物体相互作用的原理, 能够对物体的空间结构以及动态信息进行获取[9]. 因

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

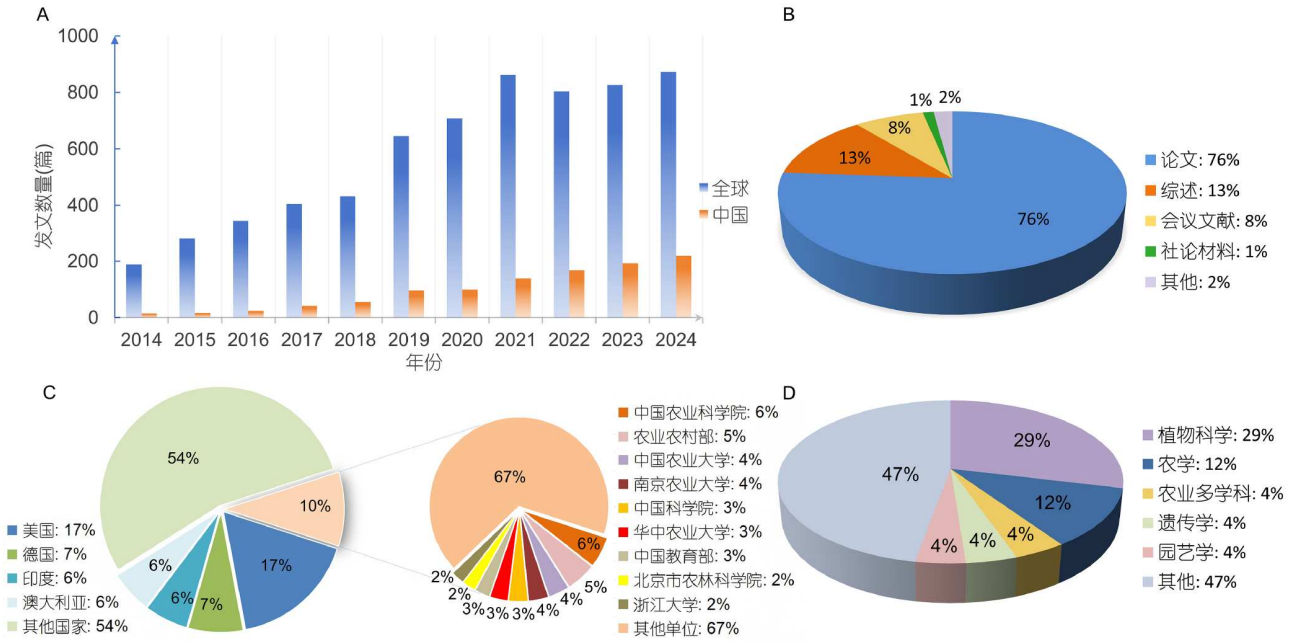


图 1　作物表型研究论文数量与分布. A: 近十年表型组学相关论文数量; B: 按文献类型划分的作物表型相关论文分布图; C: 按全球研究地区、中国研究单位划分的作物表型相关论文分布图; D: 按研究领域划分的作物表型相关论文分布图

Figure 1　The number and distribution of publications on crop phenotyping research. A: Number of phenomics-related publications over the last decade; B: distribution of crop phenotyping-related publications by document types; C: distribution of crop phenotyping-related publications by global regions and Chinese research institutions; D: distribution of crop phenotyping-related publications by research fields

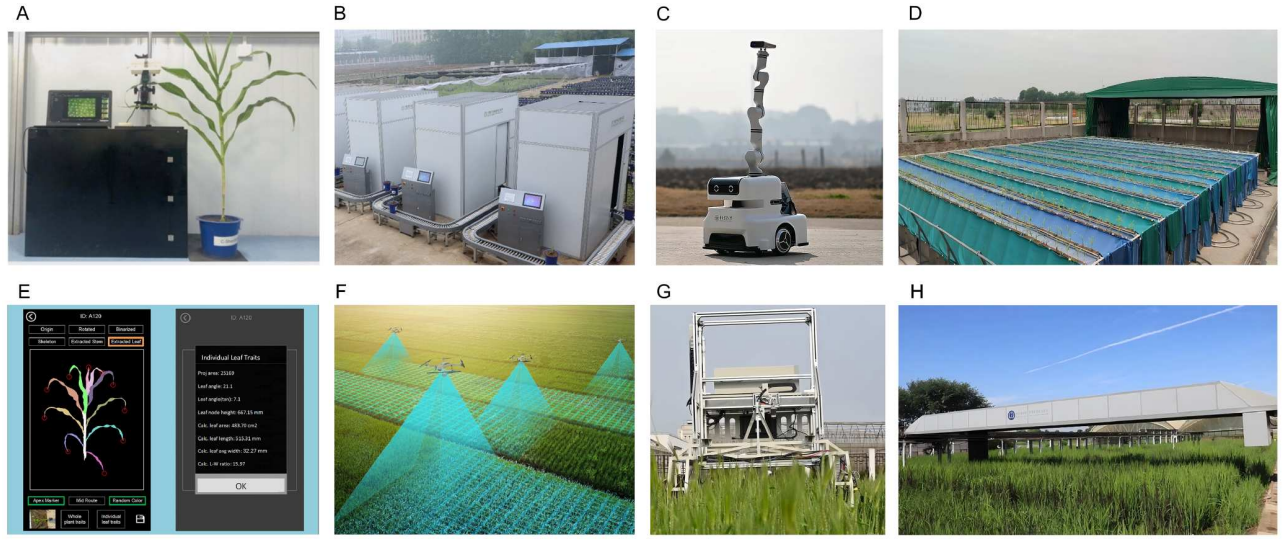


图 2　表型数据采集平台. A: 微观表型平台; B: 设施内固定式表型平台; C: 设施内移动式表型平台; D: 根系表型平台; E: 便携式表型平台; F: 田间无人机; G: 田间机器人; H: 田间固定式表型平台

Figure 2　Phenotypic data acquisition platforms. A: Micro-phenotyping platforms; B: indoor fixed phenotyping platforms; C: indoor mobile phenotyping platforms; D: root phenotyping platforms; E: portable phenotyping platforms; F: field unmanned aerial vehicles; G: field robots; H: field-based fixed phenotyping platforms

其非侵入性、高通量及多尺度覆盖能力, 逐渐成为获取作物表型信息的关键手段. 该技术已广泛应用于从田间宏观群体到组织、器官乃至细胞微观结构的多尺度观测.

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

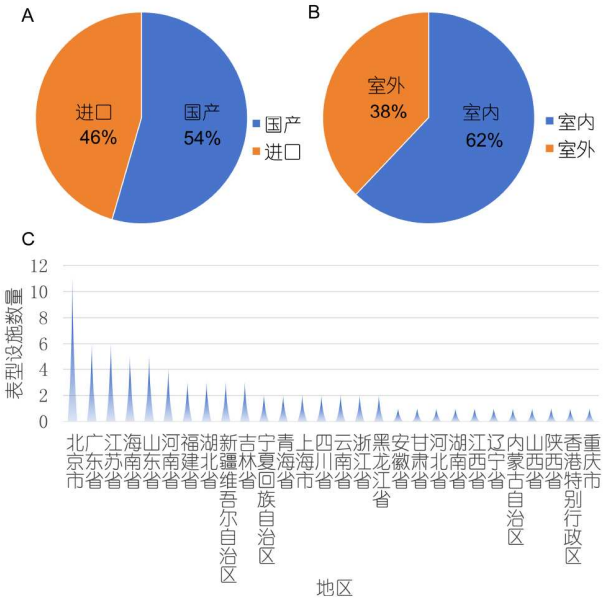


图 3 中国作物表型设施建设情况. A: 表型设施国产/进口比例; B: 室内/室外表型设施比例; C: 各地区表型设施数量分布

Figure 3 Construction status of crop phenotyping facilities in China. A: Proportion of domestic to imported phenotyping facilities; B: proportion of indoor to outdoor phenotyping facilities; C: number of phenotyping facilities by regions

在宏观尺度上, 遥感技术涵盖卫星遥感、航空平台及无人机近地遥感[10], 其覆盖范围广、采集周期性强且自动化程度高[11], 尤其适用于群体尺度的作物生长监测. 通过搭载多光谱、高光谱及热红外成像传感器, 农业无人机遥感平台可实现对植被指数[12]、冠层温度[13]、水分胁迫[14]等关键表型参数的精准获取. 地面高通量表型平台主要应用于中观尺度的观测, 兼具较高空间分辨率与适中观测范围. 目前广泛使用的如高光谱成像、热成像、结构光及LiDAR(light detection and ranging)点云融合等传感器, 常搭载于流水线[15]、地面载具[16]或农业机器人[17]等平台之上, 通过自动化、组合传感技术与运算设备实现对植物表型的高通量获取与解析[18]. 显微表型平台则主要针对作物细胞及组织层面进行观测与分析[19]. 例如, 光片荧光显微成像(light sheet fluorescence microscopy, LSFM)常用于动态观测微观结构, 监测作物发育过程[20,21]; X射线微型计算机断层扫描(micro-computed tomography, μCT)可实现亚毫米级的三维结构重建, 常应用于穗粒形态[22]、茎秆形态[23]、根系导管系统[24]等表型分析, 拓展了作物表型组学的研究边界.

1.2 设施内固定式表型平台

在设施农业环境中, 固定式表型采集平台已成为开展高通量作物表型研究的关键技术, 广泛应用于多时相、可重复、高精度的表型观测[25]. 此类平台可分为流水线式表型系统(作物-移动-传感器)与轨道式表型系统(传感器-移动-作物)两大类, 通常都集成多光谱或高光谱、RGB、红外、近红外、荧光成像等设备, 具备高度自动化、成像条件稳定、重复定位精度高等优势[26,27].

流水线式表型系统通常依托滑台或托盘, 将作物样本沿导轨送入成像舱, 每个舱室通常在顶部或侧面安装成像设备, 通过旋转样本或调整视角实现采集作物表型信息[26]. 例如, Bruning等人[28]通过在成像暗室中部署两台高光谱相机实现小麦冠层水分和氮素分布的空间评估. Li等人[29]使用暗室中两台高清RGB相机采集侧视与顶视视角的油菜图片, 以此研究实验群体在12个时间点的生长动态结构(图2B). 尽管设施环境已在较大程度上实现作物在受控、均匀条件下生长, 但同一温室内仍可能存在小尺度气候不同, 而局部温度与辐射的不均匀分布会影响作物的生长. 为此, Ma等人[30]构建一种新的流水线式表型平台, 确保作物在整个生长周期都在循环传送带上, 从而统一热量与辐射条件.

轨道式系统则依托温室结构安装可移动成像单元, 实现作物原位状态下的自动化采集. 以德国马普学会为例, 其轨道平台集成多光谱与激光3D成像模块, 可高精度重建作物三维结构并获取光谱信息, 适用于作物生长过程的连续动态监测[25]. Smitt等人[31]开发的PATHoBot平台融合轨道系统与机器人技术, 集成多模态成像与导航模块, 实现非侵入式、高通量的作物表型采集, 具备良好的环境适应性与系统灵活性.

设施内固定式表型平台因成像环境稳定、传感器部署灵活及高度自动化, 已成为表型组学研究的重要手段. 流水线式系统可通过拓展传送带容量与定制传感器满足多样化需求, 然而其机械传动可能对茎秆脆弱作物产生损伤, 且建设与维护成本较高[32]. 轨道式系统则具备较好的运行连续性, 适合开展作物昼夜节律等动态过程研究, 但在有效载荷、传感器集成与数据通量方面仍略逊一筹[27,32]. 总体而言, 固定式平台

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

建设成本高、空间适应性差、轨道布设受限，推广应用仍面临现实挑战.

1.3 设施内移动式表型平台

在设施农业环境中，移动式表型平台因具备部署灵活、可重复定位与多传感器集成能力强等特点，逐渐成为温室作物实时与动态监测的重要手段. 此类平台通常以自主移动机器人为核心，融合自动导航、路径规划与多源信息融合技术，能够在空间受限、结构复杂的设施内部灵活运行，实现作物多模态、多时空尺度的表型信息采集. 相较于固定式平台，移动系统更能适应温室布局多样、作物密植等实际场景，尤其适用于动态变化环境下的连续监测任务.

