

ПРИЛОЖЕНИЯ

к статье И.В. Розановой, Е.К. Хлесткиной
«NGS-секвенирование в селекционно-генетических исследованиях ячменя»

Приложение 1

Обзор ресурсов ячменя

Наименование ресурса	Провайдер	Ссылка
Ensembl Plants	EBI (European Bioinformatics Institute, UK)	http://plants.ensembl.org
Gramene homepage	EBI/CSH (Cold Spring Harbor Laboratory, UK)	http://www.gramene.org
BARLEX homepage	IPK (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Germany)	http://barlex.barleysequence.org
IPK barley web BLAST	IPK (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Germany)	http://webblast.ipk-gatersleben.de/barley
PlantsDB	PGSB (Plant Genome and Systems Biology; formerly MIPS – Munich Institute for Protein Sequences, Germany)	http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/genomes.jsp
Barley GenomeZipper	PGSB (Plant Genome and Systems Biology unit at the Helmholtz Center Munich, Germany)	http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/barley/gz/download/index.jsp
CrowsNest homepage	PGSB (Plant Genome and Systems Biology unit at the Helmholtz Center Munich, Germany)	http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/crowsNest/
RNASeqExpressionBrowser homepage	PGSB (Plant Genome and Systems Biology unit at the Helmholtz Center Munich, Germany)	http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/RNASeqExpressionBrowser
PGSB Repeat Element Database (REdat) and Catalog (REcat)	PGSB (Plant Genome and Systems Biology unit at the Helmholtz Center Munich, Germany)	http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/recat/index.jsp
GrainGenes Triticeae database	USDA (international database for genetic and genomic information about Triticeae species and oat (<i>Avena sativa</i>) and its wild relatives) was launched by the US Department of Agriculture, US)	https://wheat.pw.usda.gov/GG3/barley_blvd
RNA-Seq data of barley cultivar Morex	JHI (James Hutton Institute, Scotland)	https://ics.hutton.ac.uk/morexGenes/
Epigenome browser for barley	JHI (James Hutton Institute, Scotland)	https://ics.hutton.ac.uk/barley-epigenome/
TCAP homepage	TCAP (Triticeae Coordinated Agricultural Project, USA)	http://triticeaetoolbox.org
International Database for Barley Genes and Barley Genetic Stocks	NordGen (Nordic Genetic Resource Centre, Nordic Institute, Iceland)	http://www.nordgen.org/bgs/index.php?pg=bgs_tables&m=loc

Полученный материал позволил разрабатывать приложения, имеющие широкий спектр применения для изучения функционирования генома ячменя и выполнения селекционных работ. Международный консорциум по секвенированию генома ячменя интегрировал накопленные данные, что позволило сконструировать линейную псевдомолекулу генома. Линейная референсная последовательность генома ячменя представлена в базах Ensembl Plants (<http://plants.ensembl.org>; Kersey et al., 2016) и Gramene (<http://www.gramene.org>; Tello-Ruiz et al., 2016), где помимо данных по секвенированию генома содержатся также различные встроенные приложения для работы с данными. Отдельно была создана инструментальная база данных BARLEX (<http://barlex.barleysequence.org>; Colmsee et al., 2015). С ее помощью можно сопоставлять данные по секвенированию, картированию, информацию об экзоне и т. д. Для поиска нуклеотидных последовательностей по гомологии было создано несколько баз данных со встроенным инструментом BLAST, объединенных сервером IPK Barley BLAST Server (<http://webblast.ipk-gatersleben.de/barley>; Deng et al., 2007). Данные базы включают в себя опубликованные черновые сборки геномов сортов ячменя Morex, Varke и Bowman, а также многочисленные наборы данных специализированного назначения (например, экзомные последовательности, последовательности клонов из ВАС- и кДНК-библиотек).

Для решения задач сравнительной геномики и системной биологии создана база данных PGSB (Plant Genome and Systems Biology; formerly MIPS – Munich Institute for Protein Sequences) (<http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/barley/gz/download/index.jsp>; Spannagl et al., 2016), предназначенная для интеграции и анализа данных.

Как часть PGSB был разработан инструмент CrowsNest (<http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/crowsNest/>; Nussbaumer et al., 2013) для выявления синтении геномов, сравнения локализации районов генома на физической и генетической картах. GrowNest позволяет сравнивать до трех наборов геномных данных (один целевой и два референсных набора данных).

