

Вадим Демидчик,
главный научный сотрудник
лаборатории роста и
развития растений Института
экспериментальной ботаники
им. В.Ф. Купревича НАН Беларуси,
член-корреспондент

Мargarита Мыслейко,
магистрант Института
экспериментальной ботаники
им. В.Ф. Купревича
НАН Беларуси

Владислав Бондаренко,
старший преподаватель
кафедры клеточной биологии
и биоинженерии растений
биологического факультета
Белорусского государственного
университета

Максим Патрин,
научный сотрудник кафедры
биофизики биологического
факультета Московского
государственного университета
им. М.В. Ломоносова

Вероника Артишевская,
соискатель кафедры клеточной
биологии и биоинженерии
растений биологического
факультета БГУ

Дмитрий Афонников,
заместитель директора
по научной работе Федерального
исследовательского центра
«Институт цитологии и генетики»
Сибирского отделения
Российской академии наук

Мария Черныш,
заведующая учебной
лабораторией биоинженерии
растений и ландшафтного
дизайна, кафедры клеточной
биологии и биоинженерии
растений биологического
факультета БГУ

Феномика растений

Феномика растений – новая область омиксных знаний, изучающая характеристики фенотипа растений в связи с их физиологическими реакциями, экспрессией генов, активностью белков и присутствием ансамблей метаболитов. Феномика широко задействует неинвазивные методы измерения, такие как RGB-, гиперспектральные и термальные (тепловизионные) камеры, системы на основе LIDAR, 3D-сканеры, дроны, робототехнику (феноботы) и др. Получаемые в феномике массивы информации о фенотипе выходят за пределы человеческого зрения, позволяя увеличить количество признаков для селекции новых сортов и анализа их физиологического статуса, что исключительно важно для будущего развития биологии растений, растениеводства и биотехнологии. В феномике широко применяются сверточные нейронные сети, позволяющие углубить понимание фенотипов и установить корреляции между ними и другими характеристиками организма. Феномные платформы по аналогии с системами генотипирования обеспечивают сбор, обработку и анализ данных. Феномика в комбинации с геномикой, протеомикой и метаболомикой формирует новейший мультиомиксный подход для анализа растений, который в перспективе будет иметь огромное значение для развития биотехнологии и сельского хозяйства.



Феномика растений как новый раздел биологии и составная часть мультиомиксного анализа живых систем

Современное сельское хозяйство требует более эффективных подходов к селекции и разработке новых агротехнологий, в первую очередь базирующихся на достижениях молекулярной, клеточной и системной биологии, а также на методах искусственного интеллекта, гиперспектрального анализа и робототехники. Разнообразные вопросы экологии, лесного хозяйства, биоразнообразия и зеленой среды обитания также нуждаются в абсолютно новых решениях для неинвазивного анализа отдельных растений и мониторинга популяций.

В последние годы ввиду так называемой «зеленой», или «биологической», революции исследования живых систем достигли значительного прогресса (36% всех научных публикаций, согласно Google Scholar, на 30.07.2025 г.) и совместно с бурно развивающейся информатикой дали начало совершенно новым цифровым подходам в современной биологии, известным как омики или омиксные науки (Omic(s) Sciences) [1]. Глубокой цифровизации подверглись такие разделы, как генетика и молекулярная биология, что связано с расшифровкой геномов (в 1970–1980-х гг. – вирусов и бактерий, а в начале 2000-х – человека и высших растений). В дальнейшем цифровая трансформация «пришла» в физиологию и биохимию, оформив такие дисциплины, как метаболомика и протеомика (1990-е гг.), которые выделились в относительно самостоятельные области биологии (DOI: 10.3390/ijms242316913.). Общим для геномики, метаболомики и протеомики и еще около 200 других омиксных направлений является цифровизация результатов анализа, позволяющая оперировать огромными массивами информации о динамическом разнообразии генов, транскриптов, пептидов, углеводов, липидов и других органических молекул, а в последние годы и фенотипов. Начиная с 1990-х гг. омики дали ответы на многие важнейшие вопросы фундаментальной и прикладной биологии: от расшифровки геномов и прорыва в понимании эволюции живых существ до лечения генетических заболеваний и цифровизации сельского хозяйства. Согласно профессиональным оценкам, они стали флагманским направлением современной науки в целом [2].

Феномика – одна из наиболее активно развивающихся омиксных дисциплин, сводящая к цифровому формату в виде массивов данных и статистически достоверным закономерностям информацию

о морфолого-анатомических и физиологических характеристиках живых систем в стационарных условиях и в процессе их жизнедеятельности либо при ответе на биотические и абиотические воздействия [3]. Это направление вобрало в себя достижения морфологии, анатомии, физиологии и биохимии, подходя к накоплению и анализу данных с помощью цифровых технологий и многочисленных неинвазивных сенсоров, активно внедряя в том числе и подходы на основе искусственного интеллекта, такие как сверточные нейронные сети. Как интегрирующая постгеномная наука феномика совместно с геномикой, протеомикой и метаболомикой формирует так называемый мультиомиксный подход к исследованию биологических систем [3]. Он подразумевает нахождение фундаментальных и практически значимых взаимосвязей между геномом, транскриптомом, метаболомом, протеомом и феномом организма. По ряду оценок, данный подход вскоре станет преобладать в биологии, а также будет иметь исключительно важное значение для развития многих направлений биотехнологии, медицины и сельского хозяйства [4].