针对表型采集的多样化需求，复旦大学潘宇真等人[33]提出一套模块化农业机器人系统，可根据不同设施环境与作业任务快速组合功能模块，显著提升平台的场景适应性与作业灵活性. 华中农业大学构建了一种集成六自由度机械臂的设施农业机器人平台，采用激光雷达构建SLAM(simultaneous localization and mapping)地图，实现自主导航与定位，并搭载RGB与深度相机，对盆栽作物进行非接触式、全流程表型特征采集(图2C)[34]. Xiang等人[35]开发的设施表型机器人系统，不仅可以在不同土壤湿度条件下执行灌溉与维护任务，还可获取作物生长过程中的顶视RGB图像与多视角3D点云数据，实现动态表型分析. 随着深度学习图像处理技术在农业感知系统中的广泛应用，设施移动平台在精准作物识别与管理方面的能力不断提升. 例如，Magalhães等人[36]基于移动机器人集成YOLO模型, 实现番茄目标的实时检测与定位.

总体而言，设施内移动式表型采集设备凭借部署灵活、适应性强及相对较低的建设与维护成本，已在高通量表型监测中展现出广阔的应用前景. 平台智能化协同能力的提升与软硬件系统的标准化将是移动式表型平台未来发展的主要方向.

1.4 设施环境下根系表型平台

根系是作物生长发育过程中至关重要的器官，承担着水分与养分的吸收、物质的储存与运输、激素的合成与分泌以及植株的锚定等多种生理功能. 同时, 根系作为作物与根际微生物互作的第一界面，在应对非生物和生物胁迫中发挥着核心作用[37]. 然而，根系主要生长于土壤之中，而土壤环境具有不透明性、多相性、多孔性以及高度非均质性等复杂物理特性，且包含固体、液体和气体等多种物质形态，这些因素极大地限制对根系原位结构和功能的深入研究[38]. 因此, 设施环境仍是根系表型研究的主要场景.

在透明介质培养方面，研究人员已开发出水培、纸培、琼脂培养和气培等多种手段，通过构建透明或半透明根系环境，实现根系结构的高通量二维或三维成像与分析. 水培法使根系悬浮于营养液中，便于实时监测[39]；纸培法以滤纸为基质，适用于根长、根数等参数测量[40]；琼脂法借助透明凝胶和显微成像可进行三维重建[41]；气培法则通过雾化供应养分实现无损观察[42]. 尽管这些方法具有成像清晰、处理简便等优点, 但其所模拟环境与自然土壤差异显著, 因此在根系构型、向地性反应以及根-微生物互作等方面的研究结果存在一定的外推局限性. 根盒法作为常用的室内根系观察技术, 利用透明容器诱导根系沿观察面生长, 便于获取高通量二维成像数据. 例如, 华中农业大学构建的高通量根系表型平台(图2D)，具备1680株的系统总通量, 结合自主研发的RPT(root phenotyping toolbox, RPT)软件，可实现对作物根系的快速成像与表型分析[43].

随着非侵入性成像技术的发展，多种断层成像手段也被应用于根系的原位无损观测. X射线计算机断层扫描(computed tomography, CT)具备高空间分辨率, 适合分析根系与土壤微结构[44]；核磁共振成像(magnetic resonance imaging, MRI)可动态监测根系水分状态[45]; 正电子发射断层成像(positron emission tomography, PET)通过碳同位素示踪可以揭示碳素分配过程[46]. 但这些技术普遍存在设备昂贵、辐射影响、成像效率低等问题, 难以支撑规模化高通量应用, 未来研究应聚焦于低成本、高精度、可移动的新型根系表型传感与成像系统的开发.

1.5 田间根系表型平台

基于自然土壤的原位根系表型研究更具生态真实性, 但技术挑战更大. 传统“铲根法”虽然能获取完整根系样本, 却操作复杂、易损伤根系, 难以实现高通量观测[47]. 为实现无损原位观测，多种新型传感与成像技术持续发展. 例如，插入式传感器可对根系局部动态监测，便于定性分析[48]；探地雷达通过电磁波反射成

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

像分析根系结构, 已在马铃薯块茎预测中取得良好效果(R=0.82, R^2=0.64)[49]; 此外, 多参数微型传感器网络逐渐兴起, 可实时高频(最高达1 Hz)监测根际水势与养分, 为原位根系-环境互作研究提供新路径[50].

尽管原位根系观测技术已取得显著进展, 但仍面临诸多挑战. 探地雷达受土壤含水率变化影响显著, 对细根识别力有限; 微型传感器布设成本高, 数据解释复杂; 田间土壤的非均质性与动态性亦对传感器的精度和稳定性提出更高要求. 针对这些问题, 研究者也在积极探索替代方案, 如新兴的低场核磁共振(low-field nuclear magnetic resonance, LF-NMR)技术已在田间试验中显示出较大应用潜力, 其检测下限可达直径300 μm的根系, 且设备便携性和操作灵活性大大提升, 为未来田间原位根系表型的实时监测提供可能[51].

1.6 田间固定式表型平台

田间表型采集平台是实现作物在单株及小区尺度上表型数据高质量获取的重要方式, 按部署方式和应用场景可分为固定式与可移动式两类[52]. 相较于手持设备与无人机平台, 地面端平台因其近距离高分辨率成像、传感器部署灵活、视角获取多样、环境可控性强以及多模态融合能力突出, 广泛应用于作物表型研究[34].

固定式平台通常部署于设施农业或田间长期观测点, 构建稳定的连续监测系统. 通过集成RGB、多/高光谱、热红外、荧光、结构光或激光雷达等多类传感器, 提升数据的时空分辨率与测量通量[53,54]. 例如, Virlet等人[55]构建一种全自动轨道式龙门架系统, 实现田间作物从萌发至成熟整个生育期的冠层动态监测. 除了龙门架固定式田间表型平台, 基于轨道驱动的作物表型平台也能够获取高分辨率、稳定性好、定位信息准确的表型数据. 例如, 通过田间轨道驱动的高通量作物表型平台可以获取玉米冠层多个生长阶段的高通量激光雷达点云数据并实现较高精度的分割, 为高通量和自动化时间序列三维表型提取提供一种有效的解决方案[56].

固定平台在作物整个生长期内可提供高分辨率的多时相数据, 对作物动态性状的精准监控具有重要价值. 然而, 由于其依赖固定站点、空间覆盖能力有限, 且平台建设与运维成本较高, 对推广应用造成限制[19].

1.7 田间移动式表型平台

在开放复杂的田间环境中开展高通量作物表型观测, 传统固定平台受制于空间布局与部署灵活性, 难以满足大范围、多样化种植区域的连续监测需求. 随着移动式地面平台与低空无人机遥感平台(unmanned aerial system, UAS)的快速发展, 在农田环境中获取高质量、多时空尺度的表型数据已成为可能.

田间移动式平台通常以农业机器人或车载平台为主, 具备机动灵活、体积紧凑、部署便捷等突出优势, 能够适应多种地形与作物类型. 此类平台集成光谱传感器、激光雷达、结构光及深度相机等多模态传感器, 凭借高精度运动控制与稳定姿态保持能力, 能够在目标作物区域实现近距离定位与精细停留, 适用于单株或器官级别的图像采集与语义分析. 例如, Calera等人[57]研发的表型机器人配备LiDAR与侧视RGB相机, 能在玉米、大豆等行作物行间穿行, 融合三维点云与颜色信息完成多种作物的结构分析. 为提高在非结构化农田环境中的作业自主性, 视觉导航等机器视觉方法常被应用于路径规划与姿态控制[58,59]. Yang等人[60]提出基于RGB-D相机的自动行间距测量与行尾识别算法, 为移动平台跨行作业提供技术支撑(图2G). 尽管硬件平台、传感器集成与算法性能持续进步, 农业移动机器人在非结构化、动态变化的田间环境中仍面临挑战. 一方面, 不同作物行距与田块布局对平台通用性与可移植性提出更高要求; 另一方面, 作物生长过程中的形态变化对导航与目标识别的鲁棒性带来压力. 此外, 多数平台仍依赖离线数据处理, 难以实现现场实时响应与决策支持. 因此, 未来应聚焦于数据采集与分析的一体化设计, 提升边缘计算能力, 构建高鲁棒、强适应、智能化的跨场景作业平台[61].

无人机遥感平台作为另一类重要的田间移动表型工具(图2F), 具备高时空分辨率、低成本与快速部署能力[62], 尤其适用于大尺度作物区域的短时高频遥感观测[63]. UAS可在短时间内完成大面积高分辨率成像, 有效减少环境扰动带来的数据波动, 提升观测一致性与可重复性[64]. 此外, 其良好的扩展性支持搭载多类传感器, 包括多光谱[58]、热红外[65]和激光雷达[66], 广泛应用于作物产量预测[67]、生物量估算[68]、株高监测[69]、叶面积指数计算及病虫害识别[70]等关键性状的表型分析. 然而, 当前UAS平台仍面临诸如续航时间短、载荷能力受限以及部分算法在复杂光照条件下识

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

别精度下降等问题. 为实现作物表型信息的低成本高精度获取, 亟需在长续航飞行器设计、轻量化传感器开发及高效算法部署等方面开展系统研究[71].

综上所述, 地面移动平台与UAS各具优势, 在作物表型的不同空间尺度和监测需求中发挥互补作用. 前者适用于高精度、近距离、多模态的表型观测, 后者则擅长快速覆盖大区域、实现高通量遥感成像. 未来可结合地面与空中平台, 发挥两者优势, 实现更为灵活的作物表型采集. 例如, 基于拖拉机的近端作物传感平台与基于无人机的平台相结合能用于针对高粱株高等复杂性状的研究[72]. 两类平台的融合应用将进一步提升农业表型观测的效率、尺度适应性与应用场景的广度.

1.8 便携式表型平台

便捷式表型检测设备因其体积小巧、重量轻, 便于携带和操作, 适用于田间、温室或实验室等多种环境, 可以极大提高数据采集效率, 满足不同研究和生产需求. 与大型表型检测平台相比, 便捷式设备通常具有较低的开发和维护成本.

常见的便捷式设备包括手持光谱仪、便携式叶面积仪、叶绿素计、分光光度计等. 例如, Fernández-Alonso团队[73]研发的便携式多波段分光光度计可精确监测作物和水果在不同条件下的光谱变化. 这一设备可用于研究作物在阳光照射或土壤水分变化下的生理状态变化, 以及监测水果的成熟度. 对于微观表型的获取, Liang等人[74]利用便携式显微成像仪对不同玉米材料干旱胁迫下的气孔性状差异及其潜在应用价值进行深入研究, 实现了低成本、高通量的叶片气孔表型无损检测(图2A).

智能手机和虚拟现实(virtual reality, VR)技术的应用进一步扩展便携式设备在作物表型研究中的功能, 为表型数据的可视化呈现及交互式分析提供创新手段. 基于智能手机平台(图2E)可以实现田间玉米表型的快速分析[75]. 此外, Liu等人[76]利用智能眼镜开展多视角图像采集与处理, 成功实现麦秆数量的自动检测, 展示了增强现实技术在作物表型分析中的应用潜力.

尽管便携式设备在表型观测中展现出高度灵活性和操作便捷性, 但也存在一定局限. 一方面, 其快速采集能力常伴随数据处理能力不足, 需依赖外部平台进行后处理, 增加工作量和复杂度; 另一方面, 测量范围受限, 尤其是光谱设备在波段覆盖上存在瓶颈. 此外, 对操作人员技能依赖较强, 不同操作者可能造成数据一致性偏差. 随着感知与计算技术的发展, 未来便携式设备在功能集成、数据处理效率与测量精度方面仍有广阔的提升空间.

2 作物表型分析与应用

随着作物表型研究的深入发展, 如何促进作物遗传改良和育种已成为现代农业科学研究的核心问题之一. 胁迫下的作物表型性状是产量稳定性的指标, 而分析采后表型能有效评估产量. 表型分析技术的主要应用即是整合各种表型技术来表征作物对非生物和生物胁迫的响应机制, 以及利用表型数据精准量化作物产量与品质, 为作物育种提供技术支撑. 图4展示作物表型技术的部分应用场景.