Помимо специфичных для ячменя баз данных, в рамках базы Plant DB, где хранятся данные геномов как модельных растений, так и ряда культур, интегрировано специальное приложение отдельно для представителей трибы Triticeae (пшеница, рожь, ячмень).

Кроме геномных баз данных созданы ресурсы для депонирования и анализа (в первую очередь, для структурирования и визуализации) данных по экспрессии генов. К таким ресурсам относится RNASeqExpressionBrowser (<http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/RNASeqExpressionBrowser/>; Nussbaumer et al., 2014). На сегодняшний день RNASeqExpressionBrowser хранит как общедоступные результаты секвенирования транскриптома (RNASeq), полученные в рамках работы Международного консорциума по секвенированию генома ячменя (International Barley Genome Sequencing Consortium, 2012), так и результаты последующих работ, в частности по изучению генов системного иммунитета (Dey et al., 2014).

Ячмень наряду с пшеницей, рожью и другими представителями трибы Triticeae характеризуется высокой долей фракции повторяющихся последовательностей в геноме, поэтому для изучения его части важное значение имеют специализированные базы данных повторяющихся элементов, такие как Repeat Element Database с инструментами pgsb-REdat и pgsb-REcat (<http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/plant/recat/index.jsp>; Nussbaumer et al., 2013).

База данных GrainGenes (https://wheat.pw.usda.gov/GG3/barley_blvd; Carollo et al., 2005) интегрирует обширные сведения о зерновых злаках, включая не только представителей трибы Triticeae, но и овес. Она охватывает не только данные о нуклеотидных последовательностях и инструменты для поиска по гомологии, но и сведения о локусах (ДНК-маркеры, QTL и др.), генетических и физических картах (и инструментах работы с ними), генетических ресурсах, коллекциях генетических линий, а также ежегодные сборники трудов по каждой культуре.

Список литературы / References

- Carollo V., Matthews D.E., Lazo G.R., Blake T.K., Hummel D.D., Lui N., Hane D.L., Anderson O.D. GrainGenes 2.0. An improved resource for the small-grains community. *Plant Physiol.* 2005;139:643-651. DOI 10.1104/pp.105.064485.
- Colmsee C., Beier S., Himmelbach A., Schmutzer T., Stein N., Scholz U., Mascher M. BARLEX – the barley draft genome explorer. *Mol. Plant.* 2015;8:964-966. DOI 10.1016/j.molp.2015.03.009.
- Deng W., Nickle D.C., Learn G.H., Maust B., Mullins J.I. ViroBLAST: a stand-alone BLAST web server for flexible queries of multiple databases and user's datasets. *Bioinformatics.* 2007;23(17):2334-2336. DOI 10.1093/bioinformatics/btm331.
- Dey S., Wenig M., Langen G., Sharma S., Kugler K.G., Knappe C., Hause B., Bichlmeier M., Babaeizad V., Imani J., Janzik I., Stempf T., Hückelhoven R., Kogel K.H., Mayer K.F.X., Vlot A.C. Bacteria-triggered systemic immunity in barley is associated with WRKY and ethylene responsive factors but not with salicylic acid. *Plant Physiol.* 2014; 166(4):2133-2151. DOI 10.1104/pp.114.249276.
- International Barley Genome Sequencing Consortium; Mayer K.F.X., Waugh R., Brown J.W.S., Schulman A., Langridge P., Platzer M., Fincher G.B., Muehlbauer G.J., Sato K., Close T.J., Wise R.P., Stein N. A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. *Nature.* 2012;491(7426):711-716. DOI 10.1038/nature11543.
- Kersey P.J., Allen J.E., Armean I., Boddu S., Bolt B.J., Carvalho-Silva D., Christensen M., Davis P., Falin L.J., Grabmueller C., Humphrey J., Kerhornou A., Khobova J., Aranganathan N.K., Langridge N., Lowy E., McDowall M.D., Maheswari U., Nuhn M., Ong C.K., Overduin B., Paulini M., Pedro H., Perry E., Spudich G., Tapanari E., Walts B., Williams G., Tello-Ruiz M., Stein J., Wei S., Ware D., Bolser D.M., Howe K.L., Kulesha E., Lawson D., Maslen G., Staines D.M. Ensembl Genomes 2016: more genomes, more complexity. *Nucleic Acids Res.* 2016;44(DI):D574-D580. DOI 10.1093/nar/gkv1209.