Феномика дополняет классический морфолого-анатомический, молекулярный и физиолого-биохимический анализ статистически значимым цифровым материалом о фенотипах на всех уровнях организации жизни. Регистрация и анализ полученных данных называется фенотипированием (Phenotyping), а так как используются при этом в основном цифровые методы, в последние годы активно применяется термин «цифровое фенотипирование» (Digital phenotyping). Для рутинного цифрового анализа в феномике внедряется автоматизация как самого анализа, так и последующей компьютерной обработки данных с большими статистическими выборками – так называемое высокопроизводительное фенотипирование (High-throughput Phenotyping). Если в работах по геномике, протеомике и метаболомике часто применяются небольшие выборки ввиду высокой цены эксперимента (часто максимум до 10 образцов/повторов), то в феномике обычно их анализируется как минимум сотни или тысячи. Феномные опыты лишены проблемы предвзятого отношения исследователей или персонала, производящего измерения, что имеет огромное значение для эффективной селекции качественных сортов. Возможности феномных сенсоров намного шире способностей человеческого зрения (табл. 1), они вовлекают измерения от ультрафиолетовой до дальней красной части спектра (и шире), термальный

Параметры Методы	Тип камеры или сенсора	Первичная информация	Первичная информация	Тестируемые физиологические характеристики	Масштабность
Получение RGB-изображений и видео в видимой области электромагнитного спектра (RGB imaging, Greyscale Imaging)	RGB-камера или Greyscale-камера (диапазон чувствительности ~380–720 нм)	Цифровая фотография или видео растения или его частей, включая микроскопию	Выделение форм, текстур, сегментация интенсивности RGB-каналов, создание нейронных сетей	Морфология, размеры и архитектура, RGB-индексы, скорость роста, прорастания, цветения, плодоношения, отмирания растений и т.д.	Лаборатория, теплица, поле, естественные природные условия
Флуоресцентная съемка (Fluorescent imaging)	Флуоресцентная оптика и чувствительная камера, РАМ-флуориметр	Изображение листа, всего побега или его участков, других фотосинтезирующих или пигмент-содержащих органов	Пиксельная карта флуоресценции, интенсивность светового потока в области флуоресценции хлорофилла	Фотосинтетический статус, квантовый выход, физиологическое состояние листа, архитектура побега, их динамика	Полевые, лабораторные (контролируемые)
Термальная съемка	Камера, чувствительная к инфракрасной области спектра (8–14 мкм; разрешение до 0,01 К)	Пиксельная карта температуры поверхности в инфракрасном спектре	Изображения листьев или побегов, делянок, полей (дроны, вышки, рельсовые системы), динамика изменения температуры	Температура поверхности листа, наличие и степень инвазии насекомых, поражения абиотическими стрессорами	Лабораторные (контролируемые), полевые
Гиперспектральная съемка (в упрощенной форме – мультиспектральная)	Камеры для спектральной съемки с шириной канала до 0,02 нм и покрытием до микрометрового диапазона, наборы светофильтров для мультиспектральной съемки	Непрерывный или дискретный спектр	Изображения листьев или побегов, делянок, полей (дроны, вышки, рельсовые системы), динамика изменения температуры	Спектр поверхности, параметры водного статуса, поражение биотическими стрессорами, общее физиологическое состояние, переход фаз онтогенеза, показатели роста и развития	Лабораторные (контролируемые), полевые
3D-сканирование	Система стереоскопических трехмерных RGB или мультиспектральных сканеров	Серия снимков всего побега при различных разрешениях	Карта глубины	Морфология семян, ориентация листьев, структура кроны, архитектура корня, линейные размеры растения	Полевые, лабораторные (контролируемые)
Получение изображения отраженного лазерного луча (Light Detection and Ranging «обнаружение и определение дальности с помощью света»: LIDAR)	Лазерный локатор	Реконструкция частей растения, отдельных растений и популяций	Карта глубины, 3D-облако точек, объемные изображения	Морфология, объем и структура побегов, крон деревьев, семян, ориентация листьев, архитектура корня (инвазивно), линейные размеры больших групп растений (ярусы леса)	Полевые, лабораторные (контролируемые), полевые, природные
Магнитно-резонансная томография (МРТ)	Магнитно-резонансный томограф	Изображения с разрешением 200–500 нм, время регистрации: 1–600 с	Водные (1H) карты	Морфометрические параметры в 3D, содержание воды	Лабораторные (контролируемые)
Позитронно-эмиссионная томография (ПЭТ)	Позитронный эмиссионный детектор для изотопов с малым временем жизни (например, ¹¹ CO ₂)	Изображения с разрешением 1–2 нм, время регистрации: 10 с – 20 мин	Карты движения радиодетектора, позитронные эмиссионные сигналы (совместная регистрация)	Разделение и скорость потоков жидкости	Лабораторные (контролируемые)
Компьютерная томография (КТ)	Рентгеновский компьютерный томограф, рентгеновский цифровой томограф	Изображения с разрешением до 100 нм, время регистрации: часы	Воксели и срезы тканей, изображение слоев для реконструкции внутренней структуры	Морфометрические параметры в 3D, морфологические характеристики зерна	Лабораторные (контролируемые)

Таблица 1. Основные методы регистрации фенотипа растений в фенонных комплексах

имиджинг, пространственное измерение флуоресценции, компьютерную томографию и другие подходы.

В исследованиях живых систем феномика, вероятно, наиболее применима к царству растений (*Plantae*), включая Цианобактерии/Сине-зеленые водоросли (*Cyanobacteria*), как схожие по жизненным принципам хлорофиллсодержащие фотоавтотрофные организмы. Это связано с тем, что они отличаются высокой фенотипической пластичностью по сравнению, например, с животными. При этом они являются экологически значимой и доминирующей по занимаемой площади и производимой биомассе группой живых существ, генетически и метаболически не уступающих или даже превосходящих царство животных (*Animalia*). Человечество очень сильно зависит от растений: от газового состава атмосферы и пищи до материалов и энергии, фармакологических субстанций и сырья для органического синтеза и биотехнологий. Следует отметить, что феномика животных также бурно развивается, в особенности ее разделы, связанные с исследованием патологий, психики и сложного поведения.