2.1 作物非生物胁迫表征

在盐胁迫、干旱、高温等非生物逆境的影响下, 作物产量与品质往往受到显著抑制, 给粮食安全带来严峻挑战[77,78]. 因此, 精准、快速地评估作物对逆境的耐受能力, 已成为选育高抗逆品种的重要前提. 盐胁迫是一类广泛存在的非生物胁迫, 影响超过20%的耕地资源[79], 其耐受性涉及渗透调节、离子稳态、抗氧化防御、激素信号及根系分布等多重生理与分子机制, 往往由多个小效应QTL(quantitative trait locus)和候选基因共同调控[80,81]. 作物在盐胁迫条件下, 通常会表现出叶片失绿、生长抑制、根系发育异常、生物量下降和产量损失等一系列表型反应[81,82]. 然而当前大多数盐胁迫相关研究也集中于特定器官或短期处理, 缺乏对作物全生命周期内动态响应过程的系统性刻画[81].

干旱作为最主要的非生物胁迫之一, 严重限制作物的产量与品质, 其耐受性是一个复杂的数量性状, 涉及多种生理、生化和遗传机制, 通常由大量小效应等位基因共同调控[83,84]. 作物在遭受干旱胁迫时, 往往表现出叶片卷曲与枯萎、根系形态变化、开花延迟、生物量减少和产量降低等一系列表型反应[85,86]. 目前已有大量与干旱相关的QTL位点被克隆并在水稻等作物中进行深入研究, 这些基因涉及细胞壁改造、活性氧清除、气孔调节、激素响应以及深根性等功

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292



图 4 作物表型技术应用. A: 干旱胁迫表征; B: 病害胁迫表征; C: 产量分析; D: 品质检测
Figure 4 Applications of crop phenotyping technology. A: Drought stress characterization; B: disease stress characterization; C: yield analysis; D: quality assessment

能[87~92]. 然而, 大多数关于干旱响应的研究仍集中于特定器官或特定生育时期, 缺乏对作物在整个生长周期内响应机制的系统性解析. 与此同时, 传统表型观测手段因效率低、重复性差、难以实现高频动态监测, 已难以支撑对干旱这一复杂数量性状的深入遗传解析, 成为当前作物抗旱机制研究的主要瓶颈[19,93].

图像技术和大数据分析的发展, 提供了突破这些瓶颈的新路径. 图像性状(image-based traits, i-traits)作为由高通量成像设备采集的非侵入式、多维、可量化的表型特征, 能够准确捕捉胁迫条件下作物在色彩、形态、温度和结构等方面的细微变化[4,94,95], 从而将复杂抗性性状有效分解为具有较高遗传力的可测指标, 显著提升QTL定位和候选基因筛选的效率[96,97]. 当前, 已有研究者构建专门面向干旱响应研究的高通量作物表型平台[97], 该平台通过在统一环境下设置土壤水分梯度, 实现对干旱胁迫的精准模拟, 并通过RGB和高光谱成像系统, 对上千株作物进行全周期、多模态、高频率的数据采集(图4A). 此外, 还配套开发了高通量根系成像系统[43], 用于长期监测干旱对地下器官的影响, 使地上部与地下部的动态表型响应能被同步整合, 推动干旱抗性机制的整体解析.

在高通量作物表型研究取得显著进展的同时, 仍存在若干关键挑战, 限制对非生物胁迫响应机制的全面解析. 其中, 高温胁迫的研究进展缓慢, 主要原因在于难以在受控环境中准确模拟田间的高温情境[98], 从而限制对作物在自然高温条件下响应机制的深入研究. 此外, 田间地下部表型观测仍面临技术瓶颈. 尽管高通量根系成像系统在受控环境中取得一定进展, 但在田间条件下, 受限于土壤异质性、根系结构复杂性以及传感器分辨率等因素, 地下部的动态监测仍然困难[99]. 这限制了对根系在自然胁迫条件下生长动态和功能响应的全面理解. 同时, 当前的高通量表型平台多集中于单一胁迫因素的研究, 缺乏对多重胁迫下作物响应机制的系统解析[100]. 在实际农业生产中, 作物常常同时面临多种胁迫, 这种复合胁迫对作物生理和分子机制的影响可能具有协同或拮抗效应[101,102], 亟需开发能够模拟和解析多重胁迫响应的综合表型平台.

2.2 作物生物胁迫表征

生物胁迫主要包括病原微生物(如真菌、细菌和病毒)以及昆虫害虫的侵染或取食, 对作物的生长发育、产量和品质造成严重威胁, 是农业生产中亟需应对的重要问题[103,104]. 病原菌侵染通常诱导植物产生一系列免疫反应, 包括模式识别受体(pattern recognition receptor, PRR)介导的模式触发免疫(pattern-triggered immunity, PTI)和抗性基因(resistance genes)介导的效应子触发免疫(effector-triggered immunity, ETI), 调控网络复杂, 涉及病程相关蛋白的积累、激素信号传导、活性氧爆发及程序性细胞死亡等多层次机制[105,106].

以稻瘟病、纹枯病、玉米锈病等为代表的真菌性病害, 是作物生长周期中最具毁灭性的生物胁迫之一, 可显著降低光合作用效率和养分转运, 导致籽粒灌浆不足、产量大幅下降[107,108]. 在宿主-病原互作过程中, 作物表现出病斑扩展、叶片坏死、株高下降、籽粒发育受阻等显著表型变化, 这些特征为病害抗性相关QTL的定位和候选基因的筛选提供重要表型基础[109]. 害虫胁迫如螟虫、蚜虫、蓟马等昆虫对作物的物理伤

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

害及唾液毒素影响, 同样可引发作物复杂的防御反应, 如植株挥发物释放、次生代谢产物积累和结构屏障增强等[110,111]. 这些防御反应往往依赖于茉莉酸、乙烯等信号通路的调控, 并伴随显著的表型响应, 如叶片卷曲、咬痕形成、株型改变等, 可作为虫害抗性遗传解析的重要表型指标[112,113].

高通量表型组学的发展为生物胁迫响应机制的系统解析提供新契机. 通过可见光、荧光、热成像及高光谱等成像技术, 能够无损地监测病斑形成、叶绿素衰退、温度变化及挥发性代谢响应等多维表型特征, 实现病虫胁迫下作物从宏观到微观、多尺度的动态表征[114]. 研究表明, i-traits可在病害早期侵染阶段就识别出潜在异常, 实现对病害“前症状期”的早期诊断与量化[115]. 例如, 以番茄细菌性叶斑(*Xanthomonas perforans*)为模型, 基于连续七天的高光谱成像(hyperspectral image, HSI)数据, 解析了叶片在病害不同进展阶段的光谱响应特征. 结果显示, HSI能在症状出现前准确区分健康叶片与受感染叶片, 并有效区分细菌性与非生物性叶斑[116]. 然而, 高通量表型平台在实现数据获取自动化和高精度的同时, 也带来海量图像数据的存储和处理问题. 因此, 如何高效、智能地对这些数据进行处理与分析, 已成为高通量作物表型研究亟待解决的重要问题. 深度学习算法, 特别是卷积神经网络(convolutional neural networks, CNN)和循环神经网络(recurrent neural network, RNN), 在图像识别、特征提取和时间序列分析等方面展现出强大的能力, 能够自动从复杂、高维的表型数据中学习潜在模式, 提升分析效率与准确性[117]. 具体而言, 基于深度学习的特征学习能力为作物病害识别与果实计数等任务提供高效而精准的解决方案. 例如, 一种改进的YOLOv5模型(YOLOv5_HSSE)被应用于猕猴桃害虫(如绿盲蝽和小绿叶蝉)的自动识别与计数, 其在测试数据集上实现95.9%的平均精度(mAP), 检测速度高达155帧/秒, 展现深度学习模型在高通量任务中的广阔应用前景[118]. 此外, 深度学习所提供的像素级图像分割功能也广泛应用于作物表型图像的预处理和特征提取环节, 有助于实现病斑区域自动识别、虫害症状量化等表型性状的精准提取[119]. 如Huang团队[120]采用VarifocalNet (VFNet)作为棉花黄萎病叶片识别基础网络并进行模型优化, 能准确实现高精度和高通量的棉花黄萎病动态观测(图4B).

目前, 已有研究构建面向病虫胁迫的高通量植物表型平台, 通过控制病原接种浓度、虫口密度和环境参数, 在统一背景下开展高频次、多模态数据采集[121], 并结合深度学习算法, 实现病害识别、虫害行为监测及抗性分级等表型数据的自动提取与分析[122,123]. 此外, 多模态成像技术还被应用于解析植物在胁迫下的响应机制, 有助于揭示不同胁迫因子的交互作用及其对作物表型的协同调控效应[124,125]. 然而, 当前研究仍面临一些挑战, 如田间自然侵染条件的可控性差、根际病原监测困难、多源数据整合标准缺乏等, 亟需发展更具适应性的田间高通量表型平台, 并加强对地下病虫害动态响应的系统观测.

2.3 作物产量相关表型分析

农作物的收获部分通常具有最直接的经济相关性. 将采后表型数据与遗传分析工具相结合, 则能够深入剖析关键农艺性状的遗传结构[126], 有效促进作物的分子设计育种, 提高育种效率[127].

近年来, 随着深度学习技术的广泛应用, 籽粒表型的分析精度不断提高. 智能设备的迅速发展, 也推动籽粒性状采集软件及平台的诞生与推广, 例如Plant Screen Mobile[128], Field Book[129]和SeedGerm[130]等. 与此同时, 当前籽粒评估体系正经历从二维表征向三维解析、从表型观测向无损内源检测的技术拓展. 其中, 结构光扫描技术已成为三维性状评估的常用方法(图4C): 通过获取籽粒高精度点云数据, 依托集成化软件实现目标分割与性状提取, 可精确量化籽粒充实度等关键参数[131]. 在此基础上, 机器学习算法的引入进一步提升分析精度, 典型例证为小麦籽粒几何性状识别模型, 其平均绝对百分比误差(mean absolute percentage error, MAPE)可稳定控制在5%以内. 为推进技术转化, 研究者开发了集成结构光扫描的小麦三维信息高通量采集平台WG-3D, 实现低成本、自动化、高效率的小麦三维数据采集, 显著提升性状提取的精确度与可重复性[132]. 除点云重建方法外, 使用可见光图像的多视点采集重建方法也可获取到籽粒的三维图像, 预测籽粒相关性状[133].

相较于结构光等成像设备, μCT具有更高的空间分辨率, 能无损获取籽粒内部的三维结构信息, 在区分籽粒胚乳、果皮和内部空腔组织等细微组织结构方面具有更高的精度优势, 可对籽粒充实度和内部虫害

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

程度[134]进行无损定量分析，进而为不同品种的识别[135]以及揭示籽粒生长发育过程中的协同作用[136]提供重要参考数据. 尽管μCT在精度和信息丰富度上优势明显，但是其通量相对较低、设备与运行成本高昂，并且伴有较高的辐射剂量，在大规模种质筛选中的应用仍面临挑战.

2.4 作物籽粒品质检测

现有的品质和成分检测方法大多为破坏性取样，而高光谱技术可以在无损状态下对化学物质进行定量分析[137,138]. 其中，近红外光谱作为高光谱检测的重要区段，能够稳定识别籽粒代谢物的特征波段(图4D)，可视化数百种营养物质的分布[139]，在分析不同作物籽粒中的蛋白质[140]、淀粉[141]、油脂[142]等化学成分的过程中有着突出表现. 可见光光谱和近红外光谱的联合使用也增加性状采集的广度[143].

随着高光谱采集设备和算法的不断成熟，各类采集平台与设备发展迅速. 目前，便携式的近红外光谱仪已被用于玉米和高粱籽粒的蛋白质分析，其检测误差可达5%以内，检测速度相比传统实验室方法提高了近千倍[144]. 基于近红外光谱与三维重建技术的Seed-screener平台可同步分析小麦种子的形态特征及蛋白质、淀粉与面筋含量，极大地丰富现代作物育种的技术手段[141].