- Nussbaumer T., Kugler K.G., Bader K.C., Sharma S., Seidel M., Mayer K.F.X. RNASeqExpressionBrowser – a web interface to browse and visualize high-throughput expression data. *Bioinformatics*. 2014;30(17):2519-2520. DOI 10.1093/bioinformatics/btu334.
- Nussbaumer T., Martis M.M., Roessner S.K., Pfeifer M., Bader K.C., Sharma S., Gundlach H., Spannagl M. MIPS PlantsDB: a database framework for comparative plant genome research. *Nucleic Acids Res.* 2013;41(DI):D1144-D1151. DOI 10.1093/nar/gks1153.
- Spannagl M., Nussbaumer T., Bader K.C., Martis M.M., Seidel M., Kugler K.G., Gundlach H., Mayer K.F.X. PGSB PlantsDB: updates to the database framework for comparative plant genome research. *Nucleic Acids Res.* 2016; 44(DI):D1141-D1147. DOI 10.1093/nar/gkv1130.
- Tello-Ruiz M.K., Stein J., Wei S., Youens-Clark K., Jaiswal P., Ware D. Gramene: a resource for comparative analysis of plants genomes and pathways. *Methods Mol. Biol.* 2016;1374:141-163. DOI 10.1007/978-1-4939-3167-5_7.

Приложение 2

Работы по GWAS, нацеленные на выявление геномных районов ячменя, ассоциированных с экономически важными признаками

Признаки	Литературный источник
Высота растения, длина колоса, количество зерен в колосе, масса 1000 зерен, количество продуктивных побегов	Cockram et al., 2010; Haseneyer et al., 2010; Pasam et al., 2012; Rode et al., 2012; Varshney et al., 2012; Berger et al., 2013; Houston et al., 2013; Locatelli et al., 2013; Alqudah et al., 2014, 2016, 2018; Pauli et al., 2014; Gawenda et al., 2015; Maurer et al., 2016; Tavakol et al., 2016; Bellucci et al., 2017; Neumann et al., 2017; Thirulogachandar et al., 2017; Genievsкая et al., 2018; Hu et al., 2018; Sharma et al., 2018
Изменения по составу и размеру зерна (площадь зерна, длина и ширина зерна), количество зерен на колос	Cuesta-Marcos et al., 2010; Pasam et al., 2012; Muñoz-Amatriaín et al., 2014; Sharma et al., 2018; Xu et al., 2018
Чувствительность к яровизации	Chutimanitsakun et al., 2013
Устойчивость к болезням и вредителям	Massman et al., 2011; Berger et al., 2013; Gutiérrez et al., 2015; Tamang et al., 2015; Turuspekov et al., 2016; Bellucci et al., 2017; Bengtsson et al., 2017; Burlakoti et al., 2017; Bykova et al., 2017; Richards et al., 2017; Wang et al., 2017; Amezrou et al., 2018; Bedawy et al., 2018; Gyawali et al., 2018; Thabet et al., 2018; Aghnoum et al., 2019; Daba et al., 2019; Rozanova et al., 2019
Устойчивость к факторам абиотического стресса	Varshney et al., 2012; Chutimanitsakun et al., 2013; Visioni et al., 2013; Tondelli et al., 2014; Gawenda et al., 2015; Neumann et al., 2015; Wehner et al., 2015, 2016; Abou-Elwafa, 2016; Fan et al., 2016; Leplat et al., 2016; Saade et al., 2016; Tavakol et al., 2016; Templer et al., 2017; Hazzouri et al., 2018; Jabbari et al., 2018; Merchuk-Ovnat et al., 2018; Thabet et al., 2018; Göransson et al., 2019; Pham et al., 2019; Rapacz et al., 2019; Schuy et al., 2019; Zhang et al., 2019
Свойства крахмала	Shu, Rasmussen, 2014; Fan et al., 2017
Содержание β-глюкана	Houston et al., 2013; Belcher et al., 2015
Содержание микроэлементов	Mamo et al., 2014; Gyawali et al., 2017
Влияние повышенного содержания CO ₂ в атмосфере	Ingvordsen et al., 2015
Содержание белка в зерне	Cai et al., 2013; Wabila et al., 2019
Корневая система ячменя, влияние на качество зерна	Jia et al., 2019