Для процесса фенотипирования важно создание платформ, то есть аппаратно-программных комплексов, приспособленных для автоматизированной цифровой обработки групп объектов, близких по размерам, морфологии и жизненному циклу [3]. В Беларуси, России и других странах Восточной Европы это направление только начинает развиваться, тогда как в мире оно уже стало одним из наиболее популярных и активно используемых как в фундаментальных, так и прикладных исследованиях. Среди последних тенденций можно отметить переход к крупным полевым установкам, а также активное внедрение методов цифрового фенотипирования и машинного обучения в селекцию, растениеводство, агрохимию, экологию и биотехнологию.

Термин «фенотип» (от греч. *phainein* и *typos*, что означает «показывать» и «тип») был введен В. Йохансеном в 1911 г. [5]. В 1949 г., когда геном был определен как материальная основа генотипа, понятие «феном» было впервые выделено как сумма экстрагенных, неавторепродуктивных частей биологического объекта и представлено как набор фенотипов [6]. Под феномом стали подразумевать наблюдаемое проявление генотипа или набора возможных генотипов в масштабе всего организма или популяции. В 1990-х гг. в контексте изучения сложных генетических заболеваний человека и в качестве клю-

чевого дополнения геномики возникла необходимость выделения новой дисциплины – феномики – с целью преодоления разрыва между данными генетического анализа, физиологическими патологиями и клинической картиной заболевания (DOI: 10.1164/ajrccm.156.4.12.tac.5). В области биологии растений направление приобрело исключительно широкий смысл и стало активно развиваться, так как растения обладают значительными вариациями фенотипа и более сильными фенотипическими ответами на экологические факторы. Современная феномика фокусируется на двух ключевых областях: изучении фенотипов и разработке методов их исследования. Это подразумевает глубокое, многомерное, междисциплинарное изучение фенотипов на уровне части, всего организма или популяций в ходе развития и при реакции на факторы окружающей среды, а также наборы методов и протоколов, используемых для точного измерения роста, строения и состава растений в различных масштабах [7].

Бурный прогресс феномики растений (4373 статьи в базе Scopus было опубликовано только в период с 01.01.2025 г. до 01.08.2025 г.) обусловлен ее колоссальным потенциалом для фундаментальной науки и прикладных отраслей, таких как сельское хозяйство и биотехнология. Он связан с развитием мультиомиксных исследований, все более эффективных систем регистрации изображений в различных областях спектра, методов стандартизации культивирования растений, сенсорных технологий, инновационной робототехники и систем анализа данных с применением компьютерного зрения и машинного обучения. Считается, что в будущем это позволит создать цифровые модели процессов жизнедеятельности и контроля продуктивности растений на клеточном и организменном уровне в связи с динамикой экспрессии генов, протеома и метаболома [2, 3, 7].

Высокопроизводительное цифровое фенотипирование растений активно развивается не только в лабораторных условиях, но и на открытых площадках, при изучении лесных массивов и природных фитоценозов. Существует множество примеров успешного прикладного применения феномных технологий в сельском хозяйстве, в частности для отбора стрессоустойчивых и высокопродуктивных линий полевых культур, цифровизации процесса выращивания винограда и других древесных растений, коррекции минерального питания и использования средств агрохимии, предсказания урожая, а также анализа воздействия патогенов на декоративные растения и лесные породы.

Феномные технологии для диагностики питательных расстройств растений, поражения фитопатогенами и анализа устойчивости к абиотическим стрессовым воздействиям

Классические методы диагностики питательных расстройств часто малоэффективны, так как способы выявления повреждений растения могут быть недостоверными и несвоевременными. Так, например, элементный анализ почвы и растений доступен ограниченно, он затруднителен в пробоподготовке, а ошибка измерений может достигать значительных величин. Также для большого числа проб он практически невозможен для рутинного использования ввиду дороговизны. В случае поражения фитопатогенами также имеется целый ряд ограничений, в первую очередь связанных с невозможностью генетической и детальной морфологической классификации их рас в условиях поля, плантации или питомника. Также часто невозможно проводить большое количество генетических анализов по идентификации фитопатогенов ввиду их высокой стоимости и длительности самих тестов. Все это приводит к тому, что нарушения минерального питания и негативный эффект биологических агентов, а также и абиотических стрессоров практически автоматически учитывается как неизбежный источник потерь в экономических расчетах, в особенности в отношении неполевых культур, таких как древесные и кустарниковые, а также декоративные растения [8]. В то же время развитие сенсорных и компьютерных технологий привело к появлению новых возможностей анализа как симптомов дефицита элементов минерального питания, так и признаков поражения фитопатогенами [9]. Созданы масштабные цифровые феномные базы данных на коммерческой и волонтерской основе (DOI: 10.1109/TLA.2018.8444395; 10.1016/j.atech.2024.100568; 10.1016/j.heliyon.2025.e43002.); plant-diseases.uada.edu). Феномика сейчас позволяет неинвазивно и с низкими затратами времени и ресурсов выявлять изменения фенотипов растений, связанные с влиянием стрессоров, включая недостаток элементов минерального питания и воздействие патогенных организмов различной природы [8]. При этом наиболее активно задействуются программно-аппаратные платформы на базе сверточных нейронных сетей, которые могут определять даже самые малозаметные и сложные эффекты [10].

Как уже указывалось выше, получаемые благодаря феномным методам массивы данных о стрес-

совом состоянии растений регистрируются и обрабатываются автоматически, они не имеют проблемы субъективности и низкой статистической достоверности (DOI: 10.1016/j.tplants.2015.10.015.). Для анализа расстройств минерального питания и для изучения действия стрессоров феномные технологии регистрируют параметры фенотипа не только в видимом спектре, но и в гиперспектральном диапазоне, используют томографию, термальный имиджинг и другие новейшие подходы [8, 11]. Достигнуты значительные успехи в применении платформ на базе нейронных сетей при анализе зрелости и выявлении сортовых различий у плодовых культур, таких как томаты, перцы и яблоки, а также их поражения некоторыми фитопатогенами (DOI: 10.1016/j.eswa.2014.09.057.), установлении морфофизиологических стадий развития листьев модельных и сельскохозяйственных видов (DOI: 10.1186/s13007-018-0273-z.), поиске взаимосвязей между генотипом и фенотипом в связи со стрессом, вызываемым питательными расстройствами (DOI: 10.1186/s13007-018-0333-4.), раскрытии особенностей повреждения листьев однодольных растений патогенами (DOI: 10.1094/PHYTO-11-16-0417-R.), анализе закономерностей формирования соцветий (DOI: 10.1186/s13007-017-0254-7.), исследовании архитектуры целого растения в связи со стрессовыми ситуациями (DOI: 10.3389/fpls.2018.00866.), прогнозировании механизмов хлороза листьев при дефиците железа (DOI: 10.3389/fpls.2018.01002.).