拉曼光谱是另一种基于光子学原理的分子结构分析技术，因其对化学键振动特征的高灵敏度，在籽粒主要营养成分的研究中具有独特优势. 通过检测拉曼谱图中的特征峰，可无损测定大米中多达32种化学成分及其陈化程度，为大米品质评估与产地区分提供可靠依据[145,146]. 此外，凭借其对不同化学成分响应的空间分辨能力，拉曼光谱还能区分籽粒胚乳、胚芽、果皮等不同部位，为研究籽粒各区域次生代谢物分布提供重要手段[147]. 目前该技术在籽粒分析领域仍处于快速发展阶段，其优异的检测灵敏度和非破坏性检测特点仍待进一步挖掘和推广.

相比之下，MRI则是一种基于磁场与射频相互作用的解剖性表型检测方法，能够精确捕捉籽粒内部各组分的核磁共振信号，重建三维品质图像. MRI常用于测量作物籽粒含水量[148]和含油量[149]，并为优质品种的选育提供新思路. 与μCT相比，MRI几乎没有放射性，且对水分和油分的检测灵敏度更高，应用前景广阔.

3 表型组学加速育种研究

高通量表型平台的发展为育种研究提供突破性的工具，通过对作物功能器官、种子品质、根系解剖和生物量等关键农艺性状的精准量化，不仅能结合全基因组关联分析(genome-wide association study, GWAS)以及数量性状位点QTL定位揭示复杂性状的遗传调控网络，也在基因组选择中发挥越来越重要的作用.

3.1 表型组技术加速遗传机制精准解析

高通量表型平台的发展为研究作物功能器官[150~152]、种子性状与品质[153,154]、叶片结构[155,156]、根系解剖[157]、生物量积累[158]、产量以及抗性相关性状[97,159]提供有效工具，推动复杂性状遗传图谱的构建与基因功能解析.

全生育周期的高通量表型采集对于解析作物功能器官具有关键意义. Leiboff等人[150,151]对玉米幼苗顶端分生组织进行显微图像采集，通过GWAS和QTL分析，揭示分生组织形态特征与成株开花性状间的遗传调控网络，并鉴定出关键调控基因. Wu等人[152]自主研制高通量CT-RGB双模式成像工程样机，获得水稻不同生长阶段的分蘖性状和分蘖生长性状，共识别出402个显著相关的基因位点，其中两个位点被证实对分蘖形态建成及产量形成具有重要意义.

对作物种子的无损高通量性状考察，有利于快速准确地鉴定种子内营养物质含量，加速育种工作. 近红外光谱和核磁共振技术可以用于测量油菜种子的芥酸、硫苷和油含量，Wang等人[153]分别鉴定出6、49和17个与这些性状相关的遗传位点，推动油菜种子质量性状的研究. Feng等人[154]使用高光谱技术检测533份水稻种子内887种精米代谢物含量，共鉴定出2882个显著单核苷酸多态性位点(single nucleotide polymorphism, SNP)，识别出1761个同时调控水稻精米代谢物含量和光谱指数变异的候选基因，为水稻精米代谢调控研究及相关基因的精准筛选提供了丰富的遗传资源.

叶片是作物进行光合作用和蒸腾作用的主要器官[160]，其大小、形状、叶绿素含量和叶片数量决定作物的光合能力和产量潜力[161]. Arshad等人[162]自主构建了集成RGB与深度相机的轨道式高通量表型平台，可精准量化大豆冠层高度、冠层面积等生长指标，并

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

利用深度学习模型从RGB图像中提取诸如“过度绿”“过度红”等22种色泽指数, 以此揭示叶片色泽与盐胁迫的关联, 解析耐盐性遗传架构. 然而, 单维度表型数据难以表征叶片内部特征. Amitrano团队[155]通过融合解剖学性状验证发现, 水分胁迫下生菜叶片的高光谱图像无法完全反映其组织结构差异, 这对现有的高通量表型分析提供新的研究思路, 即使用解剖性状补充单维度表型数据, 以提高表型数据与作物结构的适配度. 在作物关键发育阶段量化叶片解剖性状, 与高通量表型相结合, 对于预测解剖介导的作物生理适应范围至关重要.

研究表明, 揭示根部性状的遗传基础对于改良作物根系结构, 提高水分和养分利用效率具有重要意义[163]. 通过根系平台对水稻与陆稻品种进行种植和拍摄, Zhong等人[157]共鉴定出305个在伸长与木质化通路中显著差异表达的基因, 揭示陆稻根系加速纵向生长与横向增厚的转录模块.

此外, 高通量表型平台能够量化生物量、产量、抗性等性状, 为发掘相关基因提供重要机会. 有研究者利用228份具有广泛遗传变异的玉米自然群体, 在高通量表型组平台结合高光谱、RGB成像技术对玉米从发芽到死亡全生育期每日进行动态检测, 对每个时期提取的77个基于图像的性状和20个成熟期田间性状进行GWAS分析, 鉴定了4945个显著的SNPs和1974个候选基因, 深入解析玉米株高形成的动态遗传基础和调控网络[156]. 与此类似, Li等人[158]搭建了集合3D点云和高光谱、热成像相机的高通量表型平台, 对157个小麦品种在干旱胁迫下的表型进行生物量评估, 鉴定5B染色体上的抗旱基因, 揭示了获得性耐旱能力的遗传基础, 进一步证明高通量表型分析与遗传图谱相结合是一种有效的基因挖掘方法.

3.2 表型组技术加速基因组选择

基因组选择是一种通过全基因组标记和统计模型预测复杂性状的方法, 最早应用于牲畜育种[164]. 随着测序成本的不断下降, 基因组选择在作物育种中得到快速推广[165]. 这一方法通过大量基因型和表型数据构建预测模型以获取基因组估计育种值(genomic estimated breeding values, GEBV), 能够在田间试验之前预测作物表现[166].

尽管分子标记辅助选择等下一代测序技术的开发已使基因标记的获取更加容易和精确, 但获取大量精确的表型数据仍然是一个瓶颈. 高通量表型分析技术使作物学家能够准确获得用于分析的高维表型数据集, 从而优化育种计划的运作效率. 诸如CropGS-Hub[167], Pheno-4J[168], GWAS atlas[169]和GWAS Central[170]一类整合基因型和表型的预测数据库将在基因组选择中起到越来越重要的作用.

随着作物表型组学的不断发展, 表型数据的高通量采集成为可能, 显著提升作物基因组选择模型的预测精度. 无人机遥感成本低且易操作, 是高通量基因组辅助育种的重要工具[171]. 通过搭载高光谱和热红外相机, 采集小麦冠层温度和归一化植被指数建立模型, 增强对不同种植周期、不同群体的小麦的基因组选择[172]. 研究发现, 使用无人机搭载的多光谱相机, 与加权SNP一起构建的混合关系矩阵, 相较于单独使用表型组或基因组有着更好的预测能力, 表明基因组和表型组数据包含互补信息, 可进一步提高育种预测准确性[173]. 此外, 国际玉米小麦改良中心通过整合动态高通量表型数据与1170份小麦高代品系的2254个GBS(genotyping-by-sequencing)分子标记, 验证基因组选择策略可加速遗传增益与优异性状筛选[174].

基于图像的无损表型分析技术能够高效、准确地量化作物的抗性性状、质量及产量性状, 在较短的周期内显著提高作物的性状表现, 加速育种进程. 例如, 近红外光谱技术能直观地反映玉米籽粒的粗蛋白含量、淀粉含量和油分含量, 为提高玉米质量提供参考[175]. 通过核磁共振成像也可以对玉米的籽粒含水量进行高效准确的测定, 从而筛选出低籽粒含水量品种, 显著加速玉米定向育种[148]. 另一个例子是双单倍体技术, 中国农业大学使用核磁共振和高光谱等方法, 已经能以90%以上的准确率识别单倍体种子, 有效地区分单倍体和杂交玉米粒, 从而提高育种速度[176,177].

4 表型组学指导生产管理

作物的表型由基因型(G)、环境(E)和基因型-环境相互作用(G×E)决定. 在不同环境中建立基因型和表型之间的牢固联系仍然是作物表型组学研究中的巨大挑战之一, 也是指导田间生产管理的关键所在. 而作物模型可以整合气候变化和基因型表型数据, 模拟作物生长与产量形成过程. 作物模型主要分为经验模型和

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

机理模型两种. 经验模型通常以回归方程形式构建, 直接预测产量; 而机理模型则通过模拟作物生理生态过程, 揭示环境参数与产量间的联系.

作物生长模拟模型作为机理模型的一种, 常用于指导作物生产管理. 该类模型以作物生长发育的内在规律为基础, 利用系统分析方法和计算机模拟技术, 综合作物遗传潜力、环境效应、调控技术之间的因果关系, 可以定量描述和预测作物生长发育过程及其与环境和管理技术的动态关系, 并为确定作物最优种植密度、水肥、田间管理时机与强度提供科学依据[19]. 国外作物模型的研究起步较早、发展迅速、应用日趋成熟; 相比之下, 国内起步较晚. 目前具有代表性且应用广泛的综合作物生长模型主要有: 美国的DSSAT模型, 包括CERES[178]和CROPGRO[179]、澳大利亚CSIRO开发的APSIM模型[180]、荷兰的WOFOST模型[181]以及我国的CROPGROW模型[182]等. 近年来, 各类作物生长模型在水稻、小麦、玉米、大豆等作物的生育期预测、气候变化影响评估、农业生产定量评价等诸多领域都得以广泛应用[183,184].

4.1 作物模型指导田间管理

在全球变暖、人口增长与极端气候加剧的背景下, 人们对于粮食的需求与日俱增. 提高种植密度是提高作物产量的有效农艺措施, 然而, 由于土壤条件和降雨量的差异, 最优种植密度变化很大. 作物模型能够模拟气候变化对作物生产的影响, 根据不同站点的气候特征制定科学的管理决策[185]. Zhang等人[186]使用DSSAT模型对中国不同降水区旱作玉米的生长发育和土壤水分动态进行准确模拟, 评估不同降水区旱作玉米种植的最佳密度, 以此获得最大的产量和经济效益. 已有研究建立了全国尺度的优化种植密度预测模型, 结果表明, 在现有种植面积下, 通过优化种植密度与管理措施, 当前玉米单产可提升约一倍[187].

提高灌溉和施肥效率对农业的可持续发展同样具有重要意义. 基于作物模型模拟的需水规律, 可为区域水资源优化配置提供科学依据. 例如, Gong等人[188]开发一个用于优化灌溉水资源的不精确区间规划模型, 并在中国陕西省泾惠渠灌区投入应用. 该模型通过耦合有效降水与作物蒸散量计算作物需水量, 使蔬菜、小麦、玉米及水果的灌溉需水量分别降低了54.86%, 51.88%, 47.36%和35.11%, 显著提升当地水资源利用效率.

作物模型可进一步协同水肥综合管理以优化效果. 通过构建作物产量对水分与氮素响应关系的模型, 可实现区域尺度上水氮管理策略的优化配置[189]. 同时, 提升作物模型对作物体内氮浓度的预测精度, 也能对水肥管理的精准调控提供技术支撑[190]. 此外, 机器学习也推动构建了基于作物模型的施肥系统. 基于卢旺达的作物表型与环境监测传感器数据, Musanase等人[191]开发机器学习模型与规则型施肥建议系统, 对土壤水分及养分的预测准确率达97%以上, 有效指导当地施肥实践.

作物模型不仅量化水肥条件以优化生产调控, 还为精准定义作物生育期进程及病害防控提供关键依据. Paixão等人[192]利用作物模型结合巴西戈亚斯州水分状况模拟甘蔗生育进程, 划定四个种植区的最适播种日期, 显著提升了区域甘蔗产量. 在病害防控方面, Jørgensen等人[193]通过CPO模型(crop protection online)与HM模型(humidity model)模拟小麦叶斑病施药策略, 在干旱年份用药量较常规最多可减少98%, 降水正常年份较常规减少31%, 显著降低用药成本并提升经济效益. Caubel等人[194]应用耦合STICS-MILA模型预测小麦叶锈病发病情况, 基于站点的未来气候数据解析不同气象条件下病害发生的时间规律与成因, 为精准防控策略制定提供科学依据.