Список литературы / References

- Abou-Elwafa S.F. Association mapping for yield and yield-contributing traits in barley under drought conditions with genome-based SSR markers. *C. R. Biol.* 2016;339(5-6):153-162.
- Aghnoum R., Bvindi C., Menet G., D'hoop B., Maciel J.L.N., Niks R.E. Host/nonhost status and genetics of resistance in barley against three pathotypes of *Magnaporthe blast* fungi. *Euphytica*. 2019;215(7):1-19. DOI 10.1007/s10681-019-2436-z.
- Alqudah A.M., Koppolu R., Wolde G.M., Graner A., Schnurbusch T. The genetic architecture of barley plant stature. *Front. Genet.* 2016;7:117. DOI 10.3389/fgene.2016.00117.
- Alqudah A.M., Sharma R., Pasam R.K., Graner A., Kilian B., Schnurbusch T. Genetic dissection of photoperiod response based on GWAS of pre-anthesis phase duration in spring barley. *PLoS One*. 2014;9(11):e113120. DOI 10.1371/journal.pone.0113120.
- Alqudah A.M., Youssef H.M., Graner A., Schnurbusch T. Natural variation and genetic make-up of leaf blade area in spring barley. *Theor. Appl. Genet.* 2018;131(4):873-886. DOI 10.1007/s00122-018-3053-2.
- Amezrou R., Pal R., Verma S., Chao S., Brueggeman R.S. Genome-wide association studies of net form of net blotch resistance at seedling and adult plant stages in spring barley collection. *Mol. Breeding*. 2018;38:58.
- Bedawy I.M.A., Dehne H.W., Léon J., Naz A.A. Mining the global diversity of barley for *Fusarium* resistance using leaf and spike inoculations. *Euphytica*. 2018;214(1):18.
- Belcher A.R., Graebner R.C., Cuesta-Marcos A., Fisk S., Filichkin T., Smith K.P., Blake V.C., Hayes P.M. Registration of the TCAP FAC-WIN6 barley panel for genomewide association studies. *J. Plant Regist.* 2015;9(3):411-418. DOI 10.3198/jpr2014.12.0083crmp.