Таким образом, применение феномных технологий для понимания причин расстройств у растений и механизмов их адаптации может помочь в разработке принципиально новых технологий для их выращивания. Это позволит ускорить селекцию и получение высококачественных сортов, устойчивых к стрессорам. Важнейшим элементом эффективного использования феномных подходов в будущем может стать универсальность работы нейронных сетей для анализа нарушений минерального питания, эффектов абиотических стрессоров и поражения фитопатогенами, а также уникальная возможность анализа сочетанного влияния данных негативных факторов на растения.

Мультиомиксный анализ для решения проблем растениеводства

Исключительная важность изучения и контроля фенотипа организма (фенома) в его взаимосвязи с информацией о полном геноме и геномных вариациях была обозначена уже на заре постгеномной эры.

Становление высокопроизводительных методов феномики произошло, во-первых, в ответ на запрос прикладной генетики и селекции, для которых с целью выявления генов, связанных с селекционно важными признаками, требуется анализ фенотипа тысяч растений. Во-вторых, не менее важная роль омиксным знаниям отводится в фундаментальной науке, которая является основой современного растениеводства и раскрывает механизмы физиологических процессов, генетических, белковых и метаболических детерминант роста, развития и ответа растения на различные виды стресса, дефицит воды, элементов питания и присутствие других организмов.

Решение проблем физиологии растений и растениеводства практически невозможно без проведения массовых тестов, оценки характеристик побегов, плодов, корней и других органов, сохранения этой информации в цифровой форме, ее автоматической обработке. Высокопроизводительная феномика позволяет максимально исключить из решения этих процессов человека за счет внедрения таких инженерных решений, как автоматические системы фенотипирования «на столе», управляемые компьютером автоматические фенокамеры, боксы и теплицы, а также дает возможность в цифровом формате связать особенности проявления фенотипа с наличием и активностью генетических последовательностей.

В современной феномике все чаще применяются полевые системы, беспилотные летательные аппараты и специализированные роботы (феноботы) с разнообразными сенсорами (фото-, мульти- и гиперспектральные камеры, лазерные датчики расстояния, тепловые сенсоры и др.), позволяющие получать в процессе мониторинга культур сотни параметров, большинство которых человеческими органами чувств оценить невозможно (табл. 1). Например, при анализе устойчивости различных генотипов ячменя к засухе в автоматизированной теплице для оценки состояния растений были использованы 388 фенотипических характеристик, полученных на основе анализа изображений в видимом, инфракрасном, ультрафиолетовом диапазонах, различных характеристик формы и размера побегов [12]. Эти преимущества феномики позволяют представить данные о состоянии сельскохозяйственных растений и их морфологии с исчерпывающей полнотой и детализацией.

Выбор дальнейшего использования феномных данных зависит от задачи. Для специалистов в области генетики и молекулярной биологии это пре-

жде всего интеграция с геномными и молекулярно-генетическими сведениями: поиск ассоциаций между признаками растений и генетическими вариациями, особенностями экспрессии генов и эпигенетической регуляции. Статистический анализ позволяет установить связь между признаками фенотипа и локусами в геноме на основе методов выявления у локусов количественных признаков (Quantitative trait loci; QTL) или полногеномного анализа ассоциаций (Genome-wide association studies; GWAS). Дальнейший биоинформатический анализ позволяет осуществить поиск и приоритизацию генов в выявленных участках генома, провести их более детальное экспериментальное исследование вплоть до редактирования. Например, технологии оценки характеристик размера, формы и цвета зерен мягкой пшеницы на основе цифровых изображений продемонстрировали очень высокую чувствительность, что позволило установить статистически достоверную корреляцию этих данных с длительностью хранения зерен в генбанке и их всхожестью, выявить локусы, ассоциированные с этими признаками [13, 14]. Li с соавт. (2020) провели автоматическое фенотипирование растений хлопка в теплице для изучения механизма генетического контроля их устойчивости к засухе (феномно-геномное исследование). Авторы использовали 119 феномных признаков побегов, полученных на основе цифрового анализа изображений (56 морфологических и 63 текстурных) на разных стадиях развития (6 временных точек), что позволило с очень высокой точностью связать геномный и феномный уровень происходящих изменений. Было проанализировано 200 образцов хлопка и установлены 390 локусов в геноме, которые содержали как ряд уже известных генов, ответственных за ответ растений на засуху, так и новые, которые ранее не были ассоциированы с этим признаком (DOI: 10.1111/pbi.13431.). Выявление механизмов генетического контроля развития метелки у риса было недавно проведено при помощи комбинации методов феномики и геномики (GWAS) (DOI: 10.1104/pp.18.00974). Первые были направлены на автоматическую оценку длины, ширины, площади, объема метелок при помощи анализа цифровых изображений. Эти данные были получены для 272 генотипов, что послужило основой для анализа ассоциаций. Авторы установили 35 локусов в геноме риса, для которых наблюдалось 38 ассоциаций с признаками размера и формы метелки. На их основе была реконструирована модель генной сети контроля развития соцветия риса, включающая гены-кандидаты из выявленных локусов. Такая информация,

полученная в ходе феномно-геномных исследований, может быть напрямую использована для получения новых сортов растений с целенаправленно измененными полезными свойствами (высокая урожайность, устойчивость к заболеваниям, засухе, повышенные вкусовые качества и т.п.).