4.2 表型组基因组多组学辅助栽培

在生产管理中, 基于遗传-环境互作的作物模拟模型可定量阐释G×E影响下的性状变异规律, 增强模型的生物学解释力与应用普适性. 随着高通量测序技术的不断发展, 不同水稻品种的遗传效应得以纳入作物模型, 为构建基于SNP效应与环境互作的作物表型定量模拟模型提供可行性.

早期研究者尝试将数量性状基因座作为遗传参数纳入机理模型, 以进行物候预测建模. 虽然这种方法在一定程度上可以模拟光温响应特征, 但在较大群体背景下, 其预测精度和可迁移性仍然存在挑战[195]. Onogi等人[196]较早提出通过SNP标记位点来关联品种参数的想法, 并在近些年得到广泛关注和深入研究.

Bogard等人[197]通过GWAS研究小麦开花时间及APSIM模型中的品种参数, 发现光周期敏感性和春化需求主要由*Ppd-D1*和*Vrn-A1*控制, 同时识别出其他稳

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

定效应位点，验证部分作物生长模型参数在遗传学上的可靠性. Jighly等人[198,199]提出并验证一种将作物生长模型与全基因组预测相结合的模型，用于预测小麦新品种的表现. 该模型通过模拟基因型特异性参数，能够在缺乏表型记录的情况下，预测未观察到的性状，如产量和生物量. 进一步的研究表明, 该模型能够模拟出更具遗传力的基因型特异性参数，并与花期性状之间建立更具生物学意义的相关结构.

通过将SNP标记与机理模型结合来建立G×E模型，虽然可以提升作物模型的遗传可解释性，但与传统的作物模型应用相比，通常会导致作物性状或表型预测精度的下降[197]. 产生这一现象的主要原因在于SNP标记在表征品种参数变异方面的效果有限. 现有研究通常采用GWAS方法对独立的品种参数进行遗传解析，并通过基因组预测模型来估算品种参数[181,197]. 广泛使用线性基因组预测模型，且假设遗传标记与表型性状之间仅存在加性效应，忽略标记间的上位性、显性等互作效应，往往会导致基于SNP标记效应的作物模型在预测品种参数时精度下降. 相较而言，机器学习方法更擅长处理变量之间复杂的非线性关系[200]，能够揭示分子标记之间的多种互作效应，从而显著提高品种参数和其他关键表型的预测精度，具有重要的科学意义.

然而，由于作物生长模型在机制上存在一定的局限性，且缺乏对于极端温度、过量降雨、干旱和病虫害等负面环境因素的考虑，目前的作物模型对于品种与环境之间的相互作用理解还不够全面. 因此，若单独依赖作物模型进行预测，往往需要结合如遥感数据和气象指标等非结构化数据进行同化或修正[201]. 此外，结合非结构性因素可以有效降低在极端胁迫情景下作物模型预测的不确定性[202,203]. 未来, 集成作物模型、机器学习、遗传建模和相关非结构性因素的系统，对于精确预测作物表型和辅助栽培决策具有至关重要的作用[204,205].

5 挑战和展望

近十年内，作物表型组学在高通量成像、多维数据分析等方面取得显著进展，为作物育种与改良提供坚实支撑. 然而，随着表型获取规模的不断扩大和数据复杂度的提升，为了更精准高效地采集大多数作物的表型性状, 仍有许多问题亟待解决.

5.1 多传感器集成与新型传感器改进

单一传感器获取的表型数据有限，且数据质量通常受田间环境影响，难以满足现代作物育种的需求. 多源数据的结合可解释新的生物现象. 例如，在作物非生物和生物抗逆性筛选过程中，通常需结合多种表型数据进行有效准确分析. 当前面临的主要挑战在于如何开发多传感器同步采集技术及新型植物信号分子检测设备, 如激光诱导击穿光谱与电化学微传感[206].

5.2 加强高质量标准化数据集共享

人工智能技术, 尤其是深度学习, 已在农业中得到广泛应用，相关研究多集中于作物分类、病虫害识别和产量预测等方面. 然而灌溉调控、水分胁迫及温室监测等应用场景的数据量有限且质量不均，难以满足深度学习对大规模高质量训练数据的需求. 农业生产环境复杂多变，数据获取困难且分散，不同模型在地区和场景间的迁移能力有限，亟需完善农业数据的标准化与共享机制, 破除信息壁垒推动现代农业发展.

5.3 多尺度表型数据分析与管理

尽管基于不同表型平台获取的大量作物数据结合深度学习方法在性状解析方面已取得显著进展，但各类传感器采集的数据仍蕴含未充分挖掘的信息. 当前亟需深度解析传感器数据以提取综合性状指标，并建立其与作物关键农艺性状的关联. 鉴于多源表型传感器存在数据类型与格式的不同，整合并管理多传感器获取的数据是未来表型数据分析的另一挑战，需要多学科实验室的协作.

5.4 鼓励交叉学科人才培养

作物表型组学的快速发展离不开交叉学科人才的培养和深度参与. 尤其在表型设施日益精密、数据日益复杂的背景下，生物学、工程学、计算机科学、统计学、材料科学等多学科的深度融合已成为不可逆转的趋势. 然而, 目前我国表型组学领域仍存在专业技术人才紧缺、研究人员流动性大、复合型人才储备不足等问题. 尤其是图像分析、传感器工程、机器学习等核心领域的专家仍属稀缺资源，其缺失将严重制约表型平台的建设与运行效率.

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

跨学科研究与国际合作在推动作物表型组学研究中发挥着关键作用. 全球主要研究机构的不断涌现, 以及对协同合作的日益重视, 表明该领域正逐步迈向更加互联、多样化的研究网络体系. 在这一进程中, 政策的引导作用日益凸显. 制定和实施支持国际合作的政策, 营造有利于跨学科研究与技术创新的环境, 推动开放获取数据库的建设和数据共享标准的制定, 对于促进科研创新、实现技术成果的转化至关重要[7].

为有效应对挑战, 未来的人才培养应聚焦技术创新驱动, 通过研发智能表型平台提升农业技术附加值以吸引高端人才; 同时深化多学科交叉教育, 在农业院校强化多组学分析、机器视觉与大数据分析等课程, 系统培养复合型人才. 为了进一步加强和推动作物表型领域交叉协作, 在张启发院士和杨维才院士等专家学者的共同推动下, 中国科学院遗传与发育生物学研究所、华中农业大学等23家单位于2023年共同成立中国植物表型网络(China Plant Phenomics Network, CPPN), 进一步推动我国表型组学平台建设与联动、表型组技术联合研发、交叉学科人才培养与交流、和表型组标准制定. 可以预计, 在未来的5~10年, 高通量表型组技术和表型组学科的发展必将促进我国生物育种产业发展, 成为我国作物分子智能设计育种的重要加速器, 结合种质资源、生物技术(biotechnology, BT)、信息技术(information technology, IT)与人工智能(artificial intelligence, AI)推进我国生物育种技术快速迈入智造智能品种的育种“5.0时代”.

参考文献

1 Johannsen W. The genotype conception of heredity. Am Nat, 1911, 45: 129–159
2 Davis B D. The isolation of biochemically deficient mutants of bacteria by means of penicillin. Proc Natl Acad Sci USA, 1949, 35: 1–10
3 Schork N. Genetics of complex disease. Am J Respir Crit Care Med, 1997, 156: S103–S109
4 Houle D, Govindaraju D R, Omholt S. Phenomics: the next challenge. Nat Rev Genet, 2010, 11: 855–866
5 Fiorani F, Schurr U. Future scenarios for plant phenotyping. Annu Rev Plant Biol, 2013, 64: 267–291
6 Yang W, Feng H, Zhang X, et al. Crop phenomics and high-throughput phenotyping: past decades, current challenges, and future perspectives. Mol Plant, 2020, 13: 187–214
7 Awada L, Phillips P W B, Bodan A M. The evolution of plant phenomics: global insights, trends, and collaborations (2000-2021). Front Plant Sci, 2024, 15: 1410738
8 Wei S S, Jiang J J, Liu W J, et al. Decade of crop science: funding, outcomes and future prospects of National Natural Science Foundation of China (in Chinese). Sci Found China, 2022, 36: 972–981 [魏珊珊, 蒋金金, 刘卫娟, 等. 作物学十年: 国家自然科学基金项目资助、成果产出与未来展望. 中国科学基金, 2022, 36: 972–981]
9 Tan J Y, Ker P J, Lau K Y, et al. Applications of photonics in agriculture sector: a review. Molecules, 2019, 24: 2025
10 Jurado J M, López A, Pádua L, et al. Remote sensing image fusion on 3D scenarios: a review of applications for agriculture and forestry. Int J Appl Earth Obser Geoinf, 2022, 112: 102856
11 Mutanga O, Masenyama A, Sibanda M. Spectral saturation in the remote sensing of high-density vegetation traits: a systematic review of progress, challenges, and prospects. ISPRS J Photogramm, 2023, 198: 297–309
12 Chen B J W, Teng S N, Zheng G, et al. Inferring plant-plant interactions using remote sensing. J Ecol, 2022, 110: 2268–2287
13 Gadhwal M, Sharda A, Sangha H S, et al. Spatial corn canopy temperature extraction: how focal length and sUAS flying altitude influence thermal infrared sensing accuracy. Comput Electron Agr, 2023, 209: 107812
14 Virnodkar S S, Pachghare V K, Patil V C, et al. Remote sensing and machine learning for crop water stress determination in various crops: a critical review. Precis Agric, 2020, 21: 1121–1155
15 Yassue R M, Galli G, Borsato Jr. R, et al. A low-cost greenhouse-based high-throughput phenotyping platform for genetic studies: a case study in maize under inoculation with plant growth-promoting bacteria. Plant Phenome J, 2022, 5: e20043
16 Nguyen P, Badenhorst P E, Shi F, et al. Design of an unmanned ground vehicle and LiDAR pipeline for the high-throughput phenotyping of biomass in perennial ryegrass. Remote Sens, 2020, 13: 20
17 Su M, Zhou D, Yun Y, et al. Design and implementation of a high-throughput field phenotyping robot for acquiring multisensor data in wheat. Plant Phenomics, 2025, 7: 100014

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

18 Li Y, Wen W, Fan J, et al. Multi-source data fusion improves time-series phenotype accuracy in maize under a field high-throughput phenotyping platform. Plant Phenomics, 2023, 5: 0043

19 Song P, Wang J, Guo X, et al. High-throughput phenotyping: breaking through the bottleneck in future crop breeding. Crop J, 2021, 9: 633–645

20 Liu Y, Patko D, Engelhardt I, et al. Plant-environment microscopy tracks interactions of *Bacillus subtilis* with plant roots across the entire rhizosphere. Proc Natl Acad Sci USA, 2021, 118: e2109176118

21 Ovečka M, von Wangenheim D, Tomančák P, et al. Multiscale imaging of plant development by light-sheet fluorescence microscopy. Nat Plants, 2018, 4: 639–650

22 Hughes A, Askew K, Scotson C P, et al. Non-destructive, high-content analysis of wheat grain traits using X-ray micro computed tomography. Plant Methods, 2017, 13: 76

23 Wu D, Wu D, Feng H, et al. A deep learning-integrated micro-CT image analysis pipeline for quantifying rice lodging resistance-related traits. Plant Commun, 2021, 2: 100165

24 Pan X, Ma L, Zhang Y, et al. Three-dimensional reconstruction of maize roots and quantitative analysis of metaxylem vessels based on X-ray micro-computed tomography. Can J Plant Sci, 2017, doi: 10.1139/cjps-2017-0179

25 Hu W J, Fu X D, Chen F, et al. A path to next generation of plant phenomics (in Chinese). Chin Buill Bot, 2019, 54: 558–568 [胡伟娟, 傅向东, 陈凡, 等. 新一代植物表型组学的发展之路. 植物学报, 2019, 54: 558–568]