- Bellucci A., Tondelli A., Fangel J.U., Torp A.M., Xu X., Willats W.G.T., Flavell A., Cattivelli L., Rasmussen S.K. Genome-wide association mapping in winter barley for grain yield and culm cell wall polymer content using the high-throughput CoMPP technique. *PLoS One*. 2017;12(3):e0173313. DOI 10.1371/journal.pone.0173313.
- Bengtsson T., Åhman I., Manninen O., Reitan L., Christerson T., Jensen J.D., Krusell L., Jahoor A., Orabi J. A novel QTL for powdery mildew resistance in nordic spring Barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) revealed by genome-wide association study. *Front. Plant Sci.* 2017;8:1954.
- Berger G.L., Liu S., Hall M.D., Brooks W.S., Chao S., Muehlbauer G.J., Baik B.K., Steffenson B., Griffey C.A. Marker-trait associations in Virginia Tech winter barley identified using genome-wide mapping. *Theor. Appl. Genet.* 2013;126(3):693-710. DOI 10.1007/s00122-012-2011-7.
- Burlakoti R.R., Gyawali S., Chao S., Smith K.P., Horsley R.D., Cooper B., Muehlbauer G.J., Neate S.M. Genome-wide association study of spot form of net blotch resistance in the Upper Midwest barley breeding programs. *Phytopathology*. 2017;107(1):100-108.
- Bykova I.V., Lashina N.M., Efimov V.M., Afanasenko O.S., Khlestkina E.K. Identification of 50 K Illumina-chip SNPs associated with resistance to spot blotch in barley. *BMC Plant Biol.* 2017;17(2):250.
- Cai S., Yu G., Chen X., Huang Y., Jiang X., Zhang G., Jin X. Grain protein content variation and its association analysis in barley. *BMC Plant Biol.* 2013;13(1):35. DOI 10.1186/1471-2229-13-35.
- Chutimanitsakun Y., Cuesta-Marcos A., Chao S., Corey A., Filichkin T., Fisk S., Kolding M., Meints B., Ong Y.L., Rey J.I., Ross A.S., Hayes P.M. Application of marker-assisted selection and genome-wide association scanning to the development of winter food barley germplasm resources. *Plant Breed.* 2013;132(6):563-570. DOI 10.1111/pbr.12086.
- Cockram J., White J., Zuluaga D.L., Smith D., Comadran J., Macaulay M., Luo Z., Kearsey M.J., Werner P., Harrap D., Tapsell C., Liu H., Hedley P.E., Stein N., Schulte D., Steuernagel B., Marshall D.F., Thomas W.T.B., Ramsay L., Mackay I., Balding D.J., The AGOUEB Consortium, Waugh R., O'Sullivan D.M. Genome-wide association mapping to candidate polymorphism resolution in the unsequenced barley genome. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2010;107(50):21611-21616. DOI 10.1073/pnas.1010179107.
- Cuesta-Marcos A., Szűcs P., Close T.J., Filichkin T., Muehlbauer G.J., Smith K.P., Hayes P.M. Genome-wide SNPs and re-sequencing of growth habit and inflorescence genes in barley: implications for association mapping in germplasm arrays varying in size and structure. *BMC Genomics*. 2010;11(1):707. DOI 10.1186/1471-2164-11-707.