Цифровые фенотипические данные совместно с результатами метаболомных и протеомных экспериментов позволяют существенно углубить наше понимание молекулярных процессов. Метаболомные данные обеспечивают информацию об ансамблях молекул, задействованных в ответе на стресс на клеточном и организменном уровне, что имеет огромное значение, так как различные стрессоры сокращают урожаи в мировом масштабе в 3–4 раза. Феномные данные (оценка интенсивности фотосинтетических процессов, сведения, полученные с помощью гиперспектральных сенсоров) позволяют определить, как влияет состав этих молекулярных ансамблей на общее состояние тканей, органов и всего растения. Так, совместный анализ 1848 гиперспектральных индексов растений, 887 метаболитов у 533 образцов риса позволил выявить 1313 ключевых гиперспектральных индексов и 554 метаболита, связанных с такими процессами, как формирование окраски растения и биосинтез липидов (DOI: 10.1186/s13059-025-03513-w.). Анализ полногеномных ассоциаций этих параметров дал возможность установить новые гены, участвующие в биосинтезе флавоноидов риса и обеспечивающие защиту растений в ответ на стресс (что направляет селекцию новых сортов). Роль этих генов была далее подтверждена на основе транскриптомных параметров.

Подход на основе интеграции феномных и метаболомных данных был применен для изучения ответа растений на засоление почвы у салата-латука и томата с добавлением биостимулянта, белкового гидролизата и без него (DOI: 10.3389/fpls.2021.808711.). Фенотипические признаки зарегистрированы в процессе роста и развития растений с помощью цифровых камер RGB в фронтальной и вертикальной проекции, а также флуоресцентных и тепловых сенсоров. Метаболомные данные были зарегистрированы в конце эксперимента. Авторы показали, что для двух видов растений значительному влиянию биостимулянтов в ответ на солевой стресс подвержены разные признаки растений. Для салата это был объем листовой массы, которая наиболее сильно зависела от концентрации фитогормонов (ауксина и этилена). Для томата признаки, наиболее точно характеризующие ответ на стресс, оказались связаны с флуоресценцией

хлорофилла и в то же время были подвержены влиянию метаболитов шикиматного пути. На растениях томата было изучено, каким образом арбускулярная микориза влияет на эту культуру – в частности, усиливает физиологический ответ на поражение корневой системы ризоктониозом (DOI: 10.1002/ppp3.10627.). Высокопроизводительное фенотипирование использовалось для ежедневного анализа фенотипа растений, оценки их биомассы и изменений ростовых показателей. Метаболомный анализ был применен для определения состава метаболитов корней. В его результате установлено, что микориза стимулирует рост растений и ответ на заболевание корневой системы, в том числе и за счет изменения концентраций около 70 метаболитов в тканях корня, что может стать важным признаком для будущей селекции устойчивых к патогену сортов томатов (DOI: 10.1002/ppp3.10627.).

Таким образом, интеграция больших омиксных данных (геномных, протеомных, метаболомных и феномных) для растений позволяет определить роль известных генов в контроле роста, развития и ответа на стресс, а также выявлять новые регуляторные гены, вовлеченные в эти процессы, модификация которых поможет повысить стрессоустойчивость и урожайность.

Использование технологий на основе искусственного интеллекта

Высокопроизводительное фенотипирование растений все более часто применяется в комбинации с методами машинного обучения [15, 16]. Возможности искусственного интеллекта (ИИ) используются для анализа данных, выявления и описания коррелятивных связей между фенотипическими признаками, а также их взаимодействия с генетическими, белковыми и метаболитными профилями [16]. Другой важный аспект – автоматизация феномных исследовательских систем (платформ), что исключительно важно для оптимизации ускоренной селекции, мониторинга физиологического состояния культивируемых растений и агротехнологий. В последние годы новые возможности для сбора и анализа фенотипических данных с высокой точностью и скоростью открыло развитие машинного обучения и компьютерного зрения [17].

Принципы первого базируются на статистическом анализе данных, оптимизации моделей и адаптивном обучении для выявления закономерностей и прогнозирования [15]. Основные подходы включают обучение на данных, выбор

признаков и другие методы, такие как «обучение с учителем», «без учителя» и «с подкреплением», «сверточные нейронные сети». Компьютерное зрение работает за счет последовательного применения специальных фильтров, которые сканируют изображение и отмечают важные особенности – сначала простые, такие как линии и границы, потом более сложные, например формы листьев или пятнистости, вызываемые заболеваниями [16]. Эти фильтры накладываются на изображение с определенным шагом, перемножаются с пикселями и суммируются, создавая карты признаков (рис. 1). После каждой свертки идет операция активации, которая делает сеть нелинейной и способной к сложным преобразованиям. Затем применяется пулинг, уменьшающий размерность данных и оставляющий только самые яркие активации, что помогает сети обобщать информацию, не обращая внимания на мелкие смещения объектов. Такой механизм позволяет сети автоматически находить иерархию признаков без ручного программирования, что особенно полезно для анализа растений, где важны многие детали [17]. Эффективность сверточных сетей объясняется их способностью учитывать пространственную структуру данных – соседние пиксели в изображении связаны, и Convolutional Neural Network (CNN) этим пользуется, в отличие от обычных нейросетей, которые обрабатывают данные как плоский набор чисел (DOI: 10.1016/j.compag.2019.105102.). Сверточные нейронные сети, рекуррентные архитектуры и трансформеры позволяют решать задачи классификации, сегментации и регрессии в анализе изображений растений. Например, модели на основе U-Net и Mask R-CNN эффективно сегментируют листья, стебли и корни (DOI: 10.1007/978-3-319-24574-4_28.), а алгоритмы типа YOLO используются для детекции болезней и вредителей в реаль-

ном времени (DOI: 10.1016/j.compag.2019.105102.). Примеры нашего использования нейронных сетей для обработки феномной информации приведены на рис. 1 и 2.