26 Li D, Quan C, Song Z, et al. High-throughput plant phenotyping platform (HT3P) as a novel tool for estimating agronomic traits from the lab to the field. Front Bioeng Biotechnol, 2021, 8: 623705

27 Xu L X, Chen J W, Ding G H, et al. Indoor phenotyping platforms and associated trait measurement: progress and prospects (in Chinese). Smart Agric, 2020, 2: 23–42 [徐凌翔, 陈佳玮, 丁国辉, 等. 室内植物表型平台及性状鉴定研究进展和展望. 智慧农业(中英文), 2020, 2: 23–42]

28 Bruning B, Liu H, Brien C, et al. The development of hyperspectral distribution maps to predict the content and distribution of nitrogen and water in wheat (*Triticum aestivum*). Front Plant Sci, 2019, 10: 1380

29 Li H, Feng H, Guo C, et al. High-throughput phenotyping accelerates the dissection of the dynamic genetic architecture of plant growth and yield improvement in rapeseed. Plant Biotechnol J, 2020, 18: 2345–2353

30 Ma D, Carpenter N, Amatya S, et al. Removal of greenhouse microclimate heterogeneity with conveyor system for indoor phenotyping. Comput Electron Agr, 2019, 166: 104979

31 Smitt C, Halstead M, Zaenker T, et al. PATHoBot: a robot for glasshouse crop phenotyping and intervention. In: IEEE, eds. Proceedings of 2021 IEEE International Conference on Robotics and Automation (ICRA), Xi'an, China, 2021. pp. 2324–2330

32 He Y, Li X Y, Yang G F, et al. Research progress and prospect of indoor high-throughput germplasm phenotyping platforms (in Chinese). Trans Chin Soc Agric Eng, 2022, 38: 127–141 [何勇, 李禧尧, 杨国峰, 等. 室内高通量种质资源表型平台研究进展与展望. 农业工程学报, 2022, 38: 127–141]

33 Pan Y Z, Wei J W, Islam K R A, et al. Design and analysis of a novel modular agricultural robot with its redundant cooperative control strategy (in Chinese). Chin J Mech Eng, 2024, 60: 88–101 [潘宇真, 魏佳炜, Islam K A, 等. 新型模块化农业机器人设计分析与冗余协同控制. 机械工程学报, 2024, 60: 88–101]

34 Song P, Li Z D, Yang M, et al. Current status and prospects of crop phenotyping robots (in Chinese). Trans Chin Soc Agric Mach, 2025, 56: 1–17 [宋鹏, 李正达, 杨蒙, 等. 作物表型机器人研究现状与展望. 农业机械学报, 2025, 56: 1–17]

35 Xiang L, Nolan T M, Bao Y, et al. Robotic assay for drought (RoAD): an automated phenotyping system for brassinosteroid and drought responses. Plant J, 2021, 107: 1837–1853

36 Magalhães S A, Castro L, Moreira G, et al. Evaluating the single-shot MultiBox detector and YOLO deep learning models for the detection of tomatoes in a greenhouse. Sensors, 2021, 21: 3569

37 Lynch J. Root architecture and plant productivity. Plant Physiol, 1995, 109: 7–13

38 Maqbool S, Hassan M A, Xia X, et al. Root system architecture in cereals: progress, challenges and perspective. Plant J, 2022, 110: 23–42

39 Mathieu L, Lobet G, Tocquin P, et al. "Rhizoponics": a novel hydroponic rhizotron for root system analyses on mature *Arabidopsis thaliana* plants. Plant Methods, 2015, 11: 3

40 Falk K G, Jubery T Z, Mirnezami S V, et al. Computer vision and machine learning enabled soybean root phenotyping pipeline. Plant Methods, 2020, 16: 5

41 Nagel K A, Lenz H, Kastenholz B, et al. The platform GrowScreen-Agar enables identification of phenotypic diversity in root and shoot growth

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

traits of agar grown plants. Plant Methods, 2020, 16: 89
42 Selvaraj M G, Montoya-P M E, Atanbori J, et al. A low-cost aeroponic phenotyping system for storage root development: unravelling the below-ground secrets of cassava (*Manihot esculenta*). Plant Methods, 2019, 15: 131
43 Shi J, Xie S, Li W, et al. RPT: an integrated root phenotyping toolbox for segmenting and quantifying root system architecture. Plant Biotechnol J, 2025, 23: 2095–2109
44 Keyes S D, Cooper L, Duncan S, et al. Measurement of micro-scale soil deformation around roots using four-dimensional synchrotron tomography and image correlation. J R Soc Interface, 2017, 14: 20170560
45 Pflugfelder D, Metzner R, van Dusschoten D, et al. Non-invasive imaging of plant roots in different soils using magnetic resonance imaging (MRI). Plant Methods, 2017, 13: 102
46 Streun M, Eguzo C, Gorke H, et al. The data acquisition system of phenoPET. J Inst, 2024, 19: C11015
47 York L M, Slack S, Bennett M J, et al. Wheat shovelomics I: a field phenotyping approach for characterising the structure and function of root systems in tillering species. BioRxiv, 2018, 2018: 280875
48 Song Z H, Qiu W, Jin J. MISIRoot: a robotic minimum invasion *in situ* imaging system for plant root phenotyping. Trans ASABE, 2021, 64: 1647–1658
49 Ruiz-Guzman H, Adams T, Agbona A, et al. Thresholding and continuous wavelet transform (CWT) analysis of Ground Penetrating Radar (GPR) data for estimation of potato biomass. Comput Electron Agr, 2025, 232: 110114
50 Aguilar J J, Moore M, Johnson L, et al. Capturing in-field root system dynamics with RootTracker. Plant Physiol, 2021, 187: 1117–1130
51 Nuixe M, Traoré A S, Blystone S, et al. Circadian variation of root water status in three herbaceous species assessed by portable NMR. Plants, 2021, 10: 782
52 Jin X, Zarco-Tejada P J, Schmidhalter U, et al. High-throughput estimation of crop traits: a review of ground and aerial phenotyping platforms. IEEE Geosci Remote Sens Mag, 2021, 9: 200–231
53 Zhou J, Reynolds D, Cornu T L, et al. CropQuant: an automated and scalable field phenotyping platform for crop monitoring and trait measurements to facilitate breeding and digital agriculture. BioRxiv, 2017, 2017: 161547
54 Kirchgessner N, Liebisch F, Yu K, et al. The ETH field phenotyping platform FIP: a cable-suspended multi-sensor system. Funct Plant Biol, 2017, 44: 154–168
55 Virlet N, Sabermanesh K, Sadeghi-Tehran P, et al. Field Scanalyzer: an automated robotic field phenotyping platform for detailed crop monitoring. Funct Plant Biol, 2017, 44: 143–153
56 Ma H, Wen W, Gou W, et al. Three-dimensional time-series monitoring of maize canopy structure using rail-driven plant phenotyping platform in field. Agriculture, 2024, 15: 6
57 Calera E S, Oliveira G C, Araujo G L, et al. Under-canopy navigation for an agricultural rover based on image data. J Intell Robot Syst, 2023, 108: 29
58 Ampatzidis Y, Partel V. UAV-based high throughput phenotyping in citrus utilizing multispectral imaging and artificial intelligence. Remote Sens, 2019, 11: 410
59 Atefi A, Ge Y, Pitla S, et al. Robotic technologies for high-throughput plant phenotyping: contemporary reviews and future perspectives. Front Plant Sci, 2021, 12: 611940
60 Yang M, Huang C, Li Z, et al. Autonomous navigation method based on RGB-D camera for a crop phenotyping robot. J Field Robotics, 2024, 41: 2663–2675
61 Xu R, Li C. A review of high-throughput field phenotyping systems: focusing on ground robots. Plant Phenomics, 2022, 2022: 9760269
62 Yang W, Zhai R. What can aerial phenotyping do and bring to us (breeders)? New Phytol, 2022, 236: 1229–1231
63 Xie C, Yang C. A review on plant high-throughput phenotyping traits using UAV-based sensors. Comput Electron Agr, 2020, 178: 105731
64 Haghighattalab A, González Pérez L, Mondal S, et al. Application of unmanned aerial systems for high throughput phenotyping of large wheat breeding nurseries. Plant Methods, 2016, 12: 35
65 Sagan V, Maimaitijiang M, Sidike P, et al. UAV-based high resolution thermal imaging for vegetation monitoring, and plant phenotyping using ICI 8640 P, FLIR Vue Pro R 640, and thermoMap cameras. Remote Sens, 2019, 11: 330
66 Andújar D, Moreno H, Bengochea-Guevara J M, et al. Aerial imagery or on-ground detection? An economic analysis for vineyard crops. Comput Electron Agr, 2019, 157: 351–358

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

67 Gracia-Romero A, Kefauver S C, Vergara-Díaz O, et al. Comparative performance of ground *vs*. aerially assessed rgb and multispectral indices for early-growth evaluation of maize performance under phosphorus fertilization. Front Plant Sci, 2017, 8: 2004

68 Holman F, Riche A, Michalski A, et al. High throughput field phenotyping of wheat plant height and growth rate in field plot trials using UAV based remote sensing. Remote Sens, 2016, 8: 1031

69 Volpato L, Pinto F, González-Pérez L, et al. High throughput field phenotyping for plant height using UAV-based RGB imagery in wheat breeding lines: feasibility and validation. Front Plant Sci, 2021, 12: 591587

70 Chivasa W, Mutanga O, Biradar C. UAV-based multispectral phenotyping for disease resistance to accelerate crop improvement under changing climate conditions. Remote Sens, 2020, 12: 2445

71 Gano B, Bhadra S, Vilbig J M, et al. Drone-based imaging sensors, techniques, and applications in plant phenotyping for crop breeding: a comprehensive review. Plant Phenome J, 2024, 7: E20100

72 Wang X, Singh D, Marla S, et al. Field-based high-throughput phenotyping of plant height in sorghum using different sensing technologies. Plant Methods, 2018, 14: 53

73 Fernández-Alonso F J, Hernández Z, Torres-Costa V. A cost-effective portable multiband spectrophotometer for precision agriculture. Agriculture, 2023, 13: 1467

74 Liang X, Xu X, Wang Z, et al. StomataScorer: a portable and high-throughput leaf stomata trait scorer combined with deep learning and an improved CV model. Plant Biotechnol J, 2022, 20: 577–591

75 Liu L, Yu L, Wu D, et al. PocketMaize: an android-smartphone application for maize plant phenotyping. Front Plant Sci, 2021, 12: 770217

76 Liu T, Wang J, Chen J, et al. Detection of the number of wheat stems using multi-view images from smart glasses. Comput Electron Agr, 2025, 235: 110370

77 Wang W, Vinocur B, Altman A. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. Planta, 2003, 218: 1–14

78 Zhu J K. Plant salt tolerance. Trends Plant Sci, 2001, 6: 66–71

79 Munns R, Tester M. Mechanisms of salinity tolerance. Annu Rev Plant Biol, 2008, 59: 651–681

80 Roy S J, Negrão S, Tester M. Salt resistant crop plants. Curr Opin Biotechnol, 2014, 26: 115–124

81 Zhao C, Zhang H, Song C, et al. Mechanisms of plant responses and adaptation to soil salinity. Innovation, 2020, 1: 100017

82 Deinlein U, Stephan A B, Horie T, et al. Plant salt-tolerance mechanisms. Trends Plant Sci, 2014, 19: 371–379

83 Blum A. Plant Breeding for Water-Limited Environments. New York: Springer New York, 2011

84 Fukao T, Xiong L. Genetic mechanisms conferring adaptation to submergence and drought in rice: simple or complex? Curr Opin Plant Biol, 2013, 16: 196–204

85 Bhandari U, Gajurel A, Khadka B, et al. Morpho-physiological and biochemical response of rice (*Oryza sativa* L.) to drought stress: a review. Heliyon, 2023, 9: e13744

86 Kim Y, Chung Y S, Lee E, et al. Root response to drought stress in rice (*Oryza sativa* L.). Int J Mol Sci, 2020, 21: 1513

87 Li J, Li Y, Yin Z, et al. *OsASR5* enhances drought tolerance through a stomatal closure pathway associated with ABA and H_2O_2 signalling in rice. Plant Biotechnol J, 2017, 15: 183–196