- Daba S.D., Horsley R., Brueggeman R., Chao S., Mohammadi M. Genome-wide association studies and candidate gene identification for leaf scald and net blotch in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Dis.* 2019;103(5):880-889. DOI 10.1094/PDIS-07-18-1190-RE.
- Fan C., Zhai H., Wang H., Yue Y., Zhang M., Li J., Wen S., Guo G., Zeng Y., Ni Z., You M. Identification of QTLs controlling grain protein concentration using a high-density SNP and SSR linkage map in barley (*Hordeum vulgare* L.). *BMC Plant Biol.* 2017;17(1):122.
- Fan Y., Zhou G., Shabala S., Chen Z., Cai S., Li C., Zhou M. Genome-wide association study reveals a new QTL for salinity tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Front. Plant Sci.* 2016;7:946.
- Gawenda I., Thorwarth P., Günther T., Ordon F., Schmid K.J. Genome-wide association studies in elite varieties of German winter barley using single-marker and haplotype-based methods. *Plant Breed.* 2015;134(1):28-39. DOI 10.1111/pbr.12237.
- Genievskaya Y., Almerikova S., Sariev B., Chudinov V., Tokhetova L., Sereda G., Ortaev A., Tsygankov V., Blake T., Chao S., Sato K., Abugalieva S., Turuspekov Y. Marker-trait associations in two-rowed spring barley accessions from Kazakhstan and the USA. *PLoS One*. 2018;13(10):e0205421. DOI 10.1371/journal.pone.0205421.
- Göransson M., Hallsson J.H., Lillemo M., Orabi J., Backes G., Jahoor A., Hermannsson J., Christerson T., Tuvešson S., Gertsson B., Reitan L., Alsheikh M., Aikasalo R., Isolahti M., Veteläinen M., Jalli M., Krusell L., Hjortshøj R.L., Eriksen B., Bengtsson T. Identification of ideal allele combinations for the adaptation of spring barley to Northern latitudes. *Front. Plant Sci.* 2019;10:1-13. DOI 10.3389/fpls.2019.00542.
- Gutiérrez L., Germán S., Pereyra S., Hayes P.M., Pérez C.A., Capettini F., Locatelli A., Berberian N.M., Falconi E.E., Estrada R., Fros D., Gonza V., Altamirano H., Huerta-Espino J., Neyra E., Orjeda G., Sandoval-Islas S., Singh R., Turkington K., Castro A.J. Multi-environment multi-QTL association mapping identifies disease resistance QTLs in barley germplasm from Latin America. *Theor. Appl. Genet.* 2015;128(3):501-516.
- Gyawali S., Chao S., Vaish S.S., Singh S.P., Rehman S., Vishwakarma S.R., Verma R.P.S. Genome wide association studies (GWAS) of spot blotch resistance at the seedling and the adult plant stages in a collection of spring barley. *Mol. Breeding*. 2018;38(5):62.
- Gyawali S., Otte M.L., Chao S., Jilal A., Jacob D.L., Amezrou R., Verma R.P.S. Genome wide association studies (GWAS) of element contents in grain with a special focus on zinc and iron in a world collection of barley (*Hordeum vulgare* L.). *J. Cereal Sci.* 2017;77:266-274.
- Haseneyer G., Stracke S., Piepho H.P., Sauer S., Geiger H.H., Graner A. DNA polymorphisms and haplotype patterns of transcription factors involved in barley endosperm development are associated with key agronomic traits. *BMC Plant Biol.* 2010;10(1):5. DOI 10.1186/1471-2229-10-5.