Важное направление использования ИИ в феномике растений – мультимодальный анализ данных, объединяющий изображения с гиперспектральными, тепловыми и лидарными данными (10.1016/j.rse.2019.111599). Это позволяет оценивать одновременно морфологические признаки и физиологическое состояние растений, например уровень водного стресса или содержание пигментов, что очень важно для селекции (DOI: 10.1016/j.compag.2018.02.016.). Современный обзор методов цифрового анализа в прикладной физиологии растений и растениеводстве показал, что глубокое обучение обеспечивает высокую точность, превосходящую существующие широко распространенные методы обработки изображений (DOI: 10.1016/j.compag.2018.02.016.). Так, в некоторых исследованиях демонстрировался прирост в результатах классификации последних до 30% (DOI: 10.5194/isprs-archives-XLII-1-W1-551-2017.).

Наиболее востребованные модели в агрофеномике – CNN (ResNet, EfficientNet и DenseNet), активно применяемые для классификации сортов и диагностики заболеваний. Модели ResNet (Residual Networks) с их революционной архитектурой остаточных связей позволяют эффективно обучать глубокие сети (более 100 слоев), что важно для распознавания сложных паттернов, таких как поражение патогенами и стрессорами (рис. 2). Например, для ResNet50 продемонстрирована исключительная точность (99,5%) при идентификации 58 классов заболеваний для 25 различных видов растений на датасете PlantVillage (DOI: 10.1016/j.compag.2018.01.009.). Для анализа изображений с большим разрешением и контекстно зависимыми признаками может

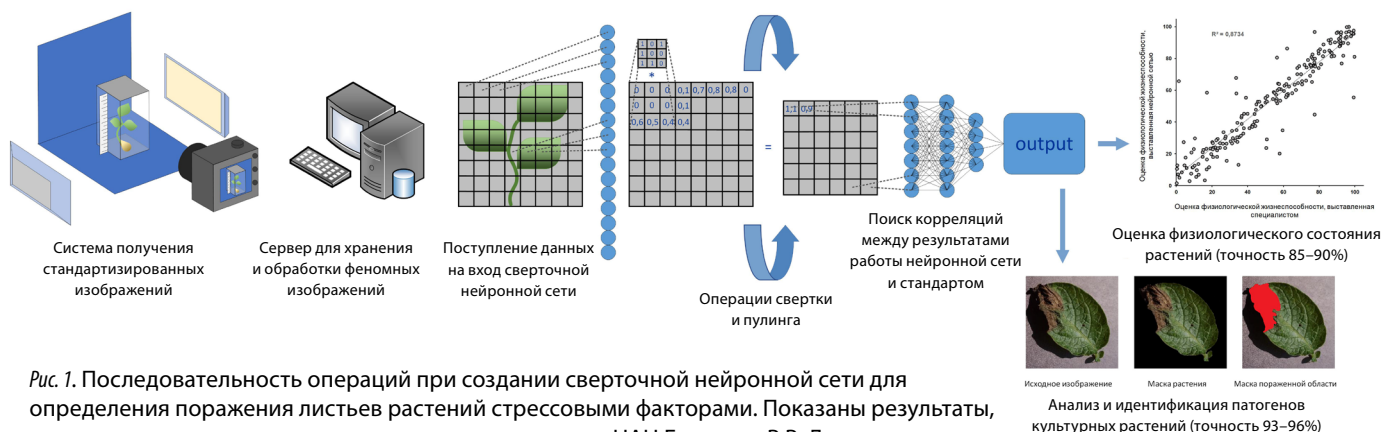
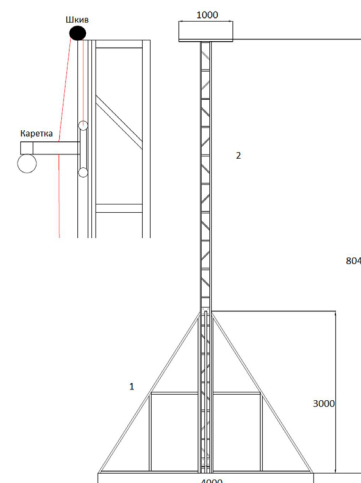
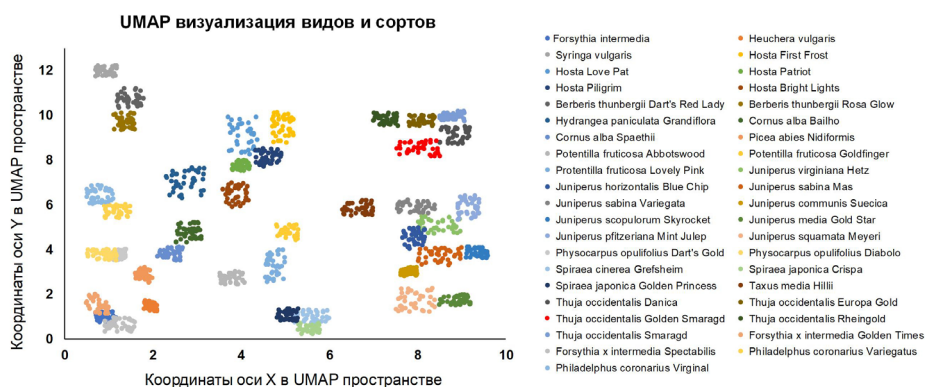
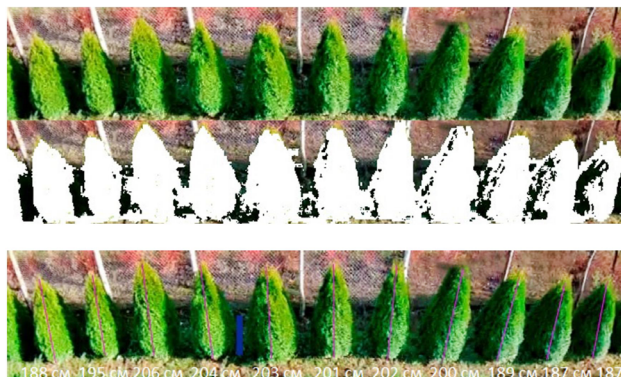
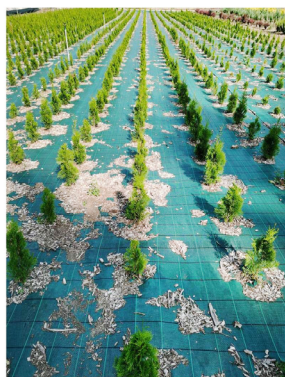