88 Uga Y, Sugimoto K, Ogawa S, et al. Control of root system architecture by *DEEPER ROOTING 1* increases rice yield under drought conditions. Nat Genet, 2013, 45: 1097–1102

89 Yu S, Huang A, Li J, et al. *OsNAC45* plays complex roles by mediating POD activity and the expression of development-related genes under various abiotic stresses in rice root. Plant Growth Regul, 2018, 84: 519–531

90 Uga Y, Kitomi Y, Ishikawa S, et al. Genetic improvement for root growth angle to enhance crop production. Breed Sci, 2015, 65: 111–119

91 You J, Zong W, Li X, et al. The SNAC1-targeted gene *OsSRO1c* modulates stomatal closure and oxidative stress tolerance by regulating hydrogen peroxide in rice. J Exp Bot, 2013, 64: 569–583

92 Seo J, Joo J, Kim M, et al. OsbHLH148, a basic helix-loop-helix protein, interacts with OsJAZ proteins in a jasmonate signaling pathway leading to drought tolerance in rice. Plant J, 2011, 65: 907–921

93 Araus J L, Kefauver S C, Zaman-Allah M, et al. Translating high-throughput phenotyping into genetic gain. Trends Plant Sci, 2018, 23: 451–466

94 Tang Z, Chen Z, Gao Y, et al. A strategy for the acquisition and analysis of image-based phenome in rice during the whole growth period. Plant Phenomics, 2023, 5: 0058

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

95 Yang K, Mo J, Luo S, et al. Estimation of rice aboveground biomass by UAV imagery with photosynthetic accumulation models. Plant Phenomics, 2023, 5: 0056
96 Guo Z, Yang W, Chang Y, et al. Genome-wide association studies of image traits reveal genetic architecture of drought resistance in rice. Mol Plant, 2018, 11: 789–805
97 Wu X, Feng H, Wu D, et al. Using high-throughput multiple optical phenotyping to decipher the genetic architecture of maize drought tolerance. Genome Biol, 2021, 22: 185
98 Kundu S, Saini D K, Meena R K, et al. High-throughput phenotyping and AI technologies for deciphering crop resilience to heat stress. Plant Physiol Rep, 2024, 29: 699–715
99 Li A, Zhu L, Xu W, et al. Recent advances in methods for *in situ* root phenotyping. PeerJ, 2022, 10: e13638
100 Shabbir R, Singhal R K, Mishra U N, et al. Combined abiotic stresses: challenges and potential for crop improvement. Agronomy, 2022, 12: 2795
101 Jiang Z, van Zanten M, Sasidharan R. Mechanisms of plant acclimation to multiple abiotic stresses. Commun Biol, 2025, 8: 655
102 Zagorščak M, Abdelhakim L, Rodriguez-Granados N Y, et al. Integration of multi-omics data and deep phenotyping provides insights into responses to single and combined abiotic stress in potato. Plant Physiol, 2025, 197: kiaf126
103 Glazebrook J. Contrasting mechanisms of defense against biotrophic and necrotrophic pathogens. Annu Rev Phytopathol, 2005, 43: 205–227
104 Dangl J L, Horvath D M, Staskawicz B J. Pivoting the plant immune system from dissection to deployment. Science, 2013, 341: 746–751
105 Jones J D G, Dangl J L. The plant immune system. Nature, 2006, 444: 323–329
106 Dodds P N, Rathjen J P. Plant immunity: towards an integrated view of plant-pathogen interactions. Nat Rev Genet, 2010, 11: 539–548
107 Dean R, Van Kan J A L, Pretorius Z A, et al. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. Mol Plant Pathol, 2012, 13: 414–430
108 Xie W, Wang G, Yuan M, et al. Breeding signatures of rice improvement revealed by a genomic variation map from a large germplasm collection. Proc Natl Acad Sci USA, 2015, 112: e5411
109 Kushalappa A C, Gunnaiah R. Metabolo-proteomics to discover plant biotic stress resistance genes. Trends Plant Sci, 2013, 18: 522–531
110 Howe G A, Jander G. Plant immunity to insect herbivores. Annu Rev Plant Biol, 2008, 59: 41–66
111 Erb M, Reymond P. Molecular interactions between plants and insect herbivores. Annu Rev Plant Biol, 2019, 70: 527–557
112 Ma F, Yang X, Shi Z, et al. Novel crosstalk between ethylene- and jasmonic acid-pathway responses to a piercing-sucking insect in rice. New Phytol, 2020, 225: 474–487
113 Goggin F L, Lorence A, Topp C N. Applying high-throughput phenotyping to plant-insect interactions: picturing more resistant crops. Curr Opin Insect Sci, 2015, 9: 69–76
114 Mahlein A K. Plant disease detection by imaging sensors—parallels and specific demands for precision agriculture and plant phenotyping. Plant Dis, 2016, 100: 241–251
115 Mutka A M, Bart R S. Image-based phenotyping of plant disease symptoms. Front Plant Sci, 2015, 5: 734
116 Zhang X, Vinatzer B A, Li S. Hyperspectral imaging analysis for early detection of tomato bacterial leaf spot disease. Sci Rep, 2024, 14: 27666
117 Bilal M, Shah A A, Abbas S, et al. High-performance deep learning for instant pest and disease detection in precision agriculture. Food Sci Nutr, 2025, 13: e70963
118 Xiong B, Li D, Zhang Q, et al. Image detection model construction of *Apolygus lucorum* and *Empoasca* spp. based on improved YOLOv5. Pest Manage Sci, 2024, 80: 2577–2586
119 Gonçalves J P, Pinto F A C, Queiroz D M, et al. Deep learning architectures for semantic segmentation and automatic estimation of severity of foliar symptoms caused by diseases or pests. Biosyst Eng, 2021, 210: 129–142
120 Huang C, Zhang Z, Zhang X, et al. A novel intelligent system for dynamic observation of cotton verticillium wilt. Plant Phenomics, 2023, 5: 0013
121 Kuska M, Wahabzada M, Leucker M, et al. Hyperspectral phenotyping on the microscopic scale: towards automated characterization of plant-pathogen interactions. Plant Methods, 2015, 11: 28
122 Upadhyay A, Chandel N S, Singh K P, et al. Deep learning and computer vision in plant disease detection: a comprehensive review of techniques, models, and trends in precision agriculture. Artif Intell Rev, 2025, 58: 92
123 Wang S, Xu D, Liang H, et al. Advances in deep learning applications for plant disease and pest detection: a review. Remote Sens, 2025, 17: 698
124 Zhou J, Li J, Wang C, et al. Crop disease identification and interpretation method based on multimodal deep learning. Comput Electron Agr,

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

2021, 189: 106408
125 Yao J, Wu Y, Liu J, et al. Multimodal deep learning-based drought monitoring research for winter wheat during critical growth stages. PLoS One, 2024, 19: e0300746
126 Saatkamp A, Cochrane A, Commander L, et al. A research agenda for seed-trait functional ecology. New Phytol, 2019, 221: 1764–1775
127 Niu M, Tian K, Chen Q, et al. A multi-trait GWAS-based genetic association network controlling soybean architecture and seed traits. Front Plant Sci, 2024, 14: 1302359
128 Müller-Linow M, Wilhelm J, Briese C, et al. Plant Screen Mobile: an open-source mobile device app for plant trait analysis. Plant Methods, 2019, 15: 2
129 Elangovan M. Field book-mobile app for plant genetic resources management. Ind Jour Plant Gene Resour, 2019, 32: 36
130 Colmer J, O'Neill C M, Wells R, et al. SeedGerm: a cost-effective phenotyping platform for automated seed imaging and machine-learning based phenotypic analysis of crop seed germination. New Phytol, 2020, 228: 778–793
131 Qin Z, Zhang Z, Hua X, et al. Cereal grain 3D point cloud analysis method for shape extraction and filled/unfilled grain identification based on structured light imaging. Sci Rep, 2022, 12: 3145
132 Wu W, Zhao Y, Wang H, et al. WG-3D: a low-cost platform for high-throughput acquisition of 3D information on wheat grain. Agriculture, 2022, 12: 1861
133 Wu T, Shen P, Dai J, et al. A pathway to assess genetic variation of wheat germplasm by multidimensional traits with digital images. Plant Phenomics, 2023, 5: 0119
134 Zhou Y, Hui Y B, Feng L F, et al. A method for reconstructing the internal morphological structure of wheat kernels upon *Sitophilus zeamais* infestation. J Stored Prod Res, 2020, 88: 101676
135 Zhao H, Wang J L, Liao S J, et al. Study on the micro-phenotype of different types of maize kernels based on micro-CT (in Chinese). Smart Agric, 2021, 3: 16–28 [赵欢, 王璟璐, 廖生进, 等. 基于micro-CT的玉米籽粒显微表型特征研究. 智慧农业(中英文), 2021, 3: 16–28]
136 Zhao S, Huang G, Yang S, et al. Precise 3D geometric phenotyping and phenotype interaction network construction of maize kernels. Front Plant Sci, 2025, 16: 1438594
137 Pasquini C. Near infrared spectroscopy: a mature analytical technique with new perspectives—a review. Anal Chim Acta, 2018, 1026: 8–36
138 Wang C, Liu B, Liu L, et al. A review of deep learning used in the hyperspectral image analysis for agriculture. Artif Intell Rev, 2021, 54: 5205–5253
139 Shi T, Gao Y, Song J, et al. Using VIS-NIR hyperspectral imaging and deep learning for non-destructive high-throughput quantification and visualization of nutrients in wheat grains. Food Chem, 2024, 461: 140651
140 Caporaso N, Whitworth M B, Fisk I D. Protein content prediction in single wheat kernels using hyperspectral imaging. Food Chem, 2018, 240: 32–42
141 Wu T, Dai J, Shen P, et al. Seedscreener: a novel integrated wheat germplasm phenotyping platform based on NIR-feature detection and 3D-reconstruction. Comput Electron Agr, 2023, 215: 108378
142 Wang C T, Wang X Z, Tang Y Y, et al. Predicting main fatty acids, oil and protein content in intact single seeds of groundnut by near infrared reflectance spectroscopy. Adv Mat Res, 2013, 860–863: 490–496
143 Zhang T, Fan S, Xiang Y, et al. Non-destructive analysis of germination percentage, germination energy and simple vigour index on wheat seeds during storage by Vis/NIR and SWIR hyperspectral imaging. Spectrochim Acta Part A, 2020, 239: 118488
144 Simeone M L F, Pimentel M A G, Queiroz V A V, et al. Portable near-infrared (NIR) spectroscopy and multivariate calibration for reliable quality control of maize and sorghum grain chemical composition. J Food Compos Anal, 2024, 134: 106502
145 Wang Y, Tan F. Extraction and classification of origin characteristic peaks from rice Raman spectra by principal component analysis. Vibal Spectr, 2021, 114: 103249
146 Pezzotti G, Zhu W, Chikaguchi H, et al. Raman molecular fingerprints of rice nutritional quality and the concept of Raman barcode. Front Nutr, 2021, 8: 663569
147 Yang G, Wang Q, Liu C, et al. Rapid and visual detection of the main chemical compositions in maize seeds based on Raman hyperspectral imaging. SpectroChim Acta Part A, 2018, 200: 186–194
148 Li J, Chen M, Cheng D, et al. An accurate and effective single-seed moisture selection method based on nuclear magnetic resonance (NMR) in maize. Comput Electron Agr, 2022, 193: 106649