- Hazzouri K.M., Khraiwesh B., Amiri K.M.A., Pauli D., Blake T., Shahid M., Mullath S.K., Nelson D., Mansour A.L., Salehi-Ashtiani K., Purugganan M., Masmoudi K. Mapping of HKT1;5 gene in barley using GWAS approach and its implication in salt tolerance mechanism. *Front. Plant Sci.* 2018;9:156.
- Houston K., McKim S.M., Comadran J., Bonar N., Druka I., Uzrek N., Cirillo E., Guzy-Wrobelska J., Collins N.C., Halpin C., Hansson M., Dockter C., Druka A., Waugh R. Variation in the interaction between alleles of *HvAPETALA2* and microRNA172 determines the density of grains on the barley inflorescence. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013;8(41):16675-16680. DOI 10.1073/pnas.1311681110.
- Hu X., Zuo J., Wang J., Liu L., Sun G., Li C., Ren X., Sun D. Multi-locus genome-wide association studies for 14 main agronomic traits in barley. *Front. Plant Sci.* 2018;9:1683. DOI 10.3389/fpls.2018.01683.
- Ingvordsen C.H., Backes G., Lyngkjær M.F., Peltonen-Sainio P., Jahoor A., Mikkelsen T.N., Jørgensen R.B. Genome-wide association study of production and stability traits in barley cultivated under future climate scenarios. *Mol. Breeding.* 2015;35(3):283.
- Jabbari M., Fakheri B.A., Aghnoum R., Nezhad N.M., Ataei R. GWAS analysis in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) for morphological traits exposed to drought. *PLoS One.* 2018;13(9):e0204952.
- Jia Z., Liu Y., Gruber B.D., Neumann K., Kilian B., Graner A., von Wirén N. Genetic dissection of root system architectural traits in spring barley. *Front. Plant Sci.* 2019;10. DOI 10.3389/fpls.2019.00400.
- Leplat F., Pedas P.R., Rasmussen S.K., Husted S. Identification of manganese efficiency candidate genes in winter barley (*Hordeum vulgare*) using genome wide association mapping. *BMC Genomics.* 2016;17(1):775.
- Locatelli A., Cuesta-Marcos A., Gutiérrez L., Hayes P.M., Smith K.P., Castro A.J. Genome-wide association mapping of agronomic traits in relevant barley germplasm in Uruguay. *Mol. Breeding.* 2013;31(3):631-654. DOI 1007/s11032-012-9820-x.
- Mamo B.E., Barber B.L., Steffenson B.J. Genome-wide association mapping of zinc and iron concentration in barley landraces from Ethiopia and Eritrea. *J. Cereal Sci.* 2014;60(3):497-506.
- Massman J., Cooper B., Horsley R., Neate S., Dill-Macky R., Chao S., Dong Y., Schwarz P., Muehlbauer G.J., Smith K.P. Genome-wide association mapping of *Fusarium* head blight resistance in contemporary barley breeding germplasm. *Mol. Breeding.* 2011;27(4):439-454.
- Maurer A., Draba V., Pillen K. Genomic dissection of plant development and its impact on thousand grain weight in barley through nested association mapping. *J. Exp. Bot.* 2016;67(8):2507-2518. DOI 1093/jxb/erw070.
- Merchuk-Ovnat L., Silberman R., Laiba E., Maurer A., Pillen K., Faigenboim A., Fridman E. Genome scan identifies flowering-independent effects of barley HsDry2.2 locus on yield traits under water deficit. *J. Exp. Bot.* 2018;69(7):1765-1779.
- Muñoz-Amatriaín M., Cuesta-Marcos A., Endelman J.B., Comadran J., Bonman J.M., Bockelman H.E., Chao S., Russell J., Waugh R., Hayes P.M., Muehlbauer G.J. The USDA barley core collection: genetic diversity, population structure, and potential for genome-wide association studies. *PLoS One.* 2014;9(4):1-13. DOI 10.1371/journal.pone.0094688.
- Neumann K., Klukas C., Friedel S., Rischbeck P., Chen D., Entzian A., Stein N., Graner A., Kilian B. Dissecting spatio-temporal biomass accumulation in barley under different water regimes using high-throughput image analysis. *Plant Cell Environ.* 2015;38(10):1980-1996.
- Neumann K., Zhao Y., Chu J., Keilwagen J., Reif J.C., Kilian B., Graner A. Genetic architecture and temporal patterns of biomass accumulation in spring barley revealed by image analysis. *BMC Plant Biol.* 2017;17(1):137. DOI 10.1186/s12870-017-1085-4.
- Pasam R.K., Sharma R., Malosetti M., van Eeuwijk F.A., Haseneyer G., Kilian B., Graner A. Genome-wide association studies for agronomical traits in a world wide spring barley collection. *BMC Plant Biol.* 2012;12(1):16. DOI 10.1186/1471-2229-12-16.
- Pauli D., Muehlbauer G.J., Smith K.P., Cooper B., Hole D., Obert D.E., Ullrich S.E., Blake T.K. Association mapping of agronomic QTLs in US spring barley breeding germplasm. *Plant Genome.* 2014;7(3):1-15. DOI 10.3835/plantgenome2013.11.0037.
- Pham A., Maurer A., Pillen K., Brien C., Dowling K., Berger B., Eglinton J., March T. Genome-wide association of barley plant growth under drought stress using a nested association mapping population. *BMC Plant Biol.* 2019;19(1):134.
- Rapacz M., Wójcik-Jagła M., Fiust A., Kalaji H.M., Kościelniak J. Genome-wide associations of chlorophyll fluorescence OJIP transient parameters connected with soil drought response in barley. *Front. Plant Sci.* 2019;10:78.
- Richards J.K., Friesen T.L., Brueggeman R.S. Association mapping utilizing diverse barley lines reveals net form net blotch seedling resistance/susceptibility loci. *Theor. Appl. Genet.* 2017;130(5):915-927.
- Rode J., Ahlemeyer J., Friedt W., Ordon F. Identification of marker-trait associations in the German winter barley breeding gene pool (*Hordeum vulgare* L.). *Mol. Breeding.* 2012;30(2):831-843. DOI 10.1007/s11032-011-9667-6.
- Rozanova I.V., Lashina N.M., Mustafin Z.S., Gorobets S.A., Efimov V.M., Afanasenko O.S., Khlestkina E.K. SNPs associated with barley resistance to isolates of *Pyrenophora teres* f. *teres*. *BMC Genomics.* 2019;20(Suppl. 3):292. DOI 10.1186/s12864-019-5623-3.