Рис. 1. Последовательность операций при создании сверточной нейронной сети для определения поражения листьев растений стрессовыми факторами. Показаны результаты, полученные под руководством члена-корреспондента НАН Беларуси В.В. Демидчика



Вышка для инсталляции феномных камер в полевых условиях (4 шт. на 1 га)

Рис. 3. Использование подходов высокопроизводительного цифрового фенотипирования для определения размеров, формы и скорости роста древесных растений, а также таксономической и сортовой принадлежности декоративных культур. Показаны результаты, полученные под руководством члена-корреспондента НАН Беларуси В.В. Демидчика

задействоваться особый вид моделей машинного обучения, называемый трансформерами (Vision Transformer, Swin Transformer). Vision Transformer продемонстрировал отличную эффективность при работе с изображениями высокого разрешения (10+ мегапикселей), типичными для аэрофотосъемки с дронов. Механизм внимания (Attention) позволяет модели учитывать контекст целой «картинки» при выделении и анализе ее отдельных элементов, что необходимо для точной сегментации отдельных растений в плотных популяциях и цифровой «доработки/восстановления» недостающих фрагментов (DOI: 10.1016/j.compag.2022.107185.).

Несмотря на прогресс, современная агрофеномика находится в стадии развития и имеет технологические ограничения. Основная проблема – дефицит качественных размеченных и проаннотированных датасетов, особенно для редких заболеваний растений, дефицита элементов минерального питания и влияния абиотических стрессоров. Процесс аннотирования данных остается дорогостоящим, продолжительным, чаще всего сезонным и требует специального обучения персонала, постановки модель-

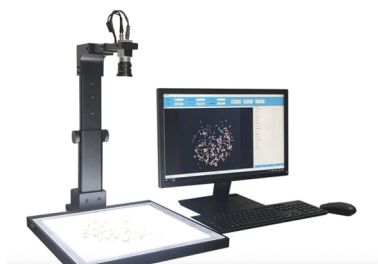
ных опытов или привлечения экспертов-агрономов и физиологов [18]. Существующие модели демонстрируют низкую адаптивность к различным растениям и условиям их выращивания. Вариации освещения и фона снижают точность алгоритмов, в особенности в полевых условиях. Сложные нейросетевые модели часто работают как «черный ящик», что затрудняет понимание данных агрономами и вызывает сложности с интерпретацией решений. В целом эти факторы пока снижают доверие практиков в области сельскохозяйственного производства к ИИ-рекомендациям (DOI: 10.1016/j.agsy.2022.103558.). Кроме того, интеграция таких систем с существующими фермерскими IoT-платформами требует дополнительных доработок.

Современные феномные платформы, их компоненты и возможности

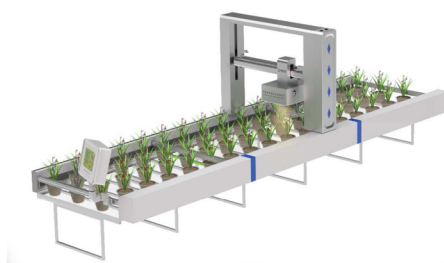
Для проведения цифрового фенотипирования растений во многих странах мира разрабатываются автоматизированные феномные платформы – аппаратно-программные комплексы, обеспечивающие стандартизацию условий выращивания

и регистрации данных, а также их анализ. Феномные платформы часто включают в себя особые боксы для выращивания растений, камеры и другое сенсорное оборудование, устройства для передвижения датчиков и их корректировки, автоматического взвешивания, увлажнения, освещения, системы поддержания микроклимата, датчики контроля функциональности, комплексы компьютерного управления процессами, системы хранения и обработки информации, а также программное обеспечение и соответствующие серверы для анализа изображений, базирующееся на ИИ.

В зависимости от размеров и задач конкретной феномной платформы количество регистрируемых и анализируемых характеристик может сильно варьировать. Обычно могут использоваться следующие сенсоры: RGB-, гиперспектральные и тепловизионные камеры, флуориметры, 3D-сканеры, лидары, X-RAY-, магнитно-резонансные, позитронно-эмиссионные томографы и др. (табл. 1). На рынке представлены как узкоспециализированные платформы, так и более широкопрофильные (линейки LemnaTec, PSI, Phenospex, GreenPheno и др.).



Микросистемы для одиночных растений



Стационарные системы для небольших групп растений в лаборатории или теплице



Конвейерные платформы для больших групп растений с множеством сенсоров



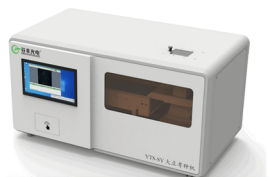
Рамные мультисенсорные платформы для крупных теплиц и больших групп растений



Рельсовые рамные мультисенсорные платформы для полевых условий и больших групп растений



Специализированные феномные системы для анализа семян и их прорастания



Специализированные феномные системы для анализа роста и развития корневой системы

Рис. 3. Феномные платформы различного уровня на примере систем GreenPheno и Phenospex. Схожие системы доступны на платформах LemnaTec, Photon Systems Instruments и др.

Работа феномных платформ подразумевает регистрацию и накопление данных, характеризующих морфологические и физиологические параметры фенотипа с дальнейшей обработкой, приведением к набору баз данных для удобства анализа и собственно оценкой результатов (рис. 3). Чаще всего растительные объекты выращиваются внутри платформ с использованием «умных» теплиц, стендов, конвейеров с вегетационными сосудами или электронных стеллажей в стандартизованных физико-химических условиях. При этом культуры периодически автоматически перемещаются в зоны измерения, оснащенные датчиками (конвейерный тип платформ), либо роботизированная система переносит камеры и другие сенсоры к неподвижным объектам (стационарный тип платформ) по раме, рельсам или на феноботах (моторизованных тележках).