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

149 Melchinger A E, Böhm J, Utz H F, et al. High-throughput precision phenotyping of the oil content of single seeds of various oilseed crops. Crop Sci, 2018, 58: 670–678
150 Leiboff S, DeAllie C K, Scanlon M J. Modeling the morphometric evolution of the maize shoot apical meristem. Front Plant Sci, 2016, 7: 1651
151 Leiboff S, Li X, Hu H C, et al. Genetic control of morphometric diversity in the maize shoot apical meristem. Nat Commun, 2015, 6: 8974
152 Wu D, Guo Z, Ye J, et al. Combining high-throughput micro-CT-RGB phenotyping and genome-wide association study to dissect the genetic architecture of tiller growth in rice. J Exp Bot, 2019, 70: 545–561
153 Wang B, Wu Z, Li Z, et al. Dissection of the genetic architecture of three seed-quality traits and consequences for breeding in *Brassica napus*. Plant Biotechnol J, 2018, 16: 1336–1348
154 Feng H, Li Y, Dai G, et al. Integrative phenomics, metabolomics and genomics analysis provides new insights for deciphering the genetic basis of metabolism in polished rice. Genome Biol, 2025, 26: 55
155 Amitrano C, Junker A, D'Agostino N, et al. Integration of high-throughput phenotyping with anatomical traits of leaves to help understanding lettuce acclimation to a changing environment. Planta, 2022, 256: 89
156 Wang W, Guo W, Le L, et al. Integration of high-throughput phenotyping, GWAS, and predictive models reveals the genetic architecture of plant height in maize. Mol Plant, 2023, 16: 354–373
157 Zhong L, Geng L, Xiang Y, et al. Comparative spatial transcriptomics reveals root dryland adaptation mechanism in rice and *HMGB1* as a key regulator. Mol Plant, 2025, 18: 797–819
158 Li Q, Fan S, Cao J, et al. Mechanisms of the formation of acquired drought tolerance in wheat: insights from combining high-throughput phenotyping and genome-wide association study. J Exp Bot, 2025, 76: 4154–4170
159 Yang W, Guo Z, Huang C, et al. Combining high-throughput phenotyping and genome-wide association studies to reveal natural genetic variation in rice. Nat Commun, 2014, 5: 5087
160 Wang P, Zhou G, Yu H, et al. Fine mapping a major QTL for flag leaf size and yield-related traits in rice. Theor Appl Genet, 2011, 123: 1319–1330
161 Wang Q, Zhao H, Jiang J, et al. Genetic architecture of natural variation in rice nonphotochemical quenching capacity revealed by genome-wide association study. Front Plant Sci, 2017, 8: 1773
162 Arshad K, Wang Y, Han S, et al. GWAS on HTP-enabled dynamic traits unravels novel genetic architecture of salt tolerance in soybean. Plant J, 2025, 122: e70177
163 Atkinson J A, Pound M P, Bennett M J, et al. Uncovering the hidden half of plants using new advances in root phenotyping. Curr Opin Biotechnol, 2019, 55: 1–8
164 Meuwissen T H E, Hayes B J, Goddard M E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics, 2001, 157: 1819–1829
165 Taylor J F. Implementation and accuracy of genomic selection. Aquaculture, 2014, 420-421: S8–S14
166 Rice B R, Lipka A E. Diversifying maize genomic selection models. Mol Breeding, 2021, 41: 33
167 Chen J, Tan C, Zhu M, et al. CropGS-Hub: a comprehensive database of genotype and phenotype resources for genomic prediction in major crops. Nucleic Acids Res, 2024, 52: D1519–D1529
168 Mughal S, Moghul I, Yu J, et al. Pheno4J: a gene to phenotype graph database. Bioinformatics, 2017, 33: 3317–3319
169 Tian D, Wang P, Tang B, et al. GWAS Atlas: a curated resource of genome-wide variant-trait associations in plants and animals. Nucleic Acids Res, 2020, 48: D927–D932
170 Beck T, Shorter T, Brookes A J. GWAS Central: a comprehensive resource for the discovery and comparison of genotype and phenotype data from genome-wide association studies. Nucleic Acids Res, 2019, 48: D933
171 Watanabe K, Guo W, Arai K, et al. High-throughput phenotyping of sorghum plant height using an unmanned aerial vehicle and its application to genomic prediction modeling. Front Plant Sci, 2017, 8: 421
172 Sun J, Poland J A, Mondal S, et al. High-throughput phenotyping platforms enhance genomic selection for wheat grain yield across populations and cycles in early stage. Theor Appl Genet, 2019, 132: 1705–1720
173 Maggiorelli A, Baig N, Prigge V, et al. Using drone-retrieved multispectral data for phenomic selection in potato breeding. Theor Appl Genet, 2024, 137: 70
174 Crain J, Mondal S, Rutkoski J, et al. Combining high-throughput phenotyping and genomic information to increase prediction and selection

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

accuracy in wheat breeding. Plant Genome, 2018, 11: 170043
175 Lane H M, Murray S C, Montesinos-López O A, et al. Phenomic selection and prediction of maize grain yield from near-infrared reflectance spectroscopy of kernels. Plant Phenome J, 2020, 3: e20002
176 Liu J, Guo T T, Yang P Q, et al. Development of automatic nuclear magnetic resonance screening system for haploid kernels in maize. Trans Chin Soc Agric Eng, 2012, 28: 233–236
177 Cui Y, Ge W, Li J, et al. Screening of maize haploid kernels based on near infrared spectroscopy quantitative analysis. Comput Electron Agr, 2019, 158: 358–368
178 Yakoub A, Lloveras J, Biau A, et al. Testing and improving the maize models in DSSAT: development, growth, yield, and N uptake. Field Crops Res, 2017, 212: 95–106
179 Weinman A, Malachy N, Linker R, et al. Assimilation of UAV multispectral imagery into a coupled DSSAT-CROPGRO—SCOPE model for processing tomatoes. Comput Electron Agr, 2025, 236: 110460
180 Zhang L, Wang F, Song H, et al. Effects of projected climate change on winter wheat yield in Henan, China. J Cleaner Prod, 2022, 379: 134734
181 Berghuijs H N C, Silva J V, Reidsma P, et al. Expanding the WOFOST crop model to explore options for sustainable nitrogen management: a study for winter wheat in the Netherlands. Eur J Agron, 2024, 154: 127099
182 Yang Y, Wilson L T, Li T, et al. Integration of genomics with crop modeling for predicting rice days to flowering: a multi-model analysis. Field Crops Res, 2022, 276: 108394
183 Sun T, Liu B, Hasegawa T, et al. Sink-source unbalance leads to abnormal partitioning of biomass and nitrogen in rice under extreme heat stress: an experimental and modeling study. Eur J Agron, 2023, 142: 126678
184 Soufizadeh S, Munaro E, McLean G, et al. Modelling the nitrogen dynamics of maize crops—enhancing the APSIM maize model. Eur J Agron, 2018, 100: 118–131
185 Minoli S, Jägermeyr J, Asseng S, et al. Global crop yields can be lifted by timely adaptation of growing periods to climate change. Nat Commun, 2022, 13: 7079
186 Zhang Y, Yin J, Guo Z, et al. Simulation of soil water balance and crop productivity of long-term continuous maize cropping under high planting density in rainfed agroecosystems. Agric For Meteor, 2022, 312: 108740
187 Luo N, Meng Q, Feng P, et al. China can be self-sufficient in maize production by 2030 with optimal crop management. Nat Commun, 2023, 14: 2637
188 Gong X, Zhang H, Ren C, et al. Optimization allocation of irrigation water resources based on crop water requirement under considering effective precipitation and uncertainty. Agric Water Manage, 2020, 239: 106264
189 Fan Y, He L, Liu Y, et al. Spatiotemporally optimize water-nitrogen management of crop planting in response to carbon emissions mitigation. J Cleaner Prod, 2022, 380: 134974
190 Wu H, Yue Q, Guo P, et al. Improving the AquaCrop model to achieve direct simulation of evapotranspiration under nitrogen stress and joint simulation-optimization of irrigation and fertilizer schedules. Agric Water Manage, 2022, 266: 107599
191 Musanase C, Vodacek A, Hanyurwimfura D, et al. Data-driven analysis and machine learning-based crop and fertilizer recommendation system for revolutionizing farming practices. Agriculture, 2023, 13: 2141
192 Paixão J S, Casaroli D, dos Anjos J C R, et al. Optimizing sugarcane planting windows using a crop simulation model at the state level. Int J Plant Prod, 2021, 15: 303–315
193 Jørgensen L N, Matzen N, Ficke A, et al. Validation of risk models for control of leaf blotch diseases in wheat in the Nordic and Baltic countries. Eur J Plant Pathol, 2020, 157: 599–613
194 Caubel J, Launay M, Ripoche D, et al. Climate change effects on leaf rust of wheat: implementing a coupled crop-disease model in a French regional application. Eur J Agron, 2017, 90: 53–66
195 Yin X, Stam P, Kropff M J, et al. Crop modeling, QTL mapping, and their complementary role in plant breeding. Agronomy J, 2003, 95: 90–98
196 Onogi A, Watanabe M, Mochizuki T, et al. Toward integration of genomic selection with crop modelling: the development of an integrated approach to predicting rice heading dates. Theor Appl Genet, 2016, 129: 805–817
197 Bogard M, Biddulph B, Zheng B, et al. Linking genetic maps and simulation to optimize breeding for wheat flowering time in current and future climates. Crop Sci, 2020, 60: 678–699
198 Jighly A, Thayalakumaran T, O'Leary G J, et al. Using genomic prediction with crop growth models enables the prediction of associated traits in

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292

wheat. J Exp Bot, 2023, 74: 1389–1402
199 Jighly A, Weeks A, Christy B, et al. Integrating biophysical crop growth models and whole genome prediction for their mutual benefit: a case study in wheat phenology. J Exp Bot, 2023, 74: 4415–4426
200 Feng P, Wang B, Liu D L, et al. Incorporating machine learning with biophysical model can improve the evaluation of climate extremes impacts on wheat yield in south-eastern Australia. Agric For Meteor, 2019, 275: 100–113
201 Cheng Z, Gu X, Zhou Z, et al. Enhancing in-season yield forecast accuracy for film-mulched wheat: a hybrid approach coupling crop model and UAV remote-sensing data by ensemble learning technique. Eur J Agron, 2024, 156: 127174
202 Maestrini B, Mimić G, van Oort P A J, et al. Mixing process-based and data-driven approaches in yield prediction. Eur J Agron, 2022, 139: 126569
203 Wang C, Wang X, Jin Z, et al. Occurrence of crop pests and diseases has largely increased in China since 1970. Nat Food, 2022, 3: 57–65
204 Lesk C, Coffel E, Horton R. Net benefits to US soy and maize yields from intensifying hourly rainfall. Nat Clim Chang, 2020, 10: 819–822
205 Li L, Zhang Y, Wang B, et al. Integrating machine learning and environmental variables to constrain uncertainty in crop yield change projections under climate change. Eur J Agronomy, 2023, 149: 126917
206 Li H, Wang C, Wang X, et al. Disposable stainless steel-based electrochemical microsensor for *in vivo* determination of indole-3-acetic acid in soybean seedlings. Biosens Bioelectron, 2019, 126: 193–199

Crop phenomics: progress in the past decade, current challenges, and future perspectives

TANG Yan[2], WANG JiangLin[2], WANG Xi[2], SHAO Yang[2], CHEN YunYu[2], FENG Hui[1,3], SONG Peng[1,2] & YANG WanNeng[1,2*]

[1] *Hubei Hongshan Laboratory, National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China*
[2] *College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China*
[3] *College of Informatics, Huazhong Agricultural University, Wuhan, 430070, China*
* *Corresponding author, E-mail: ywn@mail.hzau.edu.cn*

Plant phenomics is a frontier field at the intersection of life sciences and agricultural sciences, aiming to acquire and analyze multidimensional phenotypic data of crops with high throughput and precision across the entire organism scale, from cells, organs, individual plants, and plots to entire fields. This review systematically summarizes various phenotyping platforms and methods, including fixed and mobile indoor facilities, fixed and mobile field platforms, as well as portable devices, and compares the technical approaches and applicability characteristics of phenotypic information acquisition under different scenarios. On this basis, the article elaborates on the latest applications of high-throughput phenotyping platforms in assessing crop responses to biotic and abiotic stresses and evaluating crop yield, and discusses how these technologies can promote the synergistic development of crop genetics, breeding, and cultivation management. It provides an in-depth analysis of the key scientific questions and technical bottlenecks currently faced in plant phenomics research, and offers perspectives on future research directions and developmental pathways in this field.

crop phenomics, high-throughput phenotyping, agriculture, crop breeding, interdisciplinary research

doi: 10.1360/SSV-2025-0292

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0292