- Saade S., Maurer A., Shahid M., Oakey H., Schmöckel S.M., Negrão S., Pillen K., Tester M. Yield-related salinity tolerance traits identified in a nested association mapping (NAM) population of wild barley. *Sci. Rep.* 2016;6(1):32586.
- Schuy C., Groth J., Ammon A., Eydam J., Baier S., Schweizer G., Hanemann A., Herz M., Voll L.M., Sonnewald U. Deciphering the genetic basis for vitamin e accumulation in leaves and grains of different barley accessions. *Sci. Rep.* 2019;9(1):1-17. DOI 10.1038/s41598-019-45572-7.
- Sharma R., Draicchio F., Bull H., Herzig P., Maurer A., Pillen K., Thomas W.T.B., Flavell A.J. Genome-wide association of yield traits in a nested association mapping population of barley reveals new gene diversity for future breeding. *J. Exp. Bot.* 2018;69(16):3811-3822. DOI 10.1093/jxb/ery178.
- Shu X., Rasmussen K. Quantification of amylose, amylopectin, and β -glucan in search for genes controlling the three major quality traits in barley by genome-wide association studies. *Front. Plant Sci.* 2014;5:197.
- Tamang P., Neupane A., Mamidi S., Friesen T., Brueggeman R. Association mapping of seedling resistance to spot form net blotch in a worldwide collection of barley. *Phytopathology.* 2015;105(4):500-508.
- Tavakol E., Elbadry N., Tondelli A., Cattivelli L., Rossini L. Genetic dissection of heading date and yield under Mediterranean dry climate in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Euphytica.* 2016;212(2):343-353. DOI 10.1007/s10681-016-1785-0.
- Templer S.E., Ammon A., Pscheidt D., Ciobotea O., Schuy C., McCollum C., Sonnewald U., Hanemann A., Förster J., Ordon F., von Korff M., Voll L.M. Metabolite profiling of barley flag leaves under drought and combined heat and drought stress reveals metabolic QTLs for metabolites associated with antioxidant defense. *J. Exp. Bot.* 2017;68(7):1697-1713.
- Thabet S.G., Moursi Y.S., Karam M.A., Graner A., Alqudah A.M. Genetic basis of drought tolerance during seed germination in barley. *PLoS One.* 2018;13(11):e0206682.
- Thirulogachandar V., Alqudah A.M., Koppolu R., Rutten T., Graner A., Hensel G., Kumlehn J., Bräutigam A., Sreenivasulu N., Schnurbusch T., Kuhlmann M. Leaf primordium size specifies leaf width and vein number among row-type classes in barley. *Plant J.* 2017;91(4):601-612. DOI 10.1111/tpj.13590.
- Tondelli A., Pagani D., Ghafoori I.N., Rahimi M., Ataei R., Rizza F., Flavell A.J., Cattivelli L. Allelic variation at *Fr-H1/Vrn-H1* and *Fr-H2* loci is the main determinant of frost tolerance in spring barley. *Environ. Exp. Bot.* 2014;106:148-155.
- Turuspekov Y., Ormanbekova D., Rsaliev A., Abugalieva S. Genome-wide association study on stem rust resistance in Kazakh spring barley lines. *BMC Plant Biol.* 2016;16(S1):6.
- Varshney R.K., Paulo M.J., Grando S., van Eeuwijk F.A., Keizer L.C.P., Guo P., Ceccarelli S., Kilian A., Baum M., Graner A. Genome wide association analyses for drought tolerance related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Field Crops Res.* 2012;126:171-180. DOI 10.1016/J.FCR.2011.10.008.
- Visioni A., Tondelli A., Francia E., Pswaraya A., Malosetti M., Russell J., Thomas W., Waugh R., Pecchioni N., Romagosa I., Comadran J. Genome-wide association mapping of frost tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.). *BMC Genomics.* 2013;14(1):424.
- Wabila C., Neumann K., Kilian B., Radchuk V., Graner A. A tiered approach to genome-wide association analysis for the adherence of hulls to the caryopsis of barley seeds reveals footprints of selection. *BMC Plant Biol.* 2019;19(1):1-12. DOI 10.1186/s12870-019-1694-1.
- Wang R., Leng Y., Ali S., Wang M., Zhong S. Genome-wide association mapping of spot blotch resistance to three different pathotypes of *Cochliobolus sativus* in the USDA barley core collection. *Mol. Breeding.* 2017;37(4):44.
- Wehner G., Balko C., Enders M.M., Humbeck K., Ordon F. Identification of genomic regions involved in tolerance to drought stress and drought stress induced leaf senescence in juvenile barley. *BMC Plant Biol.* 2015;15(1):125.
- Wehner G., Balko C., Humbeck K., Zyprian E., Ordon F. Expression profiling of genes involved in drought stress and leaf senescence in juvenile barley. *BMC Plant Biol.* 2016;16(1):3.
- Xu X., Sharma R., Tondelli A., Russell J., Comadran J., Schnaithmann F., Pillen K., Kilian B., Cattivelli L., Thomas W.T.B., Flavell A.J. Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a pan-European barley cultivar collection. *Plant Genome.* 2018;11(1). DOI 10.3835/plantgenome2017.08.0073.
- Zhang M., Fu M., Qiu C., Cao F., Chen Z., Zhang G., Wu F. Response of Tibetan wild barley genotypes to drought stress and identification of quantitative trait loci by genome-wide association analysis. *Int. J. Mol. Sci.* 2019;20(3):791.