Для корневой феномики в большом количестве платформ применяются затемненные системы плоской гидропоники, узкие полупрозрачные сосуды с почвенными субстратами и др. Построение структуры корневой системы внутри почвы осуществляется с помощью компьютерной томографии, анализ растений в почве – электротомографии (Electrical Resistance Tomography, ERT). Для неинвазивного картирования внутрипочвенной проводимости и построения архитектуры корневой системы задействуется техника электромагнитной индукции почвы (Electromagnetic Soil Inductance, ESMI, EMI). Почвенные радары (Ground Penetrating Radar, GPR) осуществляют картирование внутрипочвенных структур на основе рефракции и рассеивания импульсов высокочастотных радиоволн.

Стоимость феномного оборудования довольно высока. Цена системы конвейерного типа – от 2 до 10 млн долл., стационарной платформы – от 500 тыс. до 2 млн долл. (LemnaTec (Германия), Photon Systems Instruments (Чехия), Phenospex (Нидерланды), GreenPheno (Китай), Qubit Phenomics (Канада), Phenomix (Франция), Delta-T Devices (Великобритания), Heinz Walz (Германия), WPS (Голландия), CropDesign BASF (Бельгия), WIWAM (Бельгия), Rothamsted Research (Великобритания), VBCF (Австрия) и др.). Программное обеспечение для рутинного цифрового фенотипирования разрабатывают многие компании и научные лаборатории; его обзор представлен на портале Plant Image Analysis.

Анализ современного состояния проблемы цифрового фенотипирования показал, что сформировалась новая область знаний – феномика растений, представляющая собой постгеномное омиксное

научное направление. Для внедрения ее методов требуется системная работа как по созданию собственных научных школ и отечественных платформ, так и обучению персонала.

Работа финансировалась в рамках грантов БРФФИ №Б24–060–01 (№госрегистрации 20252032) и №Б25КИ-086 (№госрегистрации 20250436), а также задания ГПНИ НИР 2.04.5 (№ГР 20211705) и Отдельного проекта НАН Беларуси (Тема №12). ■

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

- Hayes C.N. From Omics to Multi-Omics: A Review of Advantages and Tradeoffs / C.N. Hayes [et al.] // *Genes*. 2024. Vol. 15, №12. P. 1551.
- Dai X. Advances and Trends in Omics Technology Development / X. Dai, L. Shen // *Frontiers in Medicine*. 2022. Vol. 9. P. 911861.
- Демидчик В.В. Феномика растений: фундаментальные основы, программно-аппаратные платформы и методы машинного обучения / В. В. Демидчик [и др.] // *Физиология растений*. 2020. Т. 67, №3. С. 227–245.
- Zhang R. Integration of multi-omics technologies for crop improvement: Status and prospects / R. Zhang [et al.] // *Frontiers in Bioinformatics*. 2022. Vol. 2. P. 1027457.
- Johannsen W. The genotype conception of heredity / W. Johannsen // *Am Nat*. 1911. Vol. 45. P. 129–159.
- Davis B.D. The Isolation of Biochemically Deficient Mutants of Bacteria by Means of Penicillin / B.D. Davis // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 1949. Vol. 35, №1. P. 1–10.
- Awada L. The evolution of plant phenomics: global insights, trends, and collaborations (2000–2021) / L. Awada, P.W.B. Phillips, A.M. Bodan // *Frontiers in Plant Science*. 2024. Vol. 15. P. 1410738.
- Walter A. Smart farming is key to developing sustainable agriculture / A. Walter [et al.] // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2017. Vol. 114. P. 6148–6150.
- Li L. A Review of Imaging Techniques for Plant Phenotyping / L. Li, Q. Zhang, D. Huang // *Sensors*. 2014. Vol. 14, №11. P. 20078–20111.
- Singh Deep A. K. Learning for Plant Stress Phenotyping: Trends and Future Perspectives / A. K. Singh [et al.] // *Trends in Plant Science*. 2018. Vol. 23, №10. P. 883–898.
- Chiaiese P. Renewable Sources of Plant Biostimulation: Microalgae as a Sustainable Means to Improve Crop Performance / P. Chiaiese [et al.] // *Frontiers in Plant Science*. 2018. Vol. 9. P. 1782.
- Chen D. Dissecting the Phenotypic Components of Crop Plant Growth and Drought Responses Based on High-Throughput Image Analysis / D. Chen [et al.] // *The Plant Cell*. 2015. Vol. 26, №12. P. 4636–4655.
- Relationship between the Characteristics of Bread Wheat Grains, Storage Time and Germination / D.A. Afonnikov [et al.] // *Plants*. 2021. Vol. 11, №1. P. 35.
- Arif M.A.R. QTL Analysis for Bread Wheat Seed Size, Shape and Color Characteristics Estimated by Digital Image Processing / M.A.R. Arif [et al.] // *Plants*. 2022. Vol. 11, №16. P. 2105.
- Nabwire S. Review: Application of Artificial Intelligence in Phenomics / S. Nabwire [et al.] // *Sensors*. 2021. Vol. 21, №13. P. 4363.
- Murphy K. M. Deep Learning in Image-Based Plant Phenotyping / K. M. Murphy [et al.] // *Annual Review of Plant Biology*. 2024. Vol. 75, №1. P. 771–795.
- LeCun Y. Deep learning / Y. LeCun, Y. Bengio, G. Hinton // *Nature*. 2015. Vol. 521, №7553. P. 436–444.
- Astani M.A. A diverse ensemble classifier for tomato disease recognition / M. Astani, M. Hasheminejad, M. Vaghefi // *Computers and Electronics in Agriculture*. 2022. Vol. 198. Art. 107054.